“海洋生物环境 DNA 技术方法优化与创新应用”

项目公示材料

一、项目名称：海洋生物环境 DNA 技术方法优化与创新应用

二、提名奖种：2026年度厦门市科学技术进步奖，一等奖或二等奖

三、提名单位：自然资源部第三海洋研究所

四、项目简介:

气候变化与人类活动致使海洋生物多样性丧失、渔业资源衰退加剧，亟需加强生物多样性与渔业资源监测，而环境DNA正是近20年来发展起来的高效便捷新型监测技术，但此前环境DNA监测技术存在样品易受污染、基因片段易降解、适用生境与类群较单一、量化评估难开展等问题。为此，本项目聚焦海洋生物环境DNA技术方法优化与创新应用，从“装备研发—技术方法优化与标准化—多情景应用”系统布局，历经十余年攻关，取得三大突破性创新。

一、研发了适用于不同生境的多款密封式原位采集装置、便携式过滤设备及被动式采样技术，有效解决了样本污染、降解及野外作业效率低的难题；建立了“多标记、跨类群”宏条形码引物体系，显著提高物种检出

覆盖度和近缘种识别准确率，开发了多款环境DNA特异性标记和RPA-LFD快速检测试剂盒；构建了覆盖多生境的本底参考数据库和智能质控工具，有效解决了公共数据库注释失真的问题。

二、优化并规范了可应用于“河口—近海—深远海—极地”等多生境的环境DNA技术体系。结合最小路径法定量识别海洋生态廊道，揭示了气候变化驱动下亚南极鱼类向南扩散的科学证据；开发了面向浮游生物、底栖生物、游泳动物及海洋哺乳动物等不同营养级生物的协同监测技术，实现“一次采样、全类群解析”。系统标定了环境DNA监测关键参数，主持编制了多项国家标准和行业标准等，规范了采样、实验与分析全流程的标准化技术流程。

三、首创基于“分离位点数目”的物种定量新方法，建立环境DNA拷贝数与生物量之间的量化关联模型，并成功应用于国家级海洋牧场建设对资源恢复及生态改善效果的评估，以及西沙、中沙等区域长棘海星的暴发风险的早期预警，突破了传统调查在人工鱼礁和珊瑚礁复杂环境中的应用局限，为海洋生物多样性保护与生态系统健康评估提供了新技术。

项目获授权专利31项，发表论文177篇，出版专著9部，其中3部获得国家级优秀海洋图书奖，制定标准13项

。项目成果经中国海洋工程咨询协会组织的以丁德文院士为组长的专家评价，认为总体达国际先进水平，其中环境DNA定量研究成果达国际领先水平。项目成果得到国内外权威专家的好评和高水平期刊文章的引用，其中，张偲院士和蒋兴伟院士评价本项目成果引领了海洋生物环境DNA监测技术的创新发展，推动了我国海洋生物监测理念的转变和监测技术的进步。

项目核心技术已成为我国海洋生物多样性监测、生态系统保护修复以及渔业资源评估领域的重要支撑。相关成果已被自然资源部、生态环境部、农业农村部、教育部、中国科学院等20余家单位广泛采用。本项目技术的应用提升了海洋生物监测的准确性与覆盖范围，突破了环境DNA监测技术从定性到定量的技术瓶颈，并推广应用于典型生态系统健康评价与灾害预警，取得了显著的生态和社会效益。

五、主要完成单位：自然资源部第三海洋研究所、中国科学院海洋研究所、中国水产科学研究院南海水产研究所、上海海洋大学、中国水产科学研究院黄海水产研究所、集美大学、华南农业大学

六、主要完成人及其贡献：

主要完成人	贡献
林龙山	项目负责人。主持多项海洋生物多样性调查工作，特别是在极地海洋生物多样性研究方面，创新性地应用环境DNA技术，系统调查了极地海域的鱼类群落

	结构，克服了传统调查方法在极端环境下的局限性。此外，参与针对南海珊瑚礁生态系统的保护需求，开发了长棘海星天敌鱼类霓虹雀鲷的特异性引物及探针，首次利用环境DNA技术实现了对该物种生物量的动态监测，为珊瑚礁生态修复和生物灾害防控提供了创新性解决方案。参与研发真鲷、黑鲷等经济鱼类的探针及特异性引物，量化环境DNA拷贝数与真鲷、黑鲷鲷等渔业生物量之间的关系，建立渔业资源量评估模型，开发了一套生态友好型的渔业资源定量评估技术体系，突破了传统方法的局限性，同时降低了调查监测成本。为本项目的创新点一、二、三做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的80%。
王芮	在本项目中承担了关键性现场采样工作，为环境DNA宏条形码技术在不同场景下的应用提供了重要支撑。在南极这一极端与复杂海域，本人开展了系统性环境DNA样本采集，克服了高寒、高压、强流等恶劣环境挑战，确保了样本的代表性与高质量。此外，本人分析了南极典型海域游泳动物、底层鱼类的多样性，为参考数据库的建立提供了数据基础。参与多类群海洋生物参考数据库的构建，特别是在底栖生物和游泳动物的多样性研究中提供了大量数据支持，完成了多类群海洋生物参考数据库的整合与优化，为物种鉴定和生物多样性评估提供了技术支持。此外，参与研发真鲷、霓虹雀鲷等经济鱼类的探针及特异性引物，量化环境DNA拷贝数与真鲷、霓虹雀鲷等渔业生物量之间的关系，建立渔业资源量评估模型。为本项目的创新点一、二、三做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的70%。
张辉	开发新型环境DNA和RNA收集装置，解决了传统滤膜法易污染、易降解、样品损耗大等技术瓶颈，大幅提升了样本的完整性和可靠性。构建了河口、近海、深远海、冷泉等典型生境的多类群海洋生物参考数据库。针对河口、近海、深远海、冷泉等不同生境，优化了水样环境DNA采集与保存方法，开创性地将此技术应用于多种典型海洋生态系统的生物多样性研究中，实现监测技术从传统调查到分子生态学的跨越。开发了黄金鲹的探针及特异性引物，运用环境DNA定量检测技术建立渔业资源量评估模型，突破了传统方法的局限性。通过量化环境DNA拷贝数与黄金鲹生物量之间的关系，形成了一套生态友好型的渔业资源定量评估技术体系，同时降低了调查监测成本。为本项目的创新点一、二、三做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的70%。
邹柯姝	从水样采集量、过滤方法和提取方法上优化了海洋水体eDNA提取流程，构建了本地化的水体eDNA高效、高质量富集技术；全面总结了eDNA技术应用于海洋大型生物监测以来的技术发展状况、技术流程和实际应用情况，归纳出对本地化监测具有参考价值的指导性建议；使用真实和模拟的鱼类群落比较了三种生物信息学流程在eDNA宏条形码数据分析过程中的差异，遴选了鱼类群落eDNA宏条形码最优生物信息学解析方法；比较了环境DNA宏条形码技术与传统调查方法，应用于珠江八大入海口和河口滨海湿地的鱼类群落时空差异解析，表明了环境DNA宏条形码技术比传统渔业调查方法更灵敏高效，且同样适用于河口鱼类群落的时空分异格局分析。为本项目的创新点一、二做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的50%。
李晨虹	在线粒体基因组高通量富集建库、eDNA水样提取装置设计、多位点eDNA标记开发、入侵水生生物监测等方面进行了系列创新探索。设计并构建了野外正压过滤装置、可实现环境水样高效过滤和富集的过滤器，以及防止样本交叉污染的内嵌条形码系统。在数据库与质控工具方向，进一步研发了phyloref数据库清洗质控工具，提升了环境DNA数据清洗与质量控制能力。针对当前环境DNA定量问题，开发了基于分离位点数目估计有效群体大小及种群遗传多样性的方法。为本项目的创新点一、三做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的50%。
李渊	研发真鲷、霓虹雀鲷等经济鱼类的探针及特异性引物，量化环境DNA拷贝数与真鲷、霓虹雀鲷等渔业生物量之间的关系，建立渔业资源量评估模型，开发

	了一套生态友好型的渔业资源定量评估技术体系，突破了传统方法的局限性，同时降低了调查监测成本。为本项目的创新点二、三做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的40%。
单秀娟	建立了环境DNA（eDNA）渔业生物监测与评估技术。该技术通过监测生物体释放到海水中的环境DNA（eDNA）浓度及多态性，实现间接对该种或多种生物的种类、生物量进行间接评估的目的；其中，中国对虾eDNA技术选择的目标基因为线粒体细胞色素氧化酶亚基I基因（COI基因），海水硬骨鱼类物种多样性及丰度监测eDNA技术选择的目标基因为线粒体12S rRNA基因。为本项目的创新点二做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的40%。
张静	参与极地海洋生物多样性研究方面，创新性地应用环境DNA技术，系统调查了极地海域的鱼类群落结构，克服了传统调查方法在极端环境下的局限性。参与多类群海洋生物参考数据库的构建，特别是在底栖生物和游泳动物的多样性研究中提供了大量数据支持，完成了多类群海洋生物参考数据库的整合与优化，为物种鉴定和生物多样性评估提供了技术支持，为本项目创新点一和创新点二提供关键实验数据与成果支撑，投入工作量占本人总工作量40%。
李敏	建立了eDNA宏条形码与传统采样方法相结合的鱼类群落解析方法，对南海典型河口、近岸和深海的鱼类群落的时空差异进行了解析；建立国内首个海洋鲸类的eDNA监测方案并应用于布氏鲸的亚种鉴定、食物背景信息调研和迁徙路线的监测；开发了南海鲸类多样性eDNA检测引物，在西沙等海域成功检测到了多种鲸类，丰富了西沙海域的鲸类物种多样性信息。为本项目的创新点一、二做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的30%。
李海	负责协调环境DNA技术基础方法的改进和优化、各典型海洋生态系统生物多样性的调查和监测、以及河口、海湾代表性海域渔业资源的评估分析等工作，挖掘了环境DNA技术在生物多样性保护、生态基线普查等方面的应用潜力，主持编制行业标准1项，主导了基于环境DNA宏条形码法的海洋生物多样性监测工作的标准化和规范化。为本项目的创新点二做出了重要贡献，投入本项目工作量占本人总工作量的30%。

七、主要知识产权及代表性论文专著等支撑材料目录

成果类别	成果名称	国家地区	授权号	授权日	完成人
发 明专利	一种基于环境DNA的霓虹雀鲷特异性检测的引物探针组	中国	ZL 2024 1 0483118.8	2025-11-14	1.李渊,2.胡战彪,3.刘世刚,4.王芮,5.宋普庆,6.妙星,7.李海,8.张然,9.林龙山,10.谢世君
发 明专利	一种用于捕捞长棘海星的装置及其使用方法	中国	ZL 2023 1 1331777.1	2025-12-12	1.刘世刚,2.林龙山,3.妙星,4.谢世君,5.胡战彪,6.

					李渊
发　明专利	一种基于环境RNA的眼斑双锯鱼检测方法及其引物组合	中国	ZL 2025 1 1214490.X	2026-05-05	1.张辉,2.孙雪
发　明专利	一种快速获得脊椎动物线粒体基因组序列的方法	中国	ZL 2022 1 0999993.2	2025-09-30	1.李晨虹,2.陈文隽,3.王颖,4.刘芊芊
发　明专利	一种应用于河口环境DNA研究的水样采集和过滤装置	中国	ZL 2020 1 0498889.6	2021-09-21	1.邹柯姝,2.李敏,3.孙志伟
发　明专利	A new method for monitoring Fenneropenaeus chinensis	其他	20211100290	2021-03-31	1.Shan, Xiujuan(单秀娟),2.Wang, Weiji,3.Li, Miao
软著	危险海洋生物查询系统 V1.0	中国	2023SR0217170，软著登字第10804341号	2023-02-09	1.自然资源部第三海洋研究所,2.北京海兰信数据科技股份有限公司
标　准规范	海洋渔业资源调查规范	中国	SC/T9403-2025	2025-12-09	1.单秀娟,2.陈作志,3.刘勇,4.陈云龙,5.李娜,6.赵永松,7.吴强
标　准规范	渔业资源基本术语	中国	GB/T8588-2024	2024-12-31	1.陈作志,2.李纯厚,3.单秀娟,4.李圣法,5.朱江峰,6.杨健,7.范江涛,8.郭传波

标 准规范	基于环境DNA技术的水生入侵物种RPA快速检测方法	中国	T/SSESB13-2025	2025-04-25	1.李晨虹,2.谭娟,3.张秋灏,4.王敏,5.康伟,6.王辉,7.李强,8.王玮,9.陆华,10.金桂文,11.虞力刚,12.王铁楠,13.薛建,14.洪亚萍
论著	《南海有毒有害与危险海洋生物》	中国	海洋出版社，ISBN:978-7-5210-1416-7	2024-11	1.林龙山,2.李海,3.张静,4.李袁源,5.李渊
论文	Climate change impacts on Antarctic fish diversity: A circumpolar perspective from eDNA metabarcoding assessment		Diversity and Distributions, 2025, 31(7).	2025-07-22	1.李海,2.杨芳,3.廖昱卓,4.张翔,5.李渊,6.王芮,7.张然,8.李栋,9.乌倩倩,10.林龙山
论文	eDNA metabarcoding as a promising conservation tool for monitoring fish diversity in a coastal wetland of the Pearl River Estuary compared to bottom trawling		The Science of The Total Environment, 2019, 702: 134704.	2019-11-01	1.邹柯姝,2.陈建威,3.阮慧婷,4.李振海,5.郭文洁,6.李敏,7.刘丽
论文	Biodiversity exploration in autumn using		Environmental Research, 2021, 204(Pt D): 112357.	2021-11-11	1.刁曹鋆,2.贾慧,3.郭术

	environmental DNA in the South China sea				津,4.侯刚,5.线微微,6.张辉
论文	Screening of predatory fish species for larvae of Acanthaster solaris and quantitative analysis techniques of environmental DNA		Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2025, 586: 152093.	2025-2-21	1.胡战彪,2.刘世刚,3.王伟,4.吴钟解,5.Kar-Hoe Loh