**eDNA 检测项目大赛复赛报告模板**

**报告标题**

[需体现 eDNA 检测与所选主题关联，例如 “基于 eDNA 技术的 [具体区域] 生物多样性探究”、“运用 eDNA 检测助力 [特定珍稀物种] 保护与 [某入侵物种] 监测”、“以 eDNA 技术探寻环境污染下生态系统保护新径”]

**参赛者姓名** ：[姓名]

**联系方式** ：[电话、邮箱]

**所选主题** ：[从**生物多样性探究**、**珍稀物种和入侵物种调查**、**环境污染和生态保护**中选择一个]

1. **摘要（200字内）**

用简洁语言概括报告核心内容，包括研究背景、目的、方法、结果、结论与意义等方面要点，突出 eDNA 技术在所选主题中的应用价值，字数控制在 200 字以内，使读者能快速了解报告主旨。

1. **引言（约500字）**
2. **研究背景与重要性**

• 结合联合国可持续发展目标（如SDG14/15），阐明所选主题（如生物多样性保护、入侵物种监测等）在生态环境领域的核心地位

• 用最新数据说明该主题的全球/本地现状与紧迫性（如生物多样性丧失速率、生态系统服务价值衰减等）

1. **技术发展瓶颈与eDNA技术优势**

• 系统分析传统研究方法（如形态学鉴定、遥感监测等）的局限性

• 阐述技术原理（从环境样本中提取DNA片段）与方法革新性

• 引用3-5篇近几年关键文献说明技术发展态势

1. **研究目标**

• 提出本研究拟通过eDNA技术解决的具体问题：

• 简要阐明本研究的实验方法与预期结果。

1. **研究方法（约1000字）**
2. **样本采集**

• 描述样本采集时间、地点

• 样本类型与采集方法：区分水体、土壤等介质及其保存条件

• 质量控制：对照组设置、重复策略

1. **DNA提取与测序**

• 描述DNA提取方法

• 文库构建与测序：列出引物信息和测序平台，说明数据量要求及覆盖深度

1. **数据分析**

• 原始数据预处理：质控、去噪等

• 物种注释：基于参考数据库（如NCBI GenBank）比对，说明置信阈值（如≥97%相似度）

• 统计与可视化：计算α多样性、β多样性等，形成可视化图片

• 其它探索性分析，例如物种组成与环境因子相关性分析

1. **研究结果（约2000字）**
2. **数据质量与测序概况**

• 测序数据统计（数据量、有效比例、质量指标、测序深度和目标区域覆盖度）

• 提供数据预处理后的质量控制结果

• 报告阴性对照和阳性对照的检测结果

• 分析样本重复间的一致性

1. **物种组成与多样性分析**

• 物种注释结果

• 物种总数及其分类组成统计

• 不同采样点或时间段的物种分布特征

• α多样性、β多样性分析

• 其它探索性分析结果，例如检验环境因子对群落结构的影响，分析物种组成变化的潜在驱动因素；目标物种检测结果；讨论检测结果反映的生态状况等

1. **研究意义及展望**

基于提出的科学问题及研究思路的设计，阐述其研究意义及未来展望。字数约200字。

1. **科学价值** 聚焦于提出的核心问题，通过运用 eDNA 检测技术，揭示内在规律和特征，体现研究该问题在学术领域的创新性与重要性。
2. **社会与生态效益** 探讨研究成果在助力全社会参与环境保护政策制定与实施方面的意义，彰显其现实价值。
3. **未来研究方向** 未来可结合更多先进技术（如大数据分析、机器学习、生态模型模拟等）与 eDNA 检测技术，深入挖掘潜在信息。
4. **实际应用拓展** 在实际应用中为解决更多生态问题提供技术支持和解决方案。
5. **参考文献**

列出报告中引用的所有文献，按照学术论文标准格式（如 APA、MLA 等）进行规范排列，确保文献来源可靠、引用准确，方便读者查阅核实。参考文献数量不少于 10 篇，涵盖国内外相关领域权威期刊论文、经典著作等。