

· 专论与综述 ·

# 环境 DNA 技术在环境监测与动物生产管理中的应用进展

卢依雯<sup>1</sup>, 张璐<sup>2</sup>, 李海玲<sup>2</sup>, 曹忻<sup>1,2\*</sup>

(1. 西北民族大学生命科学与工程学院, 甘肃 兰州 730100;

2. 西北民族大学实验教学部, 甘肃 兰州 730100)

**摘要:**概述了环境 DNA 技术目前的研究方向和分析原理,介绍了该技术在水生、土壤和植物生态系统中的应用进展,以及在监测畜舍环境、促进畜禽粪污无害化处理、检测动物营养与健康状况、调查动物群体遗传多样性、监测和预防畜禽疾病等动物生产管理中的应用前景。分析了环境 DNA 技术的优势与局限,并在此基础上提出了建立标准操作流程、提高检测精确度、积极推广应用环境 DNA 技术等建议。

**关键词:** 环境 DNA 技术;环境监测;动物生产管理

中图分类号: X835; Q958.1 文献标志码: A 文章编号: 1006-2009(2023)03-0011-06

## Application Prospect of Environmental DNA Technology in Environmental Monitoring and Animal Production Management

LU Yi-wen<sup>1</sup>, ZHANG Lu<sup>2</sup>, LI Hai-ling<sup>2</sup>, CAO Xin<sup>1,2\*</sup>

(1. *Life Science and Engineering College of Northwest Minzu University, Lanzhou, Gansu 730100, China;*

2. *Department of Experimental Teaching, Northwest Minzu University, Lanzhou, Gansu 730100, China*)

**Abstract:** This article summarized the current research direction and analysis principle of environmental DNA technology, introduced the application progress of this technology in aquatic, soil and plant ecosystems, as well as its application prospects in animal production management, such as monitoring the environment of live-stock sheds, promoting harmless treatment of livestock manure, detecting animal nutrition and health status, investigating genetic diversity of animal populations, monitoring and preventing livestock diseases. It analyzed the advantages and limitations of environmental DNA technology, and on this basis, it proposed suggestions such as establishing standard operating procedure, improving detection accuracy and actively promoting the application of environmental DNA technology.

**Key words:** Environmental DNA technology; Environmental monitoring; Animal production management

环境 DNA (Environmental DNA, eDNA) 是生物释放到环境中的 DNA 总称,主要包括生物体通过皮肤、排泄物、体表黏液、鳞屑、分泌物等释放出来的 DNA 及其细胞破裂死亡后释放到环境中的 DNA<sup>[1]</sup>。环境 DNA 技术 (eDNA 技术) 是从环境 (土壤、空气、水体等) 样品中收集并提取 DNA 片段,利用测序技术对其进行定性或定量分析的方法,主要分为样品采集、eDNA 提取和 eDNA 分析 3 个操作环节<sup>[2]</sup>。在进行物种识别和监测时,与传统的检测方法相比,eDNA 技术检测的物种更多,花费的采样时间更短,具有准确性高、结果可靠等

优点。随着畜牧业向规模化方向发展,畜禽养殖过程中舍内环境对动物生产的影响逐渐引起关注。在动物生长过程中,疾病暴发次数、动物健康水平和福利状况等都与环境息息相关,环境质量的好坏

收稿日期: 2022-05-18; 修订日期: 2023-02-16

基金项目: 甘肃省自然科学基金资助项目 (No. 20JR10RA125); 兰州市科学技术局基金资助项目 (No. 2019-1-42); 中央高校基金资助项目 (No. 31920220039)

作者简介: 卢依雯 (2001—), 女, 新疆伊宁人, 在读本科生, 研究方向为动物营养与饲料科学。

\* 通信作者: 曹忻 E-mail: caoxin-juliet@163.com

直接影响着动物生产效率的高低。今综述 eDNA 技术在环境监测中的应用进展及在动物生产管理中的应用前景,并针对今后的研究方向提出展望。

## 1 eDNA 技术

eDNA 技术目前的研究方向主要包括两类:一类是定性研究,即检测研究区内单个或多个物种,如 Thomsen 等<sup>[3]</sup>利用该技术检测出丹麦港口海域的 15 个鱼类物种,既包括重要的经济鱼类,也有非经济鱼类和多种鸟类;另一类是定量研究,如 Takahara 等<sup>[4]</sup>首次利用该技术对日本琵琶湖内的鲤鱼进行定量检测,证实可以根据 eDNA 浓度数据大致推算出自然水体中该物种的数量和分布状况。

虽然根据实验目的和对象不同,eDNA 分析方法也有差异,但其基本原理相同,即从环境中提取出生物 DNA 后,针对不同的目标种选取 DNA 识别片段进行引物扩增,通过对扩增产物测序进行生物的定性或定量分析。当监测特定物种是否存在时,通常选用 PCR 检测方法,针对目标种设计高特异性引物,通过凝胶电泳检测 PCR 结果,从而推测出采样点是否存在目标种。PCR 结果以阴性、阳性记录,分别表明环境样品中不存在、存在目标种的 DNA<sup>[5]</sup>。当需要估测生物量时,通常选用实时荧光定量 PCR(qPCR)检测方法,即在标准 PCR 体系中加入荧光物质,通过荧光信号的积累实时监测每次循环后 PCR 产物的变化,并生成荧光扩增曲线,据此实现对初始模板的定量分析<sup>[6]</sup>。当进行生物多样性评估时,需要设计通用性引物,此引物应尽可能多地扩增物种的识别片段,通常选用高通量测序分析方法。高通量测序能一次并行对几十万到几百万条 DNA 分子进行序列测定<sup>[7]</sup>,利用特定分子标记对 eDNA 扩增,对扩增产物进行高通量测序获得 DNA 序列,通过序列检索比对鉴定多个物种,从而测定生物多样性。上述 eDNA 技术与分子生物学技术相结合的分析方法逐渐成为大多数研究者的选择,该方法对于监测动物生长环境、评价物种多样性、了解生态系统的结构与功能等研究具有重要作用,未来将在更多领域得到发展与应用。

## 2 eDNA 技术在环境监测中的应用进展

### 2.1 在水生生态系统中的应用

eDNA 技术在水生生态系统中已得到较成熟的应用,主要分为以下 3 个方面。

(1)识别物种种类与数量。一是监测某一区域是否有外来入侵物种,在物种入侵的早期对其进行及时监测,提高消灭入侵物种的成功率,并减少该物种对生态系统的影响。如 Jerde 等<sup>[8]</sup>利用 eDNA 技术监测出芝加哥地区水道中存在两类入侵物种——鳙鱼和鲢鱼;马竹欣<sup>[9]</sup>利用 eDNA 技术对克氏原螯虾的入侵情况进行了监测,证明该技术可被用于收集入侵物种的分布状态信息。二是调查研究区内的生物多样性,为评价生态系统的物种丰富度提供可靠数据。如徐念等<sup>[10]</sup>利用 eDNA 技术在长江中下游检测到 20 种鱼类、1 种水生哺乳动物和 11 种陆生动物;赵梦迪<sup>[11]</sup>、胡愈忻等<sup>[12]</sup>分别利用 eDNA 技术对研究区内的鱼类多样性、浮游生物多样性进行了调查分析。以上实验证实了 eDNA 技术在目标物种检测方面的可操作性。

(2)监测繁殖活动。已有研究表明,当环境中的生物量增多时,eDNA 浓度也随之升高,eDNA 浓度在一定程度上可以反映物种的生物量<sup>[13]</sup>。若动物处于繁殖时期,则在一定的空间范围内,这种 eDNA 浓度的变化会更加显著<sup>[14]</sup>。因此,可以通过测定水体中 eDNA 的浓度与分布预估生物产卵的时间与空间范围。李莎等<sup>[15]</sup>采用 eDNA 技术与微滴式数字 PCR 技术相结合的方法,检测出研究区域内四大家鱼的 eDNA 浓度,并据此推测出 eDNA 浓度变化与卵苗密度的关系,预判家鱼集群产卵行为的发生,为确定其产卵场的范围提供了依据。Bylemans 等<sup>[16]</sup>利用 eDNA 技术监测澳洲濒危鱼种麦氏鲈的产卵活动,掌握了其繁殖规律。Antognazza 等<sup>[17]</sup>利用 eDNA 技术确定了鲱鱼的产卵持续期和空间分布范围。以上实验为掌握生物的繁殖活动规律提供了新的研究方法和思路。

(3)评价水质与生态情况。eDNA 技术可被用于水质检测和生态系统评价,以及动物的生长环境状况监测。庄芳芳等<sup>[18]</sup>利用高通量荧光定量 PCR 技术检测了厦门市后流域冬季微生物污染状况,结果显示,虽然该流域上游和下游的微生物污染程度较轻,但中下游检测出很多病原菌,流经旧城区居民生活区的水样微生物污染最严重。王萌等<sup>[19]</sup>认为 eDNA 宏条形码技术在河流稀有物种检测中具有较大优势,能从大量数据中快速重建生态网络,提升水质监测效率,在评估河流生态健康状况和预测水体质量方面具有应用前景。杨海乐等<sup>[20]</sup>利用 eDNA 技术对青藏高原沙柳河流域的生物信

息流进行量化研究,增加了可检出生物多样性的结果,为掌握生态系统的健康状况提供了更多信息。以上实验证明,eDNA 技术可被应用于水质检测,并为评价生态系统状况提供可靠信息。

## 2.2 在土壤生态系统中的应用

目前,eDNA 技术在土壤生态系统中主要被应用于土壤中的物种识别,了解土壤微生物的多样性。朱旭瑶等<sup>[21]</sup>通过比较不同方法对红树林土壤环境 DNA 的提取和纯化结果,筛选出识别物种多且结果准确的 eDNA 提取方法,为基于 eDNA 技术的红树林生物多样性研究奠定了一定的技术基础。Wu 等<sup>[22]</sup>利用土壤样品中的 DNA,对北方森林与极地苔原生态系统中的土壤动物种类和丰富度进行了调查。殷萌清等<sup>[23]</sup>利用 eDNA 技术对天然和人工红树林的土壤微生物群落组成进行研究,指出土壤中微生物的组成和群落结构对土壤质量具有重要影响,红树植物与土壤微生物通过相互作用形成紧密联系,掌握土壤微生物的多样性和群落结构对了解土壤质量和红树林健康状况具有重要意义,可以为评价土壤生态系统的优劣提供科学依据。

## 2.3 在植物生态系统中的应用

有研究者采用 eDNA 技术对植物物种进行识别并调查其多样性,证明了土壤和空气样品对于植物物种识别具有较好的效果。Yoccoz 等<sup>[24]</sup>从土壤样品中提取 DNA,对欧洲 3 个气候类型区的植物进行了识别和分类,发现利用 eDNA 技术分析得到的植物种类与通过传统形态学调查方法得到的结果高度一致。Johnson 等<sup>[25]</sup>利用空气样品中的 DNA 对研究区内的植物群落进行了调查,发现与传统的调查方法相比,eDNA 技术可以检测出更多的植物物种,而且大大减少了取样工作量。eDNA 技术在植物多样性研究方面具有省时省力、准确性高等明显优势,具有很大的应用潜力。

## 3 eDNA 技术在动物生产管理中的应用前景

### 3.1 监测畜舍环境

畜舍环境对于动物健康具有重要影响,及时监控畜舍环境,能有效预防动物疾病发生。研究者通常利用环境指示生物来判定环境质量的好坏。如刘伟才等<sup>[26]</sup>采用苔藓植物大灰藓作为监测物种,通过大灰藓体内重金属的含量反映研究区域空气中重金属的污染状况。同理,利用 eDNA 技术也可以进行相关研究。Xie 等<sup>[27]</sup>通过测定对污染物敏

感的真核生物的 eDNA 来判断环境污染程度,以此评估环境变量与真核细胞群落之间的关系。Cheng 等<sup>[28]</sup>研究了饲喂粪肠球菌对仔猪舍和蛋鸡舍空气中细菌群落结构的影响,利用高通量测序技术测定空气中的微生物组成,结果表明,舍内不动杆菌属、大肠杆菌属、志贺菌属等致病菌的相对丰度显著降低( $P < 0.05$ ),粪便和室内空气中乳酸菌等有益菌属显著富集( $P < 0.05$ ),这些变化均有利于改善畜舍空气质量和畜禽健康。还有研究通过采集和分析具有代表性指示生物的 eDNA 来推测畜禽舍内的空气质量,监测动物的生长环境。

### 3.2 促进畜禽粪污无害化处理

畜禽养殖的粪便污染是农业污染的主要来源之一。近年来,推进农业农村绿色发展,加强畜禽粪污资源化利用受到高度重视,对粪便进行无害化处理和资源化利用是解决畜禽养殖业污染的有效途径<sup>[29]</sup>。粪便中含有很多病原微生物,其对公共健康和生态环境会产生很大危害,因而实现粪便中病原微生物的快速检测具有重要意义。Beckman 等<sup>[30]</sup>利用 qPCR 方法检测粪便中的 eDNA,表明在粪便样本中可以检测到幽门螺杆菌,即无需进行胃活检就可以确定该细菌的存在。杨全中等<sup>[31]</sup>在检测实验小鼠粪便中的致病性病原微生物时,利用 PCR 分析方法从采集的 120 份粪便样品中分离得到 30 株沙门菌、25 株志贺菌、35 株大肠杆菌。以上实验表明,基于核酸的 eDNA 技术可以快速检测粪便中的病原微生物,为粪污无害化处理和资源化利用奠定基础。

### 3.3 检测动物营养与健康状况

检测肠道或粪便中的菌群结构可以反映宿主的肠道结构及营养物质的吸收状况<sup>[32]</sup>,正常的菌群状态能从多方面影响机体微生态环境的稳定和动物的健康。Tang 等<sup>[33]</sup>用含有枯草芽孢杆菌的饲料饲喂断奶仔猪,一段时间后测定其肠道菌群结构,发现饲喂枯草芽孢杆菌能够改善动物肠道微生物的组成结构,从而提高其生长性能。Zhao 等<sup>[34]</sup>利用高通量测序技术测定了 3 个品系的无特定病原体(SPF)鸭的粪便菌群,发现 3 个鸭源粪便中的微生物虽然组成不同,但差异不显著;采用高通量测序方法对鸭粪便菌群进行分析,可以进一步了解其肠道菌群分布和 SPF 鸭的生物学特性,最终有利于 SPF 鸭的纯化。Guan 等<sup>[35]</sup>利用高通量测序技术比较了野生和圈养梅花鹿胃肠道细菌的群落

结构,发现二者胃肠道中的优势菌门差异显著,养殖场圈养梅花鹿粪便细菌多样性高于野生梅花鹿,该研究结论为监测动物营养状况与改善饲料配方提供了一定的指导。以上研究证实,检测动物粪便菌群的组成结构能够有效预估其营养和肠道健康状况,从而通过营养调控手段提高动物的生产性能,为指导生产工作提供及时、准确的依据。应用 eDNA 技术能够快速检测粪便中的微生物种类,为开展相关研究提供了新的方法和手段。

### 3.4 调查动物群体遗传多样性

eDNA 技术目前的应用主要集中在鉴别目标物种、评估生物量和评价生物多样性等方面,在调查种群遗传多样性方面的研究应用较少。Sigsgaard 等<sup>[36]</sup>首次应用 eDNA 技术收集了鲸鲨的种群遗传学信息,为评估群体遗传多样性提供了有效的数据,有利于确定最佳的种群管理方式。我国有很多具有优良生产性能的家畜遗传资源,研究其遗传多样性有利于品种的保护和选育。然而,长期以来我国在种质资源收集、鉴定评价及储备等方面的工作相对滞后<sup>[37]</sup>,eDNA 技术因采样方便、测定结果准确等优点,可以很好地改善这种现状。因此,eDNA 技术在育种工作和调查种群遗传多样性的相关研究中极具潜力。

### 3.5 监测和预防畜禽疫病

对家畜流行病进行有效的监测和预防是动物生产工作的重点,疫病监测可以揭示动物疫病的发展规律,为疫病防控提供方向,同时也是评价疫病防控效果的重要指标。Carraro 等<sup>[38]</sup>通过测定水体中增殖型肾脏病主要宿主的 eDNA 浓度来绘制其病原体 DNA 的浓度分布图,估测了宿主数量及分布情况,以此预测该病在研究区内的传染状况,并利用 eDNA 技术建立了增殖型肾脏病的流行病学模型。该研究通过估计目标病原物 eDNA 在研究区内的分布情况来预测疾病传播状况,是一种开展疾病监测和预防的新模式。Huver 等<sup>[39]</sup>、Gomes 等<sup>[40]</sup>也证明,eDNA 技术可被用于监测和预防水体寄生虫疾病的暴发。张小琼等<sup>[41]</sup>总结了环境中寄生虫(卵)的检测方法,指出虽然不同寄生虫(卵)由于生物特性不同,其检测方法也有多种选择,但总体而言可分为两类,即传统的涂片镜检法和利用先进的寄生虫(卵)检测仪器,前者步骤烦琐,后者成本较高。相比之下,采用 eDNA 技术检测环境中的寄生虫或其他病原物更加便捷经济。然而,目前

该技术在我国病原物检测和疾病预防领域的应用较少,还有待于进一步研究。

## 4 eDNA 技术的优势与局限

### 4.1 优势

与传统的调查监测方法相比,eDNA 技术具有以下优势:①灵敏度高。多项研究表明,利用 eDNA 技术进行生物物种监测,比传统的“耳听眼观”方法更加灵敏<sup>[42]</sup>,能够检测出更多的物种,且具有较高的准确性<sup>[9]</sup>。②简单易行,便捷高效。与传统的采样方法相比,eDNA 技术采样方法简单,耗时少。如 Jerde 等<sup>[8]</sup>在对入侵物种亚洲鲤鱼进行调查时发现,在同一区域采用传统方法捕鱼耗时 93 d,利用 eDNA 技术采样仅需要 0.174 d。③对生态系统的干扰较低。eDNA 技术所需的样品均来自自然环境,无须捕杀或危害目标物种,减少了对生态系统的干扰,体现了环境友好型的特点,该优势在开展珍稀物种研究时更为突出。④不要求调查者具备传统生物识别能力和经验。在进行传统物种鉴别时,由于不同的调查者对同一品种有着不同的认知和判断,往往会对鉴别结果产生较大的影响。如张海燕等<sup>[43]</sup>在调查研究区内底栖动物的种类时,需要在解剖镜和显微镜下进行种类鉴定,将样本尽可能鉴定到属或种,对研究人员生物识别能力的要求较高。eDNA 技术依靠分子生物学方法完成生物调查,减少了因样品受损、调查者经验和专业知识限制等带来的误差,可以有效提高调查结果的可靠性。

### 4.2 局限

虽然 eDNA 技术具有诸多优势,但仍存在以下不足:①尚未建立标准的 eDNA 提取和分析流程。已有研究表明,采样和提取方法会对检测结果产生影响<sup>[44]</sup>,在 eDNA 的采集、提取和分析过程中容易产生人为误差,因而建立一套标准的 eDNA 技术操作流程很有必要。②存在交叉污染问题。由于 eDNA 技术灵敏度高,在样品采集、运输和保存等过程中容易受到人为污染,或发生样本间的交叉污染<sup>[45]</sup>。针对该问题,有学者提出在实验操作流程中严格消毒灭菌,并设置阴性对照,以降低对实验结果的影响<sup>[46]</sup>。③检测结果的精确度难以保证。由于 eDNA 的浓度和分布受动物生理活动、水流运动<sup>[47]</sup>,以及风向、风速、降雨<sup>[25]</sup>等天气因素的影响,因而 eDNA 释放至环境后持续的时间与物种差

异有关<sup>[48]</sup>,这种物种时空分布的不一致性会降低检测结果的精确度。

## 5 总结与展望

自 eDNA 的概念被提出以来,国外学者们已经开展了大量相关研究,而国内利用该技术的进程则起步较晚,且大多数研究集中在水生生态领域,在动物生产管理方面还有很多应用有待开发。eDNA 技术具有很多优势,与传统的监测技术相结合,能极大地拓展信息获取的途径。在今后的研究中,建议聚焦于以下几个方面:一是不断优化 eDNA 的采样、提取和分析方法,尽早形成一套标准的操作流程;二是研究 eDNA 持续时间与释放速率的关系,探究影响 eDNA 降解的因素,以提高 eDNA 技术的检测精确度;三是积极推广应用 eDNA 技术。大量研究表明,eDNA 技术可被用作识别物种种类、评估生物量和检测生态系统多样性的有效手段,应积极开展相关研究,实现其在动物生产管理领域更加广泛的应用。

### [参考文献]

- [1] REES H C, MADDISON B C, MIDDLEDITCH D J, et al. The detection of aquatic animal species using environmental DNA—A review of eDNA as a survey tool in ecology [J]. *Journal of Applied Ecology*, 2014, 51(5): 1450–1459.
- [2] HAILE J, FROESE D G, MACPHEE R D E, et al. Ancient DNA reveals late survival of mammoth and horse in interior Alaska [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(52): 22352–22357.
- [3] THOMSEN P F, KIELGAST J, IVERSEN L L, et al. Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7(8): 1–9.
- [4] TAKAHARA T, MINAMOTO T, YAMANAKA H, et al. Estimation of fish biomass using environmental DNA [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7(4): 1–8.
- [5] 单秀娟, 李苗, 王伟继. 环境 DNA (eDNA) 技术在水生生态系统中的应用研究进展 [J]. *渔业科学进展*, 2018, 39(3): 23–29.
- [6] 梁子英, 刘芳. 实时荧光定量 PCR 技术及其应用研究进展 [J]. *现代农业科技*, 2020(6): 1–3.
- [7] CHEN L, WU L, LIU Y, et al. Application of environmental DNA metabarcoding in ecology [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(15): 4573–4582.
- [8] JERDE C L, MAHON A R, CHADDERTON W L, et al. “Sight-unseen” detection of rare aquatic species using environmental DNA [J]. *Conservation Letters*, 2011, 4(2): 150–157.
- [9] 马竹欣. 利用环境 DNA 技术调查入侵种克氏原螯虾在元阳梯田的分布 [D]. 昆明: 云南大学, 2016.
- [10] 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 [J]. *环境科学研究*, 2020, 33(5): 1187–1196.
- [11] 赵梦迪. 利用环境 DNA 分析冬季中国东黄海水域鱼类多样性 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.
- [12] 胡愈焯, 彭玉, 李瑞雯, 等. 基于环境 DNA 宏条形码的丹江口水库浮游生物多样性及群落特征 [J]. *湖泊科学*, 2021, 33(6): 1650–1659.
- [13] LACOURSIÈRE-ROUSSEL A, CÔTÉ G, LECLERC V, et al. Quantifying relative fish abundance with eDNA: a promising tool for fisheries management [J]. *Journal of Applied Ecology*, 2016, 53(4): 1148–1157.
- [14] 陶洁, 曹阳, 左其亭. 环境 DNA 技术在河流生态系统中的应用研究进展 [J]. *水资源保护*, 2021, 37(6): 150–156.
- [15] 李莎, 刘雪清, 姜伟, 等. 环境 DNA 技术在宜昌江段四大家鱼自然繁殖中的应用 [J]. *应用生态学报*, 2021, 32(6): 2241–2248.
- [16] BYLEMANS J, FURLAN E M, HARDY C M, et al. An environmental DNA-based method for monitoring spawning activity: a case study, using the endangered Macquarie perch (*Macquaria australasica*) [J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2017, 8(5): 646–655.
- [17] ANTOGNAZZA C M, BRITTON J R, POTTER C, et al. Environmental DNA as a non-invasive sampling tool to detect the spawning distribution of European anadromous shads (*Alosa* spp.) [J]. *Aquatic Conservation-Marine and Freshwater Ecosystems*, 2019, 29(1): 148–152.
- [18] 庄芳芳, 苏建强, 陈辉煌, 等. 基于高通量定量 PCR 研究城市化小流域微生物污染特征 [J]. *生态毒理学学报*, 2017, 12(5): 141–152.
- [19] 王萌, 金小伟, 林晓龙, 等. 基于环境 DNA-宏条形码技术的底栖动物监测及水质评价研究进展 [J]. *生态学报*, 2021, 41(18): 7440–7453.
- [20] 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 [J]. *生态学报*, 2021, 41(9): 3475–3487.
- [21] 朱旭瑶, 杨明柳, 潘红平, 等. 红树林土壤环境 DNA 提取和纯化方法比较 [J]. *广西科学*, 2020, 27(1): 65–75.
- [22] WU T H, AYRES E, LI G, et al. Molecular profiling of soil animal diversity in natural ecosystems: incongruence of molecular and morphological results [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41(4): 849–857.
- [23] 殷萌清, 冯建祥, 黄小芳, 等. 天然及人工红树林土壤微生物群落结构分析 [J]. *生态科学*, 2017, 36(5): 1–10.
- [24] YOCCOZ N G, BRÄTHEN K A, GIELLY L, et al. DNA from soil mirrors plant taxonomic and growth form diversity [J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(15): 3647–3655.
- [25] JOHNSON M D, FOKAR M, COX R D, et al. Airborne environmental DNA metabarcoding detects more diversity, with less sampling effort, than a traditional plant community survey [J]. *BMC*

- Ecology and Evolution, 2021, 21(218): 1–15.
- [26] 刘伟才, 罗晶, 姬瑞华. 苔藓植物大灰藓对大气中重金属元素的生态监测[J]. 环境监测管理与技术, 2020, 32(3): 44–47.
- [27] XIE Y W, WANG J Z, YANG J H, et al. Environmental DNA metabarcoding reveals primary chemical contaminants in freshwater sediments from different land-use types[J]. Chemosphere, 2017, 172: 201–209.
- [28] CHENG S T, CHEN M, GAO M, et al. Effects of *Enterococcus faecalis* administration on the community structure of airborne bacteria in weanling piglet and layer hen houses[J]. Journal of General and Applied Microbiology, 2021, 67(4): 162–169.
- [29] 曾锦, 徐锐, 梁高飞, 等. 畜禽养殖废弃物资源化利用技术及推广模式研究进展[J]. 畜牧与饲料科学, 2018, 39(8): 56–63.
- [30] BECKMAN E, SARACINO I, FIORINI G, et al. A novel stool PCR test for *Helicobacter pylori* may predict clarithromycin resistance and eradication of infection at a high rate[J]. Journal of Clinical Microbiology, 2017, 55(8): 2400–2405.
- [31] 杨全中, 张煜, 谢永生. 实验小鼠粪便中致病病原微生物检测与耐药性分析[J]. 中国兽医杂志, 2019, 55(4): 99–102.
- [32] DELZENNE N M, CANI P D. Annual review of nutrition[M]. State of California: Annual Reviews Inc, 2011: 15–31.
- [33] TANG W J, QIAN Y, YU B, et al. Effects of *Bacillus subtilis* DSM32315 supplementation and dietary crude protein level on performance, gut barrier function and microbiota profile in weaned piglets[J]. Journal of Animal Science, 2019, 97(5): 2125–2138.
- [34] ZHAO L L, YIN H C, LU T F, et al. Application of high-throughput sequencing for microbial diversity detection in feces of specific-pathogen-free ducks[J]. Poultry Science, 2018, 97(7): 2278–2286.
- [35] GUAN Y, YANG H T, HAN S Y, et al. Comparison of the gut microbiota composition between wild and captive sika deer (*Cervus nippon hortulorum*) from feces by high-throughput sequencing[J]. Amb Express, 2017, 7: 1–13.
- [36] SIGSGAARD E E, NIELSEN I B, BACH S S, et al. Population characteristics of a large whale shark aggregation inferred from seawater environmental DNA[J]. Nature Ecology & Evolution, 2017, 1(1): 1–4.
- [37] 朱启臻. 打好种业翻身仗 确保农业安全[J]. 乡村振兴, 2021(3): 36–38.
- [38] CARRARO L, BERTUZZO E, MARI L, et al. Integrated field, laboratory, and theoretical study of PKD spread in a Swiss prealpine river[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2017, 114(45): 11992–11997.
- [39] HUVER J R, KOPRIVNIKAR J, JOHNSON P T J, et al. Development and application of an eDNA method to detect and quantify a pathogenic parasite in aquatic ecosystems[J]. Ecological Applications, 2015, 25(4): 991–1002.
- [40] GOMES G B, HUTSON K S, DOMINGOS J A, et al. Use of environmental DNA (eDNA) and water quality data to predict protozoan parasites outbreaks in fish farms[J]. Aquaculture, 2017, 479: 467–473.
- [41] 张小琼, 黄鑫, 张晟, 等. 环境中寄生虫(卵)的检测方法及回收率[J]. 环境监测管理与技术, 2018, 30(2): 53–56.
- [42] VALENTINI A, TABERLET P, MIAUD C, et al. Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding[J]. Molecular Ecology, 2016, 25(4): 929–942.
- [43] 张海燕, 沈丽娟, 周崑, 等. 基于底栖动物完整性指数的常州武南区域水生生态健康评价[J]. 环境监测管理与技术, 2021, 33(4): 35–39.
- [44] DEINER K, WALSER J C, MACHLER E, et al. Choice of capture and extraction methods affect detection of freshwater biodiversity from environmental DNA[J]. Biological Conservation, 2015, 183: 53–63.
- [45] THOMSEN P F, MOLLER P R, SIGSGAARD E E, et al. Environmental DNA from seawater samples correlate with trawl catches of subarctic, deepwater fishes[J]. PLoS ONE, 2016, 11(11): 1–22.
- [46] 李萌, 尉婷婷, 史博洋, 等. 环境 DNA 技术在淡水底栖大型无脊椎动物多样性监测中的应用[J]. 生物多样性, 2019, 27(5): 480–490.
- [47] EICHMILLER J J, BAJER P G, SORESENSEN P W. The relationship between the distribution of common carp and their environmental DNA in a small lake[J]. PLoS ONE, 2014, 9(11): 1–8.
- [48] GOLDBERG C S, SEPULVEDA A, RAY A, et al. Environmental DNA as a new method for early detection of New Zealand mudsnails (*Potamopyrgus antipodarum*) [J]. Freshwater Science, 2013, 32(3): 792–800.

本栏目编辑 姚朝英

## 启 事

本刊已加入《中国学术期刊(光盘版)》、万方数据-数字化期刊群、重庆维普中文科技期刊数据库,凡被录用的稿件将同时在相关数据库产品中进行网络出版或提供信息服务,其作者著作权使用费与本刊稿酬一并支付。如作者不同意将文章编入数据库,请在来稿中注明,本刊将做适当处理。