第二届水生生物论坛

2024年4月17-18日，武汉

一．会议主旨：保护生命，和谐共生

二．会议主要议题

* 水生生物多样性研究
* 鱼类行为学研究
* 渔业生态和资源保护研究
* 《水生生物学报》和《Water Biology and Security》编委会

三．组织方介绍

主办单位：湖北省动物学会、中国科学院水生生物研究所

承办单位：《水生生物学报》和《Water Biology and Security》编辑部

大会主席：桂建芳院士，殷战研究员

四．会议内容和日常安排

* + - 1. 学术研讨会：会议邀请桂建芳院士、Steven Cooke教授、庄平研究员、何舜平研究员等知名水生生物学专家出席，届时将做精彩的大会报告。
			2. 摘要集和论文集：欢迎所有参会者投稿中文摘要，所有摘要将录入会议论文集。论文摘要不少于500字，投稿文件格式为word文档，具体要素包括：论文题目，作者姓名，工作单位，通讯作者信息，电子邮箱，论文摘要，关键词，参考文献等，投稿格式见附件摘要模板所示。同时，欢迎作者在会前或会后投稿中文或者英文全文于《水生生物学报》或《Water Biology and Security》期刊。
			3. 展报板块：鼓励参会者将其研究成果以展报形式于会议展报区集中展示。会议为参会者专门设置展报参观时段，届时参会者可以有机会与研究者直接交流。展报投稿截止日期为4月10日。展报尺寸为120 cm\*90 cm，由会议组织方统一打印。
			4. 摘要和展报投稿截止时间为4月10日，投稿邮箱：acta@ihb.ac.cn，联系人：杜新征，邮件主题：水生生物论坛-姓名-机构
			5. 会议时间：2024年4月17-18日

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 4月17日 |  |  |
| 15:30-17:30 | 中英文期刊编委会 | 闭门会议(洪山宾馆B层7号会议室) |
| 4月18日 |  |  |
| 8:00-9:00 | 报到注册 | 洪山宾馆西二楼楚风厅 |
| 9:00-9:30 | 开幕式 |  |
| 9:30-10:00 | 合照，茶歇 |  |
| 10:00-12:30 | 大会报告 | 报告人：桂建芳院士、Steven Cooke教授、庄平研究员、何舜平研究员等 |
| 12:30-13:30 | 自助午餐 |  |
| 14:00-17:30 | 主题报告 | 报告人：李大鹏教授、叶章颖教授、牟希东研究员、杨淞教授、刘永研究员、苏国欢研究员等 |
| 17:30 | 离会 |  |

五．会议组织形式及注册报名

会议形式：会议采用线下会议形式，参会人员差旅费及食宿费自理。

会议地点：湖北省武汉市洪山宾馆，西二楼楚风厅

会议注册：会议需提前报名，免收注册费。

请参会人员于4月10日前通过下面链接完成线上注册报名：



https://www.wjx.top/vm/OtgEvqE.aspx#

六．会议合作酒店

1. 洪山宾馆 （会议召开酒店），武汉市武昌区中北路1号，会议合作房间价格单间或标间450元/晚（单早），500元/晚（双早）。



（扫码订房间）

2. 洪广大酒店（周边合作酒店），武汉市武昌区民主路782号 (地铁4号线洪山广场站A出口, 洪山体育馆对面)。高级大床房/高级标间：350元/晚。订房联系人：18971016663 龙静（订房请报会议名称“第二届水生生物论坛”）。

七．注意事项

1. 会议不额外收取注册费，参会代表差旅费及食宿费自理。
2. 会议酒店提供24h免费停车，停车位充足。

八．公司赞助与参展

大会期间将同期举办与水生生物研究和水生态研究相关的仪器、设备以及新技术展览、展示，大会设置以下参展方式，欢迎相关公司及团体积极参加此次学术会议。

联系人：叶文娟，027-68780800，15827614058，yewenjuan@ihb.ac.cn

九．会议联系人

杜新征，027-68780701

方城池，027-68780281

刘 瑞，027-68780502

刘 璇，027-68780800

湖北省动物学会

2024-3-25

**附件：会议摘要格式**

全部1.25倍行距

【题目三号，普通黑体】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

【空1行】

【四号，宋体，两个字中间加空格】王 梦1 杨 鑫1 王 维2 段 聪2 刘智皓1 陈启亮1 李英文1\* 沈彦君1\*

【6号，宋体】(1. 重庆师范大学重庆市动物生物学重点实验室, 重庆 401331; 2. 重庆市珍稀特有鱼类国家级自然保护区管理处, 重庆 402260)【空1行】

【5号，宋体，500-1000字】利用环境DNA宏条形码(environmental DNA metabarcoding; eDNA metabarcoding)检测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, 探索适用于长江鱼类多样性监测和保护的新方法, 为后期长江“十年禁渔”效果评估提供一定的基础资料。研究于2021年3月在保护区重庆段共设置6个采样点, 通过水样采集、eDNA捕获及提取、PCR扩增及测序和数据库对比分析等环境DNA宏条形码标准化分析流程来检测鱼类的多样性组成。结果表明保护区重庆段6个采样点中共检测出74种鱼类(不包括未鉴定到种水平的3属), 隶属于6目16科52属, 其中国家级保护鱼类2种, 长江上游特有鱼类10种, 重庆市重点保护鱼类1种, 外来物种8种。鲤属(*Cyprinus*)、鲫属(*Carassius*)、草鱼属(*Ctenopharyngodon*)和黄颡鱼属(*Tachysurus*)在各采样点均被检测到且为优势种。各样点鱼类组成的Alpha和Beta多样性的各项指数差异不大, 表明保护区鱼类的生态结构较为均衡和稳定。总体上, 在现阶段的长江流域鱼类资源监测中, 可根据监测任务的需要, 将环境DNA技术与传统的监测方法结合使用, 用于快速调查长江流域鱼类的多样性组成及分布等。

【空2行】

【小六，中文宋体，英文新罗马】收稿日期: 2021-07-09; 修订日期: 2021-10-12

基金项目: 重庆市林业局渔业资源监测专项(02060403/202009000101); 重庆市自然科学基金面上项目(cstc2019jcyj-msxmX0157)资助

[Supported by the Special Project of Fishery Resources Monitoring of Chongqing Forestry Bureau (02060403/202009000101);

Natural Science Foundation of Chongqing (cstc2019jcyj-msxmX0157)]

作者简介: 王梦(1996—), 女, 硕士研究生; 研究方向为水域生态学。E-mail: wmyjy1123@163.com

通信作者: 李英文, 教授; E-mail: 377683289@ qq.com　沈彦君, E-mail: shenyanjun@ cqnu.edu.cn　\*共同通信作者

**【12磅，大写，粗新罗马】FISH DIVERSITY IN CHONGQING SECTION OF THE NATIONAL NATURE RESERVE FOR RARE AND ENDEMIC FISH IN THE UPPER YANGTZE RIVER BASED ON EDNA TECHNOLOGY**

【空1行】

【10磅，新罗马】WANG Meng1, YANG Xin1, WANG Wei2, DUAN Cong2, LIU Zhi-Hao1, CHEN Qi-Liang1,

LI Ying-Wen1 and SHEN Yan-Jun1

*【8磅， 新罗马，斜体】(1. Chongqing Key Laboratory of Animal Biology, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China; 2. Chongqing NationalNature Reserve Management Office of Rare and Endemic Fish, Chongqing 402260, China)*

【空1行】

【10磅，新罗马，500-800字】**Abstract:** The aims of this study are: (1) to detect fish diversity in Chongqing section of the national nature reserve of rare and endemic fishes in the upper Yangtze River by using environmental DNA metabarcoding (eDNA metabarcoding), (2) exploring new methods applicable to the monitoring and protection of fish diversity in the Yangtze River, (3) providing certain basic data for the evaluation of the effect of the “10-year ban on fishing in the Yangtze River” later. A total of 6 sampling points were set up in the Chongqing section of the reserve in March 2021. The fish diversity was detected by following procedures, water sample collection, eDNA capture and extraction, PCR amplification and sequencing, database comparison analysis and other environmental DNA metabarcoding standardized analysis. The results showed that 74 fish species were detected (excluding 3 genera that have not been identified at the species level), belonging to 6 orders, 16 families and 52 genera, including 2 national-level protected fish, 10 endemic fish in the upper reaches of the Yangtze River, 1 key protected fish in Chongqing, and 8 invasive species. The genus Cyprinus, Carassius, Ctenopharyngodon and Tachysurus were detected at each sampling site and became the dominant species in each site. The various indexes of Alpha and Beta diversity of fish at various points are relatively uniform, indicating that the ecological structure of fish in the reserve is relatively balanced and stable. In summary, this study showed that although environmental DNA metabarcoding cannot completely replace traditional fish resource monitoring methods, it is a good strategy to combine them to quickly investigate the diversity composition and distribution of fish species in the Yangtze River Basin.

【空1行】

**Key words:** Environmental DNA; Fish diversity; Nature reserve; Upper Yangtze River; Rare and endemic fish