

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20221107001

<http://www.yykxjz.cn/>

陈治, 蔡杏伟, 申志新, 张清凤, 李芳远, 谷圆, 李高俊, 赵光军, 王镇江. 海南岛淡水鱼类 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物的筛选. 渔业科学进展, 2023, 44(6): 40–57

CHEN Z, CAI X W, SHEN Z X, ZHANG Q F, LI F Y, GU Y, LI G J, ZHAO G J, WANG Z J. Screening universal CO I primers for eDNA metabarcoding of freshwater fishes on Hainan Island. Progress in Fishery Sciences, 2023, 44(6): 40–57

海南岛淡水鱼类 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物的筛选^{*}

陈 治^{1,2} 蔡杏伟^{1①} 申志新¹ 张清凤¹ 李芳远¹
谷 圆¹ 李高俊¹ 赵光军¹ 王镇江¹

(1. 海南省海洋与渔业科学院 海南 海口 571126;
2. 海南热带海洋学院 热带海洋生物资源利用与保护教育部重点实验室 海南 三亚 572022)

摘要 已知的鱼类环境 DNA (environmental DNA, eDNA) 宏条形码通用引物主要位于线粒体核糖体基因区, 这些 12S 和 16S 引物存在部分近缘鱼类无法识别及参考序列不足等问题。本研究以海南岛淡水鱼类为调查对象, 基于 8 目 26 科 101 属 150 种鱼类 CO I 序列, 筛选出 6 个侧翼保守区; 综合碱基变异、物种鉴定、eDNA 降解及高通量测序读长需求, 在 4 个侧翼保守区设计了 26 条引物, 其中 6 条引物未达到 Premier 评分要求; 72 种海南淡水鱼类的首轮 PCR 结果显示, 有 11 条引物的通用性较高, 其中, PCR 成功种数 ≥ 70 且条带亮度均大于 marker 的引物有 5 条; 次轮 PCR 结果显示, 5 条引物相互搭配产生的 3(正向) \times 2(反向) 套引物组合的扩增成功率均为 100% (72 种/72 种), 经 PCR 条带长度、亮度筛选后表现最优的引物组合为“HN-A-F4、HN-D-R3”(以下简称 HN-CO I)。30 个水样高通量测序结果显示, HN-CO I 产生的待分析序列总数、鱼类序列总数、OTUs 总数和鱼类 OTUs 总数分别为 MiFish-U 的 0.77 倍($8\ 919\ 976/11\ 532\ 126$)、1.22 倍($2\ 264\ 965/1\ 863\ 905$)、0.85 倍($406/477$)和 1.32 倍($86/65$); HN-CO I 产生的鱼类 OTUs 注释到种、属、科及科以上水平的占比分别为 81.40%、11.63% 和 6.98%, MiFish-U 则分别为 81.54%、4.62% 和 13.85%。“引物+水样”的 NMDS 聚类图形成边界明显的 2 组(胁强系数=0.15); HN-CO I 的属内物种扩增子两两遗传距离最小值及平均值均分别是 MiFish-U 的 1.23 倍($0.006\ 9/0.005\ 6$)和 1.57 倍($0.155\ 9/0.099\ 4$)。室内 6 个密度组鲤鱼 (*Cyprinus carpio carpio*) “生物量-拷贝数” 线性回归方程的相关系数较低, HN-CO I 及 MiFish-U 均无法准确反映鲤鱼的生物量。本研究筛选并比较了 HN-CO I 与 MiFish-U 的优劣, 表明 HN-CO I 对海南岛淡水鱼类具有更高的靶向性, 不仅在防止微生物、哺乳类等非目标生物 eDNA 污染方面有优势, 而且更有利于海南岛淡水鱼类的检出和准确鉴定。

关键词 海南岛; 淡水鱼类; eDNA; CO I; 通用引物

中图分类号 S931.2 **文献标识码** A **文章编号** 2095-9869(2023)06-0040-18

* 国家自然科学基金(32002389)、海南省自然科学基金(422RC717)、海南省重点研发计划(ZDYF2021XDNY299)和海南热带海洋学院引进人才科研启动资助项目(RHDRC201907)共同资助。陈 治, E-mail: change@139.com

① 通信作者: 蔡杏伟, 副研究员, E-mail: caixw618@163.com

收稿日期: 2022-11-07, 收修改稿日期: 2022-12-28

淡水鱼类是水域生态系统的重要组成部分, 对保持生态平衡、维系人与自然和谐发展起着至关重要的作用(程馨雨等, 2019)。海南省是中国唯一的热带岛屿省份, 气候条件独特, 岛内存在丰富的淡水鱼类特有种类(李高俊等, 2020)。然而, 由于过度捕捞、环境污染等原因, 海南岛淡水鱼类生境遭到严重破坏, 淡水鱼类资源量急剧衰退。根据 2015—2017 年对海南省淡水鱼类的全面调查数据(申志新等, 2018), 与 1986 年相比, 海南省已有 14.15% 的淡水鱼类处于野外缺失状态, 大鳞鲤(*Hypophthalmichthys harmandi*)、大鳞光唇鱼(*Acrossocheilus ikedai*)、海南鳅𬶍(*Gobiobotia kollerii*)等 15 种特有鱼类可能已经灭绝或濒临灭绝。对海南岛淡水鱼类特有种类进行有效保护迫在眉睫。准确掌握鱼类的群落构成和资源分布是后续制定各类保护区的基础和前提(申志新等, 2018)。在鱼类资源严重衰退的背景下, 仅依靠刺网、笼壶、绳钩等传统物种多样性调查手段进行资源调查会给调查对象带来不同程度的机体损伤。环境 DNA (environmental DNA, eDNA) 是生物体释放于空气、水体、土壤等环境样本中的游离 DNA 总称(Ficetola *et al.*, 2008; Thomsen *et al.*, 2012; Valentini *et al.*, 2016)。近年来, eDNA 技术开始广泛应用于鱼类、甲壳类、两栖类、头足类、海洋哺乳类等类群的多样性调查(Thomsen *et al.*, 2015; 单秀娟等, 2018; 钱塘毅等, 2021)。该技术具有调查灵敏度高、对调查对象和所在生境干扰小等优点(张辉等, 2020; 陶洁等, 2021), 可以作为鱼类多样性调查的重要补充手段之一(Yoccoz, 2012)。

通用引物对 eDNA 宏条形码技术的应用具有直接影响。已知的鱼类 eDNA 宏条形码通用引物主要位于线粒体(mtDNA) 12S rRNA (以下简称 12S)、16S rRNA (以下简称 16S)基因区(Zhang *et al.*, 2020), 这些核糖体基因区引物普遍存在部分近缘鱼类难以识别的问题。如蒋佩文等(2022)基于 CO I 和 12S 基因构建珠江河口鱼类 eDNA 宏条形码数据库发现, 172 种鱼类的 CO I 条形码可形成明显的条形码间隙, 全部鱼类均可有效鉴定; 而 12S 条形码则有 11 种鱼类(占总种类的 6.4%)存在区分困难的情况。Schenekar 等(2020)、陈锦孝(2022)在各自的鱼类 eDNA 研究中也发现了此问题。此外, 相比于 CO I 条形码, 目前公共数据库内的 12S 和 16S 条形码序列数量不足。陈治等(2022)统计了 123 种(基于 CO I)、117 种(基于 12S)、115 种(基于 16S)海南岛淡水鱼类在 NCBI 数据库内的参考序列情况, 发现平均每种鱼类有 21.98 条(CO I)、5.54 条(12S)、6.40 条(12S)参考序列。这表明 12S 和 16S 条形码覆盖的地理群体更少, 不能有效反映不同地理群体的条形码变异情况。针对该问题, Sato 等(2018)基于标本馆样品和 Mitofish 数据库构建专门的

鱼类 12S eDNA 宏条形码数据库, 但该数据库的建设时间较短, 目前仅完成了数千种鱼类的参考序列构建, 且以海洋鱼类为主。因此, 短期内该数据库无法为淡水鱼类 eDNA 研究提供广泛支持。从近缘鱼类鉴定准确性及可用参考序列两方面考虑, 有必要针对海南岛淡水鱼类开发 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物。本研究将在此方面进行尝试, 以期为海南岛淡水鱼类多样性研究提供一定的技术支撑。

1 材料与方法

本研究将基于数据库(自建+公共)内已有序列设计多组 CO I 条形码引物; 基于课题组积累的海南岛淡水鱼类样品使用 PCR 技术初步筛选所设计引物。野外采集水样, 通过高通量测序技术比较所设计引物与已有引物的鱼类多样性调查差异。实验室饲养不同密度组的鲤鱼(*Cyprinus carpio carpio*), 考察所设计引物的定量准确性。

1.1 目标序列筛选或扩增

根据《海南淡水及河口鱼类图鉴》(申志新等, 2021)、《海南岛淡水及河口鱼类原色图鉴》(李新辉等, 2020)、《海南岛淡水及河口鱼类志》(珠江水产研究所等, 1986)等资料统计海南岛淡水鱼类名录(含对应拉丁学名)。登录 NCBI 数据库(<https://ncbi.nlm.nih.gov/>), 下载对应物种的线粒体 CO I 条形码 seq 文件(优先下载线粒体全序列、含有标本凭证信息和来自海南岛及临近水域的序列)。同时, 采用 Ward 等(2005)设计的引物组合扩增实验室积累的部分海南岛淡水鱼类 CO I 条形码片段。PCR 引物(Fish-F1/F2 和 Fish-R1/R2)见 Ward 等(2005), 反应条件和步骤参考蒋佩文等(2022)。使用 DNASTAR 软件包中的 SeqMan 程序核对序列长度、方向及所在链, 删除 overlap 区短、含有简并碱基或插入/缺失位点的序列。

1.2 侧翼保守区筛选及引物设计

使用 MegAlign 程序中的“ClustalW method”多重比对功能生成“.pau”文件, 基于 DnaSP 5.01 程序将该文件转化为“.meg”文件; 使用 MEGA7 软件将保守位点用绿色背景标注并生成“.xlsx”文件。采用目测法筛选侧翼保守区: 保守区长度 ≥ 18 bp, 密码子第 1、2 位点不发生任何变异, 密码子第 3 位点如有变异则必须仅为转换。将引物序列输入 Primer Premier 6.0 软件, 查看退火温度(annealing temperature, T_m)、GC 含量等基本信息, 并基于默认参数记录引物 Premier 评分等级: 理论扩增效率 $\geq 80\%$ 的评分等级为 Best, $80\% >$ 扩增效率 $\geq 50\%$ 的评分等级为 Good, 扩增效率 $<50\%$ 的评分等级为 Poor。

1.3 PCR 筛选

共有 72 种海南岛淡水鱼类(见表 1 中用*标注的物种)用于 PCR 筛选。为了减少工作量, 首轮 PCR 统一使用“Fish-R1+Fish-R2”(1:1 混合, 作为反向引物)或“Fish-F1+Fish-F2”(1:1 混合, 作为正向引物)作为本研究所设计引物的配套引物进行单引物筛选; 次轮 PCR 则对首轮 PCR 筛选出的单引物进行排列组合, 从中筛选出最优引物组合。PCR 体系总体积为 25 μL , 包括 PCR 混合液(天根生化科技有限公司)12.5 μL 、灭菌蒸馏水 10 μL 、上下游引物(10 $\mu\text{mol/L}$)各 1 μL 、DNA 样品 0.5 μL 。PCR 条件为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 20 s, T_m 温度下退火 20 s(T_m =“正向引物 T_m +反向引物 T_m ”的平均值), 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 20 s, 共 39 个循环; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 再延伸 5 min。扩增后对 PCR 产物进行凝胶电泳检测, 各取 2.5 μL 的 PCR 产物于 1% 的琼脂糖凝胶中, 电压 220 V, 电泳 5 min, 最后在凝胶成像系统上拍照。将 jpg 格式胶图导入 Photoshop 2022 软件, 调节图片亮度, 分别统计原图状态及胶图上 100、200、500、1 000 和 2 000 bp marker 恰好肉眼不可见(以下简称 marker 不可见)时扩增条带情况。

1.4 水样采集及高通量测序

为了方便运输、降低 eDNA 降解风险, 在 G98 海南环岛高速与南渡江(编号 ND: 110°25'33"E, 19°56'54"N)、昌化江(编号 CH: 108°54'31"E, 19°13'56"N)、万泉河(编号 WQ: 110°26'30"E, 19°15'12"N)交汇处共设置 3 个水样采集点, 每个取样点取 10 个平行样。每个平行样用直径 47 mm、孔径 0.45 μm 的 WCN 硝酸纤维滤膜抽滤 5 L。抽滤后的滤膜用液氮冷冻保存后送至华大基因青岛研究院进行高通量测序。所用引物为本研究 PCR 筛选出的 CO I 引物与 MiFish-U (12S)引物(Miya *et al.*, 2015)。建库类型为全基因组测序(whole genome sequencing, WGS), 测序平台为 BGISEQ-500RS。对测序后的序列进行质控等生物信息学操作后得到可操作分类管理单元(operational taxonomic units, OTUs), 将 OTUs 与 DNA 条形码参考数据库(自建数据库及 GenBank 库、MitoFish 库等)进行 BLAST 注释分析。对于相似性 \geqslant 99% 的鱼类, 记录其所在的种; 相似性在 97%~99% 的鱼类, 记录其所在的属; 相似性在 95%~97% 的鱼类, 记录其所在的科(Miya *et al.*, 2015)。同时, 基于 Kimura 双参数模型(Kimura-2-parameter, K2P), 采用最大似然法(maximum likelihood, ML)计算 OTUs 间的两两遗传距离(pairwise distance), 评估不同引物的

物种鉴别差异。

使用非度量多维尺度(non-metric multidimensional scaling, NMDS)方法对鱼类出现结果[0,1]矩阵进行排序, 该分析在 Canoco 5.0 软件中完成(魏亚男等, 2017)。选用 Bray-Curtis 距离, 因其在大范围和小范围的坐标轴上都具有稳健性(Kruskal *et al.*, 1964)。分析结果以胁强系数(stress)作为评判标准: 当 stress <0.2 时, 认为可以用 NMDS 的二维点图表示, 该图形有一定的解释意义; 当 stress <0.1 时, 认为该排序是一个好的排序; 当 stress <0.05 时, 则认为该排序结果具有很好的代表性(Newmaster *et al.*, 2008; 魏亚男等, 2017)。NMDS 运算的步骤如下: (1) 将鱼类出现情况(仅分析确定种, 未定种、属及属以上阶元不分析)处理为[0,1]矩阵, 鱼类出现为 1, 不出现为 0; 以“水系+引物名”为前行储存 xlsx 格式的[0,1]矩阵; (2) 打开 Canoco 5.0 软件, 加载 xlsx 文档, 给定 table name, 选择“import all species as factors”, 其余选择默认参数, 完成矩阵导入; (3) “analyses”对话框内点击“new”选项, 选择“Canoco Adviser”, 调出 NMDS 分析程序; (4) “stress formula”选择“type 1”, “treatment of ties in distance”选择“secondary”, 其余选择默认参数。

1.5 “生物量-拷贝数”定量拟合

于热带海洋生物资源利用与保护教育部重点实验室设置 6 个容积为 1 m^3 、具有相同换水装置的圆形水桶, 用于比较所用引物的 eDNA 定量差异。每个水桶用 10% 次氯酸钠充分消毒后, 在水桶中加入 0.5 m^3 淡水(淡水已进行多级沉淀、过滤和消毒)。水桶内的水体源头独立、无相互交汇。水体更新速度恒定保持为 0.5 L/min, 多余水体从溢流管流出, 使体积保持不变。分别在这 6 个水桶中加入 1、2、4、8、16、32 尾均重为 23.68 g 的鲤鱼, 在充分供氧条件下, 统一喂食一定数量的鱼饵。在加入鲤鱼 15 d 后, 对每个水桶采集 500 mL 水样, 共取 3 个平行样, 同时取等体积纯净水作为空白对照组。取样方式及滤膜处理方式与野外式样相同。使用 R 软件(version 4.0.3)中的“basicTrendline”包对剔除阴性对照后的高通量测序分子拷贝数及不同尾数组进行散点图拟合, 计算“生物量-拷贝数”定量拟合线性回归方程和相关系数。

2 结果与分析

2.1 序列筛选结果

经物种名核对、碱基比对等过程筛选, 本研究用于引物设计的鱼类共计 8 目、26 科、101 属、150 种(表 1)。

表 1 本研究用于引物设计的鱼类名录及序列号
Tab.1 Species and accession number of fishes used for primer design in this study

目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	序列号 Accession No.
鳗鲡目 Anguilliformes	鳗鲡科 Anguillidae	鳗鲡属 <i>Anguilla</i>	花鳗鲡 <i>A. marmorata</i>	AP007242
			日本鳗鲡 <i>A. japonica</i>	AB038556
鳍形目 Cyprinodontiformes	花鳉科 Poeciliidae	花鳉属 <i>Poecilia</i>	孔雀花鳉 <i>P. reticulata</i>	AB898687
			茉莉花鳉 <i>P. latipinna</i>	KT175511
		食蚊鱼属 <i>Gambusia</i>	食蚊鱼 <i>G. affinis</i>	AP004422*
颌针鱼目 Beloniformes	怪颌鳉科 Adrianichthyidae	青鳉属 <i>Oryzias</i>	青鳉 <i>O. latipes</i>	AP008938
			弓背青鳉 <i>O. curvinotus</i>	KY364884
合鳃鱼目 Synbranchiformes	合鳃鱼科 Synbranchidae	黄鳝属 <i>Monopterus</i>	黄鳝 <i>M. albus</i>	KP779625
	刺鳅科 Mastacembelidae	刺鳅属 <i>Mastacembelus</i>	大刺鳅 <i>M. armatus</i>	KY609156*
脂鲤目 Characiformes	脂鲤科 Characidae	巨脂鲤属 <i>Piaractus</i>	短盖巨脂鲤 <i>P. brachypomus</i>	KJ993871
	鲮脂鲤科 Prochilodontidae	鲮脂鲤属 <i>Prochilodus</i>	条纹鲮脂鲤 <i>P. lineatus</i>	KY825189
鲇形目 Siluriformes	鲇科 Siluridae	隐鳍鲇属 <i>Pterocryptis</i>	越南隐鳍鲇 <i>P. cochinchinensis</i>	KR028479*
			糙隐鳍鲇 <i>P. anomala</i>	MT433099
		鲇属 <i>Silurus</i>	鲇 <i>S. asotus</i>	MK895951
			大口鲇 <i>S. meridionalis</i>	JX087350
	胡子鲇科 Clariidae	胡子鲇属 <i>Clarias</i>	棕胡子鲇 <i>C. fuscus</i>	KJ819540
			革胡子鲇 <i>C. gariepinus</i>	KT001082
			蟾胡子鲇 <i>C. batrachus</i>	KC572134
	芒鲇科 Pangasiidae	芒鲇属 <i>Pangasius</i>	苏氏芒鲇 <i>P. sutchi</i>	KC846907
	甲鲇科 Loricariidae	下口鲇属 <i>Hypostomus</i>	下口鲇 <i>H. plecostomus</i>	KM576100
	鲿科 Bagridae	黄颡鱼属 <i>Pelteobagrus</i>	黄颡鱼 <i>P. fulvidraco</i>	MK104136
			中间黄颡鱼 <i>P. intermedius</i>	MK335935*
		拟鲿属 <i>Pseudobagrus</i>	瓦氏拟鲿 <i>P. vachellii</i>	HM746660
			粗唇拟鲿 <i>P. crassilabris</i>	JX867257
			海南拟鲿 <i>P. hainanensis</i>	MW980438*
		疯鲿属 <i>Tachysurus</i>	纵纹疯鲿 <i>T. virgatus</i>	MT647840*
			纵带疯鲿 <i>T. argentivittatus</i>	KX164404
		半鲿属 <i>Hemibagrus</i>	斑点半鲿 <i>H. guttatus</i>	KJ584373
	𬶐科 Sisoridae	纹胸𬶐属 <i>Glyptothorax</i>	海南纹胸𬶐 <i>G. fokiensis hainanensis</i>	HQ593584**
	鮰科 Ictaluridae	真鮰属 <i>Ictalurus</i>	斑点叉尾鮰 <i>I. punctatus</i>	MF621720
鲈形目 Perciformes	真鲈科 Percichthyidae	少鳞鳜属 <i>Coreoperca</i>	中国少鳞鳜 <i>C. whiteheadi</i>	KJ149811
	丽鱼科 Cichlidae	灿丽鱼属 <i>Petenia</i>	灿丽鱼 <i>P. splendida</i>	KJ914664*
		口孵罗非鱼属 <i>Oreochromis</i>	莫桑比克罗非鱼 <i>O. mossambicus</i>	AY597335
			尼罗罗非鱼 <i>O. niloticus</i>	MT437356*
			奥利亚罗非鱼 <i>O. aureus</i>	OW770257
鲈形目 Perciformes	丽鱼科 Cichlidae	罗非鱼属 <i>Tilapia</i>	齐氏罗非鱼 <i>T. zillii</i>	MW194077*
			伦氏罗非鱼 <i>T. rendalli</i>	MG438461

续表

目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	序列号 Accession No.
鲈形目 Perciformes	丽鱼科 Cichlidae	罗非鱼属 <i>Tilapia</i>	布氏奇罗非鱼 <i>T. buttikoferi</i>	KF866133
		帚齿罗非鱼属 <i>Sarotherodon</i>	伽利略帚齿罗非鱼 <i>S. galilaeus</i>	MW194078
		副丽鱼属 <i>Parachromis</i>	花身副丽鱼 <i>P. managuensis</i>	KP728467*
		丽鱼属 <i>Cichla</i>	眼点丽鱼 <i>C. ocellaris</i>	KU878410
		副尼丽鱼属 <i>Paraneetroplus</i>	粉红副尼丽鱼 <i>P. synspilus</i>	KF879808
		图丽鱼属 <i>Astronotus</i>	图丽鱼 <i>A. ocellatus</i>	AP009127
		半丽鱼属 <i>Hemichromis</i>	双斑半丽鱼 <i>H. bimaculatus</i>	HM882928#
棘臀鱼科 Centrarchidae	黑鲈属 <i>Micropterus</i>	大口黑鲈 <i>M. salmoides</i>	HQ391896	
	太阳鱼属 <i>Lepomis</i>	蓝腮太阳鱼 <i>L. macrochirus</i>	AP005993	
塘鳢科 Eleotridae	尖塘鳢属 <i>Oxyeleotris</i>	云斑尖塘鳢 <i>O. marmorata</i>	KJ595342*	
	塘鳢属 <i>Eleotris</i>	尖头塘鳢 <i>E. oxycephala</i>	KP713717*	
		黑体塘鳢 <i>E. melanosoma</i>	本研究 This study*#	
沙塘鳢科 Odontobutidae	沙塘鳢属 <i>Odontobutis</i>	中华沙塘鳢 <i>O. sinensis</i>	KF154120	
	新沙塘鳢属 <i>Neodontobutis</i>	海南新沙塘鳢 <i>N. hainanensis</i>	MT198690	
	细齿塘鳢属 <i>Sineleotris</i>	海南细齿塘鳢 <i>S. chalmersi</i>	MH644035*	
虾虎鱼科 Gobiidae	阿胡虾虎鱼属 <i>Awaous</i>	黑首阿胡虾虎鱼 <i>A. melanocephalus</i>	HQ654674*#	
		睛斑阿胡虾虎鱼 <i>A. ocellaris</i>	JQ431473#	
	吻虾虎鱼属 <i>Rhinogobius</i>	子陵吻虾虎鱼 <i>R. giurinus</i>	KF371534*	
		溪吻虾虎鱼 <i>R. duospilus</i>	MH127918*	
		李氏吻虾虎鱼 <i>R. leavelli</i>	MH729000*	
		南渡江吻虾虎鱼 <i>R. nandujiangensis</i>	本研究 This study*#	
		陵水吻虾虎鱼 <i>R. linshuiensis</i>	本研究 This study*#	
		三更罗吻虾虎鱼 <i>R. sangenloensis</i>	本研究 This study*#	
		戴氏虾虎鱼 <i>R. davidi</i>	OM617724	
		未定种 1 sp. 1	本研究 This study*#	
		未定种 2 sp. 2	本研究 This study*#	
		未定种 3 sp. 3	本研究 This study*#	
	沟虾虎鱼属 <i>Oxyurichthys</i>	台湾沟虾虎鱼 <i>O. formosanus</i>	KC237282	
	舌虾虎鱼属 <i>Glossogobius</i>	舌虾虎鱼 <i>G. giuris</i>	MG680939	
	枝牙虾虎鱼属 <i>Stiphodon</i>	多鳞枝牙虾虎鱼 <i>S. multisquamus</i>	本研究 This study*#	
攀鲈科 Anabantidae	攀鲈属 <i>Anabas</i>	攀鲈 <i>A. testudineus</i>	KJ808811*	
丝足鲈科 Osphronemidae	斗鱼属 <i>Macropodus</i>	叉尾斗鱼 <i>M. opercularis</i>	KM588227*	
鳢科 Channidae	鳢属 <i>Channa</i>	乌鳢 <i>C. argus</i>	AP006041	
		斑鳢 <i>C. maculata</i>	KC823606	
		南鳢 <i>C. gachua</i>	MF924390*	
		月鳢 <i>C. asiatica</i>	KJ930190*	
鲤科 Cyprinidae	波鱼属 <i>Rasbora</i>	南方波鱼 <i>R. steineri</i>	JX843769*	
	鱂属 <i>Zacco</i>	宽鳍鱂 <i>Z. platypus</i>	KF683339	

续表

目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	序列号 Accession No.
鲤形目 Cypriniformes	鲤科 Cyprinidae	异鱲属 <i>Parazacco</i>	海南异鱲 <i>P. fasciatus</i>	本研究 This study *#
		马口鱼属 <i>Opsariichthys</i>	南方马口鱼 <i>O. bidens</i>	DQ367044*
			海南马口鱼 <i>O. hainanensis</i>	本研究 This study *#
		唐鱼属 <i>Tanichthys</i>	唐鱼 <i>T. albonubes</i>	AP011397
		拟细鲫属 <i>Nicholsicypris</i>	拟细鲫 <i>N. normalis</i>	AP011396*
		细鲫属 <i>Aphyocyparis</i>	林氏细鲫 <i>A. lini</i>	MW338757
		鱠属 <i>Ochetobius</i>	鱠 <i>O. elongatus</i>	KM400625
		青鱼属 <i>Mylopharyngodon</i>	青鱼 <i>M. piceus</i>	MT084757
		草鱼属 <i>Ctenopharyngodon</i>	草鱼 <i>C. idella</i>	MG827396
		赤眼鳟属 <i>Squaliobarbus</i>	赤眼鳟 <i>S. curriculus</i>	AP011218
		鮰属 <i>Culter</i>	蒙古鮰 <i>C. mongolicus mongolicus</i>	AP009060
			海南鮰 <i>C. recurvirostris</i>	KJ609181
		红鳍鮰属 <i>Chanodichthys</i>	红鳍鮰 <i>C. erythropterus</i>	MN105126*
		拟鱉属 <i>Pseudohemiculter</i>	海南拟鱉 <i>P. hainanensis</i>	ON227526*
		鯿属 <i>Parabramis</i>	鯿 <i>P. pekinensis</i>	KF857485
		鰶属 <i>Hemiculter</i>	鰶 <i>H. leucisculus</i>	MZ521000*
		魣属 <i>Megalobrama</i>	三角魣 <i>M. terminalis</i>	MN725725*
			斯氏魣 <i>M. skolkovii</i>	KJ630486
		华鯿属 <i>Sinibrama</i>	海南华鯿 <i>S. melrosei</i>	MW175533*
		海南鰈属 <i>Hainania</i>	海南鰈 <i>H. serrata</i>	KF029674*#
		梅氏鯿属 <i>Metzia</i>	线纹梅氏鯿 <i>M. lineata</i>	AP011220
			台湾梅氏鯿 <i>M. formosae</i>	AP011395
		似鱂属 <i>Toxabramis</i>	海南似鱂 <i>T. houdemeri</i>	AP011333
		鲴属 <i>Xenocypris</i>	黄尾鲴 <i>X. dauidi</i>	KF039718
			银鲴 <i>X. macrolepis</i>	AP009059
		鱊属 <i>Rhodeus</i>	高体鱊 <i>R. ocellatus</i>	KT004415*
			刺鳍鱊 <i>R. spinalis</i>	本研究 This study *#
		鱊属 <i>Acheilognathus</i>	大鳍鱊 <i>A. macropterus</i>	KJ499466*
			越南鱊 <i>A. tonkinensis</i>	MH261370*
			彩副鱊 <i>A. imberbis</i>	KP015738
		小鲃属 <i>Puntius</i>	疏斑小鲃 <i>P. paucimaculatus</i>	KJ994664*#
			条纹小鲃 <i>P. semifasciolatus</i>	AP011246*
		倒刺鲃属 <i>Spinibarbus</i>	光倒刺鲃 <i>S. caldwelli</i>	KF134718*
			锯齿倒刺鲃 <i>S. denticulatus</i>	KC852197*
		光唇鱼属 <i>Acrossocheilus</i>	虹彩光唇鱼 <i>A. iridescent</i>	AP011242*
			厚唇光唇鱼 <i>A. paradoxus</i>	AP009303*
		白甲鱼属 <i>Onychostoma</i>	细尾白甲鱼 <i>O. lepturum</i>	MT258556*
			南方白甲鱼 <i>O. gerlachi</i>	KP244449

续表

目 Order	科 Family	属 Genus	种 Species	序列号 Accession No.	
鲤形目 Cypriniformes	鲤科 Cyprinidae	结鱼属 <i>Folifer</i>	瓣结鱼 <i>F. brevifilis</i>	AP011354	
		纹唇鱼属 <i>Osteochilus</i>	暗花纹唇鱼 <i>O. salsburyi</i>	KT359600*	
		鲮属 <i>Cirrhinus</i>	鲮 <i>C. molitorella</i>	KF160921*	
			麦瑞加拉鲮 <i>C. cirrhosus</i>	AP012150	
		野鲮属 <i>Labeo</i>	露斯塔野鲮 <i>L. rohita</i>	AP011201	
		墨头鱼属 <i>Garra</i>	海南墨头鱼 <i>G. hainanensis</i>	JQ864621#	
			东方墨头鱼 <i>G. orientalis</i>	JX290078*	
		鲴属 <i>Hemibarbus</i>	间鲴 <i>H. medius</i>	KJ868177*	
		麦穗鱼属 <i>Pseudorasbora</i>	麦穗鱼 <i>P. parva</i>	JF802126	
		鯈属 <i>Sarcocheilichthys</i>	海南鯈 <i>S. hainanensis</i>	JN003354#	
		银鮈属 <i>Squalidus</i>	点纹银鮈 <i>S. wolterstorffi</i>	AP011392*	
			银鮈 <i>S. argentatus</i>	KF819452	
		小鱊鮈属 <i>Microphysogobio</i>	嘉积小鱊鮈 <i>M. kachekensis</i>	MK139891#	
		似鮈属 <i>Pseudogobio</i>	似鮈 <i>P. vaillanti</i>	MN883563*	
		蛇鮈属 <i>Saurogobio</i>	无斑蛇鮈 <i>S. immaculatus</i>	AP012074*	
		鲤属 <i>Cyprinus</i>	尖鳍鲤 <i>C. acutidorsalis</i>	KR869144*	
			鲤 <i>C. carpio carpio</i>	JN105352	
			锦鲤 <i>C. carpio haematopterus</i>	JX188254	
		须鲫属 <i>Carassiooides</i>	须鲫 <i>C. acuminatus</i>	AP011178	
		鲫属 <i>Carassius</i>	鲫 <i>C. auratus</i>	KJ874428*	
		道森鲃属 <i>Dawkinsia</i>	黑点道森鲃 <i>D. filamentosa</i>	MK348133*	
鳅科 Cobitidae		链属 <i>Hypophthalmichthys</i>	鳙 <i>H. nobilis</i>	KJ729090	
			链 <i>H. molitrix</i>	EU315941	
		花鳅属 <i>Cobitis</i>	中华花鳅 <i>C. sinensis</i>	AY526868*	
		泥鳅属 <i>Misgurnus</i>	泥鳅 <i>M. anguillicaudatus</i>	MT896815	
		副泥鳅属 <i>Paramisgurnus</i>	大鳞副泥鳅 <i>P. dabryanus</i>	MG725379	
		华鳅属 <i>Sinibotia</i>	美丽华沙鳅 <i>S. pulchra</i>	AP012125	
		小条鳅属 <i>Micronemacheilus</i>	美丽小条鳅 <i>M. pulcher</i>	AP011301*	
			齐氏小条鳅 <i>M. zispi</i>	KJ434599*	
		南鳅属 <i>Schistura</i>	横纹南鳅 <i>S. fasciolata</i>	MW192448*	
			无斑南鳅 <i>S. incerta</i>	MK361215*	
爬鳅科 Balitoridae		爬鳅属 <i>Balitora</i>	广西爬鳅 <i>B. kwangsiensis</i>	JN177072**#	
		近腹吸鳅属 <i>Plesiomyzon</i>	保亭近腹吸鳅 <i>P. baotingensis</i>	KF732713*	
		拟平鳅属 <i>Liniparhomaloptera</i>	琼中拟平鳅 <i>L. disparis qionghongensis</i>	MZ047229*	
		原缨口鳅属 <i>Vanmanenia</i>	海南原缨口鳅 <i>V. hainanensis</i>	MW289207*	
		爬岩鳅属 <i>Beaufortia</i>	爬岩鳅 <i>B. leveretti</i>	KX060617*	
		中华爬岩鳅属 <i>Sinogastromyzon</i>	伍氏爬岩鳅 <i>S. wui</i>	JN177076#	

注: *, 该物种用于 PCR 筛选; #, 序列为 CO I 基因部分片段(共 22 种)。

Note: *: This species is used for PCR screening; #: The sequence was only a part of CO I gene (22 species in total).

2.2 侧翼保守区简介

基于 150 种鱼类 CO I 序列, 共筛选出 6 个侧翼保守区(图 1, 侧翼保守区 A~F)。其中, 侧翼保守区 F 与 E 距离较远(>300 bp), 其扩增子长度超出常见 eDNA 分子长度及高通量测序读长范围(2×150 bp)(Turner *et al*, 2014)。侧翼保守区 A 与 B、C 与 D 距离不足 100 bp, 扩增子长度较短不利于近缘鱼类区

分。因此, 本研究在 2×150 bp 测序读长范围内选取扩增子最长的前 3 个侧翼保守区组合——A+D、A+E、B+E 进行正、反向引物设计。为了比较, 本研究同时标注了标准的鱼类 DNA 条形码(650 bp 或 652 bp)及其他研究者设计的 2 对通用性较高的 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物所在位置(图 1, Fish-F1/F2、Fish-R1/R2、PS1、Uni-Minibar) (Zhang *et al*, 2020)。

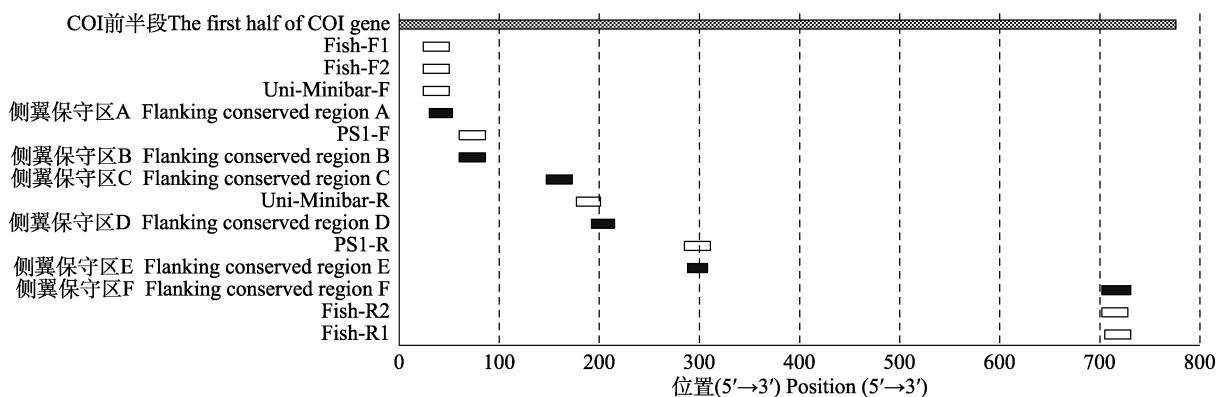


图 1 侧翼保守区在 CO I 基因前半段(776 bp/1 551 bp)内的相对位置

Fig.1 Relative positions of flanking conserved regions within the first half of CO I gene (776 bp/1 551 bp)

以鲤鱼(NCBI 序列号: JN105352)为标注模板。

Cyprinus carpio carpio (accession number: JN105352) was used as the labeling template.

2.3 引物设计结果

除侧翼保守区 A 存在 2 个完全保守密码子外, 其余密码子第 3 位点均发生转换变异(表 2), 需要使用适量简并碱基提高“引物序列-DNA 模板”匹配度。根据简并碱基数的不同, 本研究对每个侧翼保守区分别设计了 5~8 种引物, 其碱基组成、GC 含量和 T_m 值见表 3。引物 Premier 评分结果显示, 26 条引物中, 3 条引物评分处于“Best”等级, 表明引物在退火温度、GC 含量、二级结构等方面更符合理想引物的标准; 17 条引物评分处于“Good”等级, 理论上仍能够进行 DNA 模板有效扩增; 6 条引物评分处于“Poor”等级, 不满足常用引物有关标准。

2.4 PCR 筛选结果

首轮 PCR 筛选结果显示, 20 条引物中, 侧翼保守区 E 内的 5 条引物扩增成功率较低, 引物的通用性差。HN-A-F1/F2/F3/F4、HN-B-F1/F2/F3/F4、HN-D-R2/R3/R4 扩增出的单一条带物种数较多(表 3); 逐步调低图片亮度, 当胶图上的 marker 不可见时, HN-A-F4、

HN-B-F3/F4、HN-D-R3/R4 存在条带痕迹的物种数较多(亮度大于 marker 的单一条带物种数 ≥ 70 种, 表 3)。因此, 这 5 条引物的通用性更高。

对上述 5 条引物形成的 3 (正向) \times 2 (反向) 套引物组合进行次轮 PCR 筛选, 结果显示, 全部 72 种鱼类扩增成功率均为 100% (PCR 胶图未展示)。HN-A-F4、HN-B-F3/F4 作为 HN-D-R3/R4 的正向引物产生的扩增子长度分别为 139 bp、106 bp/106 bp。扩增子长度越长, 物种鉴定准确性越高, 因此, HN-A-F4 比 HN-B-F3/F4 更有优势。虽然 HN-D-R3/R4 作为 HN-A-F4 的反向引物产生的扩增子长度相同, 且二者的扩增成功率均为 100% (图 2A: HN-D-R3; 图 2B: HN-D-R4), 但逐步调低图片亮度, 当胶图上的 marker 不可见时 HN-D-R3 产生的扩增子均存在痕迹(图 2C), 而 HN-D-R3 扩增的 23、24、43 号样品条带彻底消失(图 2D)。HN-D-R3 产生的条带更亮、扩增效率高于 HN-D-R4 (见图 2C、图 2D), 因此更适合作为反向引物。综上所述, 次轮 PCR 筛选中表现最优的引物组合为“HN-A-F4、HN-D-R3”(以下简称 HN-CO I)。

表 2 本研究中 150 种鱼类在侧翼保守区位置的碱基分布及已有引物的碱基组成
Tab.2 Base distribution of the 150 fish species in the flanking conserved regions and base composition of existing primers

		5'→3'的碱基组成 Base composition from 5' to 3'											
侧翼保守区或 primers		碱基 类型 Base type											
—		A	0	35	120	0	32	128	128	0	128	128	0
—		C	0	127	4	0	128	47	0	0	79	128	0
—		G	5	17	8	0	2	0	0	0	0	0	0
—		T	123	0	72	0	47	0	49	0	0	0	0
Fish-F1		C	—	T	C	A	C	C	A	C	A	T	0
Fish-F2		C	—	T	C	A	C	A	A	A	G	G	0
Uni-Minibar-F		C	—	T	C	G	A	C	T	A	A	A	0
侧翼保守区 A		C	—	T	C	C	A	T	A	A	R	G	0
Flanking conserved region A		—	—	—	—	—	—	A	A	Y	C	A	0
Flanking conserved region B		A	0	131	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Flanking conserved region C		C	0	0	0	21	0	0	12	0	150	110	0
Flanking conserved region D		G	150	0	19	0	0	0	150	150	0	0	0
Flanking conserved region E		T	0	150	0	150	129	0	0	138	0	40	150
PS1-F		—	G	T	A	T	T	G	G	Y	G	C	0
Uni-Minibar-R		—	G	T	R	T	T	Y	G	C	Y	T	0
侧翼保守区 B		Flanking conserved region B	—	G	T	R	T	T	Y	G	R	G	0
侧翼保守区 C		Flanking conserved region C	—	G	T	R	T	T	Y	G	C	Y	0
侧翼保守区 D		Flanking conserved region D	—	G	G	Y	A	T	Y	A	R	A	0
侧翼保守区 E		Flanking conserved region E	—	G	G	Y	A	T	Y	A	T	Y	0

注：侧翼保守区 D/E、Uni-Minibar-R 及 PS1-R 为 150 种鱼类 COI 条形码的反向互补序列。“—”表示结果重复或未进行有关实验。

Note: Flanking conserved region D/E, Uni-Minibar-R and PS1-R are the reverse complementary sequences of 150 fish species' COI barcoding. “—” indicates that the results were repeated or the experiment was not carried out.

表3 本研究中简并引物基本信息
Tab.3 Basic information of degenerate primers in this study

引物名称 Primer name	序列(5'→3') Sequence from 5' to 3'	退火温度 (T _m)°C	GC含量 content %	引物长度 Primer length /bp	引物评分 等级 Primer score grade	用于PCR 筛选的配套引物 Matching primers for PCR screening	Number of species with multiple bands Number of species with without bands	多条带物种数 Number of species with multiple bands	无条带物种数 Number of species with single band	单一条带 物种数 Number of species with a brighter bands than marker	条带亮度大于 marker 的物种 数 Number of species with brighter bands than marker
HN-A-F1	AACCACAAAGACATTGGYACCCCT	61.9	46	23	Best		0	0	0	0	60
HN-A-F2	AACCACAAAGACATYYGGYACCCCT	61.4	48	23	Best		0	0	0	0	65
HN-A-F3	AACCAYAAAGACATYYGGYACCCCT	62.8	46	23	Best	Fish-R1+Fish-R2	0	0	0	0	69
HN-A-F4	AAYCAYAAAGACATYYGGYACCCCT	65.2	43	23	Good		0	0	0	0	71
HN-A-F5	AAYCAYAAAGAYATYYGGYACCCCT	66.4	41	23	Good		2	4	66	4	59
HN-B-F1	GTATTTGGTCCTGAGCGGAATRGT	67.1	52	26	Good		2	0	70	0	57
HN-B-F2	GTATTTGGTCCTGAGCCGGRATRGT	69.1	54	26	Good		0	1	71	1	66
HN-B-F3	GTATTTGGTCCTGAGCYGGGRATRGT	66.4	52	26	Good		0	0	72	0	71
HN-B-F4	GTATTTGGTCCTGRCGYGGGRATRGT	67.6	54	26	Good	Fish-R1+Fish-R2	0	0	72	0	71
HN-B-F5	GTATTTGGTCYTGRGCCYGGGRATRGT	65.2	52	26	Good		3	6	63	6	58
HN-B-F6	GTATTTGGYGCYTGRGCCYGGGRATRGT	65.8	54	26	Poor		—	—	—	—	—
HN-B-F7	GTATTYYGGYGCYTGRGCCYGGGRATRGT	65.4	56	26	Poor		—	—	—	—	—
HN-B-F8	GTRRTTYGGYGCYTGRGCCYGGGRATRGT	65.5	58	26	Poor		—	—	—	—	—
HN-D-R1	GGTATTACTATAAAGAAAATYAT	43.9	20	23	Good		7	2	63	2	52
HN-D-R2	GGTATTACTATAAAGAARATYAT	45.8	22	23	Good		1	1	70	1	66
HN-D-R3	GGYATTACTATAAAGAARATYAT	50.1	24	23	Good		0	0	72	0	70
HN-D-R4	GGYATTACTATAAARAARATYAT	52.2	22	23	Good	Fish-F1+Fish-F2	0	1	71	1	70
HN-D-R5	GGYATTACTATRAARAARATYAT	55.2	24	23	Good		5	9	58	5	53
HN-D-R6	GGYATTACTATRAARAARATYAT	59.5	26	23	Good		14	20	38	19	19
HN-D-R7	GGYATTACTATRAARAARATYAT	62.6	28	23	Poor		—	—	—	—	—
HN-E-R1	CAGAACGCTTATGTTATTYAT	44	28	20	Good		13	13	46	25	25
HN-E-R2	CAGAACGCTTATGTTATTYAT	44	30	20	Good		10	4	58	44	44
HN-E-R3	CAGAACGCTTATGTTATTYAT	41.1	28	20	Good		4	6	62	50	50
HN-E-R4	CAGAACGCTTATGTTATTYAT	44.4	30	20	Good	Fish-F1+Fish-F2	7	11	54	49	49
HN-E-R5	CAGAACGCTTATGTTATTYAT	46.9	28	20	Poor		—	—	—	—	—
HN-E-R6	CARAARCTTATGTTATTYAT	49.5	25	20	Poor		—	—	—	—	—
Fish-F1	TCAACCAAACCAAAAGACATTGGCAC	66.6	46	26	Good	Fish-R1+Fish-R2	1	1	70	68	68
Fish-F2	TCGACTTAATCATAAAGACATCGGCAC	61.4	42	26	Best		0	0	72	66	66
Uni-Minibar-F	TCCACTAATCACAAARGATATGGTAC	56	37	26	Good	Uni-Minibar-R	19	28	25	9	9
PS1-F	GTATTTGGYGCYTGRGCCGGRATAGT	66.4	54	26	Good	PS1-R	7	19	46	22	22
Fish-R1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAGAAATCA	64.7	46	26	Good	Fish-F1+Fish-F2	0	1	71	64	64
Fish-R2	ACTTCAGGTGACCGAAGAATCAGAA	64.1	46	26	Good		2	2	70	62	62
Uni-Minibar-R	GAAAATCATAATGAAGGCATGAGC	57.9	38	24	Good		—	—	—	—	—
PS1-R	AGCCARAARCTYATRTRTRTYATTGCG	64.3	35	26	Good		—	—	—	—	—

注: “—”表示结果重复或未进行有关实验。

Note: “—” indicates that the results were repeated or the experiment was not carried out.



图 2 HN-D-R3 与 HN-D-R4 的扩增效果比较
Fig.2 Comparison of amplification effect of HN-D-R3 and HN-D-R4

A: HN-D-R3 扩增原图; B: HN-D-R4 扩增原图; C、D: 原图亮度同步调低至只剩 750 bp marker 可见时的扩增子痕迹(C: HN-D-R3; D: HN-D-R4); 1~72: 物种编号; M: Marker。

A: Original image of HN-D-R3 amplification; B: Original image of HN-D-R4 amplification; C, D: Amplicon trace when the brightness of the original image was synchronously reduced to only 750 bp marker visible (C: HN-D-R3; D: HN-D-R4); 1~72: Numbers of species; M: Marker.

2.5 水样高通量测序结果

全部 30 个水样稀释曲线(rarefaction curves)末端趋于平滑, 样品测序数据量充足, 可用于后续分析。虽然生物信息学过程已剔除阴性对照中出现的序列, 但水样中仍检测出了一定比例的河口及海洋鱼类 OTUs。由于这部分序列仍是引物灵敏性和通用性的反映, 因此, 本研究未进一步对其进行剔除。MiFish-U 的扩增效率高于 HN-CO I, 前者产生的待分析序列(clean reads)总量是后者的 1.29 倍(表 4);然而, HN-CO I 对鱼类 eDNA 靶向性更强, 待分析序列内鱼类序列总数和序列平均占比分别是 MiFish-U 的 1.22 倍和 1.99 倍(表 4)。OTUs 也表现出同样的现象: MiFish-U 共扩增出 477 种 OTUs, 其中鱼类 OTUs 共 65 种(占比为 13.63%); HN-CO I 共扩增出 406 种 OTUs, 其中鱼类 OTUs 共 86 种(占比为 21.18%) (表 4)。

OTUs 注释结果显示, HN-CO I 产生的 86 种鱼类 OTUs 注释到种、属、科及科以上水平的数目分别为 70 (81.40%)、10 (11.63%)、6 (6.98%); MiFish-U 产生的 65 种鱼类 OTUs 中注释到种、属、科及科以上水平的数目分别为 53(81.54%)、3(4.62%)、9 (13.85%)。种水平的 OTUs 共注释 81 种鱼类, 其中共享鱼类 42 种, 独享鱼类 28 种(HN-CO I)和 11 种(MiFish-U)。基于 81 种鱼类的出现情况进行“引物+水样”的 NMDS 排序结果显示, 样品聚类成边界明显的 2 组。表明 HN-CO I、MiFish-U 的鱼类多样性调查结果存在较大不同。此外, HN-CO I 的 NMDS 结果离散性高于 MiFish-U, 暗示基于该引物组合的海南岛鱼类多样性调查差异大。NMDS 分析结果的胁强系数为 0.15, 说明将 2 个引物调查结果划归不同组具有一定的解释意义。

表 4 水样高通量测序结果简介
Tab.4 Brief introduction to water sample results after high-throughput sequencing

引物组合 Primers pairs	水样 Samples	待分析序列 Clean reads	鱼类序列 Fish sequence	鱼类序列占比 Fish sequence ratio /%	OTUs 总数 Total number of OTUs	鱼类 OTUs 总数 Total number of fish OTUs	鱼类 OTUs 占比 Fish OTUs ratio /%
MiFish-U	ND-1	1 587 885	695 760	43.82	117	11	9.40
	ND-2	1 104 676	144 785	13.11	78	8	10.26
	ND-3	991 762	133 630	13.47	119	18	15.13
	ND-4	938 059	132 825	14.16	115	17	14.78
	ND-5	905 181	111 780	12.35	115	13	11.30
	CH-1	816 815	71 645	8.77	62	3	4.84
	CH-2	785 725	69 115	8.79	115	6	5.22
	CH-3	755 231	59 800	7.92	69	7	10.14
	CH-4	685 819	64 445	9.40	55	6	10.91
	CH-5	672 648	103 730	15.42	85	12	14.12
	WQ-1	662 054	56 005	8.46	105	10	9.52
	WQ-2	488 033	43 930	9.00	69	7	10.14
	WQ-3	484 507	80 615	16.65	62	14	22.58
	WQ-4	382 510	55 820	14.59	117	19	16.24
	WQ-5	271 221	40 020	14.76	56	7	12.50
HN-CO I	ND-1	1 388 328	281 980	20.31	64	8	12.50
	ND-2	1 063 166	220 225	20.71	124	19	15.32
	ND-3	1 006 708	322 920	32.08	71	12	16.90
	ND-4	833 107	135 355	16.25	121	19	15.70
	ND-5	657 805	99 920	15.19	80	14	13.25
	CH-1	548 473	135 110	24.63	75	9	12.00
	CH-2	497 554	256 795	51.61	70	17	22.86
	CH-3	440 352	84 155	19.11	86	19	22.09
	CH-4	407 752	124 430	30.52	117	21	17.95
	CH-5	405 178	86 020	21.23	82	19	23.17
	WQ-1	403 004	58 650	14.55	67	8	11.94
	WQ-2	359 890	94 830	26.35	64	18	28.13
	WQ-3	352 378	78 085	22.16	71	10	14.08
	WQ-4	315 718	157 690	49.95	103	31	30.09
	WQ-5	240 563	128 800	53.54	78	22	28.21

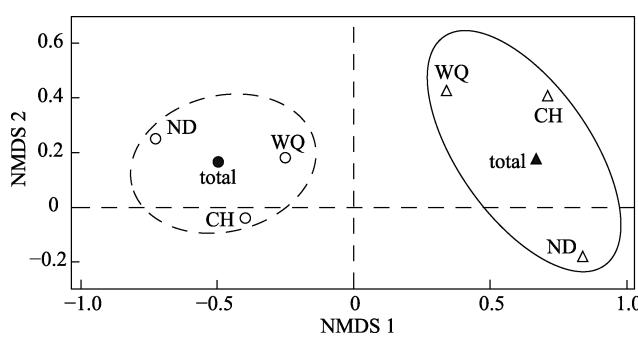


图 3 不同引物的 NMDS 分析
Fig.3 NMDS analysis of different primers

圆形: MiFish-U 扩增结果; 三角形: HN-CO I 扩增结果

Round: Amplification results of MiFish-U;

Triangle: Amplification results of HN-CO I

42 种共享鱼类的两两遗传距离分别为 0.007~0.377 (0.234 ± 0.087) (HN-CO I) 和 0.006~0.462 (0.298 ± 0.135) (MiFish-U); 对 42 种鱼类所在阶元进行分组, 属内物种间两两遗传距离分别为 0.007~0.251 (0.156 ± 0.050) (CO I) 和 0.006~0.202 (0.0994 ± 0.035) (MiFish-U); HN-CO I 引物组合的属内物种遗传距离最小值及平均值均高于 MiFish-U, 分别为后者的 1.23 倍和 1.57 倍, 暗示 HN-CO I 的近缘鱼类的区分能力高于 MiFish-U。此外, 全部 42 种共享鱼类的两两遗传距离的变异系数分别为 37.28% (HN-CO I) 和 45.42% (MiFish-U); 属内物种间两两遗传距离的变异系数分别为 31.88% (HN-CO I) 和 35.51% (MiFish-U)。与 MiFish-U 相比, HN-CO I 的变异系数更小, 表明其物

种鉴定稳定性高于 MiFish-U。

2.6 “生物量-拷贝数”定量拟合结果

将不同密度的鲤鱼与高通量测序后的分子拷贝数进行拟合：HN-CO I、MiFish-U 的线性回归方程分别为 $y=18\ 586x$ ($R^2=0.65$) 和 $y=17\ 267x$ ($R^2=0.52$) (图 4)。2 种引物拟合方程的相关系数均较低，表明尚

不能通过 eDNA 序列反映水槽中鲤鱼的生物量。拟合结果还表明，饲养 15 d 后低密度组的 eDNA 浓度极高，6 个密度组内的鲤鱼 eDNA 可能均处于饱和状态；同一密度组内却又存在平行样间分子拷贝数差异较大的现象(图 4)，表明水体内 eDNA 分布并不均匀。此外，本研究尝试了二项式、指数、对数、幂函数的拟合效果，其相关性均较低($R^2 \leq 0.565$) (图表略)。

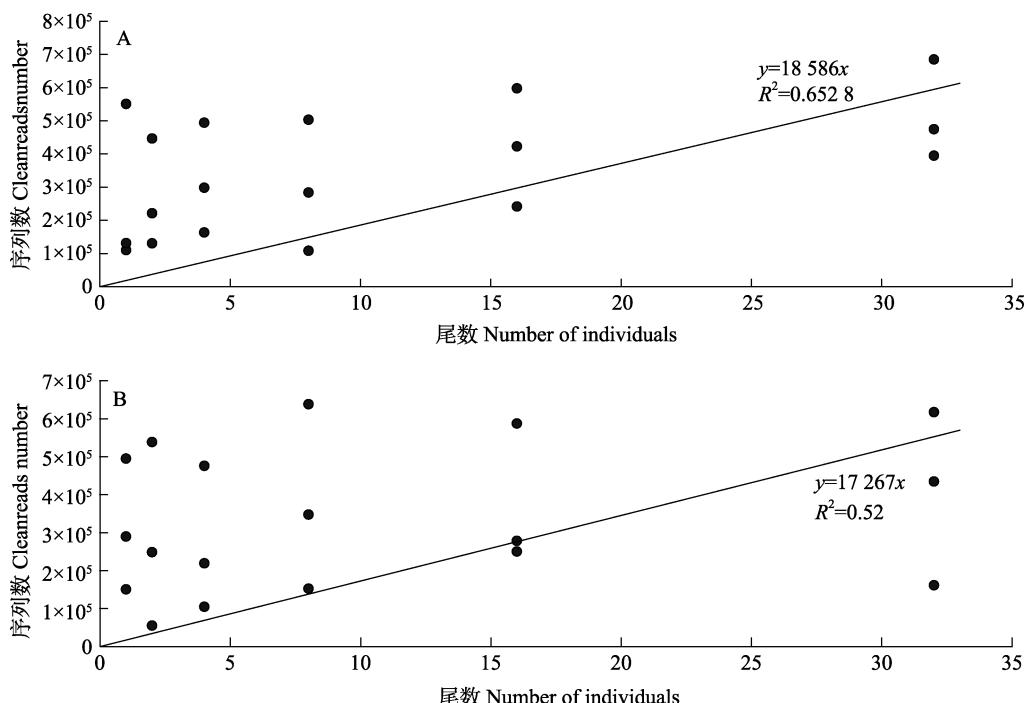


图 4 室内条件下鲤鱼 eDNA 分子拷贝数与其生物量之间的相关关系

Fig.4 Correlation between eDNA reads and biomass of *Cyprinus carpio carpio* under indoor conditions

A: HN-CO I ; B: MiFish-U

3 讨论

3.1 CO I 通用引物的地域性

本研究中，有 5 条引物的通用性较高(表 3)，其中以 HN-CO I 效果最佳，该引物组合的扩增子长度达到 139 bp，PCR 成功率为 100% 且扩增条带亮度均大于 marker。表明以海南岛淡水鱼类为调查对象时，能够筛选出理想的鱼类 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物。然而，PS1 及 Uni-Minibar 在本研究中表现较差——72 种鱼类 PCR 成功率分别为 46 种和 25 种，扩增条带亮度大于 marker 的物种数更是仅有 22 种和 9 种(表 3)。Zhang 等(2020)基于北京市水样进行 eDNA 宏条形码引物比较亦表明：PS1 及 Uni-Minibar 在全部 22 对测评引物中处于中等偏下水平。然而，在 Balasingham 等(2018)和 Meusnier 等(2008)的原始研

究中，PS1、Uni-Minibar 却展现了极高的通用性。PS1、Uni-Minibar 及 HN-CO I 在不同研究中的表现说明，eDNA 宏条形码 CO I 通用引物具有明显的地域性，可能无法适用于原始调查水域/类群之外的鱼类多样性研究。造成引物地域性的主要原因，是 CO I 基因变异速率远高于 12S、16S，因而找不到严格的侧翼保守区(Riaz *et al.*, 2011; Freeland, 2017; Evans *et al.*, 2018)。综合已有研究结果，本研究认为，鱼类 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物的具体应用需要密切考虑其设计背景和原始调查水域/类群，直接使用他人筛选出的 CO I 通用引物存在一定的物种调查假阴性风险。

3.2 CO I 通用引物筛选参考及建议

虽然鱼类 eDNA 宏条形码 CO I 通用引物具有一定的地域性，但本研究为其他类似研究提供了一个引

物筛选参考。本研究筛选出的 6 个侧翼保守区与 Fish-F、Fish-R、PS1、Uni-Minibar 等已知的鱼类 CO I 条形码引物位置重叠(图 1)，并且侧翼保守区涉及的鱼类总数在数百种以上(本研究: 150 种; Fish-F、Fish-R: 207 种; PS1: 114 种; Uni-Minibar: 187 种)(Ward *et al*, 2005; Meusnier *et al*, 2008; Balasingham *et al*, 2018)。因此，图 1 标注的侧翼保守区位置具有充分借鉴意义。尽管不同类群在具体碱基构成上可能存在一定差异，如 150 种海南岛淡水鱼类在 HN-A-F4 引物 3' 端存在 5 个连续保守碱基，Fish-F1/F2、Uni-Minibar-F 在相同位置却只存在 2 个连续保守碱基(表 2)，但其他水域的鱼类多样性调查仍然可以以此为导引，通过调整引物起始位置和修改碱基组成，筛选所需的 CO I 通用引物。

侧翼保守区长度会影响引物通用性。本研究中 HN-E 系列的 6 条引物 PCR 成功率明显偏低(表 3)。虽然侧翼保守区 E 的长度达到 20 bp。有研究认为，当引物长度在 18 bp 以上即可保证引物自身有极高的扩增效率(Kitano *et al*, 2007; Riaz *et al*, 2011; Sultana *et al*, 2018)。但由于密码子第 3 位点变异碱基的存在，侧翼保守区 E 与 eDNA 模板的有效结合长度最小值只有 14 bp，导致引物筛选过程中有 10~26 种鱼类扩增失败。随机扩增片段多态性(random amplification polymorphic DNA, RAPD)技术的广泛使用(所用引物在 10 bp 左右)，也从侧面印证了引物长度的降低会导致 PCR 出现多条带或者无条带的结果(何舜平等, 2000; 尹绍武等, 2006; 鹿志创等, 2007)。相比之下，Fish-F1/F2 及 Fish-R1/R2 长度均为 26 bp，即使密码子第 3 位点完全不匹配，其有效结合长度也至少为 18 bp。这 4 条引物在未使用任何简并碱基的情况下，PCR 条带亮度大于 marker 的物种数仍高达 62~68 种；HN-B-F3/F4 的 PCR 成功率更是高达 100%。Menning 等(2020)和 Sultana 等(2018)针对阿拉斯加、马来西亚本土鱼类进行的 CO I 通用引物筛选，结果也呈现出类似规律：长度短的引物更容易被率先淘汰。本研究不推荐在短侧翼保守区内进行引物设计，如有必要则应该对引物 5' 端进行碱基加长修饰。

CO I 通用引物设计过程中，应使用适量简并碱基。Miya 等(2015)在引物筛选过程中发现，即使只添加 1~2 个简并碱基也会导致 PCR 扩增中出现不同程度的弥散带，因此，采取将 MiFish-U(硬骨鱼类)与 MiFish-E(软骨鱼类)引物分开设计的原则。Ward 等(2005)在设计标准的鱼类 DNA 条形码 CO I 引物(Fish-F1/F2 及 Fish-R1/R2)过程中，也采取了“分别设计多对正、反向引物，不同引物组合应用”的策略。

然而，由于没有简并碱基，MiFish-U、Fish-F1/F2 及 Fish-R1/R2 始终存在部分鱼类无法扩增的问题(Ward *et al*, 2005; Miya *et al*, 2015)；并且多对引物搭配使用会显著提高鱼类 eDNA 研究的工作量和 PCR 测序成本。针对此问题，Ivanova 等(2007)和 Minamoto 等(2012)均通过添加简并碱基来提高“引物序列–DNA 模板”的匹配度。本研究支持使用适量简并碱基的做法：用于首轮 PCR 筛选的 20 条引物中，使用 1~2、3~4、5 个及以上简并碱基的引物，其 PCR 条带亮度大于 marker 的物种数分别为 25~66 (54.38 ± 14.13)、49~71 (65.13 ± 9.67) 和 19~59 (47.25 ± 19.02) 种。次轮 PCR 筛选结果也显示，HN-CO I 等存在 3~4 个简并碱基的引物 PCR 成功率均为 100%。然而，当简并碱基在 5 个及以上时，72 种海南岛淡水鱼类的 PCR 成功率开始明显下降；特别是 HN-B-F6/F7/F8、HN-D-R7、HN-E-R5/R6 引物，由于自身含有过多的简并碱基，已经无法满足 Premier 软件的基本要求。PS1 对海南岛淡水鱼类的扩增效果较差，可能也受到了反向引物简并碱基过多的影响(Minamoto *et al*, 2012; Miya *et al*, 2015)。

3.3 HN-CO I 与 MiFish-U 的比较

通用性和物种识别能力是鱼类 eDNA 宏条形码引物的 2 个核心指标。Collins 等(2019)和 Milan 等(2020)认为：12S 和 16S 引物的通用性一般高于 CO I 和 Cytb。本研究支持此结论。30 个水样高通量测序结果显示，MiFish-U 产生的待分析序列总数和 OTUs 总数分别是 HN-CO I 的 1.29 倍和 1.18 倍(表 4)。然而，MiFish-U 可能存在通用性过高的风险——虽然该引物是 Miya 等(2015)基于 880 种鱼类线粒体全序列筛选所得，但引物序列对微生物、鸟类、哺乳类等众多类群却普遍适用。过高的通用性会引起 PCR 竞争性扩增，导致量少的鱼类 eDNA 模板在扩增过程中因受到其他量多的 eDNA 模板(如微生物)的竞争而逐步丢失(Kobayashi *et al*, 2000; 华育平, 2002; 李朋祥, 2012)。本研究中，HN-CO I 产生的鱼类序列总数及其占比、鱼类 OTUs 总数及其占比分别为 MiFish-U 的 1.22 倍 ($2\,264\,965/1\,863\,905$) 和 1.57 倍($25.39\%/16.16\%$)、1.32 倍($86/65$) 和 1.57 倍($25.39\%/16.16\%$) (表 4)。HN-CO I 引物对海南岛淡水鱼类具有更高的靶向性，能够在降低微生物等非目标物种有效扩增的同时产生更多的鱼类序列或 OTUs，进而满足海南岛淡水鱼类多样性调查需求。

HN-CO I 的物种识别能力高于 MiFish-U。42 种共享鱼类遗传距离分析结果显示，HN-CO I 属内物种

遗传距离最小值及平均值是 MiFish-U 的 1.23 倍和 1.57 倍; HN-CO I 在物种注释过程中停滞在科及科以上水平的 OTUs 占比则仅为 MiFish-U 的 0.50 倍 (6.98%/13.85%)。陈治等(2022)通过比较数十种海南岛淡水鱼类的 eDNA 宏条形码参考数据库发现, HN-CO I 和 MiFish-U 分别有 5.56% (4 种) 和 16.67% (12 种) 鱼类存在条形码序列完全相同的现象。因此, MiFish-U 扩增出的部分 OTUs 可能是多个种的复合 OTUs (Schenekar *et al.*, 2020; 蒋佩文等, 2022; 王梦等, 2022)。这可能也是该引物的鱼类 OTUs 比 HN-CO I 少的原因之一。

“引物+水样”的 NMDS 聚类形成边界明显的两组(胁强系数=0.15), 表明 HN-CO I、MiFish-U 的鱼类多样性调查结果存在较大不同。该结果符合 Taberlet 等(2012)和 Pawlowski 等(2020)提出的鱼类 eDNA 调查应多基因片段并用的观点。NMDS 图中南渡江、昌化江、万泉河的位点距离较远, 该结果也与部分已有研究一致(李高俊等, 2020), 表明 eDNA 能够在中尺度上有效反映鱼类的组成差异(Kelly *et al.*, 2014; Deiner *et al.*, 2017; Yamamoto *et al.*, 2017)。并且, 基于 HN-CO I 的南渡江、昌化江、万泉河三大水系 NMDS 结果离散性高于 MiFish-U。海南岛高山地形复杂、环境异质化明显, 众多河流互不干扰且呈放射状向海岛四周奔流, 因此, 物种的隔离效应极其明显(陈辈乐等, 2008)。HN-CO I 结果可能更符合海南岛淡水鱼类的这一时空分布特点。然而, 由于没有同步采用传统调查方法采集鱼类样品, 上述推测还需要进一步验证。

虽然有观点认为, eDNA 能够反映鱼类的生物量 (Doi *et al.*, 2017; Takahara *et al.*, 2019), 但本研究 2 种引物的“生物量-拷贝数”定量拟合方程相关系数较低。这可能是由于本研究为室内实验, 水体中的 eDNA 浓度较高, 导致全部水样经过少数几个 PCR 循环后均达到峰值。Pilliod 等(2013)和 Anais 等(2016)的研究也未能通过 eDNA 浓度准确反映物种的生物量和养殖密度。本研究同一密度组内却存在平行样间分子拷贝数差异较大的现象(图 4), 表明无论鲤鱼密度高低都会出现检出生物量不稳定的风险。eDNA 在水体的分布可能并不均匀, 而是呈斑片状分布, 这与 Eichmiller 等(2014)和吴昀晟等(2019)的研究报道相同。鱼类 eDNA 的产生、降解动力学过程极为复杂, 目前没有研究能够准确阐明 eDNA 的微观存在和变化规律。后续还需要进行大量实验厘清 HN-CO I、MiFsh-U 等引物的 eDNA 定量结果准确性。

4 结论

本研究基于 8 目、26 科、101 属、150 种鱼类 CO I 序列筛选出 6 个侧翼保守区, 从中设计了 26 条引物, 经 72 种鱼类、30 个水样验证后表现最优的引物组合为 HN-CO I (HN-A-F4、HN-D-R3)——该引物组合扩增成功率为 100% 且扩增条带单一明亮, 扩增子长度为 139 bp; 高通量测序获得的鱼类 OTUs 总数是 MiFish-U 的 1.32 倍; 属内物种扩增子两两遗传距离最小值及平均值分别是 MiFish-U 的 1.23 倍和 1.57 倍。HN-CO I 的 OTUs 注释结果及 NMDS 聚类图形同样与 MiFish-U 存在较大不同。HN-CO I 虽然无法准确反映鲤鱼的生物量, 但对海南岛淡水鱼类具有更高的靶向性, 该引物组合更有利海南岛淡水鱼类的检出和准确鉴定。

参 考 文 献

- ANAIIS L R, ROSABAL M, BERNATCHEZ L. Estimating fish abundance and biomass from eDNA concentrations: Variability among capture methods and environmental conditions. *Molecular Ecology Resources*, 2016, 16(6): 1401–1414
- BALASINGHAM K D, WALTER R P, MANDRAK N E, *et al.* Environmental DNA detection of rare and invasive fish species in two Great Lakes tributaries. *Molecular Ecology*, 2018, 27(1): 112–127
- CHEN B L, CHEN X L. Species diversity and distribution of freshwater fishes at Mt. Yinggeling, Hainan Island, China. *Biodiversity Science*, 2008, 16(1): 44–52 [陈辈乐, 陈湘舜. 海南鹦哥岭地区的鱼类物种多样性与分布特点. 生物多样性, 2008, 16(1): 44–52]
- CHEN J X. Fish species composition and diversity in the northern and southern foothills of the Qinling Mountains based on environmental DNA high-throughput barcoding technology. Master's Thesis of Northwest A&F University, 2022 [陈锦孝. 基于环境 DNA 高通量条形码技术的秦岭南、北麓鱼类物种组成及多样性研究. 西北农林科技大学硕士研究生学位论文, 2022]
- CHEN Z, CAI X W, ZHANG Q F, *et al.* Preliminary construction and comparative analysis of environmental DNA metabarcoding reference database of freshwater fishes in Hainan Island. *South China Fisheries Science*, 2022, 18(3): 1–12 [陈治, 蔡杏伟, 张清凤, 等. 海南岛淡水鱼类环境 DNA 宏条形码参考数据库的初步构建及比较分析. 南方水产科学, 2022, 18(3): 1–12]
- CHENG X Y, TAO J, WU R D, *et al.* Functional ecology of freshwater fish: Research progress and prospects. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(3): 810–822 [程馨雨, 陶捐, 武瑞东, 等. 淡水鱼类功能生态学研究进展. 生态学报, 2019, 39(3): 810–822]

- COLLINS R A, BAKKER J, WANGENSTEEN O S, et al. Non-specific amplification compromises environmental DNA metabarcoding with CO I. *Methods in Ecology and Evolution*, 2019, 10(11): 1985–2001
- DEINER K, BIK H M, ELVIRA MACHLER, et al. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*, 2017, 26(21): 5872–5880
- DOI H, INUI R, AKAMATSU Y, et al. Environmental DNA analysis for estimating the abundance and biomass of stream fish. *Freshwater Biology*, 2017, 62(1): 30–39
- EICHMILLER J J, BAJER P G, SORENSEN P W. The relationship between the distribution of common carp and their environmental DNA in a small lake. *PLoS One*, 2014, 9(11): e112611
- EVANS N T, LAMBERTI G A. Freshwater fisheries assessment using environmental DNA: A primer on the method, its potential, and shortcomings as a conservation tool. *Fisheries Research*, 2018, 197(4): 60–66
- FICETOLA G, MIAUD C, POMPANON F, et al. Species detection using environmental DNA from water samples. *Biology Letters*, 2008, 4(4): 423–425
- FREELAND J R. The importance of molecular markers and primer design when characterizing biodiversity from environmental DNA. *Genome*, 2017, 60(4): 358–374
- HE S P, WANG W, CHEN Y Y. The RAPD analysis and the phylogenetic concerning for primitive Cyprinidae. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2000, 24(2): 101–106 [何舜平, 王伟, 陈宜瑜. 低等鲤科鱼类 RAPD 分析及系统发育研究. 水生生物学报, 2000, 24(2): 101–106]
- HUA Y P. Development of a competitive PCR assay for quantifying sheep-associated malignant catarrhal fever viral DNA. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 2002, 38(9): 10–13 [华育平. 定量测定羊关联性恶性卡他热病毒 DNA 的竞争性 PCR 方法的建立. 中国兽医杂志, 2002, 38(9): 10–13]
- IVANOVA N V, ZEMLAK T S, HANNER R H, et al. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 2007, 7(4): 544–548
- JIANG P W, LI M, ZHANG S, et al. Construction of DNA meta-barcode database of fish in Pearl River estuary based on mitochondrial cytochrome CO I and 12S rDNA gene. *South China Fisheries Science*, 2022, 18(3): 13–21 [蒋佩文, 李敏, 张帅, 等. 基于线粒体 CO I 和 12S rDNA 基因构建珠江河口鱼类 DNA 宏条形码数据库. 南方水产科学, 2022, 18(3): 13–21]
- KELLY R P, PORT J A, YAMAHARA K M, et al. Using Environmental DNA to census marine fishes in a large mesocosm. *PLoS One*, 2014, 9(1): e86175
- KITANO T, UMETSU K, TIAN W, et al. Two universal primer sets for species identification among vertebrates. *International Journal of Legal Medicine*, 2007, 121(5): 423–427
- KOBAYASHI Y, FORSTER R J, TEATHER R M. Development of a competitive polymerase chain reaction assay for the ruminal bacterium *Butyrivibrio fibrisolvens* OB156 and its use for tracking an OB156-derived recombinant. *FEMS Microbiology Letters*, 2000, 188(2): 185–190
- KRUSKAL J B. Nonmetric multidimensional scaling: A numerical method. *Psychometrika*, 1964, 29(2): 115–129
- LI G J, GU D E, CAI X W, et al. The species composition and distribution of indigenous freshwater fishes of three main rivers in Hainan Island. *Freshwater Fisheries*, 2020, 50(6): 15–22 [李高俊, 顾党恩, 蔡杏伟, 等. 海南岛“两江一河”淡水土著鱼类的种类组成与分布现状. 淡水渔业, 2020, 50(6): 15–22]
- LI P X. Analytical methods of gene copy number variations based on multiplex competitive PCR using universal fluorescent primers. Master's Thesis of Donghua University, 2012 [李朋祥. 基于荧光通用引物竞争性 PCR 的基因拷贝数分析方法. 东华大学硕士研究生学位论文, 2012]
- LI X H, LI J, LI Y F. Primary color Atlas of freshwater and estuarine fishes in Hainan Island. Beijing: Science Press, 2020 [李新辉, 李捷, 李跃飞. 海南岛淡水及河口鱼类原色图鉴. 北京: 科学出版社, 2020]
- LU Z C, GAO T X, LI Y H, et al. Optimization for the RAPD reaction system in *Gadus macrocephalus* Tilesius and *Cynoglossus semilaevis* Gunther. *Transactions of Oceanology and Limnology*, 2007, 113(3): 96–103 [鹿志创, 高天翔, 李玉晖, 等. 大头鳕和半滑舌鳎 RAPD 分析条件的优化. 海洋湖沼通报, 2007, 113(3): 96–103]
- MENNING D, SIMMONS T, TALBOT S. Using redundant primer sets to detect multiple native Alaskan fish species from environmental DNA. *Conservation Genetics Resources*, 2020, 12(1): 109–123
- MEUSNIER I, SINGER G A C, LANDRY J F, et al. A universal DNA mini-barcode for biodiversity analysis. *BMC Genomics*, 2008, 9(1): 214
- MILAN D T, MENDES I S, DAMASCENO J S, et al. New 12S metabarcoding primers for enhanced Neotropical freshwater fish biodiversity assessment. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 17966
- MINAMOTO T, YAMANAKA H, TAKAHARA T, et al. Surveillance of fish species composition using environmental DNA. *Limnology*, 2012, 13(1): 193–197
- MIYA M, SATO Y, FUKUNAGA T, et al. MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: Detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2015, 2(7): 150088
- NEWMASTER S G, FAZEKAS A J, STEEVES R A D, et al. Testing candidate plant barcode regions in the Myristicaceae. *Molecular Ecology Resources*, 2008, 8(3): 480–490
- PAWLOWSKI J, APOTHELOZ P G L, ALTERMATT F. Environmental DNA: What's behind the term? Clarifying the terminology and recommendations for its future use in biomonitoring. *Molecular Ecology*, 2020, 29(22): 4258
- Pearl River Fisheries Research Institute, Shanghai Fisheries University, East China Sea Fishery Research Institute, et al.

- The freshwater and estuaries fishes of Hainan Island. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press, 1986 [珠江水产研究所, 上海水产大学, 东海水产研究所, 等. 海南岛淡水及河口鱼类志. 广东: 广东科技出版社, 1986]
- PILLIOD D S, GOLDBERG C S, ARKLE R S, et al. Estimating occupancy and abundance of stream amphibians using environmental DNA from filtered water samples. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2013, 70(8): 1123–1130
- QIAN T Y, WANG W J, LI M, et al. A preliminary study on the vertical distribution of *Fenneropenaeus chinensis* environmental DNA in the Yellow Sea and its influencing factors. Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(2): 1–9 [钱塘毅, 王伟继, 李苗, 等. 黄海中国对虾环境 DNA(eDNA)的垂直分布规律及其影响因素初探. 渔业科学进展, 2021, 42(2): 1–9]
- RIAZ T, SHEHZAD W, VIARI A, et al. ecoPrimers: Inference of new DNA barcode markers from whole genome sequence analysis. Nucleic Acids Research, 2011, 39(21): e145
- SATO Y, MIYA M, FUKUNAGA T, et al. MitoFish and MiFish pipeline: A mitochondrial genome database of fish with an analysis pipeline for environmental DNA metabarcoding. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(6): 1553–1555
- SCHENEKAR T, SCHLETTNER M, LECAUDEY L A, et al. Reference databases, primer choice, and assay sensitivity for environmental metabarcoding: Lessons learnt from a re-evaluation of an eDNA fish assessment in the Volga headwaters. River Research and Applications, 2020, 36(7): 1004–1013
- SHAN X J, LI M, WANG W J. Application of environmental DNA technology in aquatic ecosystem. Progress in Fishery Sciences, 2018, 39(3): 23–29 [单秀娟, 李苗, 王伟继. 环境 DNA (eDNA)技术在水生生态系统中的应用研究进展. 渔业科学进展, 2018, 39(3): 23–29]
- SHEN Z X, LI G J, CAI X W, et al. The evolution and protection of freshwater fish species in Hainan Province. China Fisheries, 2018, 516(11): 56–60 [申志新, 李高俊, 蔡杏伟, 等. 海南省淡水野生鱼类多样性演变及保护建议. 中国水产, 2018, 516(11): 56–60]
- SHEN Z X, WANG D Q, LI G J, et al. Atlas guide to Hainan freshwater and estuarine fish. Beijing: Chinese Agricultural Press, 2021 [申志新, 王德强, 李高俊, 等. 海南淡水及河口鱼类图鉴. 北京: 中国农业出版社, 2021]
- SULTANA S, ALI M E, HOSSAIN M A M, et al. Universal mini CO I barcode for the identification of fish species in processed products. Food Research International, 2018, 105(5): 19–28
- TABERLET P, COISSAC E, HAJIBABAEI M, et al. Environmental DNA. Molecular Ecology, 2012, 21(8): 1789–1793
- TAKAHARA T, IKEBUCHI T, DOI H, et al. Using environmental DNA to estimate the seasonal distribution and habitat preferences of a Japanese basket clam in Lake Shinji, Japan. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2019, 221(5): 15–20
- TAO J, CAO Y, ZUO Q T. Research progress on the application of environmental DNA technology on river ecosystem. Water Resources Protection, 2021, 37(6): 150–156 [陶洁, 曹阳, 左其亭. 环境 DNA 技术在河流生态系统中的应用研究进展. 水资源保护, 2021, 37(6): 150–156]
- THOMSEN P F, KIELGAST J, IVERSEN L L, et al. Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. Molecular Ecology, 2012, 21(11): 2565–2573
- THOMSEN P F, WILLERSLEV E. Environmental DNA: An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. Biological Conservation, 2015, 183(1): 4–18
- TURNER C R, BARNES M A, XU C C Y, et al. Particle size distribution and optimal capture of aqueous microbial eDNA. Methods in Ecology and Evolution, 2014, 5(7): 676–684
- VALENTINI A, TABERLET P, MIAUD C, et al. Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. Molecular Ecology, 2016, 25(4): 929–942
- WANG M, YANG X, WANG W, et al. Fish diversity in Chongqing section of the national nature reserve for rare and endemic fish in the upper Yangtze River based on eDNA technology. Acta Hydrobiologica Sinica, 2022, 46(1): 2–16 [王梦, 杨鑫, 王维, 等. 基于 eDNA 技术的长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区重庆段鱼类多样性研究. 水生生物学报, 2022, 46(1): 2–16]
- WARD R D, ZEMLAK T S, INNES B H, et al. DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 2005, 360(1462): 1847–1857
- WEI Y N, WANG X M, YAO P C, et al. Comparison of species resolution rates of DNA barcoding for Chinese coastal halotolerant plants. Biodiversity Science, 2017, 25(10): 1095–1104 [魏亚男, 王晓梅, 姚鹏程, 等. 比较不同 DNA 条形码对中国海岸带耐盐植物的识别率. 生物多样性, 2017, 25(10): 1095–1104]
- WU Y S, TANG Y K, LI J L, et al. The application of environmental DNA in the monitoring of the Yangtze finless porpoise, *Neophocaena phocaenoides asiaeorientalis*. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, 26(1): 124–132 [吴昀晟, 唐永凯, 李建林, 等. 环境 DNA 在长江江豚监测中的应用. 中国水产科学, 2019, 26(1): 124–132]
- YAMAMOTO S, MASUDA R, SATO Y, et al. Environmental DNA metabarcoding reveals local fish communities in a species-rich coastal sea. Scientific Reports, 2017, 7(1): 40368
- YIN S W, HUANG H, LIAO J Q, et al. RAPD analysis of molecular genetic diversity and genetic relationship of four grouper species. Acta Oceanologica Sinica, 2006, 28(6): 119–126 [尹绍武, 黄海, 廖经球, 等. 4 种石斑鱼的分子遗传多样性和亲缘关系的 RAPD 分析. 海洋学报(中文版), 2006, 28(6): 119–126]
- YOCCOZ N G. The future of environmental DNA in ecology. Molecular Ecology, 2012, 21(8): 2031–2038

ZHANG H, XIAN W W. Application of environmental DNA technology in ecological conservation and monitoring. *Marine Sciences*, 2020, 44(7): 96–102 [张辉, 线薇薇. 环境 DNA 技术在生态保护和监测中的应用. *海洋科学*, 2020, 44(7):

96–102]

ZHANG S, ZHAO J, YAO M. A comprehensive and comparative evaluation of primers for metabarcoding eDNA from fish. *Methods in Ecology and Evolution*, 2020, 11(12): 1609–1625

(编辑 冯小花)

Screening Universal CO I Primers for eDNA Metabarcoding of Freshwater Fishes on Hainan Island

CHEN Zhi^{1,2}, CAI Xingwei^{1①}, SHEN Zhixin¹, ZHANG Qingfeng¹, LI Fangyuan¹, GU Yuan¹, LI Gaojun¹, ZHAO Guangjun¹, WANG Zhenjiang¹

(1. Hainan Academy of Ocean and Fisheries Sciences, Haikou 571126, China;

2. Key Laboratory of Utilization and Conservation for Tropical Marine Bioresources, Ministry of Education, Hainan Tropical Ocean University, Sanya 572022, China)

Abstract The known universal primers for environmental DNA (eDNA) metabarcoding of fish are mainly located in the mitochondrial ribosome gene regions. Not only are the reference sequences insufficient but also some relative fish species could not be identified using these 12S and 16S primers. In this study, the freshwater fishes of Hainan Island were selected to meet six investigation targets. (1) Six conserved regions were selected through the cytochrome c oxidase subunit I (CO I) sequences of 8 orders, 26 families, 101 genera, and 150 species; (2) Based on the base variation, species identification, eDNA degradation, and read length requirements of high-throughput sequencing, 26 primers were designed from four flanking conserved regions; however, six primers did not meet the Premier score requirements. (3) The first-round PCR results of 72 freshwater fish species on Hainan Island showed that 11 primers had high universality. Among them, there were 5 primers with more than 70 species successfully amplified and brighter PCR bands than marker. The second-round of PCR results showed that the amplification success rate of 3×2 (forward and reverse, respectively) primer combinations generated by the five primers was 100%, and the optimal primer combinations after PCR band length and brightness screening were "HN-A-F4, HN-D-R3" (hereinafter referred to as HN-CO I). (4) High-throughput sequencing results of 30 water samples showed that the total number of clean reads, fish sequences, operational taxonomic units (OTUs), and fish OTUs generated by HN-CO I were 0.77, 1.22, 0.85, and 1.32 times those of MiFish-U, respectively. (5) The proportion of fish OTUs annotated to species, genus, and family was 81.40%, 11.63%, and 6.98% for HN-CO I and 81.54%, 4.62%, and 13.85% for MiFish-U, respectively. The non-metric multidimensional scaling (NMDS) clustering pattern of "primer + water sample" formed two distinct groups with an obvious boundary (stress=0.15). The minimum and average values of pairwise genetic distances of species amplicons within genera of HN-CO I were 1.23 and 1.57 times those of MiFish-U, respectively. (6) The correlation coefficient of the linear regression equation of common carp biomass and sequence copies of the six indoor density groups was low. HN-CO I and MiFish-U could not accurately reflect the biomass of common carp. In this study, the advantages and disadvantages of HN-CO I were screened and compared with those of MiFish-U. The results showed that HN-CO I primers have a high targeting ability for freshwater fishes on Hainan Island. HN-CO I are advantageous in preventing eDNA contamination from non-target organisms, such as microorganisms and mammals, and is also conducive to the detection and accurate identification of freshwater fishes.

Key words Hainan Island; Freshwater fish; Environmental DNA; CO I ; Universal primers

① Corresponding author: CAI Xingwei, E-mail: caixw618@163.com