



李福贵, 孙艺文, 陈凯, 等. 鄱阳湖流域长江江豚种群遗传差异分析[J]. 江西农业大学学报, 2024, 46(5): 1298–1307.

LI F G, SUN Y W, CHEN K, et al. Genetic diversity of Yangtze finless porpoises population in Poyang Lake Basin[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2024, 46(5): 1298–1307.

鄱阳湖流域长江江豚种群遗传差异分析

李福贵¹, 孙艺文¹, 陈凯², 余进祥², 阮记明¹,
隗黎丽¹, 梁惜梅¹, 王义华¹, 戴银根^{2*}

(1. 江西农业大学 动物科学技术学院, 江西 南昌 330045; 2. 江西省水生生物保护救助中心, 江西 南昌 330096)

摘要:【目的】长江江豚(*Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis*)是长江中现存的唯一鲸类动物, 长江水生生态系统的旗舰物种, 国家一级野生保护动物, 被列入IUCN红色名录极危(CR)物种, 2022年国家长江江豚科考结果显示现存数量为1 249头, 其中鄱阳湖492头, 约占40%。当前, 在长江流域“共抓大保护, 不搞大开发”的背景下, 虽然长江江豚的生存环境得到改善, 但影响其生存的因子依然存在, 如鄱阳湖低枯水位呈常态化趋势, 使得长江江豚种群向五河干流扩散性分布甚至季节性被隔离, 对长江江豚遗传多样性造成影响。研究旨在通过全基因组重测序技术分析其种群遗传差异特征, 为鄱阳湖流域长江江豚群体的遗传多样性保护提供参考数据, 为维护江豚物种的遗传完整性和适应潜力提供理论指导。【方法】利用重测序技术对获得3例鄱阳湖长江江豚(PY)肌肉样本进行全基因组数据, 结合下载3例来源于安徽铜陵(TL)和3例来源于浙江宁波(NB)的窄脊江豚全基因组数据, 对比分析遗传多样性和群体结构, 探究鄱阳湖长江江豚群体在特定地理区域内的遗传分化。【结果】(1)相比TL和NB群体, PY群体具有较高的遗传多态性($P_i \text{ value} = 2.65 \times 10^{-5}$), 且与TL群体之间存在一定的分化($F_{st} = 0.32$); (2)PY群体有较低的近交程度(inbreed coefficient = 0.21); (3)进化树表明PY群体为独立的一支; (4)Structure和PCA结果表明PY群体与TL群体在遗传距离上较近, 并远离NB群体。【结论】鄱阳湖长江江豚(PY)群体具有相对较高的遗传多样性, 并且与安徽铜陵(TL)和浙江宁波(NB)2个群体分开。不同江豚种群间存在一定程度上的遗传分化, 建议强化促进鄱阳湖流域长江江豚群体间的基因交流措施, 以提高长江江豚种群适应性, 促进其物种进化。

关键词: 长江江豚; 全基因组重测序; 遗传多样性; 群体结构; 濒危动物保护

中图分类号: S932.8; S937 文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号: 1000-2286(2024)05-1298-10



Genetic diversity of Yangtze finless porpoises population in Poyang Lake Basin

LI Fugui¹, SUN Yiwen¹, CHEN Kai², YU Jinxiang², RUAN Jiming¹, WEI Lili¹,
LIANG Ximei¹, WANG Yihua¹, DAI Yingen^{2*}

(1. College of Animal Science and Technology, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China;
2. Jiangxi Provincial Aquatic Biology Protection and Rescue Center, Nanchang 330096, China)

收稿日期: 2024-03-10 修回日期: 2024-04-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860735)、国家大宗淡水鱼产业技术体系项目(CARS-45-43)和江西省长江江豚保护救助项目

Project supported by the National Natural Science Foundation of China(31860735), the Earmarked Fund for the China Agricultural Research System(CARS-45-43) and the Yangtze River Finless Porpoise Conservation and Rescue Project of Jiangxi Province

作者简介: 李福贵, 讲师, 博士, orcid.org/0000-0002-3263-7976, fgli@jxau.edu.cn; *通信作者: 戴银根, 研究员, 主要从事长江江豚保护救助研究, orcid.org/0009-0006-8426-0142, 1374572927@qq.com。

©《江西农业大学学报》编辑部, 开放获取 CC BY-NC-ND 协议

Abstract: [Objective] The Yangtze finless porpoise (*Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis*) is the only extant cetacean in the Yangtze River, the flagship species of the Yangtze River aquatic ecosystem, and the first-class wild protected animal in China. It is listed as a critically endangered (CR) species on the IUCN Red List. The results of the national Yangtze finless porpoise scientific expedition in 2022 showed that the existing number was 1 249, of which 492 were in Poyang Lake, accounting for about 40%. Currently, under the background of “jointly focusing on large-scale protection and not engaging in large-scale development” in the Yangtze River basin, the living environment of the Yangtze finless porpoise has been improved, but it is still affected by extremely low water levels, making the Yangtze finless porpoise population diffusely distributed to the main stream of the five rivers and even isolated seasonally, which affected the variation of genetic diversity. This study aims to analyze the genetic difference characteristics of its population through whole-genome re-sequencing technology. It provides reference for the protection of genetic diversity of the Yangtze finless porpoise population in the Poyang Lake Basin, and provides theoretical guidance for maintaining the genetic integrity and adaptation potential of the finless porpoise species. [Method] The whole genome data of three Yangtze finless porpoise (PY) muscle samples from Poyang Lake were obtained by resequencing technology. Combined with the whole genome data of three narrow-ridged finless porpoises from Tongling, Anhui (TL) and Ningbo, Zhejiang (NB), the genetic diversity and population structure were compared and analyzed to explore the genetic differentiation of the Yangtze finless porpoise population in Poyang Lake in a specific geographical area. [Result] The results showed that: (1) Compared with the TL and NB populations, the PY population had higher single-nucleotide polymorphism (P_i value = 2.65×10^{-5}) and some differences existed between PY and TL populations ($F_{st} = 0.32$); (2) The PY population had a lower degree of inbreeding (Inbreed coefficient = 0.21); (3) The phylogenetic tree indicated that the PY population formed an independent branch within the finless porpoise populations; (4) Structure and PCA results revealed that the PY population was genetically closer to the TL population and distant from the NB population. [Conclusion] The PY population exhibited relatively higher genetic diversity and was distinct from the other two populations. Additionally, there was some genetic diversity difference among the different populations of finless porpoises. It was recommended to strengthen the genetic exchange between the populations of finless porpoises in the Yangtze River Basin, which was of significance for enhancing the adaptation and evolution of the species.

Keywords: Yangtze finless porpoise; whole genome re-sequencing; genetic diversity; population structure; endangered animals protection

【研究意义】长江江豚(*Neophocaena asiaeorientalis asiaeorientalis*), 隶属于哺乳纲(Mammalia)、鲸偶蹄目(Cetartiodactyla)、齿鲸亚目(Odontoceti)、鼠海豚科(Phocoenidae)、江豚属(*Neophocaena*), 是一种小型淡水鲸类动物, 2013年被IUCN列为极度濒危物种, 2021年被列为国家一级重点保护野生动物, 其活动范围仅在中国的长江中下游干流、鄱阳湖和洞庭湖, 及其连通的部分支流^[1-2]。长江江豚, 也称扬子江江豚(Yangtze finless porpoise), 在形态学上被定义为窄脊江豚(*Neophocaena asiaeorientalis*)亚种^[3]。在2018年的基因组群体研究报道, 长江江豚被确定为独立的物种^[4]。农业农村部2022年全国长江江豚科学考察结果^[5]显示, 长江江豚种群数量仅为1 249头, 其中鄱阳湖492头, 其数量远低于“国宝”大熊猫, 保护长江江豚刻不容缓。【前人研究进展】近年来对长江江豚的遗传特性的研究较少, 高安利等^[3, 6-7]利用形态学上的遗传特征进行研究, 证据表明长江江豚起源于生活在南海、黄海及日本海中部的窄脊江豚, 并把3个地理群的江豚(生活在淡水的长江江豚、生活在海中窄脊江豚以及生活在印度洋沿海附近的宽脊江豚)定义为3个江豚亚种。随着二代测序技术日益成熟, Yuan等^[8]对一头长江江豚进行了测序和基因组组装, 为后续的对长江江豚分子遗传方面研究提供了很大便利。为了从分子生物信息学上探究长江江豚的起源, Zhou等^[4]对不同的江豚群体进行群体测序研究分析, 多种分析结果共同表明长江江豚独立于另外两个地理群体(印太江豚和东亚江豚), 已经形成成为一个新的物种。研究^[4]还推测出, 大约在末次盛冰期期

间淡水窄脊江豚祖先与海洋窄脊江豚祖先的发生物种分离。除此之外,李树珍等^[9]利用CAST方法对江豚进行单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNPs)位点的筛选,发现4个DNA片段具有多态性,大约每370 bp出现1个SNPs。曹承和等^[10]通过PCR方法研究发现*Dmrt*基因在江豚雌雄个体中都存在,且显示在进化上具有高度的保守性。闵佳玲等^[11]研究得出极枯水位下,鄱阳湖长江江豚呈现区域聚集分布,核心家域在主河槽、沙坑等水域呈片段化分布。近年来,鄱阳湖流域生态和长江江豚监测研究显示,鄱阳湖长江江豚的生存状况是衡量江豚物种保护的一项重要指标,也是鄱阳湖流域生态系统的指示动物^[11-16]。

【本研究切入点】前人的研究主要集中在探究不同地理群体江豚之间的物种起源与遗传分化,很少涉及到长江流域低枯水位影响长江江豚扩散性分布或地理种群隔离分布带来的遗传差异。【拟解决的关键问题】本研究拟运用全基因组测序技术对3例鄱阳湖流域长江江豚肌肉样本进行检测分析,并与安徽铜陵、浙江宁波等地种群对照分析,初步探究鄱阳湖流域长江江豚遗传差异性分析,为科学保护长江江豚提供理论基础和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 样品采集和DNA提取

本研究中的3例鄱阳湖流域长江江豚样本分别来源于鄱阳湖、赣江支流以及鄱阳湖与长江交汇处自然死亡的个体(死亡时间分别为2022年9月8日,7月21日,8月29日)(图1)。死亡的长江江豚被立即转运至江西省水生生物保护救助中心并置-30℃冰柜冷冻保存。2022年9月8日解剖后采集肌肉等组织样品,置液氮速冻后保存在-20℃冰箱。使用DNA提取试剂盒(DNeasy Blood & Tissue Kit 69504, QiaGen)进行全基因组DNA提取。

1.2 文库构建和高通量测序

每个样本≥100 ng的全基因组DNA用于文库构建。文库构建采用标准的流程步骤:包括超声波打断、末端修复、接头序列连接、PCR扩增富集和纯化,具体为:利用Covaris破碎机将质检合格的DNA样本随机打断成350 bp左右的DNA片段;再根据TruSeq Library Construction Kit说明书上标准步骤进行建库;DNA片段经末端修复、添加测序接头和接头序列连接、PCR扩增、纯化富集等完成整个文库的制备;然后使用Qubit 2.0对文库的定量和稀释,并利用Agilent 2100对文库进行质检;质检合格的文库,根据有效浓度和下机数据量的要求对不同文库的进行混池,最后使用Illumina Nova测序平台进行PE150测序^[17-18]。

1.3 数据下载

鄱阳湖流域长江江豚在分类上属于窄脊江豚。为了更加全面地对不同的窄脊江豚群体进行对比分析,本研究从公共数据(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)中下载6例窄脊江豚的重测序数据(SRX2187722, SRX2187751, SRX2187761, SRX2187763, SRX2187764和SRX2187772)用于后续分析,其中3例窄脊江豚来自于安徽铜陵(长江江豚),3例窄脊江豚来自于浙江宁波(东亚江豚)^[4]。

1.4 序列分析和变异检测

本研究中使用fastp软件^[19]对测序得到原始数据(raw reads)进行质控分析,随后使用bwa软件^[20](bwa-mem2 mem)把质控后的clean reads比对到江豚的参考基因组上(*Neophocaena phocaenoides*, NCBI Taxonomy ID: 34892)^[4],获得sam格式文件。接着进一步使用samtools软件^[21-22]将sam文件,经过排序

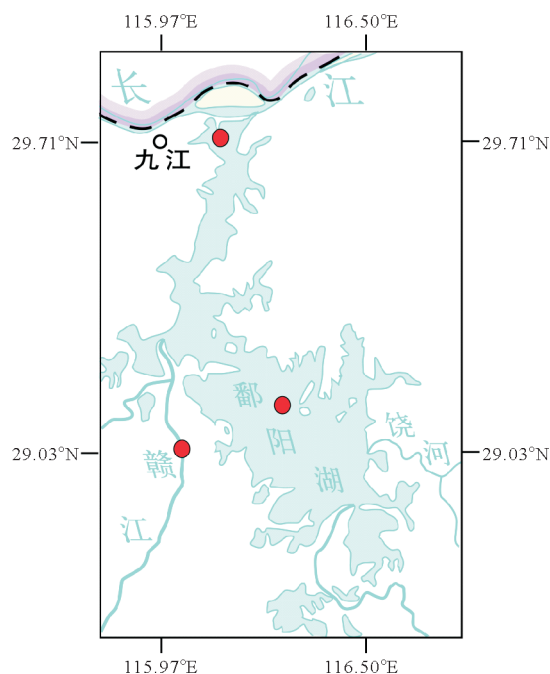


图1 鄱阳湖流域长江江豚样本采集地理分布
Fig.1 Geographical distribution map of finless porpoise samples from the Poyang Lake basin

(samtools sort-m 2G-output-fmt BAM)转换成 bam 格式文件。再使用 sambamba 软件^[23](sambamba markdup -overflow-list-size=1000000)进行重复序列标记。最后使用 GATK 软件中 HaplotypeCaller 工具^[24],对样本进行变异检测,并使用 ANNOVAR 软件对 SNP 位点进行功能注释。已发表的江豚基因组(Neophocaena phocaenoides, NCBI Taxonomy ID:34892)包含 13 696 条 scaffold 序列^[4],选取最长的 20 条 scaffold 作为基因组的代表,绘制 SNP 和 InDel 在基因组上的分布图。

1.5 样本分群及多样性分析

试验中的 9 例样本根据采样地划分为 3 个群体,江西鄱阳湖流域采样的 3 头江豚划分为鄱阳湖群体,简称 PY 群体;安徽铜陵采集的 3 头江豚划分为铜陵群体,简称 TL;浙江宁波采集的 3 头江豚划分为 NB 群体,简称 NB。

基于上述得到的 SNPs 数据和分群信息,使用 vcftools 软件^[25]在 3 个群体内分别进行群体的多样性分析(P_i)和群体间种群分化分析(F_{st})。随后再使用 plink 软件^[26]对每个样本分别计算近交系数。

1.6 群体遗传结构分析

基于上述得到的 SNPs 数据和分群信息,首先使用 vcftools 软件^[25]和 plink 软件^[26]分别对数据进行格式处理,随后使用处理后的 SNPs 信息用于群体结构遗传分析。本研究中使用 TreeBeST 软件(<https://treesoft.sourceforge.net/treebest.shtml>)进行系统进化树分析,使用 ADMIXTURE 软件进行群体结构分析^[27],使用 GCTA 软件进行 PCA 分析(降维聚类主成分分析)^[28]。

1.7 数据可视化分析

本研究中使用 R 软件(<https://www.r-project.org>)对 SNP 和 InDel 在基因组上分布,群体内多样性(P_i),群体间分化(F_{st}),样本的近交程度,群体结构(structure)和主成分分析(PCA)的结果进行可视化分析。另外,本研究中利用 Mega 软件^[29]对进化树进行可视化分析。

2 结果与分析

2.1 变异检测结果

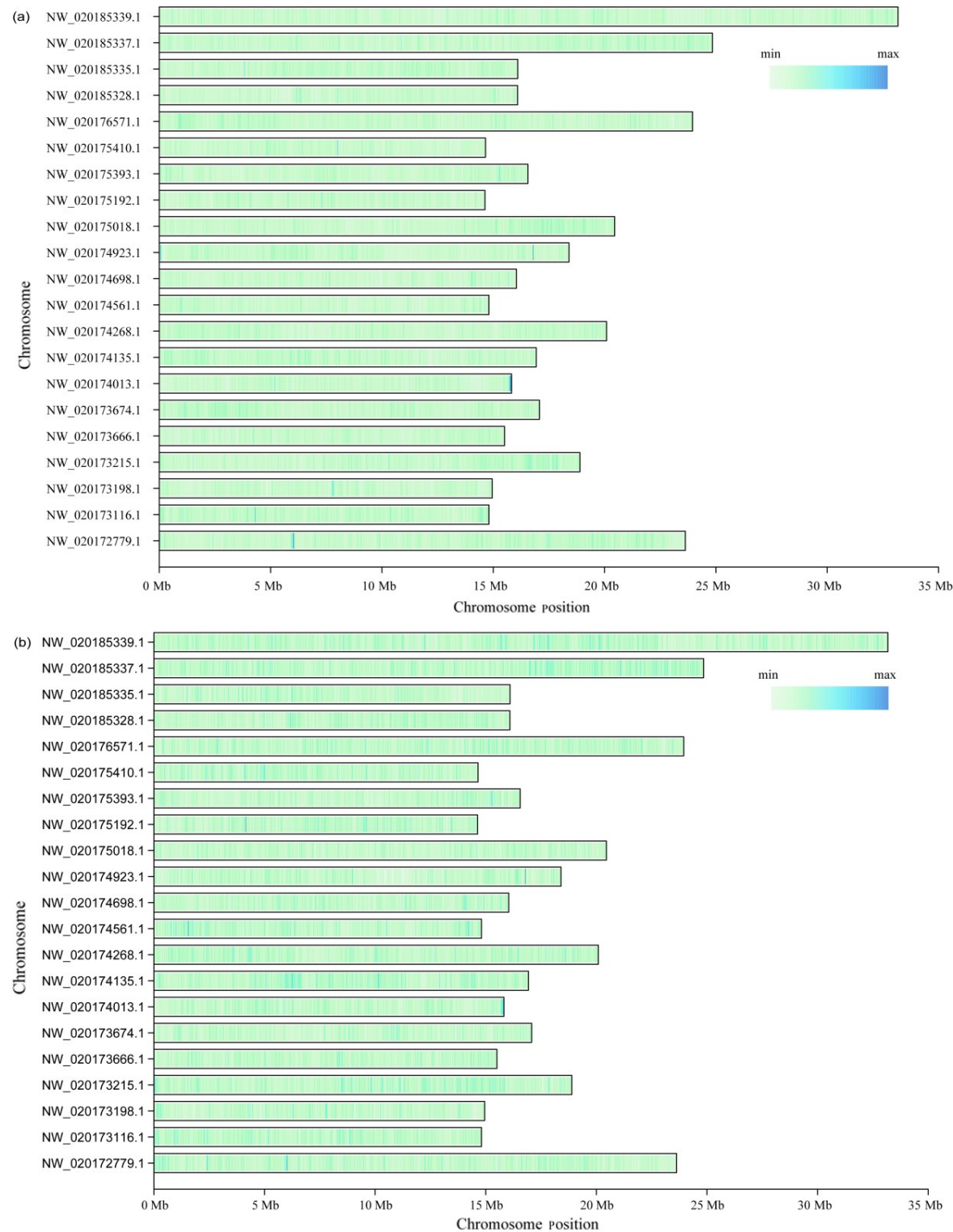
3 例鄱阳湖长江江豚测序原始数据经过滤去除接头序列和低质量序列,共得到 30.97 Gb clean reads,平均每个样本产生 10.32 Gb 的 clean reads,平均深度 4.51 $\times$ 。6 例公共数据库的江豚平均数据量为 34 Gb^[4],平均比对率 99.81%、平均深度 14.98 $\times$ 。经过滤,9 例样本共得到 9 005 810 个 SNPs 和 1 319 249 个 InDels(表 1 和图 2)。对 9 例江豚的 SNP 进行注释分析,发现 78 159 个 SNP 位于 exon 区域上(包括的 SNP 类

表 1 3 例鄱阳湖长江江豚测序 SNPs 和 InDels 注释信息

Tab.1 Summary of SNPs and InDels annotation of three Yangtze finless porpoises

类型 Category	SNP 数量 Total of SNPs	类型 Category	InDel 数量 Total of InDels
基因上游突变 Upstream mutation	58 376	基因上游变异 Upstream variation	8 615
提前终止突变 Stop gain	322	提起终止变异 Stop gain	126
终止缺失突变 Stop loss	79	终止缺失变异 Stop loss	4
同义突变 Synonymous	38 858	移码缺失 Frameshift deletion	594
非同义突变 Non-synonymous	38 900	移码插入 Frameshift insertion	678
内含子突变 Intronic mutation	3 265 623	非移码缺失 Non-frameshift deletion	375
可变剪切 Splicing	2 097	非移码插入 Non-frameshift insertion	430
基因下游突变 Downstream mutation	56 664	内含子变异 Intronic variation	490 041
基因上下游突变 upstream/downstream mutation	2 131	可变剪切 Splicing	211
基因间区突变 Intergenic mutation	5 432 215	基因下游变异 Downstream variation	9 213
转换 Ts	5 708 448	基因上下游变异 Upstream/Downstream variation	319
颠换 Tv	3 297 362	基因间区变异 Intergenic variation	779 404
转换/颠换 ts/tv	1.731	插入 Insertion	598 637
共计 Total	9 005 810	缺失 Deletion	720 612
		杂合率 Het rate	0.518
		共计 Total	1 319 249

型:Stop gain,Stop loss,Synonymous 和 Non-synonymous,表 1),占比为 0.87%,表明绝大多数的 SNP 都位于非编码区上。InDel 在基因组上存在相似的分布,exon 区域上的 InDel 占比为 0.17%(包括的 InDel 类型:Stop gain,Stop loss,Frameshift deletion,Frameshift insertion,Non-frameshift deletion 和 Non-frameshift insertion,表 1)。同类核苷酸之间的 SNP 变异高于非同类核苷酸之间的 SNP 变异($t_s/t_v=1.731$)。



(a) SNP 变异在基因组上不同染色体的分布;(b)InDel 变异在基因组上不同染色体的分布。
(a) The distribution of SNP variants on different chromosomes of the genome;(b)The distribution of InDel variants on different chromosomes of the genome.

图 2 SNP 和 InDel 变异在 3 个江豚群体基因组上的分布
Fig.2 The distribution of SNP and InDel variants on the genome of three finless porpoises populations

2.2 遗传多样性

相比铜陵群体($P_i=1.04\times10^{-5}$)和宁波群体($P_i=1.66\times10^{-5}$),鄱阳湖群体遗传多样性较高(P_i value= 2.25×10^{-4} ,图 3a)。群体间的 F_{st} 值能反映不同种群间的分化程度。在 3 个群体中,鄱阳湖群体与铜陵群体以及鄱阳群体与宁波群体的分化程度较高(图 3a), F_{st} 分别为 0.32 和 0.29,而铜陵群体与宁波群体种群间差异度较小($F_{st}=0.12$)。整体来看,鄱阳湖江豚群体具有较高的遗传多样性和种群差异,这种差异更加有利于整个江豚物种的群体适应外部环境的变化。鄱阳湖群体、铜陵群体和宁波群体的种群近交系数平均值分别为:0.21、0.35 和 0.30。相对于铜陵群体和宁波群体,鄱阳湖群体拥有较低的近交系数。

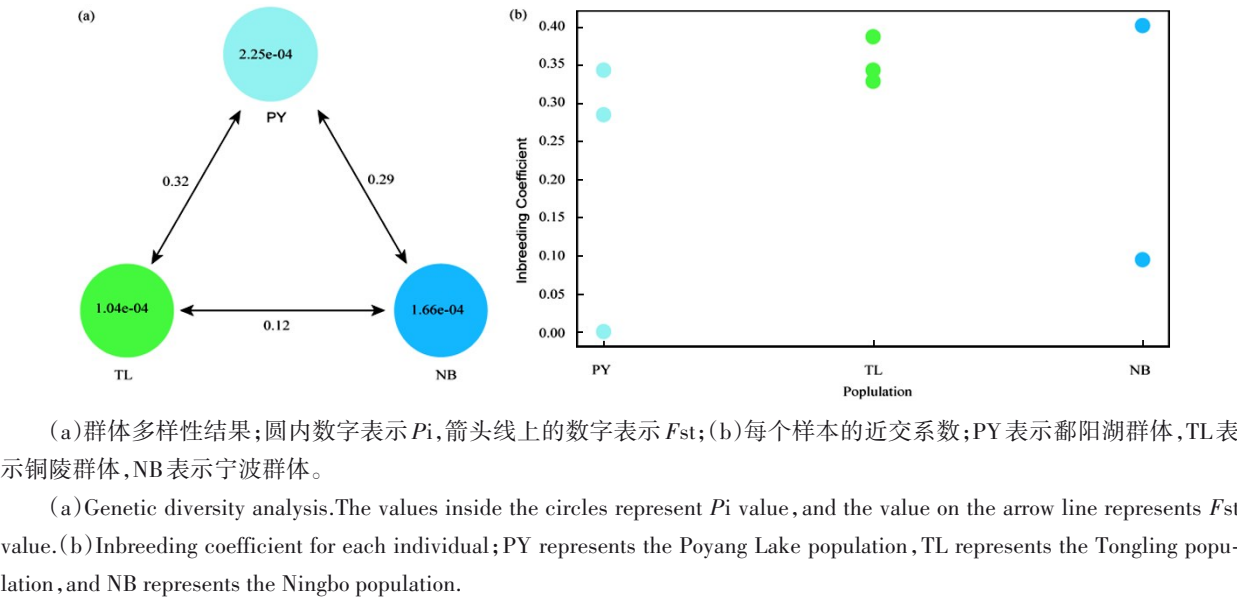


图 3 基于 SNP 位点的 3 个江豚群体群体多样性和近交程度分析

Fig.3 Population diversity and inbreeding degree analysis of three finless porpoises populations based on SNP sites

2.3 群体遗传结构

基于 9 例江豚样本的 SNP 信息,对江豚的 3 个群体进行系统进化树(Tree)、群体结构(Structure)和主成分分析(PCA),从基因组水平上来揭示江豚群体的遗传谱系和遗传结构。

2.3.1 系统进化树分析

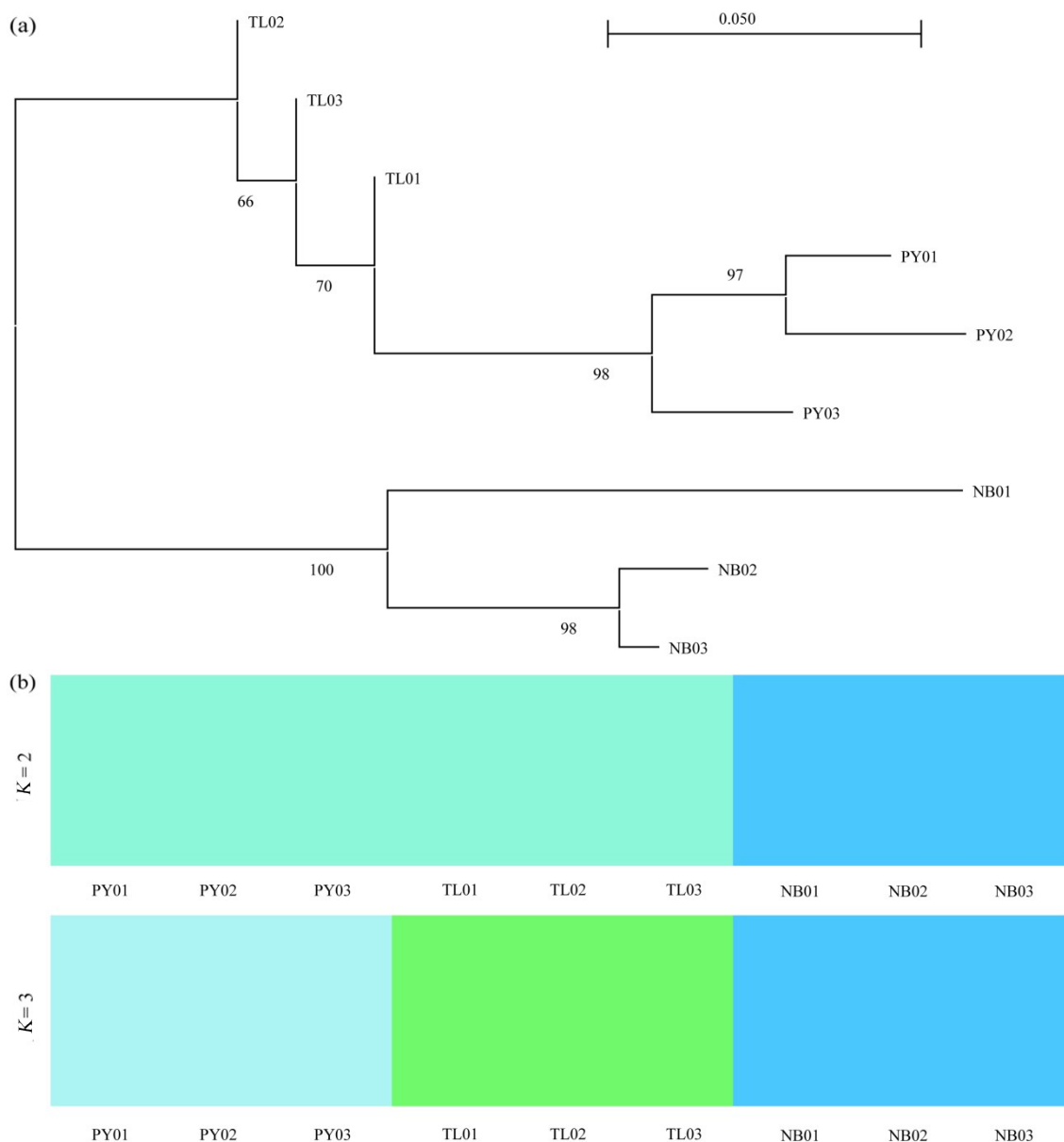
基于 3 个群体的 SNP,采用邻接法(Neighbor-Joining)构建系统发育树(图 4a)。从树形结构来看,鄱阳湖群体、铜陵群体和宁波群体各自聚类成一支,聚焦于共同的祖先。鄱阳湖江豚和铜陵江豚聚集在一起,远离宁波江豚。鄱阳湖江豚群体的枝长较长,推测鄱阳湖江豚具有较高遗传多样性,这一结果与鄱阳湖江豚群体的 P_i 较高以及近交程度低相一致。

2.3.2 群体结构分析

群体结构聚类结果显示,当分群数为 2 时($K=2$),鄱阳湖江豚和铜陵江豚聚类在一起,宁波江豚单独聚类成一支(图 4b)。当分群数目为 3 时($K=3$),鄱阳湖江豚,铜陵江豚和宁波江豚各自聚类成一支。群体结构结果表明鄱阳湖群体与铜陵群体的遗传信息较近,与宁波群体较远,这一结果与进化树结果保持一致(图 4a)。

2.3.3 主成分分析

基于个体间 SNP 的差异情况,对 9 个窄脊江豚样本进行主成分聚类分析。PC1、PC2 和 PC3 各自解释 35.06%、19.35% 和 17.19% 的遗传差异,其中 PC1 代表了最显著的群体间差异,在分群中起的主导作用。从 PC1 和 PC2 的结果上来看,3 个群体各自聚类到一起,且群体间各自分开,表明鄱阳湖群体和铜陵群体拥有更近的遗传关系,与宁波群体拥有较远的遗传关系(图 5a)。3 个维度 PC(PC1、PC2 和 PC3)结果展示了同样的结果。整体 PCA 分析结果显示,鄱阳湖群体和铜陵群体的距离较近,远离宁波群体。



(a)系统进化NJ树;(b)群体结构分析;PY表示鄱阳湖群体,TL表示铜陵群体,NB表示宁波群体。
(a)Phylogenetic tree;(b)Population structure;PY represents the Poyang Lake population,TL represents the Tongling population, and NB represents the Ningbo population.

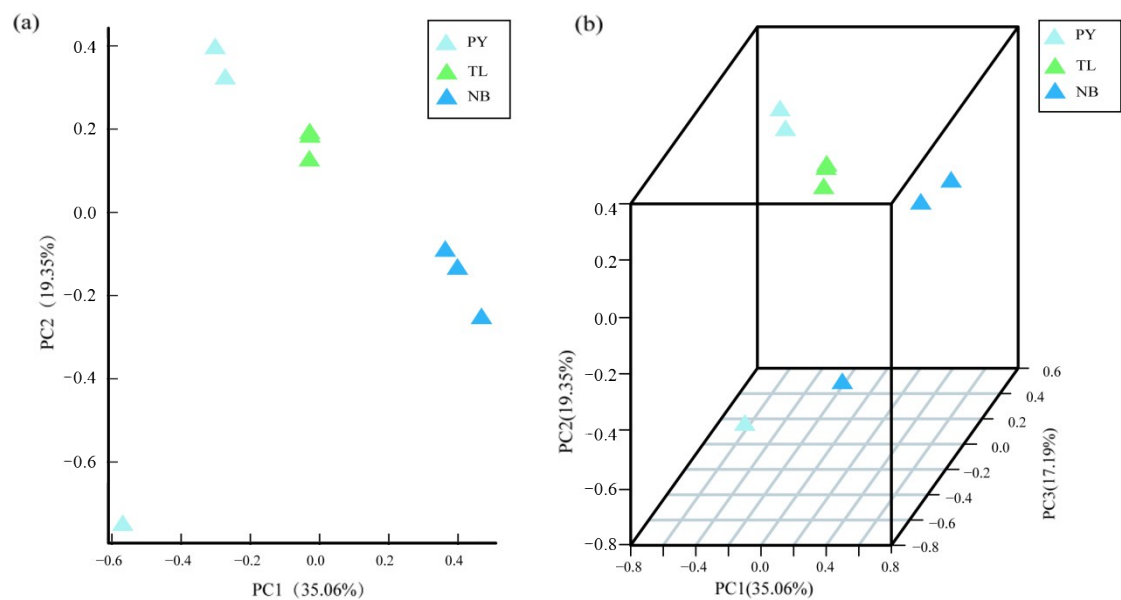
图4 基于SNP位点的3个江豚群体系统进化树和群体结构分析

Fig.4 Phylogenetic tree and population structure of three finless porpoises populations based on SNP sites

3 讨论与结论

3.1 长江江豚群体遗传多样性

遗传多样性是物种进化的基础和驱动力^[30],可以使得一些个体在特定环境下更具优势,从而增加其生存和繁殖的机会,导致适应性的改变积累,进而导致进化的发生。在一个物种或种群中,遗传多样性越高,进化的潜力越高,也说明该物种或种群对外部环境变化的应对能力越高。相反,一个物种遗传多样性较低,表明物种近期可能经历过或正在经历种群数量的减少。在研究中,相比宁波群体和铜陵群体,鄱阳湖长江江豚群体拥有较高的 P_i 值,表明鄱阳湖流域的长江江豚种群拥有较高的群体多样性,推测可能与鄱阳湖长江江豚种群基数大,并与长江干流长江江豚保持良好基因交流有关。因此,强化保护措施,促进长江干流与鄱阳湖长江江豚种群交流,对构建长江江豚种质资源基因库,更加科学有效保护长江江豚意义重大。



(a)主成分1(PC1)和主成分2(PC2)的分布图;(b)主成分1(PC1),主成分2(PC2)和主成分3(PC3)的3D分布图;PY表示鄱阳湖群体,TL表示铜陵群体,NB表示宁波群体。

(a)Distribution of principal component 1 (PCA1) and principal component 2 (PC2); (b) 3D distribution of principal component 1 (PCA1), principal component 2 (PC2) and principal component 3 (PC3); PY represents the Poyang Lake population, TL represents the Tongling population, and NB represents the Ningbo population.

图5 基于SNP位点3个江豚群体的主成分分析(PCA)

Fig.5 Principal component analysis(PCA) of three finless porpoises populations based on SNP sites

基于SNP进行的长江江豚群体遗传结构分析,结果表明鄱阳湖长江江豚群体和铜陵江豚群体的亲缘关系较近。在进化树分析中上,树形聚类结果展示了同属于长江江豚的鄱阳湖群体和铜陵群体聚集在一起,这一结果与之前发表的研究相一致^[4]。另外,从树形结构来看,鄱阳湖长江江豚是从铜陵江豚群体中延伸出来的,更进一步地表明了鄱阳湖群体和铜陵群体之间的遗传关系较近。在Structure和PCA分析中,也得到了相似的结果,鄱阳湖群体和铜陵群体的亲缘关系更近,在K=2时,2个群体的祖先成本一致,同时与宁波群体不同。在Structure分析中,K=3时,3个群体完全分开,但在PCA分析中,PC2上鄱阳湖群体存在1个离群的样本,推测可能是采样导致的,该样本是采集于鄱阳湖和长江的交汇处。另外,在宁波群体中也发现了类似的现状,1个样本在PC3上存在离群的现象(图5b)。由于鄱阳湖群体和宁波群体各自取3个样本,样本数量少和取样上的偶然性,可能导致样本分离不连续,出现离群样本。在Fst的分析结果中,铜陵群体和宁波群体Fst较小(图3a),可能是取样的偶然性导致的。后续研究中,将增加鄱阳湖群体和其他江豚群体的样本,来进一步探究群体的聚类情况。

3.2 遗传多样性在濒危野生动物种中的保护应用

群体遗传分析可以掌握物种或种群遗传多样性水平,了解遗传背景(如种群适应能力、抵抗风险能力等),对濒危动物的保护支撑作用较明显。如对白鱘豚(*Lipotes vexillifer*)群体遗传分析,发现其遗传多样性很低^[31-32];对大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)群体遗传分析,发现秦岭大熊猫群体遗传多样性较低,立即将秦岭大熊猫种群作为一个独立单元进行保护与管理^[33-34],取得较好效果;对金丝猴(*Rhinopithecus avunculus*)的保护研究中发现,川金丝猴具有相对丰富的遗传多样性,但滇金丝猴和缅甸金丝猴则具有较低的遗传多样性^[35-36],分类采取保护措施后,均取得显著效果。

基于长江江豚种群基因组学的最新研究显示,虽然鄱阳湖流域江豚的遗传多样性较高,但是,相比其他保护动物,其群体多样性水平还处于较低水平,抵御风险的能力降低^[33-36]。系统进化树、主成分分析和群体结构的结果共同表明,鄱阳湖流域长江江豚群体,与其他群体存在一定的差异,且群体近交程度较低。

3.3 长江江豚保护研究工作建议

根据上述研究结果,关于长江江豚的保护研究建议重点做好以下工作:首先,加强鄱阳湖长江江豚

江湖迁移监测研究。采用定点水声学监测等现代科技手段,研究其种群迁移规模和行为特征。其次,加强物理阻隔对长江江豚种群遗传多样性的影响研究。因鄱阳湖枯水位降低、枯水期提前,形成沙坑、蝶形湖等小水域,江豚迁移时被阻隔其中。应优先加强对上述水域的长江江豚保护研究,避免该自然因素导致种群偏雄化的趋势上升而影响该水域长江江豚种群的快速扩增。第三,支持开展基于完全被阻隔情形下,人工措施干预长江江豚种群交换研究。采取与长江干流或者其他保护区交换江豚的措施,增强基因交流,提供遗传多样性。第四,启动长江江豚人工繁育技术研究。利用已建的鄱阳湖长江江豚保护中心科研基地,开展繁殖生物学研究。

申明:研究试验样本采集严格按照《中华人民共和国野生水生动物保护实施条例》(http://www.cjyzbgs.moa.gov.cn/zcjd/201904/t20190428_6220248.htm)进行,并符合当地所有伦理道德准则和法律要求。

参考文献 References:

- [1] 魏辅文,杨奇森,吴毅,等.中国兽类名录(2021版)[J].兽类学报,2021,41(5):487-501.
WEI F W, YANG Q S, WU Y, et al. Catalogue of mammals in China(2021)[J]. Acta theriologica Sinica, 2021, 41(5): 487-501.
- [2] JEFFERSON T A, WANG J Y. Revision of the taxonomy of finless porpoises (*Genus Neophocaena*): the existence of two species[J]. Journal of marine animals and their ecology, 2011, 4(1): 3-16.
- [3] 高安利,周开亚.中国水域江豚外形的地理变异和江豚的三亚种[J].兽类学报,1995(2):81-92.
ZHOU A L, ZHOU K Y. Geographical variation of external measurements and three subspecies of *Nephocaena phocaenoides* in Chinese waters[J]. Acta theriologica Sinica, 1995(2): 81-92.
- [4] ZHOU X M, GUANG X M, SUN D, et al. Population genomics of finless porpoises reveal an incipient cetacean species adapted to freshwater[J]. Nature communications, 2018, 9(1): 1276.
- [5] 李思辉,孙慧.长江江豚极度濒危状况仍未改变[N].中国科学报,2023-03-03(1).
LI S H, SUN H. The Yangtze finless porpoise's critically endangered status remains unchanged[N]. China science daily, 2023-03-03(1).
- [6] 高安利,周开亚.关于江豚的古籍记载及现代研究[J].兽类学报,1993,13(3):223-234.
GAO A L, ZHOU K Y. Notes on classical literatures and contemporary researches on the finless porpoise (*Neophocaena Phocaenoides*)[J]. Acta theriologica Sinica, 1993, 13(3): 223-234.
- [7] 高安利,周开亚.中国水域江豚颅骨的地理变异[J].兽类学报,1995,15(3):161-169.
GAO A L, ZHOU K Y. Geographical variations of skull among the populations of neophocaena in Chinese waters[J]. Acta theriologica Sinica, 1995, 15(3): 161-169.
- [8] YUAN Y, ZHANG P J, WANG K, et al. Genome sequence of the freshwater Yangtze finless porpoise[J]. Genes, 2018, 9(4): 213.
- [9] 李树珍,万慧荣,杨光.基于CATS法的江豚SNPs位点筛选[J].动物学报,2008(4):719-724.
LI S Z, WAN H R, YANG G. Single nucleotide polymorphisms of the finless porpoise *Neophocaena Phocaenoides* revealed by using comparative anchor tagged sequences[J]. Acta zoologica Sinica, 2008(4): 719-724.
- [10] 曹承和,郑邦友,糜励,等.江豚Sry基因和Dmrt家族六个基因的序列分析[J].激光生物学报,2007(3):304-309.
CAO C H, ZHENG B Y, MI L, et al. Sequence analysis of sry and six dmrt genes in *Neophocaena Phocaenoides*[J]. Acta laser biology Sinica, 2007(3): 304-309.
- [11] 闵佳玲,余进祥,阙江龙,等.鄱阳湖极枯水位下长江江豚栖息状况分析[J].江西农业大学学报,2023,45(5):1230-1239.
MIN J L, YU J X, QUE J L, et al. Habitat analysis of Yangtze finless porpoises in Poyang Lake under extremely low water level[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2023, 45(5): 1230-1239.
- [12] 王伟萍,徐志文,龚磊强,等.鄱阳湖长江江豚同步监测及种群动态分析[J].水生态学杂志,2024,45(4):134-140.
XU W P, XU Z W, GONG L Q, et al. Simultaneous monitoring and population dynamics analysis of Yangtze finless porpoise in Poyang Lake[J]. Journal of hydroecology, 2024, 45(4): 134-140.
- [13] 陈炳耀,信誉,路方婷,等.长江江豚监测现状及展望[J].中国环境监测,2023,39(2):1-10.
CHEN B Y, XIN Y, LU F T, et al. Monitoring status and prospects of Yangtze finless porpoise[J]. Environmental monitoring in China, 2023, 39(2): 1-10.
- [14] 闵佳玲,余进祥,张瑶瑶,等.异常枯水位期鄱阳湖长江江豚分布风险与保护对策[J].水生生物学报,2024,48(10):1642-1650.

- MIN J L, YU J X, ZHANG Y Y, et al. Distribution risks and protection countermeasures of Yangtze finless porpoise in Poyang lake during abnormal dry period[J]. *Acta hydrobiologica Sinica*, 2024, 48(10): 1642-1650.
- [15] 阙江龙, 饶榕城, 杨英, 等. 江西水域枯水期长江江豚种群数量和分布特征[J]. *水生生物学报*, 2023, 47(10): 1701-1708.
- QUE J L, RAO R C, YANG Y, et al. Population and distribution characteristics of Yangtze finless porpoise in Jiangxi waters during dry season[J]. *Acta hydrobiologica Sinica*, 2023, 47(10): 1701-1708.
- [16] 梅志刚, 郝玉江, 郑劲松, 等. 鄱阳湖长江江豚的现状和保护展望[J]. *湖泊科学*, 2021, 33(5): 1289-1298.
- MEI Z G, HAO Y J, ZHENG J S, et al. Population status and conservation outlooks of Yangtze finless porpoise in the Lake Poyang[J]. *Journal of lake sciences*, 2021, 33(5): 1289-1298.
- [17] METZKER M L. Sequencing technologies-the next generation[J]. *Nature reviews genetics*, 2010, 11(1): 31-46.
- [18] GOODWIN S, MCPHERSON J D, MCCOMBIE W R. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies [J]. *Nature reviews genetics*, 2016, 17(6): 333-351.
- [19] CHEN S F, ZHOU Y Q, CHEN Y R, et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(17): 884-890.
- [20] LI H, DURBIN R. Fast and accurate short read alignment with burrows wheeler transform[J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(14): 1754-1760.
- [21] LI H, HANDSAKER B, WYSOKER A, et al. The sequence alignment/map format and SAM tools[J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(16): 2078-2079.
- [22] VASIMUDDIN M, SANCHIT M, LI H, et al. Efficient architecture-aware acceleration of BWA-MEM for multicore systems [C]//2019 IEEE international parallel and distributed processing symposium. IEEE, 2019: 314-324.
- [23] TARASOV A, VILELLA A J, CUPPEN E, et al. Sambamba: fast processing of NGS alignment formats [J]. *Bioinformatics*, 2015, 31(12): 2032-2034.
- [24] MCKENNA A, HANNA M, BANKS E, et al. The genome analysis toolkit: a map reduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data[J]. *Genome research*, 2010, 20(9): 1297-1303.
- [25] DANECEK P, AUTON A, ABECASIS G, et al. The variant call format and VCF tools [J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(15): 2156-2158.
- [26] PURCELL S, NEALE B, TODD-BROWN K, et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses[J]. *The American journal of human genetics*, 2007, 81(3): 559-575.
- [27] ALEXANDER DH, NOVEMBRE J, LANGE K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals[J]. *Genome research*, 2009, 19(9): 1655-1664.
- [28] YANG J, LEE SH, GODDARD ME, et al. GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis[J]. *The American journal of human genetics*, 2011, 88(1): 76-82.
- [29] KUMAR S, STECHER G, LI M, KNYAZ C, TAMURA K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms[J]. *Molecular biology and evolution*, 2018, 35(6): 1547-1549.
- [30] HU Y, FAN H, CHEN Y, et al. Spatial patterns and conservation of genetic and phylogenetic diversity of wildlife in China [J]. *Science advances*, 2021, 7(4): eabd5725.
- [31] 魏辅文, 马天笑, 胡义波. 中国濒危兽类保护遗传学研究进展与展望[J]. *兽类学报*, 2021, 41(5): 571-580.
- WEI F W, MA T X, HU Y B. Research advances and perspectives of conservation genetics of threatened mammals in China [J]. *Acta theriologica Sinica*, 2021, 41(5): 571-580.
- [32] YANG G, LIU S, REN W H, et al. Mitochondrial control region variability of baiji and the Yangtze finless porpoises, two sympatric small cetaceans in the Yangtze River[J]. *Acta theriologica*, 2003, 48(4): 469-483.
- [33] HU Y B, ZHAN X J, QI D W, et al. Spatial genetic structure and dispersal of giant pandas on a mountain-range scale[J]. *Conservation genetics*, 2010, 11(6): 2145-2155.
- [34] MA T X, HU Y B, RUSSO I M, et al. Walking in a heterogeneous landscape: dispersal, gene flow and conservation implications for the giant panda in the Qinling Mountains[J]. *Evolutionary applications*, 2018, 11(10): 1859-1872.
- [35] ZHOU X M, MENG X H, LIU Z J, et al. Population genomics reveals low genetic diversity and adaptation to hypoxia in snub-nosed monkeys[J]. *Molecular biology and evolution*, 2016, 33(10): 2670-2681.
- [36] YU L, WANG G D, RUAN J, et al. Genomic analysis of snub-nosed monkeys (*Rhinopithecus*) identifies genes and processes related to high-altitude adaptation[J]. *Nature genetics*, 2016, 48(8): 947-952.