

---

# 拿下灵长类基因组“矿藏”挖掘主导权

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/23357.html>

*本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！*

拿下灵长类基因组“矿藏”挖掘主导权。

6月2日凌晨，《科学》以研究专刊形式在线发表8篇论文、《科学进展》在线发表2篇论文，集中报道了我国科学家发起并主导的灵长类基因组计划取得的阶段性突破。该计划由中国科学院昆明动物研究所(以下简称昆明动物所)和浙江大学生命演化研究中心共同牵头。

灵长类基因组计划发起于2018年，并扩展建立了国际灵长类研究联盟。这次我们一共投出12篇论文，其中10篇论文能凑到一起刊发，实属不易!该计划发起人之一、昆明动物所研究员吴东东不禁感叹。

他表示，这些科学突破，对灵长类动物多样性保护、遗传资源的开发和利用具有重要的指导与现实意义，也为人类特殊性状的起源、发育及疾病医学研究提供了重要遗传学材料和候选分子靶标。

英国有‘达尔文生命之树项目’，美国有‘哺乳动物基因组项目’，从国家战略角度来看，收集物种基因组资源具有重要意义。灵长类基因组计划另一位发起人、浙江大学生命演化研究中心教授张国捷坦言，这就像谁先产生了大量数据，谁就拥有了一个‘矿藏’，也就有了挖掘这些数据的优先权和主导权。

A continent-wide hunt for  
critical minerals p. 883

Summer reading for scientists  
of every stripe p. 888

3D-printed glass chills out  
pp. 895 & 960

# Science

\$15  
2 JUNE 2023  
SPECIAL ISSUE  
science.org

AAAS

A photograph of three golden snub-nosed monkeys sitting on a thick, mossy tree branch. The monkeys have thick, golden-brown fur and blue faces. One monkey is in the center, looking towards the camera, while two others are positioned around it, one slightly behind and to the left, and another to the right. The background is a soft-focus natural setting.

PRIMATE  
GENOMES

《科学》专刊封面。张国捷团队供图

---

为何要研究灵长类动物?

已有研究显示，灵长目是哺乳动物中种类最丰富的类群之一，包括16科82属520余种，仅次于翼手目和啮齿目，目前依然有新物种不断被发现。

科学家为什么要研究灵长类动物?吴东东向记者解释，灵长类的演化经历了6500多万年，从独居的夜行性祖先到今天高度发达的人类社会，发生了诸多变化。此外，部分灵长类也是研究人类起源和演化、疾病发生机理、烈性传染病传播和疫苗研发的天然动物模型。

当前，解析和重构灵长类祖先到现代人类演化过程中的基因组变异图谱，是我们理解人类演化生物学不可或缺的一部分，也是领域研究的热点问题。

由于人类活动的影响，灵长类物种的丰富度和群体数量正遭受前所未有的严峻挑战，而目前覆盖绝大多数灵长类动物支系的比较基因组学研究仍然存在相当大的缺口。吴东东表示，这些研究有望揭示人类特异表型变异和灵长类谱系间多样性阶梯式改变的演化规律，尤其是那些位于灵长类系统发育树基部的类群缺乏系统性的比较研究。

与此同时，随着研究的深入，研究团队意识到，传统的社会生态模型遇到了很大的瓶颈。吴东东举例说：我们很难解释，为什么生活在同一环境中的同域物种却表现出不同的社会系统结构。

尽管最新的研究发现，灵长类动物的社会演化受系统发育信号的影响，即遗传自一个共同祖先，并随着物种分化而逐步演化，这意味着动物社会系统的演化有遗传学基础，但是人们对灵长类社会系统多样性的基因组机制知之甚少。

为了填补上述研究缺口和开展灵长类动物多样性保护研究，昆明动物所牵头的灵长类基因组计划吸引了国内外多家研究单位加入。

吴东东介绍，研究团队新产生了来自11个科26个属27个灵长类物种的高质量参考基因组，同时整合另外已公布23个物种的参考基因组，开展了迄今为止规模最大、物种最全的灵长类比较基因组学研究。

研究团队做了什么?

吴东东首先介绍了发表于《科学》的旗舰论文《系统基因组学研究揭示灵长类演化》，研究团队利用系统基因组学方法，重构了灵长类动物基因组的演化历史，并确定系列与人类复杂表型和灵长类不同谱系表型多样性演化有关的关键候选基因和结构变异。

论文通讯作者之一、昆明动物所研究员张国捷告诉《中国科学报》：我们研究组装和释放的灵长类27个关键支系的高质量长读长三代参考基因组，对未来生物医学研究和灵长类动物遗传资源的开发、利用和保护具有十分重要的意义。

为探索灵长类社会系统多样性的基因组机制，吴东东与西北大学教授齐晓光、李保国及澳大利亚西澳大学教授Cyril C. Grueter组成一个联合研究团队，以亚洲叶猴为研究模型，从行为、生态、遗传等多个维度，全面解析亚洲叶猴重层社会的起源、演化和形成机制，为灵长类社会演化提供了重要的研究范式。相关研究成果发表于《科学》。

---

两个物种之间杂交，在不改变染色体倍性的情况下可以形成第三个物种，即杂交成种，这在低等动物和植物中很常见。但已有的研究发现，杂交成种方式在哺乳动物类群里面并不多见，更别说和人类亲缘关系最近的非人灵长类动物了。

吴东东、张国捷及昆明动物所研究员郑永唐等人在研究过程中发现了一个有趣的现象：杂交重组使得食蟹猴种组(恒河猴、食蟹猴、台湾猕猴和日本猕猴)产生了新的生殖性状，如生殖器形态、性皮特征等刚好介于两个亲本之间，并且在遗传上，与生殖相关的基因有明显的重组痕迹且受到正向选择作用。

我们首次在猕猴类群中发现杂交成种事件，这项研究成果发表于《科学进展》。张国捷说。

事实上，在灵长类演化历史进程中，杂交成种事件不止一次发生。吴东东团队与云南大学研究员于黎团队等合作在《科学》上报道了灵长类的另一个类群——仰鼻猴属，也存在古老的杂交成种事件，即黔金丝猴是由川金丝猴与怒江金丝猴的祖先杂交而来，而川金丝猴本身也是一个杂交物种。

这些成果有何意义？

谈及这些成果的意义，吴东东表示，这些研究从不同的视角和领域揭示了灵长类动物的演化历史和规律，它们对灵长类动物资源的合理开发、利用和整合以及物种多样性保护和生命医学研究具有重要意义。

之所以能成为牵头单位，主要是昆明动物所提供的基因组数据可以作为基础参考数据，在相关研究中扮演关键性角色。吴东东认为，这些数据推动了灵长类动物的基因组多样性研究、人类和非人灵长类遗传变异谱构建、灵长类动物不完全谱系分选动态图谱的构建和解析。

虽然我们有数据，但数据里有用的信息需要深入挖掘和分析，这就需要大量的算力，我们为此调用了全国多个超算资源。吴东东透露，目前的研究仅涵盖了10%的灵长类物种，物种的样品来源仍然面临很大挑战，因为这些物种分布在全球各地。

张国捷告诉《中国科学报》，目前在国际上，美国、英国、德国、澳大利亚等国家都有国家层面组织运作的各种大型基因组学计划。在不久前，《科学》就以研究专刊的形式，发表了由美国麻省理工学院、哈佛大学等机构牵头的哺乳动物基因组计划的多篇论文，他们研究分析了迄今为止最大的240种哺乳动物基因序列。

欧美国家之所以把生物基因组信息作为重要的国家战略资源，是因为与其他物种的比较是了解人类独特性的重要路径。从生命演化过程的全貌出发，以演化生物学的视野来看待人类的过去，才能更好地了解人类现在和未来的发展趋势。张国捷解释说。

灵长类基因组计划的相关研究还在进行，吴东东、张国捷等人希望，未来有更多国内外研究单位和团队加入其中，共享资源、互惠共赢。(来源：中国科学报 沈春蕾 胡珉琦)

相关论文信息：<https://www.science.org/doi/10.1126/science.abn6919>

作者：吴东东等 来源：《科学》

---

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发