J. Lake Sci.(湖泊科学), 2026, 38(4):000-000
DOI 10.18307/2026.0430
©2026 *by Journal of Lake Sciences*

[学术争鸣]传统群落生态学量化指标在 eDNA 监测结果中拓展应用的适用性探讨*

杨海乐**
（上海市水生野生动植物保护研究中心，上海 200092）

摘 要：近年来，基于 eDNA 技术的生物调查监测快速发展并广泛应用，呈现出部分替代传统调查方法的趋势。在大家争相使用 eDNA 技术做研究、发论文的蓬勃扩张之下，存在一系列可能动摇这些研究、这些论文结论根基与价值的风险。本文聚焦其中的两个核心问题：其一，eDNA 监测结果具体指向何物；其二，传统个体和生物量视角的群落生态学指标能否直接用于 eDNA 数据的表述和分析。为此，本文从“将传统群落生态学量化指标拓展至 eDNA 数据表述和分析”的适用性出发，围绕四点展开探讨：①eDNA 物种序列相对丰度的具体内涵；②基于该相对丰度计算的群落量化指标所指向的对象；③以序列相对丰度替代个体数（或生物量）占比计算群落量化指标的有效性；④指称由序列相对丰度计算的群落量化指标的概念和术语体系构建。最后提出三点建议：①审慎阐述 eDNA 监测结果，勿轻易将其和传统调查结果做等同表述；②科学界定 eDNA 监测结果及其派生指标的指向，避免在结果解释与讨论中的概念混用与语义歧义；③凝聚共识，推动构建面向 eDNA 研究的概念与术语体系。本文为初步探讨，旨在促成进一步讨论。
关键词：环境 DNA；生物监测；物种序列相对丰度；群落分析；多样性指数

Discussion on the applicability of the extended application of quantitative indicators from traditional community ecology in analyzing eDNA monitoring results *

Yang Haile**
(*Shanghai Aquatic Wildlife Conservation and Research Center, Shanghai* 200092*, P.R.China*)

Abstract: Environmental DNA (eDNA)-based biological monitoring has rapidly advanced in recent years, exhibiting a transformative potential that is increasingly supplementing or replacing conventional field survey approaches. Amid this expanding application, where numerous researchers are adopting eDNA methodologies for studies and publications, several underlying risks may compromise the validity of conclusions and the scientific value of resulting papers. For instance, what biological entity does eDNA monitoring actually reflect? Is it appropriate to interpret eDNA-derived data using traditional ecological concepts and analytical frameworks originally developed for individual-based survey data? To address these concerns, this study examines the applicability of extending quantitative community ecology metrics—commonly used in traditional surveys—to eDNA-based data analysis. We focus on four key questions: (1) What biological or ecological attribute does the relative sequence abundance of each detected species represent in eDNA results? (2) What do community-level metrics calculated from sequence relative abundances actually indicate? (3) How effective is it to substitute sequence relative abundance for individual counts or biomass when computing community indices? (4) How should a conceptual and terminological framework be constructed for quantifying and describing community metrics derived from eDNA data? Based on this analysis, we propose

* 2025-08-10 收稿；2025-11-19 收修改稿。
** 通信作者；E-mail：haileyang10@fudan.edu.cn。

three recommendations for reporting and interpreting eDNA-based biological monitoring and community analyses: first, eDNA results should be carefully described and not equated directly with outcomes from traditional surveys; second, the ecological meaning of eDNA monitoring outputs must be scientifically clarified to avoid ambiguous or misleading interpretations; third, a consensus should be gradually developed across research fields using eDNA technology to establish consistent concepts and terminology. This manuscript offers a preliminary exploration of fundamental issues in eDNA-based monitoring and analysis, aiming to stimulate further discussion and methodological refinement.
Keywords: environmental DNA; biological monitoring; relative abundance of detected species DNA sequences; community analysis; diversity index

环境 DNA（eDNA）技术通过捕获环境样本中的 DNA 分子，并通过分子生物学技术解析 DNA 分子中所携带的生物遗传信息，助力种群监测、群落分析、生态系统评估[1-3]。近 40 年来，eDNA 监测技术的发展完成了技术探索、技术验证，迈入技术标准化阶段[4]。尤其是近十余年，eDNA 监测技术在研发上取得显著进步、在应用上获得爆发式增长[5-7]。近几年在 eDNA 监测技术标准化的进程上也是稳扎稳打、步步为营[8]。

在当前繁荣的 eDNA 监测研究中，宏条形码（meta-barcoding）技术路径最为常用，且大多数研究会依据测序所得序列进行聚类、物种注释，然后根据注释所得各物种的序列相对丰度开展群落的分析研究[9, 10]。在对群落的分析研究中，很多研究者会直接借用或者说套用传统群落生态学的量化指标或分析工具，比如物种丰度、群落结构、优势度、α 多样性、β 多样性、群落构建机制等[11-14]。

在传统群落生态学研究中，其量化分析是基于个体数占比的，而在基于 eDNA 技术的群落分析中，其量化分析是基于序列相对丰度的[11-14]。考虑到宏体生物（如鱼类等，多细胞生物）的 eDNA 通常是环境中由目标生物脱落/排放的遗传物质，群落中的物种组成和各物种个体数占比与 eDNA 样品中的物种组成和各物种序列数占比并非是严格线性一致的[14-18]；微生物（如细菌等，单细胞生物）的 eDNA 包含微生物个体本身（活体与死亡个体）以及分解释放到环境的 DNA 分子，接近（但不等同于）对群落组成的直接计量。因此通过传统调查研究方法计算获得的群落量化指标和通过 eDNA 监测方法计算获得的群落量化指标所指向的不是同一个对象，因此在基于 eDNA 技术的群落研究中直接套用传统群落生态学的量化指标是值得商榷的。但该问题尚未受到相关同行的重视，在此谨提出该问题并进行探讨，希望能引起同行专家的重视、共同构建面向 eDNA 监测研究的概念术语体系。本文的 eDNA 讨论主要侧重于宏体生物场景，并与微生物场景适度对照。

1 eDNA 物种序列相对丰度的具体指向

第一，eDNA 物种序列相对丰度结果是对所分析样品进行扩增、测序所得的注释到各物种的序列的相对占比。

第二，该相对占比一定程度上反映了 eDNA 样品中所包含的各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比，但考虑到引物扩增偏好、测序中的偶然误差、序列聚类注释分析中的偶然误差和数据缺陷、检出限的影响[19-22]，该相对占比并非是完整准确地对 eDNA 样品中所包含的各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比的反映。

第三，eDNA 样品中所包含的各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比，一定程度上反映了 eDNA 样品来源介质内所包含的各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比，但受制于目标介质中各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数时空分布的非均匀性，eDNA 样品采集的随机抽样特征，样品采集后 eDNA 的降解，以及单样品采样量对样品抽提所得稀有物种 DNA 拷贝数的影响[4, 17, 23, 24]，eDNA 样品中所包含的各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比，并非是完整准确地对目标介质中各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比的反映，尤其是在采样的重复数（时间序列重复、空间序列重复）不足时，其随机偏差可能会非常大。

第四，目标介质中各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比一定程度上反映了目标区域中各物种的相对丰度，但受制于 eDNA 的生成、输移、降解等过程中存在的类群差异甚至物种差异[23, 25-30]，以及 eDNA

的生成更多地依赖于个体的代谢速率、表面积、行为状态，而和个体数占比或资源量占比之间不具有严格线性一致[31]，目标介质中各物种的 DNA 分子目标片段拷贝数占比并非是完整准确地对目标区域中各物种个体数或资源量的相对丰度的反映。

综上可知，eDNA 物种序列相对丰度结果无法正确反映目标区域中各物种个体数或资源量的相对丰度，但当前很多基于 eDNA 技术的研究不假思索地或有意或无意地把基于 eDNA 物种序列相对丰度的结果直接等同于或替代传统群落生态学中基于个体的表述。比如利用 eDNA 各物种序列丰度直接计算鱼类优势度指数、鱼类多样性指数，基于该多样性指数直接做鱼类多样性空间分布格局、直接分析环境因子对鱼类多样性的影响[11, 12]。比如把 eDNA 检出的各物种序列相对丰度直接当作群落结构来进行与环境梯度之间的关联分析、进行群落组装机制检验[13]。

2 基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标的具体指向

在传统的群落生态学中，群落是指在相同时间聚集在一定地域或生境中各种生物种群的集合。对群落的量化研究中，首先是对群落中物种数的量化，是对采集到的个体进行物种鉴定和记录统计[32-34]；然后是对群落结构、群落中各物种优势度的量化，是对采集到的各物种个体数量进行记录统计和分析，和对采集到的各物种总重量（即生物量）进行记录统计和分析，前者（数量统计）通常会标注数量比和基于数量的优势度，后者（重量统计）通常会标注重量比和基于重量的优势度[35-37]；再然后是对群落中物种多样性的指标量化，包括 α 多样性指数、β 多样性指数和 γ 多样性指数，当前常用的如 Margalef 丰富度指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Simpson 优势度指数、Pielou 均匀度指数，所有指数计算均以物种数、个体数（个体数占比）为基础[36, 38, 39]；另外还有对群落构建机制的量化分析，是通过 β 多样性分析、中性群落模型拟合来检验中性随机过程和生态位选择过程对群落构建的贡献率，所有计算均以各物种个体数（个体数占比）为基础[40, 41]。

在基于 eDNA 技术的研究中，有很多不假思索地以 eDNA 样品扩增、测序、聚类、注释所得物种名录为依据进行物种数分析，以测序所得各物种序列相对丰度直接替代传统群落生态学研究中的个体数占比来开展群落量化分析[11, 12, 42]。考虑到所存在的 eDNA 空间迁移情况[28, 43, 44]，以及扩增测序、物种注释当中存在的错漏情况[20, 21]，eDNA 样品扩增、测序、聚类、注释所得物种是无法和传统调查、获取、鉴定、记录所得物种等效的。考虑到 eDNA 物种序列统计和传统调查个体（资源量）统计之间不构成严格线性一致[14, 17, 18]，所以，在基于 eDNA 技术的研究中直接借用传统群落研究中的各项量化指标对 eDNA 物种序列相对丰度进行的量化表述，是无法和基于传统生物多样性调查结果用传统群落研究中的各项量化指标对个体数量比或重量比进行的量化表述等效的。

如果在 eDNA 监测研究中借用传统群落生态学中的方法、工具的话，用 eDNA 检出的物种及其序列相对丰度替代传统群落调查记录的物种及其个体数占比，其计算所得的结果所指向的内容值得关注和慎重对待，不宜和传统调查计算结果所指向的内容轻易混淆等同。谨慎来讲，用传统群落生态学中的方法、工具进行量化分析，由传统群落调查计算所得结果的指向和由 eDNA 监测计算所得结果的指向，可以做如下对举（部分示例，表 1）。

3 用 eDNA 物种序列相对丰度替代传统个体数占比计算群落量化指标的有效性

目前，eDNA 技术在检出物种名录方面的可靠性较高，但并非无偏[17, 18, 20, 45]；在群落结构定量方面可靠性较低[17, 18]。同一样品在不同降解程度下，各物种可扩增测序的 DNA 分子拷贝占比会发生变化[23]。因此，有必要评估基于 eDNA 物种序列相对丰度的群落量化指标是否具备实践意义和价值，并进一步讨论其在生态监测与管理上的有效性。

eDNA 检出的物种可能是空间输移来自其他区域的物种[27, 43]，可以通过物种信息检出的空间有效度来评估并给出概率化说明[44]。eDNA 在目标介质中分布不均匀、eDNA 采样的随机性导致单个 eDNA 样品检出的物种具有很大的随机偏差，可以通过物种累计曲线（种-样品曲线）来进行评估并补足样品重复数（时间序列重复、空间序列重复）[17, 24]。在进行合理重复采样、完成空间有效度评估的情况下，在接受或容忍

表 1 基于传统群落调查和 eDNA 监测检出计算群落生态学量化指标所得结果的指向对举

Tab 1 Cases contrast for the indication of the results of quantitative indicators from traditional community ecology calculated respectively based on the data of traditional community survey and eDNA monitoring

传统群落生态学指标	eDNA 监测借用群落分析指标	差异说明
物种	eDNA 检出物种	eDNA 检出的物种可能是空间输移来自其他区域的物种，可以通过物种信息检出的空间有效度来评估。空间有效度是指评估某物种的 eDNA 检出可以溯源多远距离的概率。 传统调查记录的物种可直接指示在调查监测区域或站位的存在；而 eDNA 检出的物种可能来源于上游（距离约为 x km 的范围内），其本地性需结合空间有效度评估并进行概率化说明（记为 P）。
群落结构	eDNA 物种序列相对丰度	群落各物种的数量比和重量比均与 eDNA 各物种序列相对丰度没有严格线性一致性。 传统调查统计的各物种数量比或重量比可直接指示调查水域或江段的群落结构，而 eDNA 检出的各物种序列相对丰度则是调查监测点至上游 x km 的江段内的 eDNA 物种序列相对丰度，其准确性需结合空间有效度评估并进行概率化说明（记为 P）。
优势度	eDNA 物种序列优势度	受 eDNA 的生成、输移、降解过程的类群异质性和物种异质性以及 eDNA 的采样、扩增、测序、注释过程中的偏差影响，群落中各物种的优势度基本上无法在 eDNA 层面重现。 优势度是指物种在群落中的作用和地位的大小，体现的是物种在群落中的特征。eDNA 物种序列优势度是指 eDNA 物种序列在总序列中的占比及在总样品中的出现频率，体现的是物种序列在总序列中的特征。
优势种	eDNA 优势序列物种	受 eDNA 的生成、输移、降解过程的类群异质性和物种异质性以及 eDNA 的采样、扩增、测序、注释过程中的偏差影响，群落中的优势种在 eDNA 层面不一定具有相应的优势地位。 优势种是对群落其他种有很大影响而本身受其他种的影响最小的物种，通常在群落中具有最大密度、体积和生物量的物种。eDNA 优势序列物种的判据是序列的优势，而 eDNA 序列受生态系统内多重因素影响，和群落中物种的密度、体积、生物量没有严格线性一致。
生物多样性指数	eDNA 物种序列多样性指数	生物多样性指数是基于个体数占比或生物量占比的群落特征量化，因为群落中各物种的个体数占比或生物量占比和 eDNA 物种序列相对丰度没有严格线性一致，其与 eDNA 物种序列多样性指数之间没有明确的映射关系。 生物多样性指数是测量群落内生物种类数量及生物种类间相对多度的一种定量指标。eDNA 物种序列多样性指数是测量 eDNA 所检出物种数量和各物种序列相对丰度的一种定量指标。
Margalef 物种丰富度指数	Margalef eDNA 物种序列丰富度指数	总体如上，只具体计算指标的变化。
Shannon-Wiener 物种多样性指数	Shannon-Wiener eDNA 物种序列多样性指数	总体如上，只具体计算指标的变化。
Simpson 物种优势度指数	Simpson eDNA 物种序列优势度指数	总体如上，只具体计算指标的变化。
Pielou 物种均匀度指数	Pielou eDNA 物种序列均匀度指数	总体如上，只具体计算指标的变化。
群落构建机制	eDNA 物种序列空间结构关系	群落构建机制体现种群扩散、环境过滤与生物相互作用的综合效应；eDNA 序列的空间结构则综合了 eDNA 的生成、输移与降解过程。两者的直接关联主要在 eDNA“生成”环节与群落结构的联动上。 群落构建机制是指群落物种组成和多样性的形成过程。群落构建机制涉及局地环境对物种的筛选以及物种间相互作用，同时也考虑区域物种库通过扩散和随机过程对局域群落的影响。eDNA 物种序列空间结构关系是 eDNA 物种组成和相对丰度形成过程、输移过程、降解过程的综合体现。

实验步骤合规但 eDNA 测序注释所得的物种名录中仍可能存在小部分错漏的假设下，可以认为 eDNA 监测所给出的物种名录是有实践意义、有价值、有效的。

目标介质中各物种 eDNA 序列相对丰度依赖于各物种的 eDNA 生成-输移-降解动态，各物种 eDNA 的差异化生成依赖于不同物种个体的代谢速率、表面积、活动状态，各物种 eDNA 的差异化输移受各物种 eDNA 的赋存状态、目标介质的输移方式、输移速率等的影响，各物种 eDNA 的差异化降解受各物种 eDNA 的初始颗粒特征、分子片段特征的影响，导致各物种 eDNA 序列相对丰度和个体数占比或资源量占比之间没有严格线性一致[31, 46]，具体影响机制、影响强度可通过变量控制实验来进行检验。虽然各物种 eDNA 序列相对丰度无法准确表述群落结构，但在进行合理重复采样、完成空间有效度评估的条件下，可以作为影响各物种 eDNA 序列相对丰度的群落-种群-环境的协同作用结果的指标（可能具有一定的黑箱特征），该指标可以在一定程度上反映生态系统的某种综合特征（比如作为特定生态系统状态下的 DNA 指纹，具体功能指向尚待深入研究），可以通过纵向/横向对比在一定程度上量化群落-种群-环境的协同变化/差异，可以通过对变化/差异的比较、聚类来评估不同时空下生态系统间的相似度。从这个意义上来看，各物种 eDNA 序列相对丰度的量化是具有实践意义、有价值、有效的，如果能够接受该指标对于群落-种群-环境协同作用结果的黑箱式表达的话。

各物种 eDNA 序列相对丰度作为群落-种群-环境协同作用结果的黑箱指标，由其计算得出的 eDNA 物种序列优势度，指向的是目标物种在群落中的数量和重量优势、表面积优势、代谢速率优势、DNA 分子赋存状态优势等的综合作用效果，eDNA 优势序列物种指向的则是具有相应综合作用优势的物种。在进行合理重复采样、完成空间有效度评估的条件下，虽然 eDNA 物种序列优势度和 eDNA 优势序列物种，既不能等效于物种数量优势度和数量优势物种，又不能等效于物种重量优势度和重量优势物种，但是可以指向考虑了表面积、代谢速率、DNA 分子赋存状态等优势的物种数量-重量折中优势度和数量-重量折中优势物种（该指标的具体生态意义可以通过更进一步研究厘清），具体的折中关系可通过已发表的相关数据的整合分析来进行验证，也可以通过控制实验的量化检验来验证。从可能指向折中优势度这个意义上来看，eDNA 物种序列优势度和 eDNA 优势序列物种是具有实践意义、有价值、有效的。

各物种 eDNA 序列相对丰度作为群落-种群-环境协同作用结果的黑箱指标，由其计算得出的 eDNA 物种序列多样性指数（比如 Margalef eDNA 物种序列丰富度指数、Shannon-Wiener eDNA 物种序列多样性指数、Simpson eDNA 物种序列优势度指数、Pielou eDNA 物种序列均匀度指数），指向的是目标介质中由群落结构、种群结构、个体表面积和代谢速率、DNA 分子赋存状态等要素作用下物种 eDNA 序列多样性，是对特定状态生态系统指纹特征的量化表述（这种量化表述的具体生态意义需要通过更进一步研究厘清）。物种多样性指数对于群落结构的指征意义从逻辑上可以类比平移到 eDNA 物种序列多样性指数对于各物种 eDNA 序列相对丰度的指征意义上，从可做类比平移应用这个意义上来看，eDNA 物种序列多样性及一系列 eDNA 物种序列多样性指数是具有实践意义、有价值、有效的。

各物种 eDNA 序列相对丰度作为群落-种群-环境协同作用结果的黑箱指标，由其替代群落中各物种个体数占比开展传统群落生态学中的群落构建机制分析，其最终结果所指向的并非传统群落生态学基于各物种个体数占比的群落构建机制分析所指向的中性随机过程和生态位选择过程对群落构建的贡献率，而只是说明一种不同样点间的 eDNA 物种序列空间结构关系及其背后驱动因素（群落结构、种群结构、个体表面积和代谢速率、DNA 分子赋存状态、环境条件、输移过程等）综合作用效果的相似性关系。这种 eDNA 物种序列组成结构空间上的相似性与 eDNA 的输移距离具有显著的负相关，中性群落模型对其具有更高的解释度（相比于基于个体的群落结构数据）[13]，这与 eDNA 的输移方式、输移能力、输移距离有比较大的关系[27, 28, 43, 44]。因此 eDNA 物种序列空间结构关系的检验和量化能说明的可能就是系列空间样点间群落结构相似度、种群结构相似度、个体表面积和代谢速率相似度、DNA 分子赋存状态相似度、环境条件相似度、eDNA 输移方式和输移能力等的综合作用大小（具体生态因子影响力拆分需要通过更进一步研究来实现）。从这个意义上来看，eDNA 物种序列空间结构关系的分析也一定程度上是具有实践意义、有价值、有效的。

需要补充说明的是，以上对基于 eDNA 各物种序列相对丰度的群落量化指标的内核重构探讨都是只

针对鱼类、两栖爬行类、大型底栖动物等多细胞生物的。对于细菌等单细胞生物，eDNA 中所赋存 DNA 序列的相对丰度和单细胞生物本身的个体数占比是保持一致的（当然，此处包括了鲜活个体、死亡个体、死亡并分解的个体）[27, 43]，所以在进行合理重复采样、完成空间有效度评估的条件下，针对细菌等单细胞生物的基于序列相对丰度的群落结构分析、优势度和优势种分析、物种多样性分析、群落构建机制（微生物领域称为“群落组装机制”）分析等都比较能够反映其群落状况。以上对基于 eDNA 技术检出物种所指向内容的内核重构，其适用对象覆盖单细胞生物、多细胞生物，甚至非细胞生物。

4 基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标的概念术语体系构建

当前部分 eDNA 监测研究直接用传统群落生态学的术语[11-13]，无论作者已意识到或未意识到基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标结果和基于传统调查群落结构计算的群落量化指标结果的差异，给读者所传递的信息都是作者对这两者的混同；有的研究在表述上将基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标和传统群落生态学的群落量化指标术语做了一定区分，但在相关表述中所指向的内容则又出现了一定的混淆[14, 42, 45, 46]，给读者所传递的信息也是作者对这两者的区分不清。这两种情况其背后的实质是，未能明确而清晰地区分基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标结果和基于传统调查群落结构计算的群落量化指标结果的差异，其呈现的方式是，未能建立新的物质对象客体-形式对象客体-概念-术语体系。

术语是用于准确命名专业概念的专业词汇称名单位[47]。术语指称的是概念，概念指向的是形式对象客体，形式对象客体是从某个维度（或某几个维度）对物质对象客体的抽象[48]。在术语学的规范中，一个好的术语（或术语体系）需要“物质对象客体-形式对象客体-概念-术语”之间具有良好的对应关系，其中除了“物质对象客体 → 形式对象客体”可以具有一对多的对应关系外，“形式对象客体-概念-术语”都应该是一一对应关系[48, 49]。随着新方法、新技术的崛起，必然指向对原有物质对象客体的新观察，进而必然需要新形式对象客体的构建-新概念的定义-新术语的定名来满足和支撑新研究的发展。

基于已有方法、工具，根据新方法、新技术所导向的具体研究需要对其进行调整优化，获得指向新的事物（形式对象客体）的结果，并对该新事物用新概念进行定义，并对该新概念进行定名形成新术语，这是科学发展史上的惯例。比如，有研究基于传统群落生态学中描述物种多样性的β多样性，调整增加了群落的系统发育信息，以期从物种之间的亲缘关系来分析群落间的生态关系，并将其定义为同一时间 2 个不同地点上群落之间的系统发育距离，通过术语的衍生将其定名为系统发育β多样性，并参照物种β多样性和物种β多样性指数间的关系，将系统发育β多样性指数作为系统发育β多样性具体的度量[50, 51]。

根据对基于 eDNA 物种序列相对丰度计算的群落量化指标所指向内容的具体指称和内核分析，以及术语的语义透明性原则、系统性原则和新术语命名的术语衍生规则，可以尝试构建 eDNA 监测研究专属的新“形式对象客体-概念-术语”体系（部分示例，表 2）。

根据术语衍生规则，并保证术语的语义透明性、系统性，本文中对相关术语的定名主要由 2~3 部分组成：限定性前缀“eDNA”、核心说明“物种序列”、传统群落生态学术语如“优势度”“多样性指数”等。考虑到当前的 eDNA 监测研究中有相当一部分是和传统调查研究平行进行的，在表述 eDNA 监测分析结果时保留“eDNA”这个限定性前缀是必要的、合适的。由于优势度、多样性指数等，在 eDNA 监测结果分析中主要是对序列按照所注释到的物种（当然，有的人会用 OTU/ASV 水平、属水平、科水平）划分进行统计分析，所以“物种序列”这个核心说明是必要，若省略容易带来语义的误导。本文认为，在当前大家容易有意无意混淆或模糊传统调查分析结果和 eDNA 监测分析结果的情景下，不建议对术语进行仓促的缩略，待到大家都能很普遍地意识到两者的差异并时刻能够潜意识地进行区分时，再探讨和推动对术语的缩略应该会更合适。

对于术语的英文翻译或跨语言定名，可以采取直译，也可以借鉴已有英文表达。以下是术语翻译的部分示例：

① eDNA 检出物种，直译可以用 eDNA-detected species，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based species，更宽泛一点的表达如 eDNA taxonomic composition

表 2 基于 eDNA 监测结果计算的群落量化指标的形式对象客体-概念-术语示例

Tab 2 Cases for formal object-concept - term system of the quantitative indicators from traditional community ecology calculated based on the data of eDNA monitoring

形式对象客体	概念	术语
研究或监测目标介质中所赋存的各物种 DNA 分子及其可检出状态。	利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中进行 eDNA 采样、扩增、测序、注释所检出的物种。	eDNA 检出物种
研究或监测目标介质中所赋存的各物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比及其可检出状态。	利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中进行 eDNA 采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出各物种序列数占总序列数的比例组成。	eDNA 物种序列相对丰度
研究或监测目标介质中所赋存的各物种 DNA 分子的多度和普遍度及其可检出状态。	利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出各物种序列在总序列中所具有的分量大小。经常用各物种的序列相对丰度和在各样品中出现频率的乘积表示。	eDNA 物种序列优势度
研究或监测目标介质中所赋存具有最高或较高多度和普遍度的 DNA 分子的来源物种及其可检出状态。	利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出各物种中具有最高或较高序列优势度的物种。比如用 eDNA 物种序列优势度大于 10%或 2%作为 eDNA 优势序列物种。	eDNA 优势序列物种
研究或监测目标介质中所赋存的 DNA 分子来源物种数量及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的可检出、可量化状态。	用来测度利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出物种多样性程度和考察所检出每个物种序列数占总序列数比例的指数。	eDNA 物种序列多样性指数
研究或监测目标介质中所赋存的 DNA 分子来源物种数量及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的可检出、可量化状态，基于 Margalef 丰富度指数的量化。	基于 Margalef 丰富度指数量化方法来测度利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出物种多样性程度和考察所检出每个物种序列数占总序列数比例的指数。	Margalef eDNA 物种序列丰富度指数
研究或监测目标介质中所赋存的 DNA 分子来源物种数量及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的可检出、可量化状态，基于 Shannon-Wiener 多样性指数的量化。	基于 Shannon-Wiener 多样性指数量化方法来测度利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出物种多样性程度和考察所检出每个物种序列数占总序列数比例的指数。	Shannon-Wiener eDNA 物种序列多样性指数
研究或监测目标介质中所赋存的 DNA 分子来源物种数量及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的可检出、可量化状态，基于 Simpson 优势度指数的量化。	基于 Simpson 优势度指数量化方法来测度利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出物种多样性程度和考察所检出每个物种序列数占总序列数比例的指数。	Simpson eDNA 物种序列优势度指数
研究或监测目标介质中所赋存的 DNA 分子来源物种数量及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的可检出、可量化状态，基于 Pielou 均匀度指数的量化。	基于 Pielou 均匀度指数量化方法来测度利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中采样、扩增、测序、注释、统计得到的所检出物种多样性程度和考察所检出每个物种序列数占总序列数比例的指数。	Pielou eDNA 物种序列均匀度指数
研究或监测目标介质中不同站点所赋存的 DNA 分子来源物种组成及不同物种 DNA 分子目标片段拷贝数占比的空间特征及其可检出、可量化状态。	利用 eDNA 技术从研究或监测目标介质中进行 eDNA 采样、扩增、测序、注释、统计得到的不同站点的所检出物种组成及各物种序列相对丰度的相似度，及其与不同样点间输移距离的相关关系，中性群落模型对其的解释度等。	eDNA 物种序列空间结构关系

② eDNA 检出物种，直译可以用 eDNA-detected species，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based species，更宽泛一点的表达如 eDNA taxonomic composition

③ eDNA 物种序列相对丰度，直译可以用 eDNA-detected species sequence relative richness，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based community structure，或 eDNA-based community pattern

④ eDNA 物种序列优势度，直译可以用 eDNA-detected species sequence dominance，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based dominance，或 eDNA-based species dominance，或更宽泛一点的表达 eDNA-based taxonomic dominance

⑤ eDNA 优势序列物种，直译可以用 eDNA-detected dominant sequence species，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based dominant species

⑥ eDNA 物种序列多样性指数，直译可以用 eDNA-detected species sequence diversity index，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based diversity index

⑦ Margalef eDNA 物种序列丰富度指数，直译可以用 eDNA-detected species sequence Margalef index，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based Margalef index

⑧ Shannon-Wiener eDNA 物种序列多样性指数，直译可以用 eDNA-detected species sequence Shannon-Wiener index，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based Shannon-Wiener index

⑨ Simpson eDNA 物种序列优势度指数，直译可以用 eDNA-detected species sequence Simpson index，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based Simpson index

⑩ Pielou eDNA 物种序列均匀度指数，直译可以用 eDNA-detected species sequence Pielou index，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based Pielou index

⑪ eDNA 物种序列空间结构关系，直译可以用 eDNA-detected species sequence spatial structure，借鉴已有英文表达可以用 eDNA-based community spatial pattern

需要特别注意和说明的是，因为缺少对 eDNA 监测结果和传统调查结果内在差异的系统探讨与厘定，当前英文文献中所见到的 eDNA 监测结果相关表述具有明显的套用传统群落生态学术语的倾向，因而在上述“借鉴已有英文表达”时所用的英文表述也具有明显的套用传统群落生态学术语的印迹。在使用中，需要根据情景予以特别的考量。

5 基于 eDNA 技术的生物群落研究中相关结果表述和阐释的建议

第一，审慎阐述 eDNA 监测结果，勿轻易将其和传统调查结果做等同表述。eDNA 监测结果反映的是序列结构的特征，不是群落结构的特征，且这两者之间也非严格线性一致[15, 17]，所以对 eDNA 监测结果和传统调查结果直接进行挂钩或等同，或者直接进行替代着使用、混着使用，是不合适、不科学的。虽然当前很多 eDNA 监测研究不假思索地或有意或无意地把基于 eDNA 物种序列相对丰度的结果直接等同于或替代传统群落生态学中基于个体的表述，但是也有研究对基于 eDNA 物种序列相对丰度的结果做审慎表述，并没有将其直接等同于或替代传统群落生态学中基于个体的表述。比如有研究中的目标物种的 eDNA 水平分布、垂直分布没有直接表述为目标物种的水平分布、垂直分布，用以参考目标物种资源量的目标物种 eDNA 浓度也只是表述为目标物种 eDNA 浓度[52]。比如有研究中 eDNA 检出的物种数没有直接表述为物种数，eDNA 检出的物种组成异质性没有直接当作物种组成异质性来分析[24]。比如有研究中基于 eDNA 序列相对丰度计算的优势物种没有直接表述为优势物种，而是表述为优势序列物种，基于 eDNA 序列相对丰度计算的各生态型鱼类占比没有直接表述为各生态型鱼类占比，而是表述为各生态型鱼类序列占比[53]。

第二，科学理解 eDNA 监测结果及结果分析所指向的东西，避免在结果解释和讨论中的模糊和混淆。要深刻理解和认识 eDNA 监测结果和传统调查结果的差异，尤其要深刻理解和认识基于 eDNA 物种序列的物种检出和各物种序列相对丰度与基于个体的物种鉴定和群落结构是不同层面的东西。比如在做 eDNA 监测所检出物种的分析时，要时刻明白，①所检出物种名录存在因注释过程中的偏差而导致的错误遗漏的问题，②确定物种名录的 DNA 分子信息可能是从其他区域或介质输移到监测站位的，③样品的时间序列重复数和空间序列重复数不足可能带来较大的随机误差，因此在与传统调查数据进行比较分析时注意可比

性的问题。比如在做 eDNA 物种序列相对丰度的分析和进一步计算时，要时刻明白，①eDNA 物种序列相对丰度是群落结构、种群结构、个体表面积和代谢速率、DNA 分子赋存状态、环境条件等因素的共同影响结果，②eDNA 物种序列相对丰度也不只是受监测站位的群落结构、种群结构、个体表面积和代谢速率、DNA 分子赋存状态、环境条件等因素的影响，还受其他区域或介质输移而来的 eDNA 的影响，③样品的时间序列重复数和空间序列重复数不足可能带来较大的随机误差，因此不要和传统调查数据进行直接的比较分析，另外在进行时间序列纵向对比和空间序列横向对比时也要注意对比结果的含义是什么。

第三，凝聚共识，逐步探讨研究建立覆盖整个 eDNA 研究领域的概念术语体系。eDNA 监测研究和传统调查研究有内在的不同，eDNA 监测研究可以借用传统调查研究的分析方法、分析工具，但相关表述和结果不宜直接套用，而应该厘清 eDNA 监测研究内容和研究结果的实际含义，然后新建一个适配的概念体系和术语体系。虽然 eDNA 监测研究和传统调查研究的体系可以根据事实存在一定的相关性，但不能混淆。本文从群落研究的角度对 eDNA 检出物种、物种序列相对丰度及其相关指标的分析探讨，只是一个比较初步的努力，①对相关问题的认识还存在一些黑箱假设，期待后续的相关研究积累能够逐渐把黑箱给拆解开，明确各项指标、各项分析的具体生态学含义；②所阐述的问题只是 eDNA 研究领域的冰山一角，希望同行专家共同努力逐步梳理完善 eDNA 研究领域各方面的问题点，最终建立覆盖整个 eDNA 研究领域的概念术语体系。本文且做抛砖引玉。

6参考文献

[1] Andres K J, Lodge D M, Andrés J. Environmental DNA reveals the genetic diversity and population structure of an invasive species in the Laurentian Great Lakes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2023, **120**(37): e1987622176.

[2] Perry W B, Seymour M, Orsini L*, et al.*. An integrated spatio-temporal view of riverine biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Nature Communications*. 2024, **15**(1): 4372.

[3] Altermatt F, Couton M, Carraro L*, et al.*. Utilizing aquatic environmental DNA to address global biodiversity targets. *Nature Reviews Biodiversity*. 2025, **1**(5): 332-346.

[4] Hai Le Yang, Hui Zhang, Hao Du. A framework for standardizing the processes of eDNA monitoring and an accessible vision of the future. Journal of Lake Sciences. 2023, **35**(1): 12-31.[杨海乐，张辉，杜浩. eDNA监测方法标准化框架及未来图景. 湖泊科学. 2023, **35**(1): 12-31.]

[5] Duarte S, Simões L, Costa F O. Current status and topical issues on the use of eDNA-based targeted detection of rare animal species. *The Science of the total environment*. 2023, **904**: 166675.

[6] Takahashi M, Saccò M, Kestel J H*, et al.*. Aquatic environmental DNA: A review of the macro-organismal biomonitoring revolution. *The Science of the Total Environment*. 2023, **873**: 162322.

[7] Blackman R, Couton M, Keck F*, et al.*. Environmental DNA: The next chapter. *Molecular Ecology*. 2024, **33**(11): e17355.

[8] Wen Jun Zhong, Meng Yao, Xiao Wei Jin*, et al.*. Development of freshwater environmental DNA (eDNA): Achievements and challenges. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1091-1095.[钟文军，姚蒙，金小伟等. 淡水环境DNA(eDNA)技术领域发展——成就与挑战. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1091-1095.]

[9] Yao M, Zhang S, Lu Q*, et al.*. Fishing for fish environmental DNA: Ecological applications, methodological considerations, surveying designs, and ways forward. *Molecular Ecology*. 2022, **31**(20): 5132-5164.

[10] Poyntz-Wright I P, Harrison X A, Pedersen S*, et al.*. Effectiveness of eDNA for monitoring riverine macroinvertebrates. *The Science of the Total Environment*. 2024, **941**: 173621.

[11] Xiao Yu Guan, Han Lu Yan, Zhi Li Yin*, et al.*. Preliminary exploration of factors influencing fish diversity in Guizhou mountain rivers based on environmental DNA technology. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1128-1139.[关晓玉，严晗璐，尹智力等. 基于环境DNA技术的贵州山区河流鱼类多样性影响因素初步探究. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1128-1139.]

[12] Chang Long Guo, Peng Zhang, Wei Zheng*, et al.*. Aquatic ecosystem health assessment of urban lakes in Wuhan and surrounding cities based on eDNA fish community monitoring. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1106-1117.[郭昌陇，张鹏，郑伟等. 基于eDNA鱼类群落监测的武汉市及周边城市湖泊水生态健康评价. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1106-1117.]

[13] Wen Xiang He, Yan Ting Zou, Dan Xin Hu*, et al.*. Environmental DNA-based biotic monitoring reveals fish community assembly

mechanisms in urban rivers. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1118-1127.[何文祥，邹艳婷，胡丹心等. 环境DNA生物监测揭示城市河流鱼类群落组装机制. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1118-1127.]

[14] Yi Chen Ren, Fang Wei Fan, Yi Long Xi*, et al.*. Comparative study on the biodiversity of zooplankton in Lake Fuxian based on environmental DNA technology and morphological identification. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1140-1150.[任艺晨，范方威，席贻龙等. 基于eDNA技术和形态学鉴定的抚仙湖浮游动物多样性比较. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1140-1150.]

[15] Nian Xu, Meihua Xiong, Ke Shao*, et al.*. Preliminary Study on Environmental DNA Metabarcoding for Detecting Biodiversity in the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River. Research of Environmental Sciences. 2020, **33**(05): 1187-1196.[徐念，熊美华，邵科等. 长江中下游环境DNA宏条形码生物多样性检测技术初步研究. 环境科学研究. 2020, **33**(05): 1187-1196.]

[16] Afzali S F, Bourdages H, Laporte M*, et al.*. Comparing environmental metabarcoding and trawling survey of demersal fish communities in the Gulf of St. Lawrence, Canada. *Environmental DNA*. 2021, **3**(1): 22-42.

[17] Hai Le Yang, Jin Ming Wu, Hui Zhang*, et al.*. Environmental DNA metabarcoding utilization efficiency in monitoring large river fish species composition: a case study in the Wuhan transect of the Yangtze River. Journal of Fishery Sciences of China. 2021, **28**(6): 796-807.[杨海乐，吴金明，张辉等. 大型河流中鱼类组成的eDNA监测效率:以长江武汉江段为例. 中国水产科学. 2021, **28**(6): 796-807.]

[18] Jin Xian Chen, Jia Lin Lu, Gui Ying Huang*, et al.*. Diversity of macroinvertebrate in the middle and lower reaches of the Jinsha River based on eDNA metabarcoding. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(03): 940-961.[陈锦贤，吕佳林，黄贵英等. 基于eDNA宏条形码的金沙江中下游大型底栖无脊椎动物多样性. 湖泊科学. 2025, **37**(03): 940-961.]

[19] Liu M, Burridge C P, Clarke L J*, et al.*. Does phylogeny explain bias in quantitative DNA metabarcoding? *Metabarcoding and Metagenomics*. 2023, **7**: 73-88.

[20] Lan Xin Xu, Hai Le Yang, Zhi Gang Liu*, et al.*. The impacts of reference database selection, indicator threshold determination and target data preparation on the sequence data analysis of eDNA monitoring-Taking fish as the target in the middle Yangtze River. Journal of Lake Sciences. 2024, **36**(6): 1843-1852.[许兰馨，杨海乐，刘志刚等. eDNA监测测序数据分析注释中参考数据库选择、指标阈值选择、目标数据准备的影响——以长江中游鱼类为监测目标. 湖泊科学. 2024, **36**(6): 1843-1852.]

[21] Shaffer M R, Andruszkiewicz Allan E, Van Cise A M*, et al.*. Observation Bias in Metabarcoding. *Molecular Ecology Resources*. 2025: e14119.

[22] Klymus K E, Merkes C M, Allison M J*, et al.*. Reporting the limits of detection and quantification for environmental DNA assays. *Environmental DNA*. 2020, **2**(3): 271-282.

[23] Ya Wen Mu, Yi Ning Luo, Nan Tang*, et al.*. Effects of storage temperature and time of sampling and pre-treatment on fish biomonitoring through environmental DNA. Journal of Lake Sciences. 2024, **36**(6): 1853-1863.[母亚雯，罗仪宁，汤楠等. 样品保存温度和时长对环境DNA鱼类监测的影响. 湖泊科学. 2024, **36**(6): 1853-1863.]

[24] Yang Haile, Xu Lanxin, Wu Jinming*, et al.*. Is multi-day sampling or multi-point sampling suitable for eDNA monitoring in large rivers at a small spatiotemporal scale? Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(4): 1175-1188.[杨海乐，许兰馨，吴金明等. 大型河流小时空尺度eDNA监测宜多天采样还是宜多点采样？. 湖泊科学. 2025, **37**(4): 1175-1188.]

[25] Nevers M B, Przybyla-Kelly K, Shively D*, et al.*. Influence of sediment and stream transport on detecting a source of environmental DNA. *PloS one*. 2020, **15**(12): e0244086.

[26] Andruszkiewicz Allan E, Zhang W G, C. Lavery A*, et al.*. Environmental DNA shedding and decay rates from diverse animal forms and thermal regimes. *Environmental DNA*. 2021, **3**(2): 492-514.

[27] Yang H L, Du H, Qi H F*, et al.*. Effectiveness assessment of using riverine water eDNA to simultaneously monitor the riverine and riparian biodiversity information. *Scientific Reports*. 2021, **11**(1): 24241.

[28] Jo T, Yamanaka H. Meta-analyses of environmental DNA downstream transport and deposition in relation to hydrogeography in riverine environments. *Freshwater Biology*. 2022, **67**(8): 1333-1343.

[29] Hui Guo Yan, Zhi Ling Dong, Ting Ting Ma*, et al.*. Detection and biomass assessment of *Procypris rabaudi* based on environmental DNA. Journal of Fisheries of China. 2021, **46**(6): 1018-1026.[闫卉果，董智玲，马婷婷等. 基于环境DNA的岩原鲤检测及生物量评估. 水产学报. 2021, **46**(6): 1018-1026.]

[30] M. Li, X. J. Shan, W. J. Wang, *et al.*. Studying the retention time of *Fenneropenaeus chinensis* eDNA in water. Progress in Fishery Sciences. 2020, **41**(1): 51-57.[李苗，单秀娟，王伟继等. 环境DNA在水体中存留时间的检测研究——以中国对虾为例. 渔业科学进展. 2020, **41**(1): 51-57.]

[31] Yates M C, Wilcox T M, Kay S, *et al.*. A Framework to Unify the Relationship Between Numerical Abundance, Biomass, and Environmental DNA. *Environmental DNA (Hoboken, N.J.)*. 2025, **7**(2): n/a-n/a.

[32] Shou Zhong Chen. Study on the ecology of zooplanktons before and after damming up ChangJiang River by Gezhou Dam. Chinese Journal of Ecology. 1985(3): 1-4.[陈受忠. 葛洲坝截流前后长江浮游动物的研究. 生态学杂志. 1985(3): 1-4.]

[33] Xi Zhi Lin, Mei Qin Hu. The community and biomass of zooplanktons in the main stream of the Yangtze River before the Gezhou Dam. Freshwater Fisheries. 1985(1): 22-27.[林锡芝，胡美琴. 葛洲坝截流前长江干流的浮游动物. 淡水渔业. 1985(1): 22-27.]

[34] Mei Qin Hu, Xi Zhi Lin. The community and biomass of phytoplanktons in the main stream of the Yangtze River before the Gezhou Dam. Freshwater Fisheries. 1986(4): 28-32.[胡美琴，林锡芝. 葛洲坝截流前长江干流的浮游植物. 淡水渔业. 1986(4): 28-32.]

[35] Xian Shi Jin, Jing Yao Deng. Variations in community structure of fishery resources and biodiversity in the Laizhou Bay, Shandong. Biodiversity Science. 2000(1): 65-72.[金显仕，邓景耀. 莱州湾渔业资源群落结构和生物多样性的变化. 生物多样性. 2000(1): 65-72.]

[36] Bao Quan Li, Xin Zheng Li, Hong Fa Wang, *et al.*. Characters of a macrobenthic community off the Changjiang River Estuary. Current Zoology. 2007(01): 76-82.[李宝泉，李新正，王洪法等. 长江口附近海域大型底栖动物群落特征. 动物学报. 2007(01): 76-82.]

[37] Yong Jiu Cai, Jia Hu Jiang, Lu Zhang, *et al.*. Community structure and biodiversity of macrozoobenthos of typical lakes in the middle and lower reaches of the Yangtze River. Journal of Lake Sciences. 2010, **22**(6): 811-819.[蔡永久，姜加虎，张路等. 长江中下游湖泊大型底栖动物群落结构及多样性. 湖泊科学. 2010, **22**(6): 811-819.]

[38] Wan Xi Yang, Yong Shou Chen. Community ecology of intertidal zone of Shengsi archipelago II. Community structure of benthic invertebrates in rocky intertidal zone. Chinese Journal of Applied Ecology. 1998, **9**(1): 75-78.[杨万喜，陈永寿. 嵊泗列岛潮间带群落生态学研究II.岩相潮间带底栖动物的群落结构. 应用生态学报. 1998, **9**(1): 75-78.]

[39] Jing Yun Fang, Xiang Ping Wang, Ze Hao Shen, *et al.*. Methods and protocols for plant community inventory. Biodiversity Science. 2009, **17**(6): 533-548.[方精云，王襄平，沈泽昊等. 植物群落清查的主要内容、方法和技术规范. 生物多样性. 2009, **17**(6): 533-548.]

[40] Da Yong Zhang, Shu Rong Zhou. Neutral theory in community ecology. Acta phytoecologica Sinica. 2006, **30**(5): 868-877.[张大勇，周淑荣. 群落生态学的中性理论. 植物生态学报. 2006, **30**(5): 868-877.]

[41] Ke Chang Niu, Yi Ning Liu, Ze Hao Shen, *et al.*. Community assembly: the relative importance of neutral theory and niche theory. Biodiversity Science. 2009, **17**(6): 579-593.[牛克昌，刘怿宁，沈泽昊等. 群落构建的中性理论和生态位理论. 生物多样性. 2009, **17**(6): 579-593.]

[42] Ru Li Cheng, Yang Luo, Yu Feng Zhang, *et al.*. Fish diversity of the cascade hydropower reservoir area of the Wujiang River based on environmental DNA technology. Journal of Fisheries of China. 2025, **49**(03): 140-157.[程如丽，罗杨，张玉凤等. 基于环境DNA技术的乌江干流梯级水电站库区的鱼类多样性. 水产学报. 2025, **49**(03): 140-157.]

[43] Hai Le Yang, Hao Du, Hong Fang Qi, *et al.*. Watershed biological information flow driven by natural runoff in Shaliu River Basin on Qinghai-Tibet Plateau indicated by environmental microbes. Acta Ecologica Sinica. 2021, **41**(9): 3475-3487.[杨海乐，杜浩，祁洪芳等. 青藏高原沙柳河流域自然径流驱动的流域生物信息流量化特征——以环境微生物为指标. 生态学报. 2021, **41**(9): 3475-3487.]

[44] Hai Le Yang, Lan Xin Xu, Qiong Zhou, *et al.*. Identifying the Method of Quantifying the Spatial Resolution of eDNA Monitoring: A Case Study in Middle Yangtze River in Mean-flow Period. Resources and Environment in the Yangtze Basin. 2024, **33**(04): 855-869.[杨海乐，许兰馨，周琼等. eDNA监测空间分辨率量化方法研究——以长江中游干流平水期为案例. 长江流域资源与环境. 2024, **33**(04): 855-869.]

[45] Zi Wei Shen, Lang Xie, Han Wen Liu, *et al.*. The application of eDNA technology in assessing fish diversity in river-reservoir habitats—A case study of Lake Yutan, Chongqing. Journal of Lake Sciences. 2025, **37**(04): 1096-1105.[沈子伟，谢浪，刘寒文等.

eDNA技术在河流-水库生境鱼类多样性评估中的应用——以重庆玉滩湖为例. 湖泊科学. 2025, **37**(04): 1096-1105.]

[46] Dukan N, Cornelis I, Maes S*, et al.*. Vertical and horizontal environmental DNA (eDNA) patterns of fish in a shallow and well-mixed North Sea area. *Scientific Reports*. 2024, **14**(1): 16748.

[47] 格里尼奥夫(俄罗斯). 术语学: 中国术语学建设书系[Z]. 郑述谱，吴丽坤，孟令霞. 北京: 商务印书馆, 2011343.

[48] 赫尔穆特·费尔伯(奥地利). 术语学、知识论和知识技术: 中国术语学建设书系[Z]. 邱碧华，冯志伟. 北京: 商务印书馆, 2011331.

[49] Hai Le Yang, Jia Kuan Chen. Problems of "image motivation" in terminology translation and their resolutions. China Terminology. 2018, **20**(2): 27-36.[杨海乐，陈家宽. 术语翻译中“形象理据性”的困难及其处理. 中国科技术语. 2018, **20**(2): 27-36.]

[50] Webb C O. Exploring the Phylogenetic Structure of Ecological Communities: An Example for Rain Forest Trees. *The American Naturalist*. 2000, **156**(2): 145-155.

[51] Graham C H, Fine P V A. Phylogenetic beta diversity: linking ecological and evolutionary processes across space in time. *Ecology Letters*. 2008, **11**(12): 1265-1277.

[52] Xia Yuan, Lan Ping Zhong, Xiu Mei Zhang*, et al.*. Distribution characteristics of the springtime *Sepiella japonica* in the east China sea based on environmental DNA. Acta Hydrobiologica Sinica. 2025, **49**(3): 26-35.[袁霞，钟兰萍，张秀梅等. 基于环境DNA的春季东海海域曼氏无针乌贼分布特征. 水生生物学报. 2025, **49**(3): 26-35.]

[53] Yu Feng Zhang, Xin Xin Zhou, Qing Hua Li*, et al.*. Spatial patterns of fish diversity in the Chongqing section of the Yangtze River Basin based on eDNA. Journal of Fisheries of China. 2025, **49**(06): 103-118.[张玉凤，周鑫鑫，李清华等. 基于eDNA的长江流域重庆段鱼类多样性空间格局. 水产学报. 2025, **49**(06): 103-118.]