

# 水生外来入侵物种的早期监测方法研究进展

熊薇<sup>1,2</sup>, 李萌<sup>1,2</sup>, 陈义永<sup>1</sup>, 吴宇超<sup>3</sup>, 陆轶青<sup>4</sup>, 战爱斌<sup>1,2</sup>

- 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085
- 中国科学院大学, 北京 100049
- 中央民族大学生命与环境科学学院, 北京 100081
- 生态环境部对外合作与交流中心, 北京 100035

**摘要:**水生外来入侵物种已成为全球生物多样性下降和水生态系统退化的重要驱动因素, 对水生态安全和社会经济均构成严重威胁。对生物入侵阶段性特征的研究表明, 在“引入”与“定殖”之间的关键窗口期实施早期监测, 以指导管理干预, 具有重要的实践意义。然而, 该阶段物种的低丰度特征给传统监测方法带来巨大挑战, 使之在监测灵敏度、准确性和空间覆盖度方面的局限性凸显。通过总结现有研究发现, 近年来分子生物学技术在解决外来物种早期监测问题中取得长足发展并得到广泛应用, 包括基于环境核酸的靶向和非靶向、实验室和现场检测技术, 以及与遥感等宏观技术结合的新技术。进一步系统探讨了新型技术存在的问题、潜在的问题解决途径和未来的发展方向, 以期为我国水生外来入侵物种早期预警与风险管理提供技术支持及战略启示。

**关键词:**水生外来入侵物种; 早期监测; 环境DNA; 生物入侵; 水生态安全

**中图分类号:** X835 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-6002(2025)S1-0103-12

**DOI:** 10.19316/j.issn.1002-6002.2025.S1.13

## Advances in Early Monitoring Technology for Aquatic Alien Invasive Species

XIONG Wei<sup>1,2</sup>, LI Meng<sup>1,2</sup>, CHEN Yiyong<sup>1</sup>, WU Yuchao<sup>3</sup>, LU Yiqing<sup>4</sup>, ZHAN Aibin<sup>1,2</sup>

- Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China
- University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China
- College of Life and Environmental Sciences, Minzu University of China, Beijing 100081, China
- Foreign Environmental Cooperation Center, Ministry of Ecology and Environment, Beijing 100035, China

**Abstract:** Aquatic invasive alien species have become a major driver of global biodiversity loss and freshwater ecosystem degradation, posing serious threats to aquatic ecological security and socio-economic development. Studies on the staged characteristics of biological invasions indicate that implementing early monitoring during the critical “introduction-establishment” window and using the results to guide management interventions has substantial practical value. However, the low abundance of species at this stage presents significant challenges to traditional monitoring methods, highlighting their limitations in sensitivity, accuracy, and spatial coverage. By summarizing existing research, this paper finds that molecular biological techniques have made considerable advancements and gained widespread application in addressing early detection issues of invasive species in recent years, including both targeted and non-targeted approaches based on environmental nucleic acids, laboratory and field-based detection methods, as well as multi-source integration with macro-scale technologies such as remote sensing. Building on a systematic synthesis of these advances, this study further analyzes current challenges and bottlenecks of these emerging technologies, their potential solutions, and future directions, with the aim of providing technical support and strategic insights for early warning and risk management of aquatic alien invasive species in China.

**Keywords:** aquatic alien invasive species; early detection; environmental DNA (eDNA); biological invasion; aquatic ecological security

外来入侵物种, 即成功引入、定殖并扩散至其原产地范围之外的物种, 会对生物多样性、生态系

统功能与服务价值、人类健康与福祉以及经济发展产生深远而广泛的负面影响<sup>[1]</sup>。然而, 目前全

收稿日期: 2025-09-24; 修订日期: 2025-11-04

基金项目: 京津冀环境综合治理国家科技重大专项(2025ZD1207600); 全球环境基金(GEF9874)

第一作者简介: 熊薇(1987-), 女, 湖北黄冈人, 博士, 副研究员。

通讯作者: 陆轶青

球已记录的异地定殖外来物种 (Established Alien Species) 超过了 37 000 种, 并且每年以约 200 种的速度增长<sup>[2]</sup>。其中, 超过 3 500 种外来物种成为能够定居并传播的有害入侵外来生物 (Invasive Alien Species)<sup>[2]</sup>。同时, 随着全球化的推进和气候变化的加重, 全球水生生物入侵态势持续加剧, 呈现多维度扩张特征, 不仅数量急剧增加, 而且扩散范围持续扩大, 部分物种甚至已跨大洲迁移<sup>[3]</sup>。同时, 入侵生物的高度可塑性使其可适应极端环境, 生态位极大扩张, 甚至不再局限于单一营养级或特定生态位, 呈现“从底层到顶层、从生产者到消费者”的扩散趋势, 导致食物网重构, 破坏原有生态稳态<sup>[4]</sup>。

已知入侵物种主要包括约 22% 的外来无脊椎动物、14% 的脊椎动物、11% 的微生物和 6% 的外来植物, 而这些入侵物种中有约 1/4 分布于水生生态系统<sup>[2]</sup>。目前在全球范围内, 常见的水生外来入侵物种包括水葫芦 (*Pontederia crassipes*)<sup>[5]</sup>、福寿螺 (*Pomacea* spp.)<sup>[6]</sup>、克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*)<sup>[7]</sup> 和罗非鱼 (*Oreochromis* spp.)<sup>[8]</sup> 等。在淡水生态系统中, 鱼类是入侵最严重的类群之一, 全球入侵淡水鱼类数量自 20 世纪以来加速增长; 其次是甲壳类和软体动物。鱼类的主要入侵途径包括水产养殖逃逸、观赏贸易逃逸、人为放生及运河连通扩散。据最新统计, 我国共有 177 种外来淡水鱼类, 其中有 89 种属于国外引进物种, 来源最多的区域包括北美洲 (31 种)、亚洲 (20 种)、非洲 (13 种)、欧洲 (11 种) 和南美洲 (10 种)<sup>[9]</sup>。这些入侵鱼类与本地物种争夺生态位, 捕食其卵和幼体, 对原本脆弱的高原水生生态系统造成了严重威胁。

作为亚洲生物入侵热点区域, 中国地域辽阔且生态系统类型丰富, 为外来入侵物种提供了多样化的栖息环境, 面临严峻的外来生物入侵挑战<sup>[10]</sup>。2003—2016 年, 我国共发布了 4 批外来入侵物种名单, 涵盖 71 个物种。根据《2020 中国生态环境状况公报》, 全国已发现的外来入侵物种数量超过 660 种<sup>[11]</sup>。2022 年, 我国《重点管理外来入侵物种名录》发布, 涵盖了鱼类、两栖动物和爬行动物等 8 个类群 59 种外来入侵生物。其中, 我国淡水生态系统中的主要入侵物种包括水葫芦 (*Pontederia crassipes*)、空心莲子草 (*Alternanthera philoxeroides*)、大藻 (*Pistia stratiotes* L.)、克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*) 和福寿螺 (*Pomacea*

*canaliculata*) 等<sup>[12]</sup>。随着这些名单/名录的发布, 我国对水生外来入侵物种的管理进一步加强, 但是仍然面临巨大的技术挑战。据研究, 外来入侵生物入侵途径多样, 50% 的外来入侵植物和 25% 的外来入侵动物源自人为引种, 如用于养殖、观赏等, 后因管理不善逃逸到自然环境中<sup>[13]</sup>。此外, 76.3% 的外来入侵动物是由于检查不严或检测手段不灵敏, 随贸易物品或运输工具传入我国<sup>[14]</sup>。

从全球来看, 其他国家和地区的水生生物入侵问题同样严峻。随着国际贸易、航运等活动的频繁开展, 航运介导的生物入侵, 包括海洋生物入侵, 成为重要的水生生物入侵类型。海洋区域, 如地中海与黑海, 成为全球海洋生物入侵热点区域, 已记录超过 1 000 种非本地海洋物种, 其中超过一半已成功定殖并扩散, 对本地生态系统造成显著影响<sup>[15]</sup>。北极区域从 1960 年到 2015 年共记录了 54 种非本地物种, 包括 34 种独特的水生外来入侵物种<sup>[16]</sup>。除此之外, 著名的北美五大湖、南美亚马孙河流域等生物多样性热点区域也因为航运介导的外来生物入侵遭受到严重冲击, 例如五大湖已累计记录了超过 180 种外来水生生物<sup>[17]</sup>, 其中甲壳类和滤食性贝类引发了水质恶化和本地物种衰退<sup>[18]</sup>。作为有多个重大国际港口的国家, 我国海洋生态系统也正遭受外来生物入侵的严峻挑战, 呈现出入侵物种数量不断增加、入侵频率显著加快、入侵范围持续扩大的趋势<sup>[19]</sup>, 造成了严重的经济损失。我国海洋入侵生物种类多样, 已记录的 141 种海洋外来生物中, 有 43 种已发展成为入侵物种, 其中包含 3 种鱼类、25 种无脊椎动物、15 种植物及藻类<sup>[20]</sup>, 常见的有互花米草 (*Spartina alterniflora*)、沙筛贝 (*Mytilopsis sallei*) 和条纹鲈 (*Morone saxatilis*) 等<sup>[21]</sup>。这些生物入侵主要受人为介导传播 (如船舶航运、进出口贸易等) 与自然水力扩散 (如洋流、潮汐等) 的双重驱动<sup>[22]</sup>。

入侵物种会通过生态位竞争、基因污染及食物网扰动等导致生物多样性发生不可逆衰退。但由于水生生物本身具有隐蔽性特征, 加之监测技术存在数据库建设欠缺、检测技术滞后等短板<sup>[23]</sup>, 水生外来生物管控仍是我国生态安全管理的重要瓶颈。外来物种入侵是当前全球生物多样性丧失、生态系统退化与生态安全风险上升的重要驱动因素之一, 因此针对水生外来入侵物种的管理, 亟需在管控理论及技术上取得突破。

目前普遍认为,生物入侵过程通常经历“引入—定殖—适应—扩散”四个阶段,并呈现出由点到面、由偶发到系统演化的趋势。随着入侵进程的推进,外来物种对本地生态系统结构与功能的干扰不断加剧(图1),治理难度与成本亦呈现指数级上升。据全球入侵物种数据库(The Global Invasive Species Database, GISD)与生物多样性和生态系统服务政府间科学政策平台于2023年最新发布的《外来入侵物种及其控制专题评估报告》的估算,2019年全球生物入侵造成的经济损失超过4230亿美元<sup>[24]</sup>。最新研究表明,我国的生物入侵经济成本被严重低估,从1973—2022年的全部数据来看,外来入侵物种的累计经济损失达到了31246.6亿美元(以2017年美元计价),折合人民币211189.5亿元,年均约4223.8亿元;基于经过筛选的可靠数据,累计经济损失为4250.8亿美元。这两个数据分别是全球入侵成本数据库(InvaCost)估计值的6.36倍和3.32倍<sup>[13]</sup>。强化入侵早期阶段的监测与干预,尤其是在“引入”与“定殖”之间的关键窗口期,已成为当前生态风险防控的核心策略之一。在该关键阶段,外来物种尚未建立稳定种群,其生态位尚未完全与本地系统耦合。若能在此早期阶段实现及时识别并快速响应,便可以在其扩大栖息地范围之前将其清除或遏制于局部区域,有效阻断其进入“适应”与“扩散”阶段。这一过程不仅对保护本地生物多样性、防止生态服务功能丧失至关重要,更是实现生态治理“关口前移”的重要体现。与常发生于入侵后期,以清除和恢复为主的传统治理模式相比,由早期监测指导的早期治理的成本更低:在种群规模尚小、尚未发生大范围扩散时,治理所需人力、物力和财政资源均可显著减少。同时,早期治理效率高,可实现快速处置和精准控制,避免形成长期治理的“沉没成本”。另外,早期阶段的可控性强,有助于在生态系统尚未发生显著扰动前完成干预,降低系统恢复的不确定性与脆弱性。因此,将资源优先配置于入侵早期监测与防控阶段,是提升治理效能、优化财政支出、促进生态经济协调发展的重要举措。

然而,外来入侵生物的早期监测也面临技术挑战。由于水生外来入侵物种在入侵初期个体数量稀少,空间分布零散,常具有较强的隐蔽性,传统依赖人工采样和目视调查的方法往往难以实现有效检测<sup>[25]</sup>。例如,一些微型软体动物、单细胞

藻类等可隐藏于水体底部沉积物或附着于人工构筑物表面,难以通过常规监测手段捕捉其存在信号。此外,部分入侵物种在形态上与本地物种高度相似,进一步增加了物种识别与入侵确认的难度,易造成误报或漏报。为突破早期监测的瓶颈,必须发展高灵敏度、自动化、可规模化应用的新型监测技术。综上,外来物种早期监测不仅在生态维度上维护了生态系统完整性,也在经济层面具有显著的成本控制与效益提升作用。构建以高灵敏生物监测为核心的早期预警体系,是未来应对水生外来物种入侵、保障区域生态安全与经济稳定的重要发展方向。

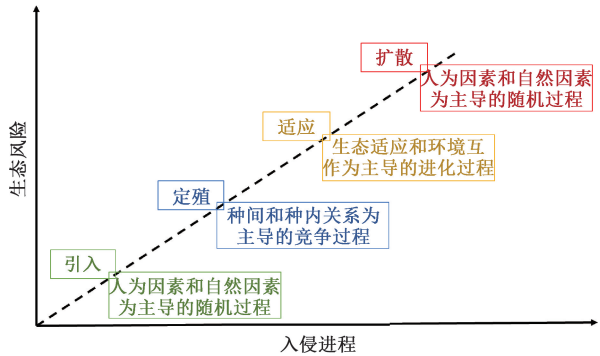


图1 生物入侵进程及其生态危害示意图

Fig. 1 Schematic diagram of biological invasion stages and their ecological impacts

## 1 传统监测方法的瓶颈与挑战

生物监测是外来物种发现以及管理的基础,外来物种早期监测依赖于实体生物的捕捞及其形态学鉴定。然而,由于分类专家大量短缺、形态学鉴定技术灵敏度差,加之人力物力限制导致监测空间覆盖率极低、大面积巡护监测成本高等问题,基于传统方法的早期监测已经面临严重的技术局限。首先,物种鉴定准确率直接制约了外来物种的早期有效监测。欧美研究显示,约70%的水生外来入侵物种误判发生于幼体或碎片化样本阶段。如斑马贻贝(*Dreissena polymorpha*)于20世纪80年代随船舶压舱水入侵北美五大湖,其幼体易与本地贻贝混淆<sup>[26]</sup>;斑马贻贝扩张每年导致的直接经济损失超过5亿美元。在中国,2018年的统计结果表明,专业分类学家存在约43%的缺口。由于形态鉴定不清,长江流域出现鳄雀鳝(*Lepisosteus oculatus*)等物种入侵后,经6~8个月才被确认<sup>[27]</sup>。其次,检测技术的低灵敏度和高漏

检率也成为重要的技术局限。加拿大渔业与海洋部(Department of Fisheries and Oceans, DFO)2019年评估报告指出,传统拖网方法在北极水域的入侵物种检出率不足15%,而对隐蔽性强的管水母类生物(如 *Mnemiopsis leidyi*)的漏检率高达80%<sup>[28]</sup>。此外,监测空间覆盖不足也大大限制了外来物种早期监测。例如,澳大利亚 Murray-Darling 流域面积超过100万 km<sup>2</sup>,传统船舶巡查的覆盖能力有限,导致欧洲鲤鱼种群在未被监测支流中快速扩张<sup>[29]</sup>。又如,蔗蟾蜍(*Rhinella marina*)于1935年被引入澳大利亚以防治甘蔗害虫,但由于未能有效开展早期监测,该物种迅速扩散,造成严重生态失衡,至今仍无法根除<sup>[30]</sup>。这一错误的“生物防治”实践反而引发更大入侵灾难。另外,中华绒螯蟹自1912年首次在德国出现以来,已造成约8000万欧元的经济损失<sup>[31]</sup>。因此,发展具备高准确性、高灵敏度和高空间覆盖度的生物检测方法,已成为外来物种早期预警亟须解决的关键技术问题。

## 2 环境 DNA(eDNA)方法的发展与应用

随着对早期监测重要性的认识不断提高,为应对传统监测的技术瓶颈,外来生物早期监测技术迅速发展,其技术原理也取得重要突破,其中最引人瞩目的当属基于eDNA的相关监测技术。eDNA是指可以从环境样品(如水、土壤、空气、冰芯等)中直接提取得到的总DNA片段,是由微生物、动物、植物等不同物种的DNA混合而成的复杂集合。它既包含生物体经由皮肤、尿液、粪便、黏液等途径释放到环境中的表皮细胞内的DNA,也包括细胞死亡后裂解释放到环境中的胞外DNA<sup>[32]</sup>。2008年, FICETOLA等<sup>[33]</sup>首次利用eDNA从水体样本中成功检测到北美牛蛙(*Rana catesbeiana*)。此后,eDNA方法逐步发展成为一种基于环境中生物遗留DNA片段进行生物物种检测和鉴定的综合方法学体系<sup>[34]</sup>,包括结合了高通量测序的宏条形码技术<sup>[35]</sup>,以及检测单个物种的PCR等技术<sup>[36]</sup>。基于eDNA的方法具有高灵敏度、高通量和高准确性的特征<sup>[37]</sup>,同时由于不需要捕捞实体生物,对生态系统具有良好的非侵入性。因此,该方法在应对外来物种早期监测的诸多挑战方面展现出显著优势。

该技术日益成熟,已在全球多个区域取得突

破性进展,并逐步向标准化、工程化方向发展<sup>[38]</sup>。典型代表是欧盟的欧洲科学技术合作项目DNAqua-NET(<https://dnaqua.net/>)。该组织在深刻认识到eDNA技术在生物监测方面的重要潜力以及当前存在的不足后,发起了DNAqua-NET项目,大大促进了eDNA技术的发展和运用,成为该领域发展的重要引领力量。在项目执行期间(2016—2020年),DNAqua-NET整合多学科专家力量,针对eDNA生物监测的关键技术挑战开展协同攻关,推动该技术在《欧盟水框架指令》等环境法规框架内的应用,为eDNA技术从科研走向标准化奠定了基础,并产生了巨大的国际影响<sup>[39]</sup>。在其影响下,多个欧洲国家(如法国、英国、荷兰、瑞士、芬兰等)已将eDNA方法纳入国家水生生物监测计划,或正在开展大规模试点<sup>[40]</sup>。例如,法国已将鱼类eDNA监测作为其水框架指令评估的常规方法之一。围绕这一技术,美国地质调查局(USGS)、美国环保署(EPA)以及美国国家入侵物种委员会(NISC)联合开发了基于eDNA的高效入侵物种检测方法<sup>[41-42]</sup>。美国相关机构围绕基于eDNA方法的入侵鲤鱼物种监测技术开展了系统研发,所形成的监测计划已成为最成熟的eDNA监测计划之一,极大地提高了美国大规模监测入侵物种的能力<sup>[43]</sup>。挪威特罗姆瑟海洋研究所联合挪威北极大学,在北极巴伦支海和斯瓦尔巴群岛海域开展了一项创新研究,通过eDNA技术新检出17种稀有或深水物种,使海域总物种数提升至49种,包括可逃避拖网的格陵兰鲨(*Somniosus microcephalus*)等大型鱼类,以及之前未检出的低丰度物种<sup>[44]</sup>。在中国,eDNA技术也正在加速应用,并与本土水生态保护实践深度融合。中国科学院水生生物研究所主导构建了水生生物eDNA数据库(AeDNA)<sup>[45]</sup>,其包含5万余种鱼类、水生植物、浮游动物和浮游植物的DNA条形码以及基因组信息,涵盖了我国江河湖海、冰川和温泉等各类水生生境,为我国水生生物多样性快速评估和动态监测提供了重要支撑。2023年,在三峡水库生态监测项目中,研究人员利用eDNA宏条形码技术,在传统调查方法尚未发现个体的情况下,成功检测出外来入侵物种鳄雀鳝(*Lepisosteus oculatus*)的特异性分子标记,比传统生物监测方法提前6个月发出预警,显著提升了外来生物防控的时效性与精准性<sup>[46]</sup>。

### 3 基于 eDNA 的早期监测方法体系的发展

随着对濒危物种、外来物种的关注不断提高,对低丰度/稀有物种的检测目的越来越明确,且需求日益迫切,低丰度/稀有物种检测方法也逐渐得到发展。因此,针对外来生物早期低丰度阶段的检测方法体系呈现出从传统形态学向高灵敏度分子技术、从单一目标向多目标协同、从实验室依赖向现场快速化的发展趋势,破坏性强的网具捕捞逐步被常规 PCR 和定量 PCR (qPCR) 取代,微滴式数字 PCR (ddPCR) 则进一步突破灵敏度极限,实现绝对定量。随着 eDNA/环境 RNA (eRNA) 方法的发展,基于 eDNA/eRNA 的宏条形码技术在外来物种早期监测时空覆盖度等方面也展现出重要的优势(表 1)。ZHAN 等<sup>[47]</sup>通过在高度复杂的海洋浮游动物样品中添加淡水物种作为标记,巧妙地验证了宏条形码技术在检测稀有物种时的高灵敏度。李晗溪等<sup>[25]</sup>对 eDNA-宏条形码技术在早期监测与预警中的应用进行了系统性综述,明确了采用该技术以非靶向方式筛查外来物种的优势以及面临的挑战。eRNA-宏条形码技术侧重活体生物检测,从而规避假阳性检出风险<sup>[48]</sup>。在靶向特定物种检测中,最早采用的方法主要是传统 PCR 和 qPCR。例如,XIA 等<sup>[49]</sup>针对入侵物种沼蛤 (*Limnoperna fortunei*) 的 eDNA 监测开发了常规 PCR 及 qPCR 引物,并在实验室和野外对引物的灵敏度进行了验证。BANERJEE 等<sup>[50]</sup>通过对比形态鉴定、DNA 条形码和 eDNA 三种方法在福寿螺近缘种区分中的应用,建立了针对特定物种的早期监测方法。CHEN 等<sup>[51]</sup>通过改进取样方式,对长江江豚这一稀有物种进行了监测。

随后,ddPCR 技术的发展使生物信号的检测灵敏度得到进一步提高<sup>[52]</sup>。同时,针对单个物种的目标性筛查方法有了新的发展。WEI 等<sup>[53]</sup>结合等温重组酶聚合酶扩增 (RPA) 和基于 CRISPR/Cas 的快速检测平台开发了 RPA-CRISPR/Cas12a-FQ 技术,并发现该技术在检测低丰度 eDNA 方面的表现优于高通量测序 (HTS) 和 qPCR。NAKAJIMA 等<sup>[54]</sup>针对水生外来入侵物种小口黑鲈 (*Micropterus dolomieu*) 进行了早期监测,开发并验证了一套环介导等温扩增 (LAMP) 引物系统。其研究结果显示,在 63 °C 条件下恒温 40

min 扩增后,通过肉眼观测白色沉淀(镁焦磷酸盐)即可实现对目标 eDNA 的特异性检测,并在日本鬼怒川的 eDNA 样本中成功验证,为野外快速筛查入侵物种提供了技术支撑。KRONENBERGER 等<sup>[55]</sup>开发并验证了一套高通量 qPCR 芯片 SmartScreen-AIS,发现经预扩增的高通量实时荧光定量 PCR (HT-qPCR) 在检测低丰度 eDNA 方面显著优于常规 qPCR,同时提升了检测通量。检测技术的发展为构建高灵敏、高时效、低干扰的水生态系统监测体系提供了新的技术路线。

### 4 基于 eDNA 的早期监测方法体系的挑战

针对已建立的这些技术体系,eDNA 宏条形码和 eRNA 宏条形码这些高通量测序技术能够同时检测多种物种,但存在灵敏度和特异性不足的问题。此外,eDNA 的降解和稀释可能导致低丰度物种的信号丢失。而对于 eRNA 而言,其稳定性更低,进一步增加了检测难度。qPCR 和 ddPCR 虽然具备高灵敏度和良好的定量能力,但通常仅适用于单物种测定,并依赖于已知的特异性引物。此外,ddPCR 虽然提高了灵敏度,但成本较高,限制了大规模应用。新兴技术(如 SmartScreen-AIS 和 LAMP)提供了快速、现场检测的可能,但却易受抑制剂干扰,且需要进一步验证其在不同环境条件下的可靠性和准确性。

除此之外,基于 eDNA 的早期监测方法面临着一系列技术与方法学的挑战,例如假阳性和假阴性的问题。首先,DNA 降解与时空分布不均给结果解读带来挑战。在水环境中,受温度、紫外线、pH、微生物活性等影响,eDNA 信号随时间和空间快速衰减<sup>[63]</sup>,这可能导致对早期低丰度外来物种的假阴性检出。与此同时,水流与风浪引起的物理稀释和扩散,可能导致空间漂移性假阳性,即在下游检测到上游物种信号,增加误判风险<sup>[64]</sup>。其次,检测灵敏度与特异性难以平衡,因此可能造成扩增偏倚。宏条形码技术可实现多物种检测,但低丰度物种信号易被掩盖,且受到扩增随机性和测序随机性的双重影响,容易产生假阴性。而 qPCR/ddPCR 等单物种靶向检测技术虽具备高特异性,但依赖已知序列信息,因此无法识别未知或未被数据库收录的入侵物种。

表 1 外来物种早期监测技术  
Table 1 Technologies for early monitoring of alien species

技术类型	外来物种早期监测技术	原理	适用场景	面临的挑战	低丰度/外来物种检测典型案例
非靶向方法	使用流刺网、定置刺网、地笼、手掘网等获取入侵物种个体,依据形态学鉴定确认存在	低	需要现场直接捕获活体或样本的场景,如进行物种确认和密度评估的河流、湖泊及水库	受到水域可达性、渔获选择性偏差及法规限制,易漏检低密度或隐蔽物种,并可能误伤非目标生物	在长江中上游 22 个江段及洞庭湖、洪湖用定置刺网、流刺网、地笼捕获 20 种外来鱼类,结合 FIS/FISK 显微观测技术快速筛出 8 种高风险种,验证网具捕获可作为入侵早期监测手段 <sup>[56]</sup>
eDNA 宏条形码	通过检测水体/沉积物中脱落的 DNA 片段,扩增通用条形码区域,非定向筛查未知物种	较高	水生生态系统监测、隐蔽物种监测	① 假阴性(Ⅰ型错误)风险高; ② 假阳性(Ⅱ型错误)难以避免; ③ 物种参考数据库不完善; ④ 定量与重现性不足	开发束丝藻属特异性 eDNA 宏条形码引物,经北京 37 个水体样品验证其灵敏度、特异性,为水华早期监测提供高效工具 <sup>[57]</sup>
eRNA 宏条形码	通过捕获环境中的 RNA [如核糖体 RNA (rRNA)和信使 RNA(mRNA)],利用宏条形码技术识别活生物的实时活动状态,规避死亡生物 DNA 干扰,提升早期入侵物种监测的时效性和准确性	较高	需区分生物活性状态的场景,如水产病原体活性监测、入侵物种繁殖行为追踪	① RNA 稳定性差(常温下 2~8 h 降解); ② RNA 提取难度大; ③ 参考数据库稀缺	基于 eDNA 与 eRNA 技术,开发了针对入侵物种地中海管虫( <i>Sabella spallanzani</i> )的早期监测方法。通过对水样和沉降样本,发现约 400 个 eDNA 拷贝数即可预测 eRNA 活体信号,为海洋生物入侵的早期活体鉴别提供分子依据 <sup>[58]</sup>
多重 PCR(mPCR)	在同一反应体系中加入 2 对以上特异引物,各对引物分别结合在模板相对位点,同时扩增出多个人入侵物种的核酸片段	中	需同时筛查多种潜在入侵物种,样本量大且对单个物种灵敏度要求不极端严苛的现场快速初检场景。其灵敏度与引物竞争密切相关,可达到与常规 PCR 相当的水平	① 引物设计复杂,需确保多对引物间无交叉反应,且对所有目标物种具有高度特异性; ② 多靶标扩增会竞争酶/脱氧核糖三磷酸(dNTPs),导致低丰度目标漏检(灵敏度不均); ③ 凝胶电泳判读易混淆条带,需测序或探针验证; ④ 近缘种序列相似导致非特异性扩增	建立了一种基于线粒体基因组的 mPCR 方法,可一次性快速鉴别 3 种入侵福寿螺(小福寿螺、斑点福寿螺和新发展入侵种 <i>Pomacea</i> sp.) <sup>[59]</sup>
qPCR	针对特定入侵物种设计引物/探针,实时监测 DNA 扩增荧光信号(Cq 值),实现定量检测	高	已知入侵种的分布监测、种群密度评估	① 依赖已知基因组设计特异性引物,对新发现入侵种/未知病原体无法及时响应; ② 受到环境抑制物干扰; ③ 标准曲线依载体体外转录 DNA,与真实 eDNA 存在结构差异,导致定量偏差	基于 qPCR MGB 探针技术,开发了针对欧洲淡水珍珠蚌( <i>Margaritifera margaritifera</i> )的 eDNA 检测方法。通过水样分析,该方法灵敏度达 0.122 pg/L,可精准识别传统调查难以发现的低密度种群,为物种的早期监测与保护决策提供分子工具 <sup>[60]</sup>
常规 PCR	扩增入侵物种目标 DNA 片段,通过凝胶电泳定性判断目标条带是否存在	较低	现场快速初筛、资源有限场景	① 灵敏度不足,对低丰度目标漏检率超 30%; ② 引物二聚体及气溶胶污染可导致假阳性率高	通过分析 2008—2019 年 250 篇基于 eDNA 检测水生稀有物种的研究,指出早期常规 PCR 得到广泛应用,但其灵敏度不高 <sup>[61]</sup>
ddPCR	将样本分割成 20 000 个 nL 级别的油包水滴,通过终点荧光计数阳性微滴比例实现绝对定量,无须标准曲线,可捕捉首批入侵个体	极高	超低丰度目标检测、复杂抑制剂环境检测及基因拷贝数变异分析	① 设备成本高; ② 数据分析软件依赖性高	利用 ddPCR 靶向检测鲸类线粒体 DNA(mtDNA),表明在鲸群经过后的 2 h 内可检测到虎鲸( <i>Orcinus orca</i> )eDNA,实现非侵入式低丰度物种快速识别 <sup>[62]</sup>
RPA-CRISPR/Cas12a-FQ	通过 RPA 恒温扩增入侵物种 eDNA 片段,再利用 CRISPR/Cas12a 系统特异性识别靶序列并激活其非特异性切割活性。切割荧光标记的报告探针(ssDNA FQ)产生可检测信号,实现超灵敏检测入侵物种	高	现场快速检测,无须 PCR 仪的入侵物种种/病原体筛查及低生物量样本检测	① crRNA 设计差异导致灵敏度存在波动; ② 无法直接绝对定量物种丰度	建立 RPA-CRISPR/Cas12a-FQ 技术检测三峡库区鱼类 eDNA,灵敏度达 6.0 拷贝/反应,能识别稀有物种,为早期入侵物种监测提供新工具 <sup>[53]</sup>
SmartScreen-AIS	基于预扩增+微流控纳米孔技术,将单一水样与入侵物种特异性探针在芯片中并行 qPCR 反应,通过荧光信号实现多目标同步检测,检测水体中多种入侵物种的 DNA/RNA	极高	面向全国或大区域的入侵物种早期筛查、监测与快速响应	预扩增易形成引物二聚体,引发交叉扩增,导致部分探针特异性下降	在 SmartScreen-AIS HT-qPCR 芯片上整合 46 种特异性检测标记,通过预扩增技术显著提升灵敏度,在美国三大军事基地实地验证中成功检出未知入侵物种 <sup>[55]</sup>
LAMP	针对特定入侵物种设计多引物系统,恒温快速扩增目标 eDNA,通过肉眼可见的白色沉淀(镁焦磷酸盐)直接判读结果,无须复杂设备,40 min 内完成野外入侵物种现场筛查	较高	资源有限的环境和现场快速检测,能快速检测病原体、转基因物种、遗传病相关基因及 eDNA 等	① 易受到腐殖酸等抑制物的影响,导致假阴性结果; ② 引物设计复杂,需多引物协同	开发了针对入侵物种小口黑鲈( <i>Micropterus dolomieu</i> )的 LAMP 等温扩增引物,通过 eDNA 实现早期靶向检测。该方法通过白色沉淀将检测结果可视化。特异性验证实验显示,该引物仅对小口黑鲈呈阳性 <sup>[54]</sup>

在基于宏条形码技术的外来物种筛查中,引物设计与分子标记选择对检测灵敏度至关重要。不同标记区(如 COI、12S、16S、ITS)的分辨率、保守性与扩增效率存在差异,且引物普适性与物种特异性难以兼顾<sup>[65]</sup>。同时,扩增抑制剂,如泥沙、有机质、藻类代谢产物、金属离子等,会抑制 PCR 扩增,影响检测准确度<sup>[66]</sup>,对于外来生物而言,确

定当前群体大小是估计繁殖压力大小的重要前提。但是 eDNA 拷贝数与生物实际丰度、体型、代谢率之间存在非线性关系,且受到环境降解速率的影响,因此难以直接将其等同为种群规模<sup>[67]</sup>。

另外,因为低丰度物种对实验流程的敏感性,所有基于 eDNA 的检测方法均面临样品采集与处理、数据分析以及应用与管理上的挑战(表 2)。

表 2 水生外来入侵物种早期监测面临的挑战及可能的解决途径

Table 2 Challenges and potential solutions in early monitoring of aquatic alien invasive species

环节	目前面临的挑战	可能的解决途径
样品采集与处理	<p>① 采样策略。采样时间(昼夜、季节)、水层深度、取样点位置的设置。</p> <p>② 样品保存与运输。低丰度物种对保存及运输敏感。</p> <p>③ 滤膜堵塞与过滤效率。高悬浮颗粒物水体过滤困难,影响样本体积和 DNA 回收率,造成低丰度物种损失</p>	<p>① 采样设置。依据研究对象生物节律设计;在同一水域多位置采样,或将多个子样混合;结合历史分布记录与生态模型,优化取样点布局。</p> <p>② 快速处理与冷链运输。采集后尽快过滤并将滤膜低温(-20℃或-80℃)保存,运输全程保持冷链;或现场直接提取 DNA,减少运输降解风险,并优选对 DNA 降解抑制效果显著的保存液(如 Longmire's Buffer、乙醇+EDTA)进行现场保存。</p> <p>③ 过滤步骤优化。采用预过滤或分次过滤;尝试使用离心、沉降或被动材料吸附等方法替代或辅助膜过滤,提高低丰度 DNA 回收率。</p>
数据分析	<p>① 数据库不完整与错误鉴定风险。公共数据库(如 GenBank、BOLD)中某些物种序列缺失或错误注释,导致种级鉴定错误或停留在高阶分类水平,且外来物种难以定位到本地数据库。</p> <p>② 引物偏好与测序平台偏差。不同测序平台(Illumina、ONT、PacBio)在读长、错误率、数据处理流程上差异明显,影响物种检出模式。</p> <p>③ 假阳性与假阴性问题。交叉污染、标签跳跃(Tag-Jumping)会导致假阳性;低丰度 DNA 信号被放大噪声淹没会导致假阴性。</p> <p>④ 阈值设定与结果解释不统一。物种判定所需的 reads 数、相似度阈值缺乏统一标准,影响不同研究的可比性</p>	<p>① 数据库清洗。剔除疑似错误注释序列;对目标区域建立“白名单物种集”与“外来种重点名录”,进行交叉验证。</p> <p>② 多引物/多标记。为关键类群配置≥2套引物,使用简并碱基/混合引物提升谱系覆盖;借助 in-silico (ecoPCR/PrimerProspector)、mock 群落预评估放大偏好与检出极限。</p> <p>③ 多标记联合与系统发育定位。并行使用多基因标记,包括 COI 或 12S/16S/ITS;采用 ASV 而非 OTU,对难鉴定序列作系统发育放置或 LCA(最低共同祖先)判定,降低误配到种级的风险。</p> <p>④ 扩增条件优化。进行退火温度梯度、循环数、酶体系与 Mg<sup>2+</sup> 优化,减少竞争性扩增。</p> <p>⑤ 全流程阴阳性对照。野外、运输、实验室空白的阴性结果必须为零或在可接受噪声阈值内;利用阳性对照与内标 spike-in 校正回收率。</p> <p>⑥ 条码策略与建库规范。采用唯一双端索引(UDI)、高编辑距标签,避免标签跳跃;执行低周转上样、物理分区、前后工序分离。</p> <p>⑦ 高置信度赋分。对物种指派设置 bootstrap/贝叶斯置信度阈值;对低置信度结果仅报告到属/科级。</p> <p>⑧ 多层判定。同时满足最低 reads、重复次数、占据概率、指派置信度限定才判定“检出”,并分级报告为“确证”“可信”或“可疑”</p>
应用与管理	<p>① 标准化与法规体系不足。缺乏国际统一的监测技术标准与质量控制流程,不利于监测数据在政策制定与管理中的采信。</p> <p>② 结果的法律可采信性。在入侵生物管理与跨境贸易争议中,eDNA 结果的证据效力在法律上尚有争议。</p> <p>③ 跨部门协作障碍。环境、渔业、港口、交通等部门之间信息壁垒明显,限制了 eDNA 数据的共享与综合利用</p>	<p>① 统一技术标准。推动国际和区域组织(如 ISO、CBD、ICES)联合制定针对 eDNA 采样、保存、分析及数据解释的标准化指南,确保方法间可比性。</p> <p>② 质量控制体系建设。在标准中明确阳性/阴性对照、重复检测、外部质控样等流程,降低不同实验室间的结果差异。</p> <p>③ 试点与示范。在重点流域或港口先行开展标准化试点,形成可推广的标准流程。</p> <p>④ 证据链管理。完善涵盖 eDNA 样品采集、运输、分析全过程的记录与溯源体系,确保样品未被篡改、污染,满足法庭证据链要求。</p> <p>⑤ 方法学验证。通过跨实验室比对、盲样测试等方式验证检测方法的灵敏度、特异性和重复性,为法律采信提供科学依据。</p> <p>⑥ 立法引入。在入侵物种管理法规中明确 eDNA 结果的法律地位和使用场景(如作为初筛证据或辅助证据)。</p> <p>⑦ 建立跨部门数据共享平台。构建环境、渔业、交通、港口、海关等部门共享的 eDNA 数据库,实现信息实时共享。</p> <p>⑧ 建立联合监测机制。组织多部门联合采样与分析,减少重复投入,提高监测覆盖率。</p> <p>⑨ 政策激励与约束。通过法规或政策明确各部门在生物入侵监测中的职责与义务,鼓励协同合作</p>

从采样环节来说,采样时间(昼夜、季节)、水层深度、取样点位置的设置对于是否能有效捕捉到这些低丰度物种的信号至关重要。例如,季节

性迁徙物种在非繁殖期的信号极弱,易漏检。因此,要充分了解研究对象的生物节律、习性、生态特征以及监测水体的生境特点,才可以为制定有

效的采样策略提供支撑,减少假阴性结果。在样品保存与运输过程中,低丰度物种 DNA 对保存和运输过程敏感,立即过滤加有效保存是这一过程的关键。现场保存是避免低丰度物种 DNA 降解的有效方法,但是现场保存液的筛选以及现场过滤的有效性仍需要进一步验证。而在数据分析过程中,阈值设定对结果影响极大,尤其是对稀有或低丰度序列的判定。而对于基于宏条形码技术的外来物种筛查,稀有物种序列极易被当作错误信息过滤掉,并且目前的质量控制步骤对低丰度物种也缺乏适配性<sup>[68]</sup>。因此,使用扩增子序列变体(Amplicon Sequence Variant, ASV)而非操作分类单元(Operational Taxonomic Units, OTU)对序列信息进行处理,可以避免低丰度特征序列被合并,同时避免低丰度物种被直接删除<sup>[68]</sup>。在序列注释过程中,对难鉴定序列作系统发育放置或最低共同祖先(LCA)判定,降低误配到种级的风险。为了避免测序错误的干扰,可以将序列进行多层判断,通过考察最低读数(reads)、重复次数、占据概率、指派置信度等来判定是否检出,并分级报告为确证、可信或可疑,为后期进一步确认做储备。而在应用与管理方面,目前标准化与法规体系尚不完善,也仍没有纳入法规框架或监管体系。另外,科研、环保、水利、海关等跨部门的协作仍未达成一致。因此,仍需要进一步推动国际和区域组织制定统一技术标准,建设质量控制体系,完善证据链管理流程,保证监测结果的可溯源性,最后引入管理立法。只有处理好这些环节的挑战,基于eDNA的外来物种早期监测才能进一步发展,最终成为可靠的外来生物管理工具,为我国水生态安全服务。

基于eDNA的检测方法在生物入侵监测中具有显著优势,但其应用范围和效率仍受到上述挑战的限制。为进一步提高监测覆盖范围和效率,需结合eDNA检测和多源技术,如卫星遥感、声学监测等,为生态保护和管理提供更有力的支持。

## 5 eDNA技术与公民科学

公民科学是指让非专业人员(或普通公众)参与数据收集、分析以及监测等科学研究活动的一种模式<sup>[69]</sup>。欧洲提出了“LIFE INVASQUA”计划,该计划旨在提高伊比利亚公众对水生生态系统外来入侵物种问题的关注和参与认知,开发新

的有效工具为淡水栖息地和河口可能出现的新外来入侵物种提供有效的预警和快速反应(EWRR)框架,是公民科学实践的典型案例<sup>[70]</sup>。波尔图大学利用公众在Flickr、Instagram等平台分享的照片,训练卷积神经网络(CNN)识别入侵植物南美蒲苇(*Cortaderia selloana*)。该模型对约77%的图像实现了精准分类,结合地理坐标绘制出该物种2019—2021年在葡萄牙的扩张趋势,为快速响应提供空间依据<sup>[71]</sup>。将eDNA技术与公民科学相结合是一种创新性的公众参与科研模式。它借助公众的力量采集环境样本中的遗传物质,通过DNA分析技术来监测和评估生物多样性状况。这种模式不仅降低了大规模生物多样性调查的成本和技术门槛,极大扩展了数据收集的地理范围,而且有效提升了公众对生态保护和科学研究的参与意识。此类项目已在全球多个生态系统开展。例如,在地中海气候胁迫背景下的科西嘉岛4个港口,该模式成功监测并揭示了隐藏鱼类生物多样性模式及其对极端气候事件的响应<sup>[72]</sup>;ZHANG等<sup>[73]</sup>开发了一套免费且易于使用的eDNA采样工具包(含采样器、注射器和保存液),通过自动售货机将工具包分发给志愿者。这种公民科学模式被成功应用于城市湿地多营养级生物多样性监测,解析了包括入侵物种在内的数百种水生生物。

## 6 未来趋势与战略建议

eDNA技术已逐渐成为水生外来入侵物种早期监测的关键手段,其未来发展趋势不仅体现在分子检测灵敏度和数据标准化上,更应延伸至管理决策流程与跨部门协同机制。针对生态系统中很多入侵物种在入侵初期往往尚未被识别或归档,表现为“非靶标入侵”的特点,外来生物的早期监测已经从单一靶标物种识别逐步拓展到群落生态结构动态监测,支撑监测模式从定点识别向系统级风险监测转变。与此同时,检测策略也从单一引物检测发展为多位点并行检测和无扩增技术,更加专注于高复杂群落中具有不同演化特征类群的检测覆盖率与准确性。未来在技术层面,采样与前处理的自动化、DNA/RNA双信号的共提取与验证、靶向qPCR/ddPCR与广谱宏条形码的结合以及本地化参考数据库的建设,将进一步显著提升检测的精度与稳定性。同时,应通过设

置多重阴阳对照、开展跨引物交叉验证、评估抑制效应并引入占据模型校正等措施,有效降低假阳性与假阴性带来的不确定性,使监测结果更具可比性和可复核性。在此基础上,未来的战略重点应放在从检测到行动的全链条构建上:通过分级证据体系和风险模型,将单次检出转化为可操作的管理信号;通过标准化和证据链建设,提高监测结果在政策制定和执法层面的采信度;通过跨部门数据共享和快速响应机制,缩短从监测到管控的时滞。综上,早期监测的价值不仅在于技术突破,更在于推动治理模式从事后修复向预防性管控转变,从而在跨境传播背景下,为水生态系统安全提供科学与制度的双重保障。

目前全球入侵生物管理趋势已从被动响应转向主动预警,尤其是 eDNA 与遥感技术的结合使早期检出率提升了 3~5 倍。未来应重点推进全球水生外来入侵物种观测网络的建立,整合各国卫星、浮标与人工智能(AI)等资源;设立跨国技术转化基金,加速便携式 eDNA 设备在发展中国家落地;开发通用型风险模拟平台,实现入侵路径预判。

针对我国现状,亟须推动从科研探索走向应用实践的全链条建设:一是加强国家层面 eDNA 标准体系制定与实验室能力验证,确保检测结果在司法和管理中的可采信性;二是建立覆盖重点流域、口岸与高风险通道的区域监测网络,通过哨点监测和路径优先布控,实现入侵物种快速发现;三是完善本地物种参考数据库,加快稀有本地物种和高危入侵物种条形码数据积累;四是推动构建跨部门信息共享与快速响应机制,建立生态环境、农业、渔业、海关等部门联防联控格局。此外,建议以生态环境部门为牵头单位,联合农业农村、渔业、海关、水务/水利、自然资源、住房城乡建设/城市管理、气象等部门,明确牵头单位及各部门的职责分工,建立统一的数据目录与接口标准,包括元数据、字段、坐标、单位、更新频率和质量标识,并进一步对数据进行分级管理,明确不同级别数据的使用权限与合规要求。同时,将上述策略在典型区域开展试点,逐步实现全国范围内的数据共享。未来,我国在“双碳”与生物多样性保护战略背景下,应以 eDNA 技术为支撑,逐步实现从科研监测到政策管控的闭环,真正将早期监测转化为前瞻性、预防性的生态安全保障工具。

## 参考文献(References):

- [1] DIAGNE C, LEROY B, VAISSIÈRE A C, et al. High and Rising Economic Costs of Biological Invasions Worldwide[J]. *Nature*, 2021, 592: 571-576.
- [2] IPBES. Invasive Alien Species Assessment Report [EB/OL]. [2025-09-01]. <https://www.ipbes.net/zh/ias/learning>.
- [3] CASTELLANOS-GALINDO G A, SHARPE D M T, ROBERTSON D R, et al. New Fish Migrations into the Panama Canal Increase Likelihood of Interoceanic Invasions in the Americas[J]. *Current Biology*, 2025, 35(6): 1364-1372.
- [4] KEVA O, COBAIN M R D, ELORANTA A P, et al. The Role of Land Use in Terrestrial Support of Boreal Lake Food Webs[J]. *Nature Communications*, 2025, 16(1): 3572.
- [5] VOLKOVA P A. Invasive Water Hyacinth (*Pontederia crassipes*) Extends Its Range to East Europe and the Caucasus[J]. *Journal of Great Lakes Research*, 2024, 50(3): 102318.
- [6] HAYES K A, JOSHI R C, THIENGO S C, et al. Out of South America: Multiple Origins of Non-native Apple Snails in Asia[J]. *Diversity and Distributions*, 2008, 14(4): 701-712.
- [7] OFICIALDEGUI F J, CLAVERO M, SÁNCHEZ M I, et al. Unravelling the Global Invasion Routes of a Worldwide Invader, the Red Swamp Crayfish (*Procambarus clarkii*) [J]. *Freshwater Biology*, 2019, 64(8): 1382-1400.
- [8] WEI Y F, WU C Y, ZHANG S S, et al. eDNA Analysis Reveals High Invasion Risks in Nature Reserves in Guangdong Province, China[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2024, 11: 1462123.
- [9] QIAO L X, LIU C L, SU G H, et al. Spatial Distribution and Introduction Pathways of Non-native Freshwater Fish Species in China[J]. *Water Biology and Security*, 2024, 3(4): 100276.
- [10] ZHAN A B, NI P, XIONG W, et al. Biological Invasions in Aquatic Ecosystems in China [M]// WAN F H, JIANG M X, ZHAN A B. *Biological Invasions and Its Management in China*. Dordrecht, Netherlands: Springer, 2017: 67-96.
- [11] 生态环境部. 2020 中国生态环境状况公报[R]. 北京: 生态环境部, 2021.
- [12] 中国大百科全书出版社. 《中国大百科全书》第三版网络版[DB/OL]. <https://www.zgbk.com/>.
- [13] LI Y Y, ZHANG J Y, ZHANG J, et al. The High Economic Cost of Biological Invasions in China[J]. *Journal of Environmental Management*, 2025, 389: 126224.

- [14] 徐海根,强胜,韩正敏,等. 中国外来入侵物种的分布与传入路径分析[J]. 生物多样性,2004,12(6):626-638.  
XU Haigen, QIANG Sheng, HAN Zhengmin, et al. The Distribution and Introduction Pathway of Alien Invasive Species in China[J]. Biodiversity Science, 2004,12(6):626-638.
- [15] Food and Agriculture Organization of the United Nations. Non-indigenous Species in the Mediterranean and the Black Sea[M]. Rome:FAO,2021.
- [16] QI X L, LI Z F, ZHAO C P, et al. Environmental Impacts of Arctic Shipping Activities; A Review[J]. Ocean & Coastal Management,2024,247:106936.
- [17] ESCOBAR L E, MALLEZ S, MCCARTNEY M, et al. Aquatic Invasive Species in the Great Lakes Region; An Overview [J]. Reviews in Fisheries Science & Aquaculture,2018,26(1):121-138.
- [18] 孙伟. 水中的不速之客[J]. 生命世界,2008(12):46-49.  
SUN Wei. Uninvited Guests in Water [J]. Life World,2008(12):46-49.
- [19] 张悦,许道艳,廖国祥,等. 我国海洋外来生物入侵现状、监管问题及建议[J]. 海洋开发与管理,2024,41(1):37-44.  
ZHANG Yue, XU Daoyan, LIAO Guoxiang, et al. The Present Situation, Supervision Problems and Suggestions of Marine Alien Biological Invasion in China [J]. Ocean Development and Management, 2024,41(1):37-44.
- [20] CHEN Y Y, SUN C S, ZHAN A B. Biological Invasions in Aquatic Ecosystems in China [J]. Aquatic Ecosystem Health & Management, 2017, 20(4):402-412.
- [21] 赵建东. 中国外来海洋生物入侵令人忧 5 类入侵者来势凶猛[N]. 中国海洋报,2009-05-22.
- [22] 马培振,左晨霞,李厚梅,等. 斑纹小贻贝 (*Mytella strigata*) 基础生物学与生物入侵[J]. 生态学报,2023,43(13):5 251-5 259.  
MA Peizhen, ZUO Chenxia, LI Houmei, et al. The Basic Biology and Biological Invasion of *Mytella strigata* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(13):5 251-5 259.
- [23] 丁晖,徐海根,强胜,等. 中国生物入侵的现状与趋势[J]. 生态与农村环境学报,2011,27(3):35-41.  
DING Hui, XU Haigen, QIANG Sheng, et al. Status Quo and Trends of Biological Invasion into China [J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2011,27(3):35-41.
- [24] ROY H E, PAUCHARD A, STOETT P, et al. Summary for Policymakers of the Thematic Assessment Report on Invasive Alien Species and Their Control[R]. Bonn, Germany:IPBES,2023.
- [25] 李哈溪,黄雪娜,李世国,等. 基于环境 DNA-宏条形码技术的水生生态系统入侵生物的早期监测与预警[J]. 生物多样性,2019,27(5):491-504.  
LI Hanxi, HUANG Xuena, LI Shiguo, et al. Environmental DNA (eDNA)-Metabarcoding-Based Early Monitoring and Warning for Invasive Species in Aquatic Ecosystems [J]. Biodiversity Science, 2019, 27(5):491-504.
- [26] ELGIN A K, GLYSHAW P W, CARTER G S, et al. Western Lake Erie Quagga Mussel Growth Estimates and Evidence of Barriers to Local Population Growth [J]. Aquatic Ecosystem Health & Management, 2023,26(4):120-130.
- [27] 程醉. 鳄鱼鳝:来自美洲的“入侵”怪鱼[J]. 农村青少年科学探究,2022(12):30-31.  
CHENG Zui. Alligator Gar: An “Invasive” Strange Fish from America [J]. Rural Youth Scientific Inquiry,2022(12):30-31.
- [28] CHAN F T, OGILVIE D, SYLVESTER F, et al. Ship Biofouling as a Vector for Non-indigenous Aquatic Species to Canadian Arctic Coastal Ecosystems; A Survey and Modeling-Based Assessment[J]. Frontiers in Marine Science,2022,9:808055.
- [29] ROBERTS J, TILZEY R. Controlling Carp: Exploring the Options for Australia [M]. NSW, Australia: CSIRO Land and Water,1997.
- [30] SHINE R. The Ecological Impact of Invasive Cane Toads (*Bufo marinus*) in Australia[J]. The Quarterly Review of Biology,2010,85(3):253-291.
- [31] GOLLASCH S. NOBANIS—Invasive Alien Species Fact Sheet—*Eriocheir sinensis* [R/OL]. [https://cybercemetery.unt.edu/nisic/20110629223708/http://www.nobanis.org/files/factsheets/Eriocheir\\_sinensis.pdf](https://cybercemetery.unt.edu/nisic/20110629223708/http://www.nobanis.org/files/factsheets/Eriocheir_sinensis.pdf).
- [32] 史艳萍,屈娟娟,许旺,等. 基于环境 DNA 宏条形码的青岚湖自然保护区鱼类组成及分布特征[J]. 中国环境监测,2024,40(3):235-246.  
SHI Yanping, QU Chanjuan, XU Wang, et al. Research on Composition and Distribution Characteristics of Fishes in the Qinglan Lake Nature Reserve Based on Environmental DNA Metabarcoding [J]. Environmental Monitoring in China, 2024, 40(3):235-246.
- [33] FICETOLA G F, MIAUD C, POMPANON F, et al. Species Detection Using Environmental DNA from Water Samples[J]. Biology Letters,2008,4(4):423-425.
- [34] 李飞龙,杨江华,杨雅楠,等. 环境 DNA 宏条形码

- 监测水生生态系统变化与健康状态[J]. 中国环境监测, 2018, 34(6): 37-46.
- LI Feilong, YANG Jianghua, YANG Yanan, et al. Using Environmental DNA Metabarcoding to Monitor the Changes and Health Status of Aquatic Ecosystems [J]. Environmental Monitoring in China, 2018, 34(6): 37-46.
- [35] XIONG W, HUANG X N, CHEN Y Y, et al. Zooplankton Biodiversity Monitoring in Polluted Freshwater Ecosystems: A Technical Review [J]. Environmental Science and Ecotechnology, 2020, 1: 100008.
- [36] 魏春花, 曾文炉, 周启星, 等. 荧光定量 PCR 技术在环境领域的应用[J]. 中国环境监测, 2012, 28(4): 48-53.
- WEI Chunhua, ZENG Wenlu, ZHOU Qixing, et al. Application of Real-Time Fluorescent Quantitative PCR in Environmental Area [J]. Environmental Monitoring in China, 2012, 28(4): 48-53.
- [37] ZHAN A B, MACISAAC H J. Rare Biosphere Exploration Using High-Throughput Sequencing: Research Progress and Perspectives[J]. Conservation Genetics, 2015, 16(3): 513-522.
- [38] LU S X, ZENG H H, XIONG F, et al. Advances in Environmental DNA Monitoring: Standardization, Automation, and Emerging Technologies in Aquatic Ecosystems[J]. Science China Life Sciences, 2024, 67(7): 1368-1384.
- [39] LEESE F, BOUCHEZ A, ABARENKOV K, et al. Why We Need Sustainable Networks Bridging Countries, Disciplines, Cultures and Generations for Aquatic Biomonitoring 2.0: A Perspective Derived from the DNAqua-Net COST Action [M]//BOHAN D, DUMBRELL A, WOODWARD G, et al. Next Generation Biomonitoring: Part 1. Amsterdam, Netherlands: Elsevier, 2018: 63-99.
- [40] LODGE D M. Policy Action Needed to Unlock eDNA Potential [J]. Frontiers in Ecology and the Environment, 2022, 20(8): 448-449.
- [41] DARLING J A. How to Learn to Stop Worrying and Love Environmental DNA Monitoring [J]. Aquatic Ecosystem Health & Management, 2020, 22(4): 440-451.
- [42] National Invasive Species Council (NISC). Environmental DNA as a Tool for Invasive Species Detection and Management [R]. Washington, DC: National Invasive Species Council, 2022.
- [43] Fish and Wildlife Service (FWS). Quality Assurance Project Plan: eDNA Monitoring of Bighead and Silver Carps [R]. Washington, DC: Fish and Wildlife Service, 2022.
- [44] WESTGAARD J I, PRÆBEL K, ARNEBERG P, et al. Towards eDNA Informed Biodiversity Studies-Comparing Water Derived Molecular Taxa with Traditional Survey Methods [J]. Progress in Oceanography, 2024, 222: 103230.
- [45] 中国科学院水生生物研究所. 水生生物 eDNA 数据库 [DB/OL]. <http://aedna.ihb.ac.cn/>.
- [46] 上海海洋大学环境 DNA 实验室 [EB/OL]. (2023-02-18) [2025-09-01]. [https://sthj.shou.edu.cn/\\_t1958/2023/0902/c16733a321055/page.htm](https://sthj.shou.edu.cn/_t1958/2023/0902/c16733a321055/page.htm).
- [47] ZHAN A B, HULÁK M, SYLVESTER F, et al. High Sensitivity of 454 Pyrosequencing for Detection of Rare Species in Aquatic Communities [J]. Methods in Ecology and Evolution, 2013, 4(6): 558-565.
- [48] WANG F W, XIONG W, LIU Y, et al. Exploring Technical Improvements for Environmental Nucleic Acids-Based Biodiversity Assessment and Management in Coastal Ecosystems [J]. Journal of Environmental Management, 2025, 377: 124724.
- [49] XIA Z Q, ZHAN A B, GAO Y C, et al. Early Detection of a Highly Invasive Bivalve Based on Environmental DNA (eDNA) [J]. Biological Invasions, 2018, 20(2): 437-447.
- [50] BANERJEE P, STEWART K A, DEY G, et al. When Conventional Methods Fall Short: Identification of Invasive Cryptic Golden Apple Snails (*Pomacea canaliculata*; *P. maculata*) Using Environmental DNA [J]. Hydrobiologia, 2022, 849(19): 4241-4257.
- [51] CHEN X Y, LI S, ZHAO J D, et al. Passive eDNA Sampling Facilitates Biodiversity Monitoring and Rare Species Detection [J]. Environment International, 2024, 187: 108706.
- [52] BLAYA J, LLORET E, SANTÍSIMA-TRINIDAD A B, et al. Molecular Methods (Digital PCR and Real-Time PCR) for the Quantification of Low Copy DNA of *Phytophthora nicotianae* in Environmental Samples [J]. Pest Management Science, 2016, 72(4): 747-753.
- [53] WEI X Y, LIU L, HU H, et al. Ultra-Sensitive Detection of Ecologically Rare Fish from eDNA Samples Based on the RPA-CRISPR/Cas12a Technology [J]. iScience, 2023, 26(9): 107519.
- [54] NAKAJIMA S, AMAGAI N, MURAOKA K, et al. Development of LAMP Primers for Rapid Detection of Invasive Smallmouth Bass from Environmental DNA [J]. Conservation Genetics Resources, 2024, 16(3): 251-254.
- [55] KRONENBERGER J A, WILCOX T M, SCHWARTZ M K. SmartScreen-AIS: A High-Throughput qPCR

- Chip for Nationwide Surveillance of Aquatic Invasive Species [J]. *Environmental DNA*, 2025, 7 (3): e70144.
- [56] 田盼盼, 邓华堂, 王导群, 等. 长江中上游(含洞庭湖)外来鱼类入侵风险评估[J]. *水产学报*, 2025, 49(6): 117-127.
- TIAN Panpan, DENG Huatang, WANG Daoqun, et al. Risk Assessment of Invasive Fish Species in the Middle and Upper Reaches of the Yangtze River (Including Dongting Lake) [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2025, 49(6): 117-127.
- [57] SUN D X, LI S G, XIONG W, et al. Monitoring Bloom-Forming *Aphanizomenon* Using Environmental DNA Metabarcoding: Method Development, Validation, and Field Application [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2025, 150: 477-489.
- [58] VON AMMON U, WOOD S A, LAROCHE O, et al. Linking Environmental DNA and RNA for Improved Detection of the Marine Invasive Fanworm *Sabella spallanzanii* [J]. *Frontiers in Marine Science*, 2019, 6: 621.
- [59] 贺超, 杨倩倩, 刘苏汶, 等. 我国外来入侵生物福寿螺种类的多重 PCR 鉴别方法[J]. *植物保护学报*, 2019, 46(1): 97-105.
- HE Chao, YANG Qianqian, LIU Suwen, et al. Multiplex PCR Detection of Alien Invasive Apple Snails Introduced to China [J]. *Journal of Plant Protection*, 2019, 46(1): 97-105.
- [60] CARLSSON J E L, EGAN D, COLLINS P C, et al. A qPCR MGB Probe Based eDNA Assay for European Freshwater Pearl Mussel (*Margaritifera margaritifera* L.) [J]. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 2017, 27(6): 1 341-1 344.
- [61] XIA Z Q, ZHAN A B, JOHANSSON M L, et al. Screening Marker Sensitivity: Optimizing eDNA-Based Rare Species Detection [J]. *Diversity and Distributions*, 2021, 27(10): 1 981-1 988.
- [62] BAKER C S, STEEL D, NIEUKIRK S, et al. Environmental DNA (eDNA) from the Wake of the Whales: Droplet Digital PCR for Detection and Species Identification [J]. *Frontiers in Marine Science*, 2018, 5: 133.
- [63] MAUVISSEAU Q, HARPER L R, SANDER M, et al. The Multiple States of Environmental DNA and What Is Known About Their Persistence in Aquatic Environments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(9): 5 322-5 333.
- [64] 欧阳凌雯, 杨海菊, 陈蓓, 等. 基于环境 DNA 的流域两栖动物多样性分布调查研究[J]. *中国环境监测*, 2025, 41(5): 138-149.
- OUYANG Lingwen, YANG Haiju, CHEN Bei, et al. Investigation and Research on Distribution of Amphibian Diversity in a Watershed Based on Environmental DNA [J]. *Environmental Monitoring in China*, 2025, 41(5): 138-149.
- [65] 母亚雯, 杨江华, 张丽娟, 等. 浮游藻类环境 DNA 宏条形码监测引物的比较与验证[J]. *中国环境监测*, 2024, 40(2): 167-176.
- MU Yawen, YANG Jianghua, ZHANG Lijuan, et al. Comprehensive Comparison and Validation of eDNA Metabarcoding Primers for Phytoplankton Biomonitoring [J]. *Environmental Monitoring in China*, 2024, 40(2): 167-176.
- [66] SCHRADER C, SCHIELKE A, ELLERBROEK L, et al. PCR Inhibitors—Occurrence, Properties and Removal [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2012, 113(5): 1 014-1 026.
- [67] YATES M C, WILCOX T M, KAY S, et al. Towards a Framework to Unify the Relationship Between Numerical Abundance, Biomass, and Quantitative eDNA [J/OL]. *BioRxiv*, 2023-03-07. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:257431634>.
- [68] ZHAN A B, XIONG W, HE S, et al. Influence of Artifact Removal on Rare Species Recovery in Natural Complex Communities Using High-Throughput Sequencing [J]. *PLoS One*, 2014, 9(5): e96928.
- [69] BARBACCIA E, RODRIGUEZ L K, GARCÍA OVIDE B, et al. Combining Citizen Science, Environmental DNA, and Whale Watching to Foster Public Engagement in Marine Biodiversity Conservation [J]. *Ocean & Coastal Management*, 2025, 269: 107827.
- [70] LIFE Programme. Introducción-Life Invasaqua [EB/OL]. [2025-09-01]. <https://lifeinvasaqua.com/>.
- [71] CARDOSO A S, MALTA-PINTO E, TABIK S, et al. Can Citizen Science and Social Media Images Support the Detection of New Invasion Sites? A Deep Learning Test Case with *Cortaderia selloana* [J]. *Ecological Informatics*, 2024, 81: 102602.
- [72] MADON B, HADERLÉ R, AROTCHAREN E, et al. eDNA and Citizen Science Reveal Hidden Fish Biodiversity in Climate-Stressed Urban Ports of the Mediterranean Sea [J]. *Environmental DNA*, 2025, 7(4): e70142.
- [73] ZHANG H W, YANG J H, ZHANG L J, et al. Citizen Science Meets eDNA: A New Boom in Research Exploring Urban Wetland Biodiversity [J]. *Environmental Science and Ecotechnology*, 2023, 16: 100275.