

环境 DNA 助力解析水生基本生物多样性变量*

傅堃¹, 张颜^{1**}, 张效伟^{2**}

(1: 水污染控制与资源绿色循环全国重点实验室, 南京大学环境学院, 江苏, 南京 210023)

(2: 云南大学生态与环境学院, 云南, 昆明, 650504)

摘要: 随着全球生物多样性保护需求的日益增加, 如何精准获取生物多样性数据成为各国面临的重要挑战。基本生物多样性变量(EBVs)作为生物多样性监测的核心指标, 能够为全球及区域性的生物多样性保护政策提供科学依据。尽管传统的监测手段已为生物多样性研究提供了重要数据, 但它们仍存在高成本、低效率和物种采集困难等局限。环境 DNA(eDNA)技术作为一种新兴的监测手段, 能够高效、精准地检测环境中各类物种, 为构建基本生物多样性变量提供更为丰富的数据支持。本文探讨了 eDNA 技术在构建水生生态 EBVs 中的应用潜力, 并分析了其在我国生物多样性保护中的前景, 旨在推动科学研究与政策决策的紧密结合。本文以 EBVs 的六大类别为分析主线, 系统梳理并对比了我国现行 22 项国家及区域尺度水生生物多样性监测与评价技术文件, 评估其在不同 EBVs 层级上的覆盖特征。结果表明, 我国水生生物多样性监测体系呈现显著的群落层级主导特征, 约 95% 的技术文件集中于群落组成指标, 监测对象以鱼类、浮游生物和大型底栖动物为主, 而在昆蒙框架强调的基因多样性、参数化种群动态及生态系统结构与功能层级上覆盖明显不足。同时, 不同部门主导的技术文件在指标选择、监测对象和方法规范上差异较大, 缺乏统一的时间序列设计和跨区域可比性。进一步分析表明, eDNA 技术凭借其高灵敏度、非侵入性和多类群覆盖能力, 可在一定程度上弥补基因多样性监测、隐蔽与稀有物种识别及高时空分辨率数据获取方面的结构性短板, 为构建与 EBVs 框架对齐的水生生物多样性监测体系提供重要技术支撑。

关键词: 环境 DNA; 基本生物多样性变量(EBVs); 水生生物多样性

Harnessing Environmental DNA to fill the national gaps in Aquatic Essential Biodiversity Variables

Kun Fu¹, Yan Zhang^{1*}, Xiaowei Zhang²

(1: State Key Laboratory of Water Pollution Control and Green Resource Recycling, School of Environment, Nanjing University, Nanjing, Jiangsu 210023, China)

(2: School of Ecology and Environmental Science, Yunnan University, Kunming, Yunnan 650504, China)

Abstract: The increasing global demand for biodiversity conservation has made the accurate acquisition of biodiversity data a pressing challenge worldwide. Essential Biodiversity Variables (EBVs), as core indicators for biodiversity monitoring, provide a scientific foundation for both global and regional conservation policies. While traditional monitoring methods have contributed valuable data, they remain limited by high costs, low efficiency, and sampling difficulties. Environmental DNA (eDNA), as an emerging tool, enables efficient and precise detection of diverse species within environmental samples, thereby supplying richer datasets for the development of EBVs. This paper highlights the potential of eDNA technology in advancing EBV construction and examines its prospects in biodiversity conservation in China, with the goal of fostering stronger integration between scientific research and policy-making. Using the six classes of EBVs as an analytical framework, this study reviewed 22 national and regional guidelines for aquatic biodiversity monitoring in China. The results revealed a strong dominance of community-level indicators, with approximately 95% of guidelines focusing on community composition, while genetic diversity, quantitative population dynamics, and ecosystem structure and function remain poorly represented. Considerable inconsistencies also existed among guidelines issued by different administrative sectors, limiting long-term comparability. Environmental DNA, with its high sensitivity, non-invasive sampling, and broad taxonomic coverage, offers a promising approach to address these structural gaps and support the development of EBV-aligned aquatic biodiversity monitoring systems.

Keywords: environmental DNA (eDNA); Essential Biodiversity Variables (EBVs); aquatic biodiversity

全球生物多样性正面临前所未有的威胁, 气候变化、栖息地丧失、污染以及外来物种的入侵等因素加剧物种灭绝的速度, 生物多样性的丧失已成为全球关注的重大问题^[1]。生物多样性不仅是地球生态系统健康的基石, 也是人类社会可持续发展的基础, 它提供了水源净化、食物生产、气候调节等重要生态系统功能与服务^[2]。然而, 尽管国际上已经采取一系列保护措施, 全球生物多样性丧失仍在加速, 尤其是水生态系统。水生态系统包括海洋生态系统和淡水生态系统, 海洋生态系统涵盖海洋、水深区、珊瑚礁、海草床和红树林等, 占地球表面积约 71%, 是地球上最大的生态系统, 承载了全球超过 80% 的生物多样性^[3-5]。然而在过去半个世纪中, 过度捕捞、海洋污染、气候变暖和海洋酸化等多重压力导致海洋物种数量持续下

* 2026-01-07 收稿; 2026-04-16 收修改稿。

国家重点研发计划项目 (2022YFC3202101) 和国家自然科学基金项目 (42507382) 联合资助。

** 通信作者; E-mail: yanzhang0713@nju.edu.cn; zhangxw@nju.edu.cn。

降,珊瑚礁等关键栖息地大面积退化,海洋生态系统的结构与功能的退化已成为全球生态安全与可持续发展的重大挑战^[6,7]。淡水生态系统包括河流、湖泊、湿地和地下水,滋养着真菌、植物、脊椎动物和无脊椎动物,并直接支持全球40%的鱼类多样性^[8,9],为全球近80%的人口提供饮用水、农业灌溉、工业供应和就业机会。但在过去50年中,淡水脊椎动物种群下降了80%以上,其物种快速丧失和栖息地退化的速度远超陆地生态系统^[10,11]。因此,水生态系统的生物多样性保护和修复工作刻不容缓。

在这一背景下,国际社会已将生物多样性保护纳入核心议题。《昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架》(以下简称“昆蒙框架”)明确提出,未来全球需加强生物多样性保护的监测与评估,以实现“到2030年保护30%陆地和海洋面积”的目标(即“3030目标”),并强调到2030年要推动至少30%退化的水生态系统实现有效修复,并使至少30%的水生态区域纳入保护地或其他有效区域,同时把水生生物面临的关键压力明确量化,促进水生生物的物种恢复^[12]。我国积极响应这一全球倡议,制定了《中国生物多样性保护战略与行动计划(2021-2030年)》。该计划指出,我国与全球生物多样性威胁一致,存在生态系统脆弱且面临退化、受威胁物种比例较高和遗传资源保护难度加大的问题。为了实现国家生物多样性保护目标,亟需构建统一、标准化的监测框架。通过对基因多样性、物种分布以及生态系统结构与功能的系统监测,才能全面掌握生物多样性的现状及动态变化,从而为我国保护与修复行动提供科学支撑^[13]。在此背景下,基本生物多样性变量(Essential Biodiversity Variables, EBVs)受到广泛关注,EBVs通过整合遗传、物种、群落及生态系统等多层级信息,系统识别生物多样性的变化与空间—时间格局,进而揭示驱动生态系统变化的关键过程与驱动力,实现对生态系统结构与功能的综合监测,为生物多样性保护与生态系统管理提供更加全面和可操作的科学支撑^[14]。

然而,当前生物多样性监测和评估仍面临许多技术和实践上的挑战,尤其是在水生态系统领域。在水生生物多样性的监测和评估上,仍然存在“如何统一标准、如何监测、如何评价”的关键问题。第一,水生生物多样性涵盖从细菌到鱼类等多个类群,不同类群在生态系统功能中的作用各异,但目前尚缺乏统一的优先监测对象和指标选择标准,导致监测结果的可比性和综合性不足。第二,传统的水生生物监测方法多依赖于人工采样和现场调查,这些方法往往无法覆盖大范围的水域,且成本高、时间长,难以实时获取动态数据^[15]。随着遥感技术和eDNA技术的快速发展,水生生物监测的效率和精准度有了显著提升,但其在实际应用中的适应性和标准化仍有待完善^[16]。第三,缺乏统一、全面的生物多样性评估体系,无法有效整合各类数据并对生物多样性变化做出准确的评估^[17]。因此,构建科学、标准化的监测与评估体系已成为亟需解决的问题。本文将聚焦水生生态系统,分别从生物监测的标准化指标体系—基本生物多样性变量、我国水生生物监测指标体系现状,以及eDNA监测技术的作用三个方面展开论述。

表1 eDNA数据、可支持的EBVs类别及其与全球生物多样性目标的对应关系
Tab.1 Relationships among eDNA data types, supported EBV classes, and global biodiversity targets

eDNA 数据	EBVs 类别	全球生物多样性目标	状态
物种检出、物种名录、物种分布信息	物种分布、物种多样性	目标1: 空间规划与重要区域识别; 目标4: 受威胁物种保护与遗传多样性维持; 目标6: 入侵外来物种预警与管理。	已有国际实践验证 [18, 19]
群落组成、群落差异、相对丰度变化	群落结构、群落多样性	目标2: 退化生态系统恢复; 目标7: 污染压力识别与评估; 目标14: 生物多样性纳入规划、评估与决策。	已有国际实践验证 [20, 21]
系统发育组成、系统发育距离等	系统发育多样性	目标3: 退化生态系统恢复; 目标8: 气候变化和海洋酸化影响及生态韧性评估; 目标14: 生物多样性纳入规划、评估与决策。	已有国际实践验证 [22, 23]
单倍型识别、核苷酸多样性、种群分化等	遗传多样性	目标4: 受威胁物种保护与遗传多样性维持; 目标5: 野生物种可持续、安全、合法利用与贸易; 目标9: 野生物种可持续管理与利用效益。	已有国际实践验证 [24-26]
基于物种注释的功能类群划分、性状映射	功能多样性	目标2: 退化生态系统恢复; 目标9: 野生物种可持续管理与利用效益; 目标14: 生物多样性纳入规划、评估与决策。	理论上可支持, 已有初步国际实践 ^[22]
宏基因组、功能基因、代谢潜力分析	功能多样性、部分生态系统功能信息	目标5: 野生物种可持续、安全、合法利用与贸易; 目标7: 污染压力识别与评估;	理论上可支持, 已有初步国际实践 ^[27-29]

eDNA 数据	EBVs 类别	全球生物多样性目标	状态
群落组成与环境背景联合分析 (结合遥感、水文等)	生态系统状态、 生态系统结构与 变化	目标 1: 空间规划与重要区域识别; 目标 2: 退化生态系统恢复; 目标 14: 生物多样性纳入规划、评估与决 策。	理论上可支持, 已有初步 国际实践 ^[30]

1 生物监测的标准化指标体系—基本生物多样性变量

EBVs 是全球生物多样性监测的重要工具, 用于捕捉生物多样性变化的关键维度。EBVs 通过提供标准化的测量指标, 将来自不同数据源的生物多样性信息进行统一和整合, 从而使减少不同数据源之间的一致性, 并提升数据的整体兼容性^[31, 32]。根据 Pereira 等^[33]提出的 EBV 框架, EBVs 被分为六大类, 分别涵盖生物多样性的不同维度。这些类别是根据生物多样性的基础构成以及生态系统的功能与结构划分的, 每一类 EBV 都反映了生物多样性变化中的关键特征。它们分别是基因组成(Genetic Composition)、物种种群(Species Populations)、物种特征(Species Traits)、群落组成(Community Composition)、生态系统结构(Ecosystem Structure)以及生态系统功能(Ecosystem Function)。六类 EBVs 从遗传水平到生态系统过程构建了一个多尺度、层层衔接的监测体系, 它们相互补充、互为支撑, 不仅能够揭示生物多样性在不同层级上的时空格局和变化规律, 还能够帮助厘清驱动机制与生态响应之间的因果关系。因此, EBVs 通过标准化和模块化的方式, 为多层次、多区域、多学科的数据整合提供了基础, 确保了全球范围内的生物多样性变化能被及时捕捉和分析^[34]。

尽管 EBVs 为全球生物多样性监测提供了框架, 但其应用仍面临着多个挑战。第一, 全球范围内的数据缺乏和地区偏差是一个严重的问题, 尤其是包括我国在内的发展中国家, 生物多样性数据的收集和共享仍存在很多障碍^[35]。这种数据不平衡限制了 EBVs 在全球范围内的普适性和比较价值。例如 Schmeller 等指出^[32], 在某些地区, 物种种群和群落组成等数据仍然不足, 使得这些区域难以被有效纳入到全球生物多样性监测计划。而在深海区域, 由于采样难度大, 其物种分布和种群动态难以获取, 导致长期数据集缺乏标准化, 影响了 EBVs 的准确计算^[17]。针对这一问题, Zilioli 等^[36]提出可以通过结合现代技术(如 eDNA 和遥感数据)弥补数据空缺, 进一步提高监测的时间连续性和空间覆盖范围。第二, 跨生态系统比较仍存在难题, 同类指标在不同生态系统中的涵义和测量方法差异较大。例如, 海洋生态系统中的群落组成指标主要关注物种分布和营养级之间的关系, 而在山区或湿地等陆地生态系统中, 群落组成则更多反映海拔变化、气候变化对物种分布的影响^[37, 38]。这种生态系统特异性使得相同的 EBVs 在不同生态系统中呈现出不同的生态意义, 进而影响其监测数据的可比性和一致性。因此, EBVs 在跨生态系统应用时需要结合生态系统特定的基准和标准化方法, 才能实现真正的横向可比性^[39, 40]。第三, 随着生物多样性数据来源如卫星遥感、地面观测、基因组数据的逐渐丰富, 如何有效整合不同来源的数据成为另一大挑战。目前, 全球范围内的数据标准化仍处于初期阶段, 许多数据集并未按照统一的标准进行标注和归档, 这使得跨区域、跨学科的数据整合工作变得更加复杂^[17]。为了应对以上问题, 未来的关键方向是开发开放共享的全球监测框架(如 GEOBON: 地球观测生物多样性观察网络)和数据分享平台(如 GBIF、NCBI 等), 并实现数据的实时更新和标准化, 以确保不同区域和学科之间的数据可比性^[41]。

为明确 eDNA 在不同 EBV 类型中的适用范围及其与全球生物多样性目标的对应关系, 本文对现有 eDNA 数据类型、可支持的 EBVs 类别、证据基础及主要局限进行了归纳^[19](表 1)。总体来看, eDNA 对不同类型 EBVs 的支撑能力存在明显差异, 其应用成熟度和证据基础并不均衡。eDNA 在物种分布、物种多样性和群落组成等层面的应用最为成熟, 相关研究已能够较稳定地服务于物种检出、群落结构比较、重点物种预警以及生态状态变化识别等目标, 因此在全球生物多样性目标框架下, 这一层面的支撑关系相对清晰。相比之下, 遗传多样性、功能多样性和生态系统层级信息的获取则仍表现出更强的条件性和间接性。由此可见, eDNA 与全球生物多样性目标之间的关系, 不应简单理解为一种单向、全面和等同的支撑关系, 而应理解为一种具有层级差异和证据梯度的技术支撑关系。也就是说, 对于物种和群落层面的目标, eDNA 已具备较强的应用基础; 对于遗传多样性、功能多样性和生态系统层面的目标, 当前则更多处于“部分可测”“间接可推断”或“需与其他技术联合解释”的阶段。这样的区分不仅有助于避免对 eDNA 作用的过度概括, 也有助于在后续监测设计中, 根据不同 EBV 类型选择更匹配的数据类型和技术组合。这也说明, 在将 eDNA 融入我国水下 EBVs 监测体系时, 应根据不同 EBV 类型的可测性差异, 合理界定其应用边界, 并优先在物种和群落层面形成稳定应用, 再逐步向遗传、功能和生态系统层级拓展。

表 2 我国水生生物多样性监测指标汇总
Tab.2 Compilation of Aquatic Biodiversity Monitoring Indicators in China

发布部门	发布年份	技术文件	种群动态	物种特征	群落组成	生态系统结构	生态系统功能
生态环境部、水利部、农业农村部	2023	《长江流域水生生态考核指标评分细则（试行）》	重点保护水生生物数量	无	鱼类物种数；大型底栖动物物种数；浮游动物群落结构	水生生物栖息地人类活动影响指数；水生植被覆盖度	无
农业农村部	2021	《长江流域水生生物完整性指数评价办法（试行）》	外来入侵物种；洄游性物种；重点保护物种；区域代表物种；特有鱼类，资源量	成鱼比例；杂食性鱼类；畸形/疾病鱼类；产漂流性卵鱼类；产粘性卵鱼类	优势科；水生高等植物覆盖度；底栖动物优势种；软体动物种类数；浮游植物密度；浮游动物生物量；浮游植物多样性；浮游动物多样性	无	无
生态环境部	2023	《水生生态监测技术指南 河流水生生物监测与评价（试行）》	群落或种群特征参数	无	群落或种群特征参数；生物完整性指数（Index of Biotic Integrity, IBI）；生物污染指数（Biological Pollution Index, BPI）；生物指数（Biotic Index, BI）；香农-维纳多样性指数（Shannon-Wiener diversity index）；综合硅藻指数（Comprehensive Diatom Index, CDI）；生物监测工作组记分（Biological Monitoring Working Party score, BMWP）	无	无
生态环境部	2023	《水生生态监测技术指南 湖泊和水库水生生物监测与评价（试行）》	群落或种群特征参数	无	IBI；BPI；Shannon-Wiener diversity index；BI；BMWP；CDI	无	无
自然资源部（海洋）	2023	《近岸海洋生态健康评价指南》	红树林鸟类优势种种群数量变化（同一季节比较）	鱼卵及仔鱼密度；病虫害受损率	浮游植物密度；浮游动物密度；浮游动物生物量；大型底栖动物密度；大型底栖动物生物量；硬珊瑚补充量；鹿角珊瑚属占比；滨珊瑚属占比；角孔珊瑚属占比；盔形珊瑚属占比；珊瑚礁鱼类密度；珊瑚敌害生物密度	无	初级生产力
国家市场监督管理总局	2023	《江河生态安全评估技术指南》	重点保护水生生物保有指数	无	浮游植物完整性指数；大型底栖动物完整性指数；着生藻类生物完整性指数；鱼类完整性指数；浮游动物完整性指数	无	无
国家标准化管理委员会	2023	《水生生态健康评价技术指南》	无	无	浮游植物完整性指数；浮游动物完整性指数；着生藻类完整性指数；大型底栖无脊椎动物完整性指数；鱼类完整性指数；大型水生植物指数；蓝藻门分类单元数；绿藻门分类单元数；硅藻门分类单元数；蓝藻密度百分比；绿藻密度百分比；硅藻密度百分比；蓝藻优势种密度百分比；蓝藻生物量百分比；绿藻生物量百分比；硅藻生物量百分比；水华蓝藻生物量百分比；潜在产毒蓝藻生物量百分比；蓝藻优势种生物量百分比；硅藻商；潜在产毒蓝藻密度百分比；水华蓝藻密度百分比；Berger-Parker 优势度指数	无	无
生态环境部	2015	《生态环境质量评价技术规范》	无	无	物种多样性指数；外来物种入侵指数	生态系统类型多样性指数	无

2 我国水生生物多样性监测与评估体系

本研究以我国现行水生生物监测、水生态健康评价及湿地/近岸海域生态评估相关技术文件为对象，系统检索国家标准、行业主管部门发布的技术指南/规范，以及具有代表性的地方标准和学会团体标准。检索范围自 2015 年至 2025 年。纳入标准包括：（1）文件具有正式发布信息；（2）评价对象涉及河流、湖泊、水库、湿地、近岸海域或水产种质资源保护区等水生生态系统；（3）文件中明确列出可用于生物监测、水生态健康或生态质量评价的生物学指标；（4）文件全文可获取且指标表述清晰可识别。排除标准包括：仅涉及理化指标而不含生物指标的文件、重复发布但指标体系无实质变化的版本，以及新闻报道、政策解读等非规范性文本。最终纳入技术文件 22 项，考虑到地方性文件和学会团体标准在适用范围、验证程度和推广层级上与国家及行业主管部门文件存在差异，其中国家层面和行业主管部门发布的 8 项保留于正文，其余 14 项列入附表 1。此外，附表 2 列示了全部 22 项技术文件的标准号或发文号信息。另仅《基于环境 DNA 的淡水生物评价技术指南》涉及 Faith 系统发育多样性（Faith's phylogenetic diversity, PD）指标，因其尚未形成普遍、可比的应用基础，本文未单列“基因多样性”栏目。

2.1 我国水生生物多样性监测与评估体系现状

从发布时间和内容演变看，我国水生生物多样性监测技术体系呈现由地方探索向国家推进、由单一生态系统评价向多类型水生生态系统覆盖、由传统方法向新技术拓展的趋势。国家层面和行业主管部门于 2015 年发布《生态环境质量评价技术规范》，较早提出相关框架；后续文件主要集中于 2021—2023 年，涉及长江流域水生生物完整性评价、水生态考核，以及河流、湖泊与水库、近岸海洋、江河生态安全和水生态健康等监测与评价。地方和团体文件发布时间为 2017—2025 年，近年进一步拓展至典型湖泊、滨海湿地、水产种质资源保护区等类型，并开始纳入 eDNA 等新方法，但总体上现有评估体系仍主要基于传统调查数据，eDNA 方法目前仅在《基于环境 DNA 的长江水生生物完整性评价技术导则》和《基于环境 DNA 的淡水生物评价技术指南》中有所体现（表 2、附表 1）。为定量分析 22 项技术文件的时间分布特征、对 EBVs 的覆盖特征，依据 EBVs 框架将相关指标归为基因多样性、种群动态、物种特征、群落组成、生态系统结构和生态系统功能 6 类。以单项技术文件为统计单位，统计各类别的覆盖文件数及其比例，并绘制堆积柱状图；按发布主体统计不同部门对各 EBV 类别的覆盖数量并绘制热图；按类群提及频次统计鱼类、底栖动物、浮游生物等监测对象的构成比例并绘制饼图，相关统计与绘图在 Excel 和 R 中完成。结果表明，2015—2025 年我国水生生物多样性监测与评估相关技术文件的发布数量总体呈增长趋势，尤其自 2021 年以来明显增多，反映出相关技术规范建设正在由零散探索逐步走向体系化推进（图 1a）。现行技术文件对 EBVs 的覆盖明显不均衡（图 1b）：群落组成覆盖最高，涉及 21 项文件（95.5%）；种群动态 11 项（50.0%）；物种特征 4 项（18.2%）；生态系统结构 6 项（27.3%）；基因多样性和生态系统功能均仅 1 项（4.5%）。其中，群落组成指标应用最广，主要包括鱼类完整性指数、浮游生物群落多样性指数和底栖动物多样性指数；种群动态多集中于重点保护物种、洄游鱼类和外来入侵种的有无或分布，对数量变化、年龄结构、补充率和死亡率等过程性指标涉及较少。不同发布部门在 EBV 类别上的关注重点也存在差异（图 1c）。各部门均以群落组成和种群动态为主，对基因多样性和生态系统功能涉及较少。生态环境部门在群落组成方面覆盖较高；农业农村、水利和自然资源（海洋）相关文件也主要集中于群落组成和种群动态；市场监管和标准化管理部门发布文件较少，覆盖范围相对有限；地方性文件和学会团体标准涉及的 EBV 类别相对较多，但高频类别仍为群落组成。现有监测类群同样具有明显偏向性（图 1d）：鱼类占 27.6%，底栖动物 24.1%，浮游生物 20.7%，三者合计超过 70%；藻类和水生高等植物各占 10.3%，鸟类占 5.2%，珊瑚仅占 1.7%。此外，多数技术文件尚未对采样频率、连续监测周期及跨年度可比性提出明确要求，现有监测结果更多反映某一时点或阶段的生态状态，对长期变化趋势识别和管理措施效果评估的支撑仍显不足。

2.2 我国水生生物多样性监测与评估体系现状的成因分析

我国现行水生生物多样性监测体系的形成与历史路径、部门分工、技术条件和成本约束密切相关。首先，我国水生态环境监测长期以理化指标和污染控制为主，生物监测起步较晚，早期主要服务于水环境质量评价和生态健康诊断，因此现行体系更倾向于采用方法成熟、操作简便、能够较快反映生态状态变化的群落组成指标，而对基因多样性、系统发育多样性和生态系统功能等高层级指标关注不足。其次，多部门并行编制技术文件导致监测目标和指标体系存在差异。生态环境部门更强调水生态环境质量评价和生态风险识别；农业农村部门更关注渔业资源养护、重点保护物种及经济类群；水利、自然资源及地方相关文件则多围绕生态安全、湿地功能或区域生态质量展开，这也是不同技术文件可比性不足的重要原因之一。再次，技术门槛限制了监测维度由传统群落调查向遗传和分子层面拓展。与形态学调查相比，基因多样性监测和 eDNA 技术对采样、保存、实验流程、测序平台、参考数据库及生物信息学分析能力要求更高，多数基层监测单位尚不完全具备。最后，高通量测序及相关分子检测技术成本较高，尤其在大尺度、长期连续监测条件下，经费压力突出。在有限资源条件下，管理部门往往优先保障能够直接服务考核和管理需求的常规指标，难以同步建立覆盖基因多样性、生态系统功能和长期动态变化的系统监测网络。这也在一定程

度上解释了为何当前技术文件普遍缺乏连续时间序列要求，监测结果多停留于阶段性调查和静态评价层面。

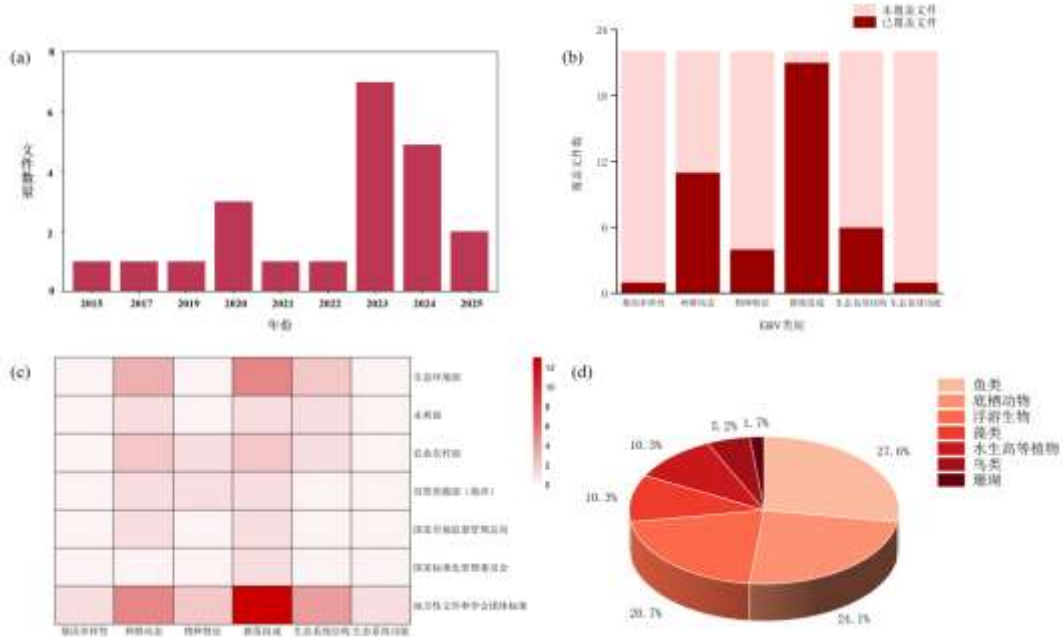


图 1 (a) 2015—2025 年不同年份颁布的技术文件数目； (b) 22 项技术文件中六大 EBVs 类别的覆盖情况； (c) 不同部门对六大 EBVs 类别的侧重差异； (d) 22 项技术文件中各监测类群提及频次的构成

Fig. 1 (a) Number of technical documents issued in different years from 2015 to 2025; (b) Coverage of the six EBV classes in 22 technical documents; (c) Differences among departments in emphasis on the six EBV classes; (d) Composition of mention frequencies of monitoring taxa in 22 technical documents

3 eDNA 助力水下 EBVs 解析

eDNA 技术通过提取水体、土壤、空气等环境样本中的遗传物质，为监测生态系统中的物种多样性提供了一种高效且非侵入性的方法。与传统的物种调查手段相比，eDNA 技术通过捕捉环境中的微量遗传信息，使得监测工作更加高效、精确且灵活。近年来，随着高通量测序技术和数据分析工具的进步，eDNA 技术在生态监测中的应用逐渐成为研究的热点^[42]。如图 2 所示，该技术不仅能够帮助研究人员获取详细的物种分布信息，还能够实现对入侵物种的早期识别、生态系统健康评估等多种目标。

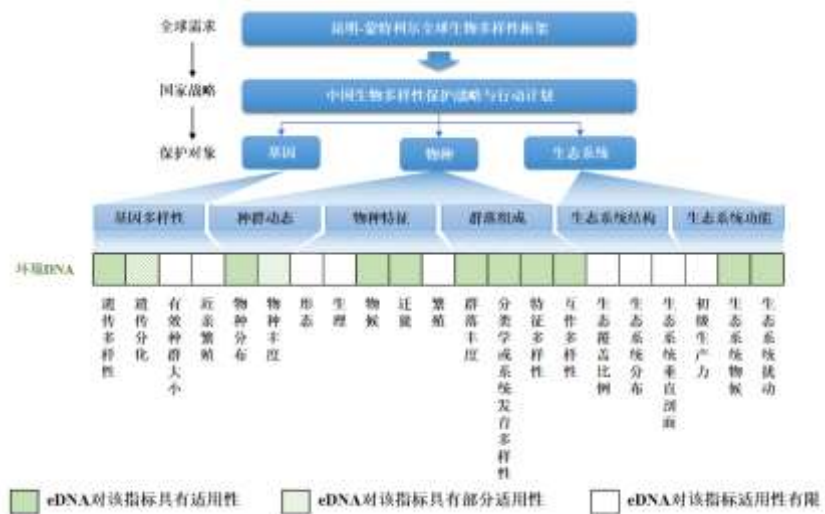


图 2 eDNA 在构建 EBVs 中的作用
Fig. 2 The role of eDNA in constructing EBVs

3.1 涵盖生物多样性的多个层次

eDNA 可用于物种存在和群落组成检测,并在一定条件下提供遗传层面的信息,但其对不同层级生物多样性信息的支撑能力并不一致。总体而言,eDNA 在物种多样性和群落组成监测中的应用较为成熟,而对遗传多样性、功能多样性和生态系统层级信息的支撑仍以条件性或间接性为主。遗传多样性既包括基于群落基因组成或系统发育关系表征的群落层面指标,也包括反映种内遗传变异的种群层面指标,如单倍型多样性、核苷酸多样性、等位基因多样性、杂合度和有效种群大小等。现有研究表明,eDNA 研究已由物种检出逐步拓展至种内遗传变异分析,在一定条件下可识别单倍型差异,并估计单倍型多样性、核苷酸多样性、segregating sites、等位基因丰富度、期望杂合度和种群分化等参数^[24]。例如,Dugal 等^[25]基于海水 eDNA 对鲸鲨进行单倍型分析,恢复的优势单倍型与组织样本序列一致,并据此估计了单倍型多样性和核苷酸多样性;Weitemier 等^[26]利用多位点 eDNA 宏条形码获得太平洋鲑鳟鱼不同流域的种内单倍型组成,并计算了单倍型多样性、核苷酸多样性、segregating sites 和成对 FST;Parsons 等^[43]指出,目标性 eDNA 样品可作为隐蔽海洋物种组织样本的重要补充,用于提高种群遗传分析的样本覆盖度,但尚不能替代传统组织样本。总体看,传统组织样本能够直接获得个体基因型、等位基因频率和杂合度等经典种群遗传参数,而 eDNA 提供的多为环境中的混合遗传信息,现阶段更适于单倍型识别以及核苷酸多样性和种群分化等参数的近似估计。对于浮游生物和微生物,遗传多样性还可延伸至群体微多样性和群落基因组成,其测量逻辑与大型水生动物并不完全一致^[28]。相比之下,eDNA 对功能多样性和生态系统层级信息的支撑仍主要依赖间接推断。条形码型 eDNA 数据通常不直接包含功能信息,往往需要结合物种注释、性状数据库或功能类群划分开展分析;若需解析代谢功能或功能基因,则通常仍需依赖宏基因组或宏转录组等更高分辨率方法^[22,27]。因此,eDNA 可作为现有监测框架的重要补充,用于拓展遗传多样性及更高层级生物多样性信息的获取能力。

3.2 高类群覆盖度

eDNA 技术的显著优势之一在于其较高的类群覆盖度。相较于传统监测方法常受采样工具、栖息地条件以及目标生物体型和行为特征等因素制约,eDNA 可通过单次水样采集同步获取多个生物类群的遗传信息,从而更全面地揭示水下生物多样性格局。已有研究表明,eDNA 在鱼类监测中通常较传统捕捞或网捕方法检出更多物种,对稀有、低丰度及受威胁类群也表现出较高灵敏度^[18,21]。值得注意的是,eDNA 的高覆盖度并不限于鱼类,Schwentner 等^[20]在德国易北河口基于 COI 条形码开展 eDNA 监测时,获得了 352-355 个已鉴定的后生动物 OTUs,并进一步恢复了 942 个未定名后生动物 OTUs,涵盖了丰富的无脊椎动物类群,说明 eDNA 能够同时覆盖鱼类及其他水生动物,为整体水下群落组成解析提供更为丰富的信息基础。但需指出,类群覆盖度并不等同于分类分辨率和结果无偏。不同标记和引物在不同类群中的分辨能力存在差异,并受到引物选择、扩增偏倚和聚类阈值等因素影响,可能导致部分类群被高估、低估或漏检,进而影响群落组成及更高层级指标的评估,特别是在多类群共扩增或复杂环境样本中,扩增偏差往往并不随机,而是沿着类群特征、模板浓度和引物匹配程度方向累积,因此若缺乏针对目标类群的标记优化、多引物交叉验证和严格的质控设计,所得结果可能更接近“扩增后的群落图像”,而非环境中实际的生物组成^[23]。因此,eDNA 的鉴定准确性不仅取决于采样、扩增和数据库构建等技术流程,也受到目标类群遗传分化程度、标记演化速率和引物匹配关系等进化生物学因素的共同制约。总体而言,我国当前监测对象过度集中于鱼类、底栖动物和浮游生物,而其他关键类群覆盖不足,eDNA 的高类群覆盖度为拓展监测广度提供了现实可能。

3.3 隐蔽种与珍稀濒危物种的监测

eDNA 技术在识别隐蔽种和珍稀濒危物种方面展现出了独特的优势。传统的监测方法通常依赖捕捞或直接观测,但对于种群密度极低或栖息于隐蔽环境的物种,检测难度较大。而 eDNA 技术通过分析环境中残留的 DNA 片段,能够以较高的灵敏度识别这些物种的存在,即使它们的数量稀少或未被直接观测到。Clarke 等^[44]利用 eDNA 宏条形码技术,在淡水生态系统中实现了对鱼类等脊椎动物物种的高效监测,尤其是对于稀有或低丰度物种的检测。这项研究表明,eDNA 方法能够识别传统监测方法难以捕捉的物种,从而拓展了水域物种多样性监测的广度与灵敏度。Zhou 等^[45]通过 eDNA 技术成功在长江流域检测出濒危物种中华鲟的分布情况,进一步体现了该技术在水域生物多样性监测中的巨大潜力。这种灵敏度在濒危物种保护中尤为重要,许多常规采样方法难以发现的物种,可以通过 eDNA 技术在早期被检测到,为及时采取保护措施提供了依据^[46]。此外,eDNA 的非侵入性特性减少了对稀有物种栖息地的干扰,使得监测过程更加符合保护实践的要求。因此,eDNA 不仅在基础科研中具有重要价值,也成为生物入侵防控和珍稀濒危物种保护领域的前沿技术。

3.4 自动化监测设备的应用

随着生态环境监测数智化转型的推进,eDNA 与自动化采样设备的结合已成为提升监测效率和连续观测能力的重要方向^[47]。传统监测依赖人工布点和定期采样,耗时耗力,且易受人为因素影响,难以满足高

频、连续监测需求,自动化 eDNA 采样装置可在无人值守条件下按设定频率自动采集环境样本,并结合在线过滤、保存和即时 DNA 提取技术,实现从采样到分析的链条化自动处理^[48]。在水生生态系统的监测中,自动化采样设备已经展现出广泛的应用前景。近年来,国内外已逐步形成从轻量化单样品设备到集成化多样品平台的自动化 eDNA 采样体系。Lu 等^[30] 研发的 MISNAC (multiple in situ nucleic acid collections) 采样器是较有代表性的国产原位自动核酸采集装置,可在 3000 m 水深工作,单次部署可完成 9 个样品的过滤富集。国外的 SASe (Subsurface Automated Sampler for eDNA) 则强调小型化、低成本和现场易部署,可耐受 55 m 水深,利用 Sterivex 滤膜完成预设体积水样过滤,并可在采样后自动注入保存液进行原位保存;其构建成本较低,且在 eDNA 采集、保存和回收效果上与标准台式蠕动泵相当^[49]。Hendricks 等^[50] 综述指出,ESP、SASe、PolyWAG、CLAM 及 DOT 等设备在滤膜数量、最大工作深度、样品保存及自清洗功能等方面存在差异,其中 ESP 适用于高时空分辨率采样,但系统复杂且成本较高;DOT 设备则可在单次部署中完成 9 个离散样品的采集、保存和清洗,并可由单人完成布放。其在加拿大 Bedford Basin 的现场测试表明,自动采样设备与传统 Niskin 采水瓶结合后续过滤所得结果高度一致,代表性 ASV 丰度相关性 R^2 为 0.71-0.93,说明自动化设备已能够较可靠地反映环境中的主要群落组成。因此,自动化监测设备不仅提升了 eDNA 技术的应用深度和广度,还为建立连续化、标准化和智能化的生物多样性监测体系奠定了技术基础^[49,50]。随着这一发展趋势的推进,eDNA 技术将逐步从科研手段转化为生态保护和环境管理中的常规工具。

3.5 公民科学

eDNA 技术的简便性和易操作性使其成为公民科学的理想工具。通过设计简便易用的采样工具,研究人员能够将生态监测工作交给公众参与,从而扩大监测范围,提高数据的多样性和准确性^[51]。Agersnap^[52] 通过招募 360 名志愿者参与 eDNA 采样,发现志愿者普遍认为采样过程简便且富有趣味性。通过公民科学的参与,数据采集的规模和效率得到了显著提升,志愿者的参与还增强了公众对生物多样性保护的意识和责任感。Zhang 等人^[53] 设计了便于公众操作的 eDNA 采样工具包,使中学生等非专业人士也能够参与高质量的生态监测。这种方法不仅扩大了公众参与的广度,还增强了他们对生态保护重要性的认识。除此之外,eDNA 技术与遥感数据的结合能够覆盖生态系统健康评估中的多个核心指标,形成从微观到宏观的多尺度生物多样性监测体系,为中国的生物多样性监测提供了可借鉴的经验。这一整合策略显著提升了监测的广度与精度,并为进一步推广公民科学提供了实践基础。

3.6 eDNA 技术的局限性与挑战

尽管 eDNA 技术在水生生物多样性监测中具有灵敏度高、非侵入性强和类群覆盖广等优势,但其应用仍存在若干局限。首先,eDNA 信号受环境过程显著影响,其释放、迁移、沉降和降解共同决定检测结果的时空代表性^[54-56]。因此,采样点检出的 DNA 信号并不一定对应目标物种在该位置的即时存在状态,尤其在流动水体中,阳性结果未必表示目标物种当前存在于采样点附近,阴性结果也不能简单等同于物种缺失。温度、水体类型、pH 和光化学过程等环境因子还会影响 eDNA 的持留时间和检测概率,从而增加结果解释的复杂性^[57-59]。其次,eDNA 在丰度和生物量定量方面仍存在较大不确定性,通常难以直接实现真实种群丰度或生物量的绝对估计^[60,61]。现有研究表明,eDNA 更适合反映相对丰度、空间差异和时间变化趋势,而不宜被过度表述为精确数量估计工具^[62]。近年来,基于 segregating sites 的丰度估计方法和内参 (spike-in DNA) 校正策略被用于改善定量推断能力,但其在复杂自然环境中的适用性仍有待进一步验证^[63,64]。此外,eDNA 检测结果高度依赖实验流程,仍面临引物偏好性、PCR 偏倚以及假阳性、假阴性等问题。采样设计、过滤与保存方式、DNA 提取效率、扩增条件及 PCR 抑制等均会影响检出率和结果稳定性;对于 metabarcoding 而言,引物特异性和扩增效率差异还可能扭曲群落组成,导致部分类群被低估、漏检或错误检出^[61,65]。参考数据库的完整性和准确性也是重要限制因素,现有数据库虽不断扩充,但总体仍不完善,并可能存在分类学错误、记录质量不稳定及跨版本重复性不足等问题。同时,不同实验室在采样、实验和生物信息学流程上的差异,也限制了不同研究之间的可比性;提高采样强度或扩大采样体积虽有助于提升检出率,却也会增加人力、设备、测序和数据处理成本^[66]。因此,eDNA 更适合作为水生生物多样性监测的重要补充手段,其结果仍需在充分认识环境过程、方法偏倚和成本效益边界的基础上谨慎解释。

3.7 我国典型案例对水下 EBVs 监测体系建设的启示

本节所列国内案例表明,eDNA 在我国水下生物多样性监测中的应用已由单一物种检出逐步扩展到群落组成解析、珍稀濒危物种预警、自动化连续采样和公众参与式监测等多个方面,显示出其在填补水下 EBVs 监测空白中的现实潜力。其意义不仅在于提高物种检出能力,更在于有望通过同一样品体系支撑多层次生物多样性信息提取,从而为水下 EBVs 监测提供统一而高效的数据来源。这表明我国水下 EBVs 监测体系建设不应停留于物种名录更新,而应进一步面向群落结构、重点物种预警及部分遗传信息识别等更高层级指标拓展。与此同时,eDNA 要真正转化为可持续支撑 EBVs 的常规监测手段,关键不只是技术灵敏度的提升,更在于监测流程标准化、数据结果可比化以及长期连续观测能力的建立。国内自动化采样设

备和原位核酸采集平台的发展表明, eDNA 监测已具备向连续化、标准化和智能化转化的技术基础; 公民科学相关实践则进一步展示了其在扩大采样覆盖范围、提升数据更新频率和增强社会协同参与方面的潜力。总体来看, eDNA 已为我国水下 EBVs 监测体系建设提供了新的技术路径, 其意义不仅在于弥补传统调查在覆盖度和灵敏度上的不足, 也在于推动监测体系向多指标协同、长期连续观测和智能化采集方向发展。

4 展望

4.1 面向我国水域生态系统特征的应用路径

eDNA 技术为水下 EBVs 提取提供了新的技术支撑, 但其在我国的应用不宜简单套用国外模式, 而应立足于河流、湖泊和海岸带生态系统在水文过程、生境格局、生态胁迫和管理需求上的差异, 形成分层次、分区域和分目标的应用路径。我国河流-湖泊-海岸河口生态系统类型多样, 生态过程和主要压力具有明显差异。河流生态系统具有显著的流域尺度特征, 干支流连通性、上下游水文情势、生境破碎化、水生生物资源衰退及珍稀洄游物种保护等问题相互耦合, 监测需兼顾物种组成、空间连续性、关键栖息地变化及流域整体生态状态^[67-69]。湖泊和水库多为相对封闭或半封闭水体, 易受富营养化、围垦开发、渔业利用和季节波动等因素影响, 不同水体在生态稳定性、生态安全和突变风险方面又存在明显差异, 因此更适合开展群落结构变化、关键类群响应及长期序列监测^[70-74]。海岸带和河口生态系统则表现出陆海交互强、咸淡水过渡明显、栖息地异质性强和尺度依赖性强等特征, 同时承受港口开发、养殖活动、污染输入和海岸工程等多重压力, 其监测除关注物种组成外, 还应兼顾近岸生态健康、关键生境完整性及渔业资源变化^[75-76]。因此, 面向我国国情的水下 EBVs 监测不应停留于单一物种检出, 而应根据不同水域类型的生态过程和保护重点, 将 eDNA 嵌入物种分布识别、群落变化监测、重点物种预警、生态状态评估及部分遗传信息提取等任务中, 并优先对接现有以鱼类、底栖动物和浮游生物为主体的监测框架, 在典型流域、重点湖泊和关键海岸带区域形成代表性应用模式, 再逐步扩展至更大尺度和更长时间序列的监测网络。

4.2 标准化与规范化建设

eDNA 技术能否由科研探索真正进入常规监测体系, 关键在于形成统一的技术规范和质量控制体系, 而这一过程应明确依托《中国生物多样性保护战略与行动计划(2023—2030年)》所提出的监测、评估、标准和平台建设要求来推进。该行动计划明确提出, 到 2030 年要基本建立生物多样性保护相关政策、法规、制度、标准和监测体系, 并推进国家生物多样性监测网络建设, 这为 eDNA 的规范化应用提供了明确的政策基础。现有研究表明, eDNA 结果的准确性和可比性受采样体积、布点方式、过滤材料与孔径、样品保存条件、DNA 提取方法、引物设计、扩增策略、测序平台、生物信息学流程以及阈值设定等多重因素影响, 不同研究之间的方法异质性已成为限制结果比较和业务化推广的重要瓶颈^[77, 78]。而标准化不应仅停留于统一实验步骤, 而应围绕监测目标和应用场景, 形成从野外采样到实验分析、从原始数据到结果解释的全过程规范。

具体而言, 标准化至少应包括四个层面。其一是监测设计规范化, 即明确不同水域类型下的采样点布设、采样频次、样品体积、重复设置及空白对照要求, 使 eDNA 结果能够与群落变化、重点物种监测和生态评估目标相匹配。其二是实验流程规范化, 即对过滤、保存、提取、扩增、测序和污染防控提出统一要求, 减少实验室间差异。其三是质量控制规范化, 即建立现场空白、实验空白、阳性对照、技术重复、抑制检验和交叉污染控制等质控体系, 并通过跨实验室比对和长期验证提升方法稳定性。其四是数据与结果规范化, 即统一参考数据库使用原则、分类注释规则、数据格式、元数据记录和结果表达方式, 确保不同区域和不同项目之间结果可比、数据可共享。我国目前已具备一定基础, 如《基于环境 DNA 的淡水生物评价技术指南》(T/CSSES 82—2023) 以及地方试点性标准文件, 说明 eDNA 方法已开始由科研探索走向规范化应用。但从未来推进路径看, 更可行的方式仍是“国家统筹—部门协同—试点验证—逐步推广”: 国家层面负责统筹监测目标、指标体系和总体框架, 生态环境、农业农村、自然资源、水利等相关部门根据管理职责协同推进, 科研院所、监测机构和学术组织则负责方法研发、验证和更新, 在典型区域形成成熟方案后, 再逐步推广至更大范围。标准化建设的最终目标, 不只是形成若干技术文件, 更在于使 eDNA 结果能够与现有河流、湖泊和近岸海域水生生态评价指标体系有效衔接, 支撑不同区域、不同年度和不同项目之间的结果可比与数据共享, 从而使 eDNA 真正成为我国生物多样性监测体系中可用、可信、可比较的方法基础。

4.3 数据库与平台建设

参考数据库和数据平台是 eDNA 用于水下 EBVs 监测的基础条件。近年来, 我国已在渔业生物 DNA 条形码、淡水大型底栖无脊椎动物条形码及水生生物 eDNA 数据库建设方面取得一定进展^[79-81]。其中, AeDNA 平台整合了 DNA 条形码和基因组参考序列, 并覆盖鱼类、水生植物、底栖动物、浮游动物和浮游植物等多个类群, 表明我国已开始由单一条形码积累向多层级参考数据库和综合分析平台建设延伸^[79]。但从水下 EBVs 监测需求看, 现有数据库仍存在覆盖不均、地区代表性不足和参考序列数量不够等问题^[82]。未来应围绕重点流域、典型湖泊和近岸海域, 优先补齐常见种、优势种、关键保护物种及生态指示类群的

参考序列,并推动条形码数据库、eDNA数据集和样本资源协同建设。数据库的作用也不应局限于物种注释,而应进一步服务于群落组成分析、系统发育多样性评估、重点物种识别和长期监测数据积累,逐步形成可更新、可共享、可追溯的数据支撑体系。

4.4 技术融合与实施方向

未来eDNA在我国水下EBVs监测中的应用,不应停留在单一检测技术层面,而应纳入多源信息协同获取和综合评估体系。其关键不只是增加一种新方法,而是发挥eDNA在隐蔽种、低丰度物种和群落变化识别方面的优势,与传统调查在个体数量、生物量、年龄结构和分类确认方面的优势形成互补,并与遥感、自动传感器网络、生态模型和智能分析方法共同构建面向生态状态评估的监测框架^[83,84]。其中,eDNA更适于物种组成、群落变化和重点物种预警,传统方法更适于个体层面和定量信息获取,遥感与自动监测则更适于环境背景和大尺度格局监测^[78,85]。未来较可行的方向,是以典型区域试点为基础,逐步推动“eDNA+传统调查+多源环境数据”的常态化协同监测,并在数据格式、采样设计和结果解释上形成统一接口,提高不同方法之间的衔接效率和综合评估能力。

4.5 分阶段实施路径

从未来实施看,eDNA融入我国水下EBVs监测体系的重点,不在于短期内全面铺开,而在于循序渐进、逐步积累和分层实施。近期工作的重点应放在典型区域试点和关键指标验证上,即在具有代表性的河流、湖泊和海岸带区域优先开展应用示范,明确哪些监测对象和哪些EBVs指标最适合由eDNA支撑,并同步优化采样、质控和结果解释流程。中期工作的重点应转向平台和体系建设,包括推动标准体系、参考数据库和数据平台协同完善,提升不同区域、不同项目之间的数据可比性,并逐步形成适用于不同水域类型的技术规范和分析框架。长期来看,eDNA应进一步与常规水生态监测、遥感监测、自动化观测和智慧治理平台相衔接,逐步融入国家生物多样性监测网络和生态环境管理体系,服务于生物多样性保护、流域治理和近岸生态安全评估。也就是说,未来真正需要推进的,不只是把eDNA变成一种“可用的方法”,而是将其发展为支撑长期连续观测、多指标协同提取和跨尺度综合评估的重要基础能力。因此,我国水下EBVs监测体系建设更宜按照“典型区域试点—技术规范统一—数据库与平台整合—监测网络推广”的路径逐步推进,使eDNA由局部科研应用逐步转向面向管理需求的常规监测能力。

5 结论与建议

5.1 主要结论

eDNA技术为水下基本生物多样性变量(EBVs)提取提供了新的技术支撑。与传统调查相比,其具有非侵入性强、灵敏度高、类群覆盖广和便于高频采样等优势,已在物种分布识别、群落组成解析、珍稀濒危物种预警和部分遗传信息获取等方面显示出较大潜力,能够较好支撑物种和群落层面的部分EBVs提取,并在一定条件下延伸至系统发育多样性和种群水平遗传变异识别。与此同时,eDNA的应用边界也较明确。eDNA信号易受降解、迁移、扩散和环境条件影响,物种丰度与生物量的绝对估计仍存在较大不确定性,引物偏倚、PCR偏倚、假阳性与假阴性、参考数据库不完善以及不同水体类型差异,都会影响结果解释的稳定性和可靠性。因此,eDNA更适合作为现有监测体系的重要补充,而不宜被视为传统方法的完全替代。当前我国水生生物多样性监测已在鱼类、底栖动物和浮游生物等类群形成一定基础,但整体仍以物种组成和群落结构指标为主,在遗传多样性、生态功能、长期连续观测及跨区域可比性等方面仍显不足。eDNA的意义正在于弥补这些短板,不仅有助于提高类群覆盖度和隐蔽、低丰度物种检出能力,也为遗传信息获取和长期序列监测提供了新的可能。未来其应用重点应由“能否检出”转向“如何规范应用、稳定解释并融入监测体系”。

5.2 政策建议

面向我国水下EBVs监测体系建设,未来应从政策统筹、监测实施和科研支撑三个层面协同推进。在政策层面,应依托《中国生物多样性保护战略与行动计划(2023—2030年)》,将eDNA纳入国家生物多样性监测网络、水生态监测和近岸海域生态评估技术体系,并优先在重点流域、典型湖泊和关键海岸带区域开展试点,强化生态环境、农业农村、自然资源和水利等部门协同,推动监测目标、指标体系和数据共享相互衔接。在监测实施层面,应围绕采样设计、样品保存、实验流程、质量控制、数据提交和结果解释形成统一要求,并根据河流、湖泊和海岸带不同场景制定差异化方案。eDNA不宜作为唯一手段,而应与传统形态学调查、遥感监测和自动化环境观测结合,形成多源协同的综合监测模式。在科研支撑层面,应持续完善本土参考数据库和数据平台,补齐重点区域常见种、优势种、关键保护物种及生态指示类群的参考序列空缺,并加强引物选择、定量推断、假阳性与假阴性控制、跨实验室一致性验证以及不同水体中eDNA迁移与降解机制研究。总体上,未来我国需要建设的,不只是若干分散的eDNA应用案例,而是一个能够支撑长期连续观测、多指标协同提取和跨尺度综合评估的水下EBVs监测体系。

利益冲突声明:作者声明不存在任何利益冲突。

6 参考文献

- [1] Soliveres S, Lehmann A, Boch S *et al.* Intransitive competition is common across five major taxonomic groups and is driven by productivity, competitive rank and functional traits. *Journal of Ecology*, 2018, **106**: 852-864. DOI:10.1111/1365-2745.12959.
- [2] Hoban S, Archer FI, Bertola LD *et al.* Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 2022, **97** (4): 1511-1538. DOI:10.1111/brv.12852.
- [3] Richardson CM, Davis KL, Ruiz-González C *et al.* The impacts of climate change on coastal groundwater. *Nature Reviews Earth & Environment*, 2024, **5** (2): 100-119. DOI:10.1038/s43017-023-00500-2.
- [4] Venegas RM, Acevedo J, Trembl EA. Three decades of ocean warming impacts on marine ecosystems: A review and perspective. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 2023, **212**: 105318. DOI:10.1016/j.dsr2.2023.105318.
- [5] Wernberg T, Thomsen MS, Baum JK *et al.* Impacts of climate change on marine foundation species. *Annual Review Of Marine Science*, 2024, **16**: 247-282. DOI:10.1146/annurev-marine-042023-093037.
- [6] Rothig T, Trevathan-Tackett SM, Voolstra CR *et al.* Human-induced salinity changes impact marine organisms and ecosystems. *Global Change Biology*, 2023, **29** (17): 4731-4749. DOI:10.1111/gcb.16859.
- [7] Voolstra CR, Raina JB, Dorr M *et al.* The coral microbiome in sickness, in health and in a changing world. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, **22** (8): 460-475. DOI:10.1038/s41579-024-01015-3.
- [8] Haase P, Bowler DE, Baker NJ *et al.* The recovery of European freshwater biodiversity has come to a halt. *Nature*, 2023, **620** (7974): 582-588. DOI:10.1038/s41586-023-06400-1.
- [9] Sayer CA, Fernando E, Jimenez RR *et al.* One-quarter of freshwater fauna threatened with extinction. *Nature*, 2025, **638** (8049): 138-145. DOI:10.1038/s41586-024-08375-z.
- [10] Takahashi M, Saccò M, Kestel JH *et al.* Aquatic environmental DNA: A review of the macro-organismal biomonitoring revolution. *Science of The Total Environment*, 2023, **873**: 162322. DOI:10.1016/j.scitotenv.2023.162322.
- [11] Turak E, Harrison I, Dudgeon D *et al.* Essential biodiversity variables for measuring change in global freshwater biodiversity. *Biological Conservation*, 2017, **213**: 272-279. DOI:10.1016/j.biocon.2016.09.005.
- [12] Bell-James J, Watson J. Ambitions in national plans do not yet match bold international protection and restoration commitments. *Nature Ecology & Evolution*, 2025, **9** (3): 417-424. DOI:10.1038/s41559-025-02636-4.
- [13] Pascual U, Balvanera P, Anderson B *et al.* Diverse values of nature for sustainability. *Nature*, 2023, **620** (7975): 813-823. DOI:10.1038/s41586-023-06406-9.
- [14] Yan P, Fernandez-Martinez M, Van Meerbeek K *et al.* The essential role of biodiversity in the key axes of ecosystem function. *Global Change Biology* 2023, **29** (16): 4569-4585. DOI:10.1111/gcb.16666.
- [15] Harper LR, Buxton AS, Rees HC *et al.* Prospects and challenges of environmental DNA (eDNA) monitoring in freshwater ponds. *Hydrobiologia*, 2018, **826** (1): 25-41. DOI:10.1007/s10750-018-3750-5.
- [16] Priya AK, Muruganandam M, Rajamanickam S *et al.* Impact of climate change and anthropogenic activities on aquatic ecosystem - A review. *Environmental Research*, 2023, **238**: 117233. DOI:10.1016/j.envres.2023.117233.
- [17] Kissling WD, Walls R, Bowser A *et al.* Towards global data products of Essential Biodiversity Variables on species traits. *Nature Ecology & Evolution*, 2018, **2** (10): 1531-1540. DOI:10.1038/s41559-018-0667-3.
- [18] Xiao J, Zhang R, Zhang B *et al.* Fish diversity and continuous sampling strategy in the lower Hanjiang River: Comparing the eDNA with the traditional methods. *Global Ecology and Conservation*, 2025, **64**. DOI:10.1016/j.gecco.2025.e03963.
- [19] 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. DOI:10.1038/s44358-025-00044-x.
- [20] Schwentner M, Zahir R, Yamamoto S *et al.* eDNA as a tool for non-invasive monitoring of the fauna of a turbid, well-mixed system, the Elbe estuary in Germany. *PLoS One*, 2021, **16** (4): e0250452. DOI:10.1371/journal.pone.0250452.
- [21] 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. DOI:10.1111/mec.16659.
- [22] Zhang J, Cui X, Lin L *et al.* Unraveling fish community diversity and structure in the Yellow Sea: evidence from environmental DNA metabarcoding and bottom trawling. *Animals (Basel)*, 2025, **15** (9). DOI:10.3390/ani15091283.
- [23] Ruiz E, Lamy T, Mouillot D *et al.* Benchmarking the taxonomic resolution of fish eDNA metabarcodes against COI barcodes. *Molecular Ecology Resources*, 2026, **26** (1): e70069. DOI:10.1111/1755-0998.70069.
- [24] Andres KJ, Lodge DM, Sethi SA *et al.* Detecting and analysing intraspecific genetic variation with eDNA: From population genetics to species abundance. *Molecular Ecology*, 2023, **32** (15): 4118-4132. DOI:10.1111/mec.17031.
- [25] Dugal L, Thomas L, Jensen MR *et al.* Individual haplotyping of whale sharks from seawater environmental DNA. *Molecular Ecology Resources*, 2022, **22** (1): 56-65. DOI:10.1111/1755-0998.13451.
- [26] Weitemier K, Penaluna BE, Hauck LL *et al.* Estimating the genetic diversity of Pacific salmon and trout using multigene eDNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 2021, **30** (20): 4970-4990. DOI:10.1111/mec.15811.
- [27] Fu Q, Ma K, Zhao J *et al.* Metagenomics unravel distinct taxonomic and functional diversities between terrestrial and aquatic biomes. *iScience*, 2024, **27** (10): 111047. DOI:10.1016/j.isci.2024.111047.
- [28] Logares R. Decoding populations in the ocean microbiome. *Microbiome*, 2024, **12** (1): 67. DOI:10.1186/s40168-024-01778-0.
- [29] Gu S, Zhang P, Luo S *et al.* Microbial community colonization process unveiled through eDNA-PFU technology in mesocosm ecosystems. *Microorganisms*, 2023, **11** (10). DOI:10.3390/microorganisms11102498.
- [30] Lu S, Zeng H, Xiong F *et al.* Advances in environmental DNA monitoring: standardization, automation, and emerging technologies in aquatic ecosystems. *Science China Life Sciences*, 2024, **67** (7): 1368-1384. DOI:10.1007/s11427-023-2493-5.
- [31] Brummitt N, Regan EC, Weatherdon LV *et al.* Taking stock of nature: Essential biodiversity variables explained. *Biological Conservation*, 2017, **213**: 252-255. DOI:10.1016/j.biocon.2016.09.006.
- [32] Schmeller DS, Mihoub J-B, Bowser A *et al.* An operational definition of essential biodiversity variables. *Biodiversity and Conservation*, 2017, **26** (12): 2967-2972. DOI:10.1007/s10531-017-1386-9.
- [33] Pereira HM, Ferrier S, Walters M *et al.* Essential biodiversity variables. *Science*, 2013, **339** (6117): 277-278. DOI:10.1126/science.1229931.
- [34] Schmeller DS, Weatherdon LV, Loyau A *et al.* A suite of essential biodiversity variables for detecting critical biodiversity change.

- Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 2018, **93** (1): 55-71. DOI:10.1111/brv.12332.
- [35] Peterson AT, Soberón J. Essential biodiversity variables are not global. *Biodiversity and Conservation*, 2017, **27** (5): 1277-1288. DOI:10.1007/s10531-017-1479-5.
- [36] Zilioli M, Bergami C, Carrara P *et al.* Enabling the reuse of long-term marine biological observations in essential variables frameworks through a practical approach. *Frontiers in Marine Science*, 2021, **8**: 645997. DOI:10.3389/fmars.2021.645997.
- [37] Dajka JC, Eilrich AK, Franke A *et al.* From science to policy: evolving marine biodiversity targets. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2025, **23** (8): e70000. DOI:10.1002/fee.70000.
- [38] Skidmore AK, Coops NC, Neinavaz E *et al.* Priority list of biodiversity metrics to observe from space. *Nature Ecology & Evolution*, 2021, **5** (7): 896-906. DOI:10.1038/s41559-021-01451-x.
- [39] Bellingham PJ, Richardson SJ, Gormley AM *et al.* Implementing integrated measurements of essential biodiversity variables at a national scale. *Ecological Solutions and Evidence*, 2020, **1** (2): e12025. DOI:10.1002/2688-8319.12025.
- [40] Benson A, Brooks CM, Canonico G *et al.* Integrated observations and informatics improve understanding of changing marine ecosystems. *Frontiers in Marine Science*, 2018, **5**: 428. DOI:10.3389/fmars.2018.00428.
- [41] Dias A, Van Houdt S, Meschin K *et al.* Using essential biodiversity variables to assess forest ecosystem integrity. *Frontiers in Forests and Global Change*, 2023, **6**: 1098901. DOI:10.3389/fgc.2023.1098901.
- [42] Yang HL, Zhang H, Du H. A framework for standardizing the processes of eDNA monitoring and an accessible vision of the future. *Journal of Lake Sciences*, 2023, **35**(01): 12-31. DOI:10.18307/2023.0100.[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**(01): 12-31.]
- [43] Parsons KM, May SA, Gold Z *et al.* Using eDNA to Supplement Population Genetic Analyses for Cryptic Marine Species: Identifying Population Boundaries for Alaska Harbour Porpoises. *Molecular Ecology*, 2025, **34** (5): e17563. DOI:10.1111/mec.17563.
- [44] Clarke SJ, Long E, Biggs J *et al.* Co - design of a citizen science study: unlocking the potential of eDNA for volunteer freshwater monitoring. *Ecological Solutions and Evidence*, 2023, **4** (3): e12273. DOI:10.1002/2688-8319.12273.
- [45] Zhou Q, Du H, Wang J *et al.* Distribution characteristics of Chinese sturgeon in the Yangtze River based on environmental DNA. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2024, **14**(01): 71-78. DOI:10.12153/j.issn.1674-991X.20230203.[周权, 杜浩, 王洁等. 基于环境 DNA 的长江中华鲟分布特征探究. 环境工程技术学报, 2024, **14**(01): 71-78.]
- [46] Miya M. Environmental DNA metabarcoding: a novel method for biodiversity monitoring of marine fish communities. *Annual Review of Marine Science*, 2022, **14** (1): 161-185. DOI:10.1146/annurev-marine-041421-082251.
- [47] Ruppert KM, Kline RJ, Rahman MS. Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: a systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation*, 2019, **17**: e00547. DOI:10.1016/j.gecco.2019.e00547.
- [48] Sun X, Guo N, Gao J *et al.* Using eDNA to survey amphibians: methods, applications, and challenges. *Biotechnology and Bioengineering*, 2023, **121** (2): 456-471. DOI:10.1002/bit.28592.
- [49] Formel N, Enochs IC, Sinigalliano C *et al.* Subsurface automated samplers for eDNA (SASE) for biological monitoring and research. *HardwareX*, 2021, **10**: e00239. DOI:10.1016/j.ohx.2021.e00239.
- [50] Hendricks A, Mackie CM, Luy E *et al.* Compact and automated eDNA sampler for in situ monitoring of marine environments. *Scientific Reports*, 2023, **13** (1): 5210. DOI:10.1038/s41598-023-32310-3.
- [51] Biggs J, Ewald N, Valentini A *et al.* Using eDNA to develop a national citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (*triturus cristatus*). *Biological Conservation*, 2015, **183**: 19-28. DOI:10.1016/j.biocon.2014.11.029.
- [52] Agersnap S, Sigsgaard EE, Jensen MR *et al.* A national scale “bioblitz” using citizen science and eDNA metabarcoding for monitoring coastal marine fish. *Frontiers in Marine Science*, 2022, **9**: 824100. DOI:10.3389/fmars.2022.824100.
- [53] Zhang H, Yang J, Zhang L *et al.* Citizen science meets eDNA: A new boom in research exploring urban wetland biodiversity. *Environmental Science and Ecotechnology*, 2023, **16**: 100275. DOI:10.1016/j.ese.2023.100275.
- [54] Rees HC, Gough KC, Middleditch DJ *et al.* Applications and limitations of measuring environmental DNA as indicators of the presence of aquatic animals. *Journal of Applied Ecology*, 2015, **52** (4): 827-831. DOI:10.1111/1365-2664.12467.
- [55] Roussel JM, Paillisson JM, Tréguier A *et al.* The downside of eDNA as a survey tool in water bodies. *Journal of Applied Ecology*, 2015, **52** (4): 823-826. DOI:10.1111/1365-2664.12428.
- [56] Goldberg CS, Turner CR, Deiner K *et al.* Critical considerations for the application of environmental DNA methods to detect aquatic species. *Methods in Ecology and Evolution*, 2016, **7** (11): 1299-1307. DOI:10.1111/2041-210x.12595.
- [57] Lamb PD, Fonseca VG, Maxwell DL *et al.* Systematic review and meta-analysis: Water type and temperature affect environmental DNA decay. *Molecular Ecology Resources*, 2022, **22** (7): 2494-2505. DOI:10.1111/1755-0998.13627.
- [58] Ballmer E, McNeill K, Deiner K. Potential role of photochemistry in environmental DNA degradation. *Environmental Science & Technology Letters*, 2024, **11** (12): 1284-1295. DOI:10.1021/acs.estlett.4c00704.
- [59] Jo TS. pH-Dependent degradation of microbial environmental DNA in water. *Molecular Ecology Resources*, 2026, **26** (2): e70101. DOI:10.1111/1755-0998.70101.
- [60] Blackman R, Couton M, Keck F *et al.* Environmental DNA: the next chapter. *Molecular Ecology*, 2024, **33** (11): e17355. DOI:10.1111/mec.17355.
- [61] Chang H, Ye T, Xie Z *et al.* Application of environmental DNA in aquatic ecosystem monitoring: opportunities, challenges and prospects. *Water*, 2025, **17** (5). DOI:10.3390/w17050661.
- [62] Jo TS. Synthesizing the relationships between environmental DNA concentration and freshwater macrophyte abundance: a systematic review and meta-analysis. *Hydrobiologia*, 2023, **851** (7): 1697-1710. DOI:10.1007/s10750-023-05409-x.
- [63] Harrison JG, John Calder W, Shuman B *et al.* The quest for absolute abundance: The use of internal standards for DNA-based community ecology. *Molecular Ecology Resources*, 2021, **21** (1): 30-43. DOI:10.1111/1755-0998.13247.
- [64] Ai Q, Yuan H, Wang Y *et al.* Estimation of species abundance based on the number of segregating sites using environmental DNA (eDNA). *Molecular Ecology Resources*, 2025, **25** (6): e14076. DOI:10.1111/1755-0998.14076.
- [65] Liang X, Yang X, Sha N *et al.* Application of eDNA metabarcoding technology to monitor the health of aquatic ecosystems. *Water*, 2025, **17** (8). DOI:10.3390/w17081109.
- [66] Jiang Y, Zhao W, Zhu Y *et al.* An innovative approach for marine macro-organism monitoring: methodology and future

- perspectives of environmental DNA (eDNA) technology. *Marine Biology*, 2025, **172** (3). DOI:10.1007/s00227-025-04609-4.
- [67] Li HS. Systematic identification and prospect of eco-environmental problems in the Yellow River Basin. *Research of Environmental Sciences*, 2024, 37(01): 1-10. DOI:10.13198/j.issn.1001-6929.2023.12.22.[李海生. 黄河流域生态环境问题系统识别与展望. 环境科学研究, 2024, 37(01): 1-10.]
- [68] Yang HL, Shen L, He YF *et al.* Status of aquatic organisms resources and their environments in the Yangtze River system (2017-2021). *Journal of fisheries of China*, 2023, 47(02): 3-30. DOI:10.11964/jfc.20220913677.[杨海乐, 沈丽, 何勇凤等. 长江水生生物资源与环境本底状况调查(2017-2021). 水产学报, 2023, 47(02): 3-30.]
- [69] Zhao Q, Pan FX, Li B *et al.* Distribution patterns of macroinvertebrate community diversity and their impact factors analysis in mountainous rivers at lower Yellow River Basin based on environmental DNA technology. *Journal of Lake Sciences*, 2024, 36(02): 523-536. DOI:10.18307/2024.0232.[赵茜, 潘福霞, 李斌等. 基于环境 DNA 技术的黄河流域下游山区河流大型底栖动物群落多样性特征及其影响要素分析. 湖泊科学, 2024, 36(02): 523-536.]
- [70] Dong YF, Zheng WX, Zhang CX *et al.* Temporal and spatial differences of lake ecosystem regime shift in China. *Journal of Lake Sciences*, 2021, 33(04): 992-1005. DOI:10.18307/2021.0403.[董一凡, 郑文秀, 张晨雪等. 中国湖泊生态系统突变时空差异. 湖泊科学, 2021, 33(04): 992-1005.]
- [71] Guo H, Wang S, Sun W. Interactive stress and evolution between ecological security and urbanization in typical lake basins of China. *Journal of Lake Sciences*, 2026, 38(4): DOI:10.18307/2026.0441.[郭辉, 王森, 孙伟. 中国典型湖泊流域生态安全-城镇化水平的交互胁迫关系及演化特征——以太湖、巢湖、鄱阳湖、抚仙湖和呼伦湖为例. 湖泊科学, 2026, 38(4)]
- [72] Qin BQ, Wu HB. Lake eutrophication development trend and perspectives in Changjiang River Basin. *Yangtze River*, 2023, 54(10): 18-23. DOI:10.16232/j.cnki.1001-4179.2023.10.003.[秦伯强, 吴海斌. 长江流域湖泊富营养化发展趋势与展望. 人民长江, 2023, 54(10): 18-23.]
- [73] Ren YC, Fan FW, Xi YL *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(04): 1140-1156. DOI:10.18307/2025.0407.[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(04): 1140-1156.]
- [74] Wang J, Zhuang XF, Tang CH *et al.* Quantitative assessment of ecosystem stability in typical shallow lakes of eastern China. *Journal of Lake Sciences*, 2026, 38(4): DOI:10.18307/2026.0431.[王锦, 庄新风, 唐彩红等. 中国东部典型浅水湖泊生态系统稳定性量化评估. 湖泊科学, 2026, 38(4)]
- [75] Fang BX, Li YF, Zhang XT *et al.* "One map" of coastal ecological security by integrating land-sea ecosystems. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(03): 962-972. DOI:10.5846/stxb202108122227.[范冰雄, 李杨帆, 张雪婷等. 海岸带区域陆海统筹生态安全研究. 生态学报, 2023, 43(03): 962-972.]
- [76] Liu YM, Xu XY, Zeng H. Ecosystem health assessment and its scale dependence in the coastal region of the East China Sea. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(24): 9913-9926. DOI:10.5846/stxb202105201315.[刘一鸣, 徐媛银, 曾辉. 中国东海海岸带地区生态系统健康评估及其尺度依赖性. 生态学报, 2022, 42(24): 9913-9926.]
- [77] Wang C, Zhang YZ, Tang CY *et al.* Challenges and optimization pathways of eDNA technology in aquatic environmental management. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2025, 20(03): 1-13. DOI:10.7524/AJE.1673-5897.20250605001.[王辰, 张依章, 唐常源等. eDNA 技术在水环境管理中的挑战与优化方向. 生态毒理学报, 2025, 20(03): 1-13.]
- [78] Bunholi IV, Foster NR, Casey JM. Environmental DNA and RNA in aquatic community ecology: Toward methodological standardization. *Environmental DNA*, 2023, 5 (6): 1133-1147. DOI:10.1002/edn3.476.
- [79] Chen K, Fang CC, Wu ZG *et al.* Aedna: aquatic environmental DNA database. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2022, 46(11): 1741-1747. DOI:10.7541/2022.2022.0379.[陈凯, 方成池, 吴志刚等. AeDNA:水生生物 eDNA 数据库. 水生生物学报, 2022, 46(11): 1741-1747.]
- [80] Wang M, Yuan Y, Yu HY *et al.* Construction of barcode library of freshwater macroinvertebrate in China. *Environmental Monitoring in China*, 2022, 38(01): 36-44. DOI:10.19316/j.issn.1002-6002.2022.01.04.[王萌, 苑艺, 于海燕等. 中国淡水大型底栖无脊椎动物条形码数据库构建. 中国环境监测, 2022, 38(01): 36-44.]
- [81] Yang Y, Lan Y, Liu JM *et al.* Research progress on environmental DNA metabarcoding database of fishery biology. *Hubei Agricultural Sciences*, 2025, 64(01): 174-180. DOI:10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2025.01.028.[杨艳, 蓝一, 刘佳敏等. 渔业生物环境 DNA 宏条形码数据库研究进展. 湖北农业科学, 2025, 64(01): 174-180.]
- [82] Zou YT, Hu DX, Wu FF *et al.* DNA barcode gap analysis for common fish and macroinvertebrate species in the Pearl River. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, 44(04): 1564-1574. DOI:10.20103/j.stxb.202302220304.[邹艳婷, 胡丹心, 吴非霏等. 珠江流域常见鱼类及大型底栖动物 DNA 条形码空缺分析. 生态学报, 2024, 44(04): 1564-1574.]
- [83] Flores-Iwasaki M, Mori-Zabarburú RC, Hernández-Amasifuen AD *et al.* Environmental DNA as a Tool for Freshwater Fish Conservation: A Systematic Review and Bibliometric Analysis. *Water*, 2026, 18 (2). DOI:10.3390/w18020215.
- [84] Yoon HJ, Seo JH, Shin SH *et al.* Bioinformation and Monitoring Technology for Environmental DNA Analysis: A Review. *Biosensors (Basel)*, 2025, 15 (8). DOI:10.3390/bios15080494.
- [85] Wu H, Yu L, Du ZR *et al.* Rapid assessment of the Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework implementation progress based on remote sensing monitoring: Pathway and prospects. *Biodiversity Science*, 2025, 33(03): 111-122. DOI:10.17520/biods.2024526.[武慧, 俞乐, 杜贞容等. 基于遥感监测的《昆蒙框架》执行进展快速评估:路径与展望. 生物多样性, 2025, 33(03): 111-122.]

1
2
3

附表 1 纳入分析但未列入正文表格的 14 项我国水生生物多样性监测与评估相关技术文件及其指标内容
 Supplementary Table.1 Fourteen technical documents related to aquatic biodiversity monitoring and assessment in China that were included in the analysis but not presented in the main table, and their indicator contents

发布部门	发布年份	技术文件	种群动态	物种特征	群落组成	生态系统结构	生态系统功能
中国环境科学学会	2023	《基于环境 DNA 的淡水生物评价技术指南》	无	无	分子分类单元丰富度；分类单元丰富度；Shannon-Wiener diversity index；辛普森指数（Simpson index）；Pielou 均匀度指数（Pielou evenness index）；第一优势度；前三优势度；BMWP；BI；综合硅藻指数；鱼类保有指数；生物完整性指数	无	无
重庆市环境科学学会	2025	《基于环境 DNA 的长江水生生物完整性评价技术导则》	无	无	生物完整性指数；鱼类种类数；鱼类优势科；大型底栖无脊椎动物的种类数；Shannon-Wiener diversity index	无	无
福州市林业局	2024	《福州市滨海湿地生态系统服务评估规范》	特有物种指数；古树名木指数	无	Shannon-Wiener diversity index；鱼类种类	无	无
江苏省市场监督管理局	2020	《太湖流域水生态环境功能区质量评估技术规范》	无	无	总分类单元数；生物密度；前 3 位优势种；优势度；软体动物分类单元数；第 1 位优势种优势度；BMWP	无	无
北京市市场监督管理局	2020	《北京市水生态健康评价技术规范》	无	无	鱼类；大型水生植物；浮游植物；浮游动物；大型底栖动物	无	无
北京市市场监督管理局	2020	《北京市河流和湖库水生态环境质量监测与评价技术规范》	无	无	底栖动物生物完整性指数；底栖动物生物指数；土著鱼类指数	无	无
河北省市场监督管理局	2024	《白洋淀水生态环境质量综合评价技术规范》	无	无	浮游植物丰富度指数；土著鱼类物种数；沉水植物质量指数；外来物种入侵危害评价指数；浮游动物丰富度指数；底栖大型无脊椎动物生物指数；鸟类多样性综合指数	沉水植物质量指数	无
内蒙古自治区市场监督	2024	《内蒙古东部地区典型湖泊水生态环	无	小型鱼类比例	浮游生物多样性指数；大型底栖无脊椎动	水生植被面积	无

发布部门	发布年份	技术文件	种群动态	物种特征	群落组成	生态系统结构	生态系统功能
管理局		境质量评价技术导则》			物 BMWP		
威海市市场监督管理局	2024	《青海省滨海水生态健康评价规范》	生物入侵状况	无	鱼类物种数/鱼类保有指数；大型底栖动物多样性综合指数；浮游植物密度；生物入侵状况	大型水生植物覆盖度	无
济南市市场监督管理局	2022	《济南市水生态健康评价规范》	入侵物种	无	鱼类；大型水生植物；浮游植物；浮游动物；大型底栖动物	无	无
海南省市场监督管理局	2025	《海南省水生态监测与评价技术规范》	无	无	鱼类保有指数；大型底栖无脊椎动物 BI；浮游生物均匀度指数	无	无
北京市质量技术监督局	2017	《北京市湿地生态质量评估规范》	珍稀濒危物种	无	水鸟种类；湿地植物相对丰度；水鸟数量	无	无
江西省市场监督管理局	2024	《江西省水产种质资源保护区生态功能评估方法》	主要保护对象种类	无	鱼类数量；优势种	无	无
安徽省市场监督管理局	2019	《安徽省湿地生态状况评估技术规范》	无	受保护物种丰富度；濒危物种指数	无	生长季植被覆盖度	无

4
5
6

附表 2 我国水生态监测与评价相关 22 项技术文件及其标准号/发文号

Supplementary Table.2 Twenty-two technical documents related to aquatic ecological monitoring and assessment in China, and their standard or document numbers

技术文件	标准号/发文号
《长江流域水生态考核指标评分细则（试行）》	环办水体〔2023〕10号
《长江流域水生生物完整性指数评价办法（试行）》	农长渔发〔2021〕3号
《水生态监测技术指南 河流水生生物监测与评价（试行）》	HJ 1295—2023
《水生态监测技术指南 湖泊和水库水生生物监测与评价（试行）》	HJ 1296—2023
《近岸海洋生态健康评价指南》	GB/T 42631-2023
《江河生态安全评估技术指南》	GB/T 43474-2023
《水生态健康评价技术指南》	GB/T 43476-2023
《生态环境质量评价技术规范》	HJ 192-2015
	T/CSES 82-2023

《基于环境 DNA 的淡水生物评价技术指南》	T/CQSES 27-2025
《基于环境 DNA 的长江水生生物完整性评价技术导则》	DB3501/T 028-2024
《福州市滨海湿地生态系统服务评估规范》	DB32/T 3871-2020
《太湖流域水生态环境功能区质量评估技术规范》	DB11/T 1722-2020
《北京市水生态健康评价技术规范》	DB11/T 2320—2024
《北京市河流和湖库水生态环境质量监测与评价技术规范》	DB13/T 5920—2024
《白洋淀水生态环境质量综合评价技术规范》	DB15/T 3798-2024
《内蒙古东部地区典型湖泊水生态环境质量评价技术导则》	DB3710/T 228-2024
《青海省滨海水生态健康评价规范》	DB3701/T 33—2022
《济南市水生态健康评价规范》	DB46/T 664-2025
《海南省水生态监测与评价技术规范》	DB11/T 1503-2017
《北京市湿地生态质量评估规范》	DB36/T 2117-2024
《江西省水产种质资源保护区生态功能评估方法》	DB34/T 3420-2019
《安徽省湿地生态状况评估技术规范》	
