

前言

动物遗传资源学是生命科学与资源管理学的交叉领域，其战略价值在全球可持续发展议程中日益凸显。动物遗传多样性不仅是维系生态系统功能与韧性的核心要素，更是保障粮食安全、驱动生物技术创新及支撑生物多样性的关键种质基础。面对城市化加速、气候变化加剧及生物技术革新带来的多维挑战与机遇，构建动物遗传资源系统性保护与可持续利用框架成为全球共识。这要求我们整合立法保障、前沿科研投入及公众认知提升等多维度策略，以应对日益复杂的资源管理需求。

本书旨在为高年级本科生、研究生、科研工作者及相关领域从业者提供动物遗传资源学的系统化阐释。在全球人口持续增长、经济格局深度调整的背景下，动物遗传资源在保障农业生产力、维护生态平衡及保育生物多样性方面的核心作用愈发关键。本书致力于解析其现状、核心议题及管理路径，为构建面向未来的可持续资源治理体系奠定知识基础。

全书采用系统化的知识架构，分 10 章展开论述，涵盖从基础理论到前沿实践的多维度内容。

第一章作为学科基础，阐述了动物遗传资源的概念体系、研究范式及其分子基础与演化机制，明确遗传资源在生态、文化和经济等多维价值体系中的定位，突出在全球生物多样性保护、农业可持续发展及生态系统功能维持中的作用。

第二章聚焦全球尺度下的资源分布与地理镶嵌性，分析不同区域代表性动物遗传资源的特征与现状，总结中国资源的特色与保护实践，并探讨系统性威胁与应对策略。

第三章和第四章构成方法论核心，系统介绍资源调查的内容、目标与标准化流程，并深入剖析种群遗传演变的基本动力与模型，为遗传资源的评估、监测与保护提供理论依据和技术支持。

第五章和第六章分别从保护实践和经济利用两个维度，阐述就地、迁地与离体保护的三维体系，以及法律法规、监测管理与公众参与机制；同时系统分析遗传资源在农牧业、渔业、医药科研和生态服务等领域的经济价值与可持续利用路径。

第七章和第八章按资源类型与生境进行专题论述，涵盖家养动物、极端环境适应物种、特种经济动物等类别的遗传特性、开发潜力与保护策略。

第九章重点关注基因编辑、数字序列信息、表观遗传等前沿技术在遗传资源领域的应用与伦理约束，并探讨全球治理框架下的挑战与创新机制。

第十章通过国内外区域特色案例，深入解析遗传资源保护与利用的成功经验与现实挑战，并强调公众参与、教育普及和国际合作在遗传资源可持续治理中的重要作用。

本书不仅注重学科知识体系的完整构建，更强调通过实证案例分析，引导读者洞察动物遗传资源保护与利用的现实意义及复杂性。期望本书能激发更深层次的学术探讨与实践创新，提升社会各界对动物遗传资源管理的关注与参与度，使其成为推动该领域知识进步与实践革新的重要载体。在这个充满挑战与变革的时代，让我们携手致力于谱写动物遗传资源可持续未来的新篇章。

本书的成稿得益于华中农业大学和内蒙古大学在学术资源与协作平台上的鼎力支持和相关项目生物育种研究经费资助（CARS38，2023A02004，2023BAA029，2022ZD0401403）。谨向所有参与资料收集整理、审校及提供宝贵建议的团队成员与同仁致以诚挚的谢意，他们的专业精神与辛勤付出是本书得以面世的核心保障。

著 者

2026 年 5 月

目 录

前言

第一章 动物遗传资源概况	1
第一节 动物遗传资源概念体系与研究范式	1
第二节 动物遗传资源学的分子基础与演化机制	6
第三节 动物遗传资源的分类体系与生态功能	9
第四节 保护遗传学原理及应用	14
第二章 全球动物遗传资源现状与特点	18
第一节 全球动物遗传资源概况与中国特色	18
第二节 全球资源分布的地理镶嵌性	27
第三节 动物遗传资源的多样性与特点	33
第四节 动物遗传资源面临的系统性威胁与保护策略	36
第五节 动物遗传资源保护的全球实践与未来	39
第六节 岛屿动物遗传资源的隔离演化与保护	41
第七节 极地冰盖消融区的动物遗传资源危机	42
第三章 动物遗传资源调查方法与技术体系	48
第一节 动物遗传资源调查的内容与目标	48
第二节 动物遗传资源调查方法与实施	51
第三节 调查任务来源、立项和设计	54
第四节 动物遗传资源调查的标准化采样	57
第五节 实验室测定分析	59
第六节 动物遗传资源多维分析框架	61
第四章 动物种群遗传演变	70
第一节 遗传标记技术的分子基础及应用	70
第二节 动物种群遗传演变的基本动力	72

第三节	动物种群遗传演变模型	80
第四节	适应性进化的驱动机制与分子轨迹	84
第五节	进化理论与动物遗传资源的互动机制	86
第六节	现代研究范式与技术整合	88
第五章	动物遗传资源保护与管理	92
第一节	动物遗传资源保护三维体系	92
第二节	法律法规与政策保护	96
第三节	管理与监测体系	100
第四节	公众参与和社区治理	105
第五节	动物遗传资源现状	107
第六章	动物遗传资源的经济价值	110
第一节	动物遗传资源的经济价值概述	110
第二节	动物遗传资源在农牧业中的贡献	114
第三节	动物遗传资源在渔业与水产养殖中的价值	120
第四节	动物遗传资源在医药与科研中的应用	123
第五节	动物遗传资源的生态价值	127
第六节	动物遗传资源的产权制度	129
第七章	家养动物遗传资源	132
第一节	战略地位与现状评估	132
第二节	利用范式与技术前沿	133
第三节	保护与利用的协同治理	133
第四节	发展路径	134
第五节	系统价值与可持续利用	134
第六节	家养动物遗传资源的系统开发	137
第七节	家养动物遗传资源的传统知识融合	146
第八节	传统选育知识的数字化保护与利用	148
第九节	家养动物在生态修复中的价值	149
第八章	极端环境适应物种与特种经济动物遗传资源	152
第一节	高海拔适应	152
第二节	极地低温适应	155
第三节	荒漠耐旱与耐热适应	158

第四节	深海高压适应	162
第五节	洞穴适应	165
第六节	传粉昆虫遗传资源	168
第七节	药用动物遗传资源	172
第八节	毛皮动物遗传资源	175
第九节	跨境迁徙物种遗传资源	179
第九章	前沿技术与伦理治理	181
第一节	基因编辑技术在遗传资源保护中的伦理与规范	181
第二节	数字序列治理	186
第三节	数字技术在遗传资源管理中的应用	187
第四节	表型可塑性与快速适应	192
第五节	表观遗传的作用	194
第六节	全球遗传资源治理的挑战与创新	195
第十章	案例研究与公共参与	215
第一节	区域特色动物遗传资源案例研究	215
第二节	公众参与动物遗传资源保护教育	220
第三节	动物遗传资源与公共卫生安全	232
第四节	国际合作与交流	234
名词索引		238

《动物遗传资源学》教学课件申请单

凡使用本书作为所授课程配套教材的高校主讲教师，可通过以下两种方式之一获赠教学课件一份。

1. 关注微信公众号“科学 EDU” 申请教学课件



扫上方二维码关注公众号→“样书课件”

2. 填写以下表格后扫描或拍照发送至联系人邮箱

姓名:	职称:	职务:
手机:	邮箱:	学校及院系:
本门课程名称:		本门课程选课人数:
您对本书的评价及修改建议:		

联系人: 刘丹 编辑

电话: 010-64004576

邮箱: liudan@mail.sciencep.com



| 第一章 |

动物遗传资源概况

动物遗传资源是生物多样性的核心组成部分，涵盖从基因组到种群层面的遗传功能单位。本章系统阐述动物遗传资源的概念体系、分类特征与演化机制，重点解析家养动物驯化历程与野生近缘种的系统发育关系，探讨遗传多样性对物种适应性与生态系统稳定的作用机制，为后续遗传资源保护与利用实践奠定理论基础。

第一节 动物遗传资源概念体系与研究范式

一、动物遗传资源的概念界定与分类

动物遗传资源（animal genetic resources, AGR）是指栖居在已经改变或尚未改变的环境下，动物中的任何具有实际或潜在价值的含有遗传功能单位的遗传性变异材料。其主要包括在特定社会经济、技术背景下，满足社会物质、文化需求的遗传性变异，以及携带这类变异的动物 DNA 构建体、基因、基因组、细胞、组织、器官、血液、制备物等遗传材料及动物胚胎、个体、种群和其他生命载体。遗传性变异材料，即以遗传物质为基础的变异材料，包含多种层次：①DNA 编码序列的突变；②DNA 编码的氨基酸序列的突变和蛋白质多型；③体现于核型、染色体畸变、染色体多型等细胞学特征的变异；④具有遗传制约性的生理、形态性状的差异；⑤不同种群的任何具体变异间的各种特定组合。

动物遗传资源学以动物遗传资源为研究客体，是研究动物遗传的起源、系统、分布、生态特征、品质特性，以及评价、保护、开发的原理与方法的科学。

动物遗传资源在当代生物学语境中具有多维定义框架。从分子层面看，它指代所有携带可遗传功能单位的生物材料，包括 DNA 序列、表观遗传修饰及蛋白质编码信息等。在应用层面，它特指具有实际或潜在经济价值的遗传变异集合，其核心特征表现为遗传信息的可传递性、表型可塑性及环境适应性。现代分类学将其划分为实体资源（如活体种群、生物样本）和数字资源（如基因组数据库、表型组数据）两大体系，其中全球畜牧系统依赖的核心家养物种虽不足 100 个，却支撑着近 10 亿农牧民的基本生计。

二、动物遗传资源特点

动物遗传资源具有复合性、动态平衡性、科技依赖性及多重价值属性等特征。动物遗传资源展现出独特的复合性特征：在物质层面表现为生物载体（如细胞、组织），在信息层面蕴含遗传密码与表观遗传修饰模式。其动态平衡性体现在：尽管该类资源具有可耗竭性（全球每年约有 1% 的家畜品种灭绝），但通过科学管理可实现种群恢复（如中国大熊猫种群的年增长率已达到 3.2%）。科技依赖性尤为显著，低温保存技术使精子/胚胎存活期延长至 50 年，而成簇规律间隔短回文重复（CRISPR）/Cas9（一种能降解 DNA 分子的核酸酶）等基因编辑工具实现了特定性状的精准改良^①。动物遗传资源还具有多重价值属性，单一品种可能同时具备经济（如高产奶性状）、生态价值（如抗病基因库）和文化价值（如土著传统知识载体）。综上，该类资源属于可恢复的耗竭性资源，虽会因基因流失或种群减少而面临消失风险，但具备再生能力，可通过保护、扩群和结构优化等措施实现恢复，如通过保护区建设使濒危物种重现。其开发利用高度依赖生物科技，低温保存、繁殖技术、基因组学及疾病诊断等关键技术对资源保护与可持续利用起到决定性作用。此外，动物遗传资源用途广泛，涉及食品、医药、工业、实验及观赏等多个领域。随着生物技术的进步，其价值不断拓展，可通过科学选育进一步发挥优良特性，支撑生产发展而不改变种质本质。

三、历史演进与文化维度

动物遗传资源学是当代特定形势下的产物，是世界各民族历史文化成果的一部分，而动物遗传资源的形成、存续与发展，又始终与畜牧业的演进紧密相连。从人类文明史的角度来说，畜牧业的产业形态和畜禽的种类、品种及其演化是一种文化现象。地方畜禽品种作为当地人民利用畜禽的方式和育种能力的体现，其品质不仅和气温、降水量、土壤、地貌等自然环境因素有关，同时也取决于居民的文化背景。

家养和人工选择是畜禽生态环境的组成因素，这是它们和野生动物的根本区别。在现代条件下，居民的文化背景一般是畜禽生态环境的决定性因素。所谓畜禽文化，是指人类社会历史实践过程中创造的有关畜禽、畜牧生产的物质、精神财富的总和。前者包括生产和加工工具、设施、畜产品、品种；后者包括观念、认识、工艺、技术、方法、理论、艺术等。其发展演变宏观上以畜牧生产活动为基础，受自然条件的影响和其他社会经济因素的制约，同时又有其自身的延续性，并反作用于畜牧生产。在人类开始驯养野生动物以来，引导家养动物群体遗传品质发展变化的基本因素，是以人工选择为中心的育种活动。

从野生动物到畜禽的演变，驯化或半驯化动物群体在世界各地的传播，群体在家养条件下的进化及变种的出现和畜禽品种的形成，汇集了许多民族世代的智慧和劳动。居住在世界不同地域的各民族人民在漫长的历史岁月中，在不同的自然条件和社会经济、技术背景下，有意识或无意识地对畜禽群体进行了持续不懈的选择，创造了形形色色的地方品种，为近代畜禽育种准备了丰富多彩的素材。这些品种具有地域特征，不同程度地带着历

^① Lin Z, Chen L, Tang S, et al. Efficient CRISPR/Cas9-mediated genome editing in sheepgrass (*Leymus chinensis*). J Integr Plant Biol, 2023, 65 (11): 2416-2420.

史的遗痕，有着民族文化的印记。有些保留至今的古老良种或群体，不仅具有巨大的潜在经济价值，而且从特定的角度展现了世界家畜文化史的一些最辉煌的篇章，是全人类共同的文化遗产。

动物驯化史本质上是遗传资源的人工选择史。从新石器时代开始，人类通过持续的选择压力塑造了超过 5400 个畜禽品种。这一过程创造了独特的畜禽文化现象——蒙古族的五畜文化、藏族的牦牛文化等，都体现了遗传资源与社会文化的深度耦合。值得注意的是，20 世纪以来商业品种的全球化推广导致 75% 的地方品种濒危，这种遗传均质化趋势正在削弱畜牧系统的适应韧性。

动物遗传资源学的理论框架随技术进步持续演进，总体呈现从传统描述到多组学整合，再向智能设计跨越的发展脉络，如图 1-1 所示。

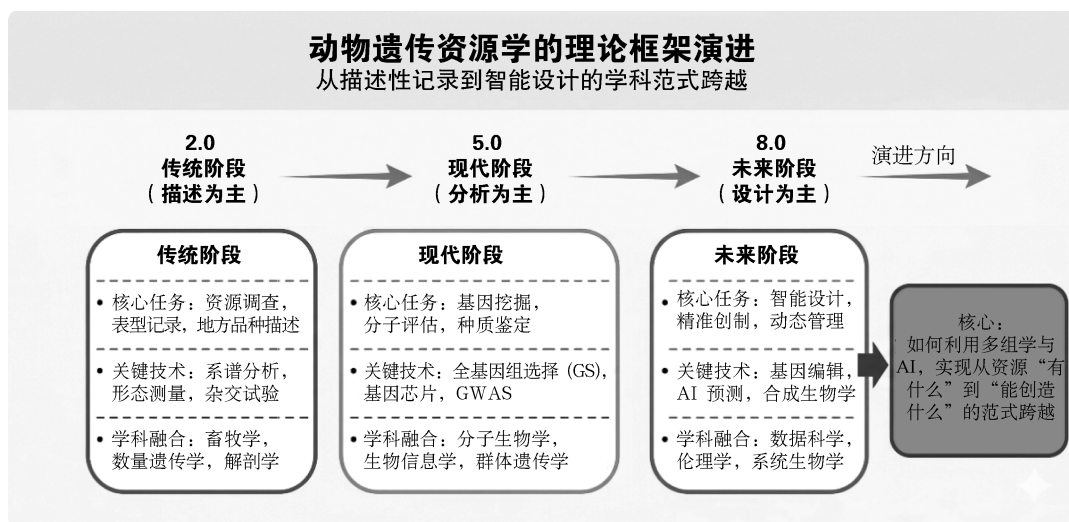


图 1-1 动物遗传资源学的理论框架演进图

动物遗传资源学理论框架在时间轴的演进是从传统描述阶段，经现代多组学整合分析阶段，正向未来智能设计阶段跨越，其核心是借助多组学与 AI 实现从资源鉴定到创新利用的范式升级。GWAS. 全基因组关联分析



四、当代研究的技术范式

起源于西欧的少数家畜良种，在全球取代当地固有类型并主导畜牧生产。在此过程中，地区及国际社会多缺乏及时的地方品种保护措施，导致大批地方品种、独特生态类型群体骤减乃至消亡，人类数千年积累的丰富畜种变异正迅速消失。当前遗传资源储备日益枯竭，保护和抢救家畜遗传资源，是畜牧业持续发展与社会经济长期繁荣的紧迫需求。

现今遗传资源在人类研究应用中的作用愈发重要，与人类及其生活环境休戚相关。与其他生物资源一样，动物遗传资源是构成人类生活环境的因素，动物生产系统构成自然界物质、能量循环的重要环节，大批品种泯灭，乃至消失，使一些环节遭到某种程度的破坏，如果没有周密的人为补偿机制，难免将扰乱生态平衡体系，酿成灾害。

随着生物技术的发展，遗传资源研究形成多组学整合分析框架（图 1-2）。基因组测序

技术使单核苷酸多态性（SNP）检测成本降至 0.01 美元/位点，单细胞转录组技术可解析特定发育阶段基因表达网络；表型组学中，高精度 CT（计算机体层成像）扫描能无损评估胴体组成，无人机遥感可动态监测群体行为特征。这些技术进步推动遗传评价从经验判断向数据驱动转型，使育种周期缩短 40% 以上。

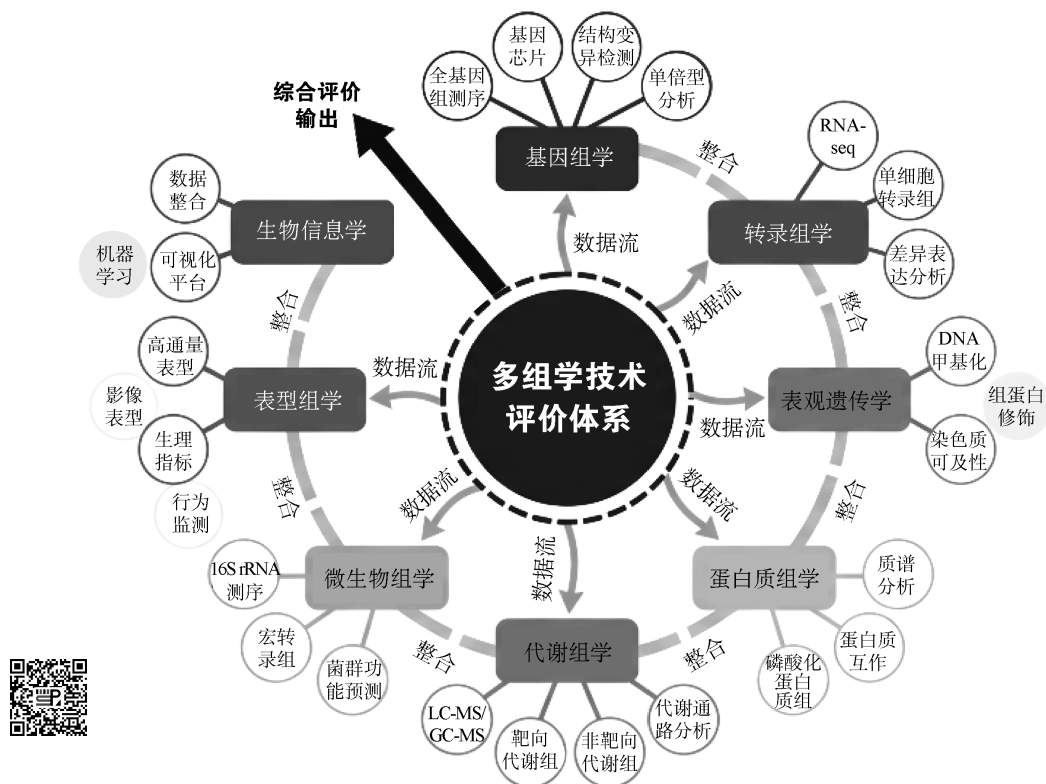


图 1-2 多组学技术评价体系图

本图展示的多组学技术评价体系整合了基因组学、转录组学、代谢组学等八大技术模块。

通过中心整合各维度数据流，最终输出综合评价。LC-MS. 液相色谱-质谱法；GC-MS. 气相色谱-质谱法

五、遗传多样性的科学内涵

遗传多样性有广义和狭义之分：广义指地球动物、植物、微生物个体基因中遗传信息的总和；狭义指种内基因变化，含同种不同个体或同一群体内个体的遗传变异，需通过物种、变种、亚种或品种的遗传变异衡量内部变异性。

遗传多样性表现贯穿多层面：既体现于 DNA、mRNA、多糖、脂肪、蛋白质等生物大分子，也涵盖细胞器、细胞、组织、器官、个体、种群、群落、生态系统、景观等结构层次，还反映在生物的结构、形态、行为、生理、功能等特征上。

从关联与资源来看：每一物种都是独特的基因库，物种多样性包含遗传多样性，但遗传多样性范围更广——物种由众多个体组成，无完全相同的基因组，种下可能有亚种分化或多个地理/生态种群，故许多物种含成百上千的遗传类型。我国野生和家养动物遗传资源

极丰富，其物种、亚种或变种的丰富遗传变异，是遗传多样性的珍贵宝库，为我国物种多样性奠定基础，进而形成不同的生态系统；同时，我国栽培植物、家养动物及地方品种、野生近缘种的遗传多样性也异常丰富，属于宝贵遗传资源。

从进化与研究意义来看：群体遗传多样性的大小和分布是物种长期进化的产物，也是其生存适应、进化的前提，其存在是选择与突变动态平衡的结果，经选择保留的基因虽未必对个体有利，但对群体有利。遗传多样性变异越丰富，物种适应环境能力越强、分布扩展潜力越大、进化潜力越高，有助于保护物种及生态系统多样性，减缓适应与进化导致的灭绝过程。

对遗传多样性的深入研究，既是保护工作的需求，也为未来人类需求变化培育品种储备资源；结合当代生物技术与基因转移技术，其研究不仅能揭示物种过去演化历史、预测未来发展，还可助力探讨物种濒危原因、制定合理保护对策，为动植物育种和遗传改良奠定基础。

遗传多样性在微观层面表现为等位基因频率的群体差异，在宏观层面反映为生态型的空间分布，其检测技术体系包括：①传统形态标记（如角型评分）；②细胞遗传标记（如C带核型）；③分子标记系统（SNP芯片、全基因组关联分析）。特别值得关注的是，近年来兴起的长读长测序技术（PacBio）可检测结构变异，而表观基因组测序（epigenome sequencing）能揭示DNA甲基化模式。这些技术为遗传多样性评估提供了前所未有的分辨率。

六、保护策略的系统构建

基于脆弱性评估的保护分级体系正在形成。就地保护（如设立自然保护区）维持了90%的野生近缘种多样性，而离体保护（如基因库）已累计保存超过2000万份生物样本。数字序列信息（DSI）的惠益分享机制成为国际谈判焦点，《昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架》要求对商业利用的遗传数据实施专利披露。中国建立的“国家级保种场-保护区-基因库”三级体系，有效保护了158个地方畜禽品种。

七、未来发展的技术路径

合成生物学将重塑遗传资源利用模式。基因组编辑技术可从头设计理想基因型，而人工染色体技术则实现了外源基因簇的稳定遗传。在低温保存领域，玻璃化冷冻技术取得了显著进展，其卵母细胞复苏率已达85%，为濒危物种建立“遗传方舟”提供可能。上述技术的融合正在逐步模糊生物保护与生物制造之间的界限，催生“设计型遗传资源”的新概念。

前沿技术通过多层级赋能，共同驱动动物遗传资源学的学科升级，最终实现遗传资源价值最大化，其技术融合逻辑如图1-3所示。

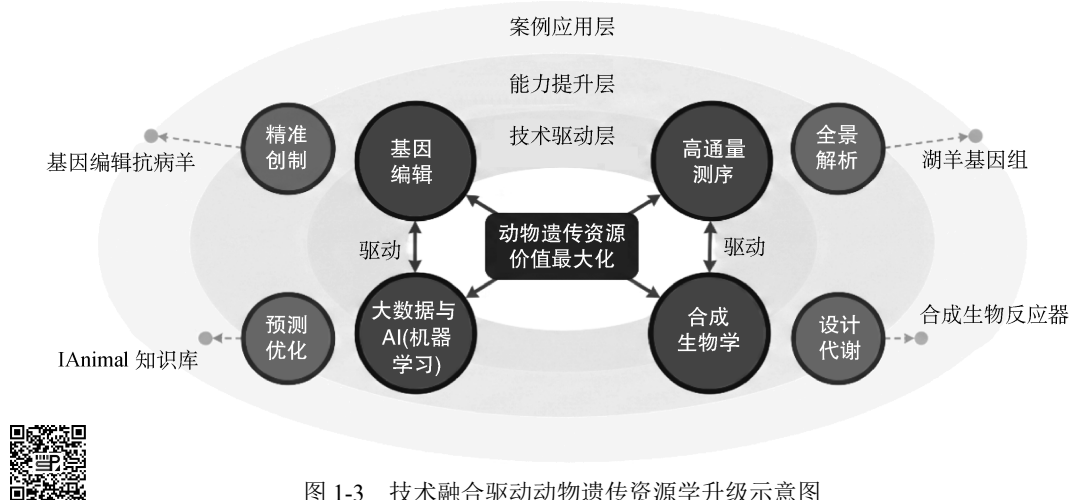


图 1-3 技术融合驱动动物遗传资源学升级示意图

上面核心辐射图展示现代生物技术融合如何驱动动物遗传资源学升级。中心目标为“动物遗传资源价值最大化”，四大驱动技术（高通量测序、基因编辑、大数据与 AI、合成生物学技术）通过箭头指向其赋能的核心能力（如全景解析、精准创制等），外围案例图标（如湖羊基因组、IAnimal 知识库等）体现了技术应用的具体成果

第二节 动物遗传资源学的分子基础与演化机制

一、基因的本质与分子架构

基因即遗传因子，是控制生物性状的基本遗传单位，是产生一条多肽链或功能 RNA 所需的全部核苷酸序列，储存着生命的生长、衰老、死亡等过程的全部信息，铸就了生命的基本构造和性能。而环境和遗传互相作用，影响了生命的繁衍、细胞分裂、蛋白质合成、增殖凋亡等重要生理过程。

基因作为遗传功能的基本单元，其分子本质是编码功能性生物大分子的 DNA 或 RNA 序列片段。现代基因组学揭示，真核生物基因呈现典型的模块化结构：编码区与非编码区交替排列，平均每个基因包含 8.4 个外显子（平均长度 145bp）和 7.3 个内含子（平均长度 3365bp）^①。在原核生物中，基因则以连续开放阅读框的形式存在，常组织为多顺反子结构。表观遗传学研究进一步拓展了基因概念，证实 DNA 甲基化、组蛋白修饰等化学标记可跨代传递并调控基因表达，形成“表观等位基因”现象。

二、遗传信息的流动范式

不同类型的生物，遗传信息的传递过程有所差异，大致分为如下类型。

DNA 复制型：在 DNA 复制型生物中，生物体的遗传信息流动如下。DNA 的自我复制，遗传信息流动方向为 DNA→DNA；DNA 的转录和翻译，遗传信息流动方向为 DNA→

^① Salzberg SL. Next-generation genome annotation: we still struggle to get it right. *Genome Biol*, 2019, 20 (1): 92.

RNA→蛋白质。这种类型主要针对大多数的动植物和噬菌体等。

RNA 复制型：在 RNA 复制型生物中，生物体的遗传信息流动如下。RNA 的自我复制，遗传信息流动方向为 RNA→RNA；翻译，遗传信息流动方向为 RNA→蛋白质。这种类型主要针对植物病毒如烟草花叶病毒和动物病毒如脊髓灰质炎病毒等。

RNA 逆转录型：在 RNA 逆转录型生物中，生物体的遗传信息流动如下。RNA 的逆转录，遗传信息流动方向为 RNA→DNA。这种类型主要针对致癌病毒和导致艾滋病的人类免疫缺陷病毒（HIV）。

中心法则在当代分子生物学中发展为多维信息网络。除经典 DNA→RNA→蛋白质路径（图 1-4）外，还包括：①朊病毒介导的蛋白质→蛋白质信息传递；②RNA 编辑（如 A→I）产生的转录组变异；③环状 RNA 形成的调控网络。表观遗传跨代传递现象（如饥饿记忆的跨代表观遗传）挑战了传统遗传信息边界。在逆转录病毒中，RNA→DNA→RNA→蛋白质的循环路径构成特殊信息流，其整合酶介导的基因组插入可永久改变宿主遗传信息。

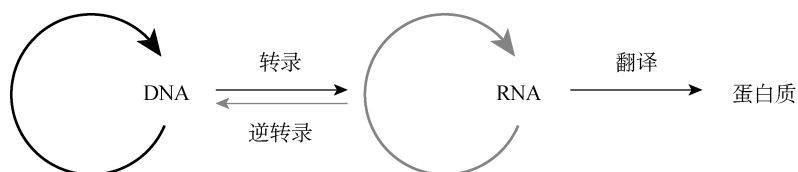


图 1-4 中心法则

三、孟德尔定律的现代诠释

分离定律的分子基础在于减数分裂中同源染色体的随机分配。单细胞测序技术揭示，哺乳动物生殖细胞形成过程中发生了 10~50 次交叉重组事件，确保等位基因的独立分离。自由组合定律则源于非同源染色体的随机取向，人类 23 对染色体理论上可产生 2^{23} 种不同的配子组合。全基因组关联分析（GWAS）证实，位于不同染色体上的数量性状基因座（QTL）确实表现出独立遗传的特征。然而，连锁不平衡分析也发现基因组中存在“超显性”区域^①。自由组合定律为解释自然界生物的多样性提供了重要的理论依据，基因的自由组合是出现生物性状多样性的重要原因。

四、突变机制的分子图谱

基因突变是指基因组 DNA 分子上发生的偶然的、可遗传的变异现象。从分子水平上看，**基因突变**是指基因在结构上发生碱基对组成、排列顺序改变的现象。基因能在细胞分裂时精确复制，但在一定条件下基因位点上的新基因，代替原有基因，这个基因叫作突变基因，后代中突然出现祖先未有的新性状。

^① Visscher PM, Wray NR, Zhang Q, et al. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. Am J Hum Genet, 2017, 101 (1): 5-22.

基因突变可以发生在个体发育的任何时期,通常发生在 DNA 复制期,即细胞分裂间期,包括有丝分裂间期和减数分裂间期;基因突变影响 DNA 的复制、DNA 损伤修复、癌变和衰老,基因突变是生物进化的重要因素之一,具有广泛的生物学意义。

基因突变包括自发突变和诱发突变。自发突变产生的基因突变型和诱发突变产生的基因突变型之间未发现本质区别,但诱发突变会提高基因突变率。突变型可分为形态突变型、生化突变型及致死突变型等;根据碱基变化情况,基因突变分为碱基置换 (base substitution)、移码突变 (frameshift mutation)、缺失 (deletion)、插入 (insertion)。

基因突变具有普遍性、随机性、稀有性、可逆性、少利多害性、不定向性、独立性、重演性等特点。

DNA 损伤修复系统的缺陷是突变产生的关键因素,碱基切除修复 (BER) 系统每代细胞可修正约 10^4 个氧化损伤碱基,而错配修复 (MMR) 系统将复制错误率从 10^{-6} 降至 10^{-9} 。CRISPR/Cas9 技术揭示,双链断裂 (DSB) 修复中约 65% 通过非同源末端连接 (NHEJ) 产生插入缺失 (indel) 突变,35% 通过同源定向修复 (HDR) 实现精准修复^①。

五、遗传变异的系统分类

遗传变异是指在遗传的基础上,同一基因库中不同个体间在 DNA 水平上的差异,也称为分子变异,是对同一物种个体之间遗传差别的定性或定量描述。

变异即生物体亲代与子代之间,以及子代的个体之间存在差异的现象,生物的变异有些可遗传,有些不可遗传。可遗传的变异是生物体能遗传给后代的变异,包括基因重组、基因突变和染色体变异,这种变异是由遗传物质发生变化而引起的;不可遗传的变异是由外界因素如光照、水源等造成的变异,不会遗传给后代。

现代遗传学将可遗传变异分为:①单核苷酸变异 (SNV),平均每人类世代出现 74 个新生 SNV;②结构变异 (SV),包括拷贝数变异 (CNV) 和染色体易位等;③动态突变,如三核苷酸重复扩增;④表观遗传变异,如跨代继承的 DNA 甲基化模式 (100~200 个甲基化差异位点/世代)。群体遗传学分析显示,人类基因组中约 85% 的变异存在于所有主要人群中,仅 15% 呈现群体特异性分布。

六、突变-选择平衡理论

中性进化理论预测,基因组突变率 (μ) 与有效种群大小 (N_e) 的乘积决定遗传多样性水平。哺乳动物每世代平均 $\mu \approx 1.2 \times 10^{-8}$ /位点,由此推算出 $4N_e\mu \approx 0.1\%$ 的杂合度。正向选择通过选择系数 (s) 改变等位基因频率,当 $s > 1/N_e$ 时,选择效应超过遗传漂变。适应性进化分析表明,人类基因组约 5% 的区域受到正向选择作用。突变负荷理论表明,二倍体群体可承载约 $2\mu/s$ 的有害突变。

^① Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, et al. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. Science, 2012, 337 (6096): 816-821.

七、遗传资源学的技术体系

现代遗传资源研究依托四大技术支柱：①高通量测序（Illumina 平台通量达 6Tb/run）；②单细胞多组学（10×Genomics 可同时分析 10^5 个细胞）；③基因编辑（CRISPR 效率达 80%~95%）；④生物信息学（AlphaFold2 实现蛋白质结构预测）。此外，冷冻电镜技术将大分子复合物分辨率提升至 1.8Å，而空间转录组可实现组织原位基因表达图谱。这些技术使遗传资源鉴定从形态水平深入单碱基精度。

第三节 动物遗传资源的分类体系与生态功能

一、野生动物遗传资源的分类与特征

野生动物遗传资源是指蕴含野生动物独特遗传信息，对人类社会、经济发展及生态平衡具有实际或潜在价值的动物类群及其遗传物质的总称，主要包括生存在天然状态下或来源于天然自由状态的动物资源、半驯化野生动物资源，以及虽经短期驯养但尚未发生实质性进化变异，仍具有经济、社会和生态价值的动物资源。

（1）两栖动物资源 截至 2024 年，我国的两栖动物有 656 种，其中受威胁种类有 176 种，如版纳鱼螈（*Ichthyophis bannanicus*）、大鲵（*Andrias davidianus*）等，这些种类分布区狭窄，数量很少，若管理和利用不当，就会处于濒危状态。部分种类具有重要的生态功能、科学研究价值、药用潜力与观赏价值，并在生态平衡、医学实验与科普展示等方面发挥作用，如黑龙江林蛙（*Rana amurensis*）、中国林蛙（*Rana chensinensis*）、棘胸蛙（*Quasipaa spinosa*）等，约占我国两栖动物全部种数的 15.1%。《中国珍稀及经济两栖动物》收录了我国 145 种珍稀、濒危及具有经济价值的两栖动物。

（2）爬行动物资源 我国爬行动物种类丰富，早期记录有 412 种，随着分类学研究进展，目前已记录 500 余种。其中珍稀濒危种类数量较多，如四爪陆龟（*Testudo horsfieldii*）、鳄蜥（*Shinisaurus crocodilurus*）、扬子鳄（*Alligator sinensis*）等。部分爬行动物在传统医药、科学研究、生态功能及科普观赏方面具有一定价值，其利用需严格遵循野生动物保护相关法律法规。

（3）鸟类资源 全世界的鸟类约 11 000 种，我国共记录鸟类 1400 余种，是世界鸟类资源大国之一。我国具有经济价值的鸟类约有 240 种，可以概括为五大经济类群：①中国特产的珍贵、稀有鸟类，如褐马鸡（*Crossoptilon mantchuricum*）等；②数量多、经济价值大的鸟类，如环颈雉（*Phasianus colchicus*）等；③数量多，只具一般经济价值的鸟类，如家麻雀（*Passer domesticus*）等；④数量较少，但个体价值较大的鸟类，如猛禽中的白尾海雕（*Haliaeetus albicilla*）等；⑤具有开发前途，而尚未被研究的鸟类，如山斑鸠（*Streptopelia orientalis*）等。

（4）哺乳动物资源 哺乳动物是脊椎动物中最高等的一类，全世界已知哺乳动物有

6500 多种，分布在我国哺乳动物有 14 目 670 余种，约占世界总数的 10%。根据《国家重点保护野生动物名录（2021 年版）》，国家重点保护哺乳动物约 185 种，其中 I 级保护对象有 99 种。在我国分布的哺乳动物中，种类最多的为啮齿目，其次是翼手目，整体分布呈现南方明显多于北方的特点。偶蹄目一般体型较大，大都为草食性种类，是兽类中实用经济价值最高的一类；灵长类的种数约占全国哺乳动物的 4%，多为树栖性种类，主要分布在我国热带、亚热带和温带的山区森林。

野生动物遗传资源具备 5 个核心特性：区域性分布特征表现为遗传资源的空间异质性，如青藏高原特有种的遗传适应性；相对再生性体现在种群自我更新能力与人类干预之间的平衡；有形与无形二元性表现为遗传物质实体与信息载体的双重属性；用途广泛性涵盖从基础研究到产业应用的多维价值；社会性则强调其作为公共资源所应受到的治理需求。这些特性共同构成了野生动物遗传资源的保护理论基础，也为可持续利用提供了科学依据。

二、家养动物遗传资源的体系与现状

家养动物遗传资源包括家畜、家禽和特种养殖动物及其品种资源，我国是世界上畜禽遗传资源最为丰富的国家，现有的畜禽品种是广大劳动者驯养和精心选育的产物。这些畜禽品种在当前及今后畜牧业可持续发展中仍然发挥作用，也是培育新品种不可缺少的原始素材。

我国畜禽遗传资源主要有猪、牛、马、驴、山羊和绵羊、家鸡等，共计 1090 个品种，其中地方品种 622 个，占品种资源总数的 57%；培育品种 306 个，占品种资源总数的 28%；引进品种 162 个，占品种资源总数的 15%。这些品种、类群各有特点，对产区的地理和生态条件有良好的适应性。

（1）猪 猪在动物分类学上属于偶蹄目（Artiodactyla）猪科（Suidae）猪属（*Sus*）。几千年来，我国人民经过辛勤劳动和精心选择，培育出许多品质优良而又各具特色的家猪品种。经过多次的资源普查和综合分析，按照各地猪种的生产性能、体型外貌特征、分布和饲养管理特点，以及当地的生产情况、自然条件和移民等社会因素，我国地方猪种可分为华北、华南、华中、江海、西南及高原 6 种类型。每一类型中又有许多具有独特性能的品种。例如，太湖猪以繁殖力高而闻名于国内外；金华猪和乌金猪分别是腌制著名的金华火腿和云腿的原料猪；荣昌猪所产的鬃毛长且洁白亮泽，在国际市场上久享声誉；香猪是我国特有的小型猪种，适合做烤猪。这些珍贵的资源不仅是我国的，也是世界人民的共同财富。

依据《国家畜禽遗传资源品种名录（2024 年版）》，我国猪遗传资源共计 147 个，其中地方品种 89 个、培育品种及配套系 50 个、引入品种及配套系 8 个。

（2）牛 牛在动物分类学上属于偶蹄目（Artiodactyla）反刍亚目（Ruminantia）牛科（Bovidae）野牛属（*Bos*）及水牛属（*Bubalus*）。我国饲养牛按牛种分为黄牛、水牛、牦牛，按生产方向可以分为乳用牛、肉用牛和乳肉兼用牛。黄牛是我国劳动人民在长期的生