
研究揭示长臂猿物种系统演化关系、濒危历史与长臂之谜

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36613.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！

长臂猿是与人类亲缘关系较近的小型猿类，以其独特的“臂行”运动方式、复杂的鸣唱行为、独特的配偶制以及严峻的濒危现状受到广泛关注。然而，由于样本获取困难及其快速的演化辐射历史，长臂猿的系统发育关系长期存在争议，许多关键的演化问题悬而未决。

中国科学院昆明动物研究所、古脊椎动物与古人类研究所等，利用先进的基因组学技术，构建了迄今最全面的长臂猿基因组数据集，覆盖了18个现存长臂猿物种，并成功获取了包括已灭绝的“君子长臂猿”在内的3个古代样本的线粒体基因组。

团队通过创新的全基因组比对和溯祖分析方法，克服了由“不完全谱系分选”（ILS）导致的遗传信号冲突，首次以确凿的基因组证据揭示了长臂猿科下四大属的演化关系——长臂猿属是最早分化出来的分支；随后分化出冠长臂猿属；最后是关系最近的合趾猿属和白眉长臂猿属。这一发现解决了长臂猿属级分类的百年难题，为理解其快速辐射演化提供了关键框架。研究从基因组角度进一步夯实了天行长臂猿作为一个独立物种的分类学地位。通过对从秦始皇祖母墓中发现的“君子长臂猿”的古DNA分析，团队证实该物种应归属于冠长臂猿属，而非一个独立的属。这一发现不仅修正了对古代物种的分类认知，也为科学家理解长臂猿在历史时期的物种多样性和地理分布提供了重要线索。

研究发现，在晚更新世时期（约10万年—20万年前），大多数长臂猿物种都经历了一次严重的种群瓶颈期，随后在约7万年前出现同步的种群恢复。这一动态与全球气候变化和海平面波动高度吻合，表明历史上气候变化是驱动长臂猿种群兴衰的关键因素。此外，基因组分析显示，现存的白眉长臂猿属物种普遍具有极低的遗传多样性和高水平的近交。这些遗传学指标为评估长臂猿物种的濒危等级和制定保护策略提供了科学数据。

团队通过多物种比较基因组学分析，在长臂猿 *Sonic Hedgehog*（*SHH*）基因的关键调控区内，识别出一个特异性缺失

片段。

为验证其缺失的功能，团队构建了携带此结构变异的转基因小鼠模型。实验结果显示，与野生型小鼠相比，携带长臂猿特有基因缺失的“敲入”小鼠四肢骨骼表现出显著的相对增长。实验表明，该结构变异可能在长臂猿四肢伸长演化过程中发挥了关键作用，为理解形态演化的遗传机制提供了重要案例。

相关研究成果以 *Genome sequences of extant and extinct gibbons reveal their phylogeny, demographic history, and conservation*

status为题，发表在《细胞》（*Cell*）上。研究工作得

到了科学技术部、中国科学院、国家自然科学基金委员会、云南省科技厅等的支持。

[论文链接](#)

研究揭示长臂猿物种系统演化关系、濒危历史与长臂之谜

研究团队单位：昆明动物研究所

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](https://www.iikx.com)转发