

猴科动物比较基因组学的研究进展

杨晓兰^{1,2}, 李志强³, 袁杰³, 赵斌³, 曾伟², 冯鹏⁴, 王璐^{4*}, 夏中林^{1,2*}

¹四川峨眉山森林生态系统定位观测研究站, 四川 峨眉山

²峨眉山世界文化和自然遗产研究院, 四川 峨眉山

³峨眉山林业所, 四川 峨眉山

⁴乐山师范学院生命科学学院, 西南山地濒危鸟类保护四川省高等学校重点实验室, 四川 乐山

收稿日期: 2025年11月10日; 录用日期: 2025年12月3日; 发布日期: 2025年12月11日

摘要

非人灵长类猴科动物作为生物医学研究的关键模型和人类演化的近缘类群, 其比较基因组学研究对于揭示复杂性状的遗传基础与演化机制具有重要意义。本文综述了猴科动物(包括猴亚科与疣猴亚科)比较基因组学的研究进展。在猴亚科中, 研究围绕基因组测序技术的迭代、物种形成过程中的基因流与杂交历史、适应性进化的遗传机制以及对免疫缺陷病毒(SIV)的天然抵抗性等方面展开; 在疣猴亚科中, 基因组学分析则成功揭示了其在食叶性、生境适应、复杂社会结构形成以及进化历史等方面的分子调控网络。未来研究需在拓展基因组数据广度与深度、加强功能验证、整合多维数据以及深化生物医学应用等方面持续探索。本文旨在为该领域的未来研究方向提供理论参考。

关键词

猴科, 比较基因组学, 适应性进化, 物种形成, 生物医学模型

Research Advances in Comparative Genomics of Cercopithecidae Animals

Xiaolan Yang^{1,2}, Zhiqiang Li³, Jie Yuan³, Bin Zhao³, Wei Zeng², Peng Feng⁴, Lu Wang^{4*}, Zhonglin Xia^{1,2*}

¹Sichuan Mt. Emei Forest Ecosystem National Observation and Research Station, Mount Emei Sichuan

²Institute of Mount Emei World Cultural and Natural Heritage, Mount Emei Sichuan

³Emeishan Forestry Institute, Mount Emei Sichuan

⁴Key Laboratory of Sichuan Institute for Protecting Endangered Birds in the Southwest Mountains, College of Life Sciences, Leshan Normal University, Leshan Sichuan

Received: November 10, 2025; accepted: December 3, 2025; published: December 11, 2025

*通讯作者。

文章引用: 杨晓兰, 李志强, 袁杰, 赵斌, 曾伟, 冯鹏, 王璐, 夏中林. 猴科动物比较基因组学的研究进展[J]. 生物过程, 2025, 15(4): 300-306. DOI: 10.12677/bp.2025.154038

Abstract

As key models in biomedical research and close relatives of humans in evolution, non-human primates of the Cercopithecidae family are of great significance for uncovering the genetic basis and evolutionary mechanisms of complex traits through comparative genomics. This review summarizes the research progress in comparative genomics of Cercopithecidae animals, including the Cercopithecinae and Colobinae. In Cercopithecinae, studies have focused on the iteration of genome sequencing technologies, gene flow and hybridization during speciation, genetic mechanisms of adaptive evolution, and natural resistance to Simian Immunodeficiency Virus (SIV). In Colobinae, genomic analyses have successfully revealed molecular regulatory networks underlying their folivory, habitat adaptation, formation of complex social structures, and evolutionary history. Future research should continue to explore the expansion of genomic data in breadth and depth, enhance functional validation, integrate multi-dimensional data, and deepen biomedical applications. This review aims to provide theoretical guidance for future research directions in this field.

Keywords

Cercopithecidae, Comparative Genomics, Adaptive Evolution, Speciation, Biomedical Model

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 前言

灵长类是动物界中最高等的类群，具备发达的大脑、较强的认知能力以及高度的环境适应性[1]。猴科(Cercopithecidae)，即旧大陆猴(The Old World Monkey)在分类上隶属于灵长目、简鼻亚目(Haplorhini)、狭鼻小目(Catarrhini)，包含猴亚科(Cercopithecinae)与疣猴亚科(Colobinae) [1] [2]。该类群物种多样性高、地理分布广泛、生态适应类型多样，因而成为灵长类基因组学研究的重要对象[3]。随着基因组测序与拼接技术的快速发展以及测序成本的显著降低，已有越来越多的猴科物种基因组完成组装。因此，本文围绕猴科比较基因组学的研究进展进行综述，以促进该领域研究的深入发展。本文将分别对基因组和基因组学、猴亚科与疣猴亚科比较基因组学研究现状进行阐述。

2. 基因组和基因组学简介

基因组是指生物体所携带的全部遗传信息的总和，通常指单倍体细胞中包含的全部 DNA 序列。因此，基因组序列中编码了维持生命活动、调控个体发育及决定生物学性状的关键信息，解读基因组序列对于揭示生命本质具有重要意义[4]。随着对基因组重要性认识的深入，美国科学家于 1986 年首次提出“基因组学”这一概念，定义为通过科学技术手段解析生物体全基因组序列，并挖掘其中所蕴含遗传信息的新兴学科[4] [5]。该学科依赖全基因组测序获取 DNA 序列数据，并借助生物信息学方法深入探索基因功能、解析遗传机制及其演化规律[6]-[8]。基因组学的诞生标志着生命科学研究在 20 世纪迎来又一次重大飞跃，极大推动了现代生物学的发展。自 1990 年人类基因组计划正式启动，至 2001 年首张高精度人类基因组图谱绘制完成，该学科逐步走向成熟[9]。此后，随着测序技术的持续革新，多种动植物的基因组序列也陆续被解析，相关显著推动了多学科的交叉发展[10]-[13]。

在非人灵长类基因组学研究进程中,黑猩猩(*Pan troglodytes*)作为首个完成全基因组测序的物种,标志着该领域的重要突破[14]。随后,恒河猴(*Macaca mulatta*)基因组的成功解析进一步丰富了相关数据资源[10]。随着更多非人灵长类基因组数据的积累,为实现基因组结构变异、灵长类系统发育关系重建、种群历史动态推演、适应性进化机制解析以及群体遗传多样性评估提供了坚实的数据基础[15]。在众多非人灵长类中,猴科动物相关研究多集中于基因组结构特征、独特性状的进化机制、适应性遗传基础以及生物医学模型开发等方向。

3. 猴亚科基因组研究进展

提升基因组质量是比较基因组学研究持续面临的关键挑战。恒河猴作为分布最广的非人灵长类模式生物,目前已发布多个基因组版本。2007年,首次对一只印度来源的恒河猴进行测序,完成了继人类和黑猩猩之后第三个灵长类基因组组装[10]。随后,中国恒河猴(*M. m. lasiota*)及食蟹猴(*M. fascicularis*)基因组进行了拼接[16]。2014年,基于Sanger与Illumina测序技术构建了新版恒河猴基因组,其质量和完整性较前两版均有提升[17]。尽管已有三个版本发布,这些基因组仍存在较多间隙、测序错误和组装偏差,可能影响后续分析的准确性[17]。因此,2020年利用先进测序技术获得了连续性与完整性更高的恒河猴基因组,并通过650万条转录本数据进行了系统注释,为该领域提供了更可靠的参考基因组,有力支撑了相关科学与医学研究[18]。未来需通过构建统一流程、生成泛基因组资源与开展深层次转录组、表观组辅助注释,以支持更精确的宏观比较研究。

从基因组层面探讨猴亚科物种形成与基因流动态已成为当前研究热点。Yan等(2011年)基于印度恒河猴、中国恒河猴和食蟹猴基因组,发现中国恒河猴与食蟹猴之间存在显著的基因流,其渗透区域主要源于近亲交流及雄性介导的基因流动[16]。2012年,Higashino等发表了马来西亚食蟹猴基因组,通过比较来自马来西亚与越南的食蟹猴以及印度与中国的恒河猴,发现印支半岛的食蟹猴受到更多来自恒河猴的基因渐渗[19]。Liu等(2018年)对中国五个猕猴亚种进行群体基因组学分析,推断亚种的分化时间约为125.8千~51.3千年前,并检测到近期基因流信号[3]。另有研究表明,食蟹猴种组为狮尾猴种组的祖先类群,其与斯里兰卡种组祖先杂交后形成了新的物种类群[20]。在狒狒属(*Papio*)物种中,通过对其六个现存物种进行测序与比较,发现南方物种(如黄狒狒 *P. cynocephalus* 与豚尾狒狒 *P. ursinus*)与北方物种(如阿拉伯狒狒 *P. hamadryas*、东非狒狒 *P. anubis* 和几内亚狒狒 *P. papio*)约在10万年前发生杂交,从而形成了金达狒狒(*P. kindae*) [21]。上述研究为理解非人灵长类的基因交流与物种形成机制提供了重要参考。现有研究普遍揭示猴亚科物种形成过程中存在复杂的基因流和杂交事件,但对基因流的方向性、生态机制及其进化后果的理解仍有限。因此,未来需采用更精细的模型整合解析进化历史以及进化历程中复杂表型的形成。

猴亚科的适应性进化机制亦为比较基因组学关注的重点。恒河猴的体型变化符合贝格曼定律,其中分布于中国最北部寒冷气候的华北亚种(*M. M. tcheliensis*)体型最大,而栖息于南方温暖地区的海南亚种(*M. M. breviceaudus*)体型最小[3]。基于五个猕猴亚种的重测序与群体基因组学分析显示,与骨骼发育相关的基因在不同亚种中受到强烈选择,可能驱动了亚种间体型差异的形成。此外,华北亚种中糖异生关键基因(如 *Fbp1*、*Fbp2*)表现出显著的选择信号,可能有助于该亚种在食物匮乏的寒冷环境中维持血糖稳定;而海南亚种中受选择基因则主要涉及心血管功能与温度刺激响应,可能与其热带气候适应有关[3]。虽然已有研究揭示了亚种间选择差异,但多数研究仍停留在“候选基因罗列”阶段,对基因调控网络、组织特异性表达、代谢性状量化等深入机制研究不足。未来需将基因组学、表型组学及生态监测结合,构建从基因变异到适应性表型的完整解析结果。

此外,猴亚科基因组研究也为复杂疾病的机制解析与治疗策略提供了新视角。部分猴亚科物种为免

免疫缺陷病毒(SIV)的天然宿主, 虽感染 SIV 却不发展为猴艾滋病, 例如非洲绿猴(*Chlorocebus aethiops sa-baeus*) [22]和白枕白眉猴(*Cercocebus atys*) [23]。高质量的非洲绿猴参考基因组分析, 发现其 MHC 位点具有高度多样性[22]。同时, 白枕白眉猴与恒河猴在 34 个免疫相关基因(包括与 HIV 感染相关的基因)上存在差异, 尤其白枕白眉猴中 ICAM-2 的特异性缺失及 TLR-4 羧基端结构变异, 可能与其避免艾滋病发病的机制密切相关[23]。这些研究从基因组层面揭示了天然抵抗艾滋病的遗传基础, 为人类艾滋病的防治提供了重要理论依据。尽管已有疾病机制相关基因被鉴定, 但仍缺少功能实验证据。许多遗传变异的分子作用尚未通过细胞模型、蛋白结构分析或动物实验进行验证, 这一问题仍需跨学科角度进行研究。

猴亚科基因组学研究在技术与理论层面均取得重要进展。高质量基因组的获得推动了对物种形成中基因流与杂交模式的解析, 深化了对灵长类辐射进化的理解。群体基因组学揭示了气候适应与形态分化的分子基础; 比较基因组分析则发现了与艾滋病抵抗相关的免疫基因变异。总体而言, 该领域已由序列获取迈向功能与机制解析阶段, 为灵长类进化与生物医学研究提供了关键支撑。然而, 多数研究仍缺乏机制上的深度、跨尺度整合不足、功能验证有限。未来若能实现高质量基因组的全面覆盖、整合多组学解析与实验验证, 猴亚科将成为揭示灵长类适应性演化与疾病机制的重要模式系统。

4. 疣猴亚科基因组研究进展

疣猴亚科(Colobinae)物种具有特化的食叶习性[24]和多样化的生态适应特征[2], 其适应性进化的遗传机制已成为基因组学研究的重要方向。2014 年, 基于 Illumina 平台对川金丝猴(*Rhinopithecus roxellana*)进行基因组测序, 并结合滇金丝猴(*R. bieti*)、黔金丝猴(*R. brelichi*)和怒江金丝猴(*R. strykeri*)的重测序数据, 发现川金丝猴通过基因复制与扩张来降解植物次生代谢产物毒性; 同时, 其受选择基因显著富集于脂肪酸代谢与能量代谢通路, 有助于在高海拔环境中通过前肠发酵高效产能, 从而揭示了食叶性适应的分子基础[24]。Yu 等(2016)整合比较基因组、群体基因组与转录组数据, 发现分布海拔最高的非人灵长类——滇金丝猴中显著扩张的基因家族主要富集于 DNA 修复与氧化磷酸化通路, 高表达基因则集中于能量代谢与心肌收缩相关通路, 提示其在低氧环境中具有增强的能量供应与心脏功能适应; 研究还鉴定出 6 个与肺功能、造血、DNA 修复及纤毛运动相关的高原适应关键基因(如 *ARMC2*、*NT5DC1* 等) [25]。同年, Zhou 等通过群体基因组分析进一步筛选出 19 个与极端环境适应相关的候选基因[26]。

随之, 染色体级别的川金丝猴基因组发表[27], 整合其与其它分布于亚洲的叶猴代表物种基因组数据, 发现与能量代谢、神经调控及激素信号(如多巴胺与催产素通路)相关的基因在重层社会物种中受到正选择, 这些遗传变异可能共同推动了复杂社会结构的形成[28]。乌叶猴属(*Trachypithecus*)起源于森林生境, 现生类群可分为四个群组, 其中石山叶猴群组(包括乌叶猴 *T. francoisi*、白头叶猴 *T. leucocephalus* 等)适应于喀斯特石山环境[29]。Liu 等通过比较基因组与群体基因组学分析, 发现该群组中与钙离子信号、催产素通路、循环系统及骨骼发育相关的基因受到正选择, 另有 8 个扩张基因家族与金属离子代谢相关, 体现了其对喀斯特地貌在生理与形态上的多维度适应[29]。此外, 研究还鉴定出 87 个与毛色形成相关的正选择基因, 其中包括黑色素通路关键基因 *EDNRB*, 从遗传层面解释了石山叶猴以黑色为主、局部具白/金黄色斑块的毛色特征[29]。

在系统发育与起源演化方面, 基因组数据为解析亚洲叶猴的辐射进化历程提供了新证据。该类群起源于中新世中期(约 10 百万~15 百万年前 Ma), 在 6~8 Ma 前后分化为经典叶猴与奇鼻猴两大支系, 并在扩散过程中经历了复杂的生态适应与气候事件[28]。Zhou 等明确了仰鼻猴属内北方类群(川、黔金丝猴)与喜马拉雅类群(滇、怒江金丝猴)的系统发育关系, 并提出青藏高原隆升与冰期气候波动可能是驱动其分化和基因流动态的关键因素[24]。种群历史分析显示, 川金丝猴曾经历两次扩张与两次瓶颈, 而其他三种金丝猴的种群规模则持续下降[24]。进一步研究揭示了川金丝猴不同地理种群(如神农架与秦岭-岷山-邛

峨山系种群)的演化历史存在明显差异[26]。此外,川金丝猴祖先曾广布于中国中西南山区,古气候变迁导致其种群隔离:约2.45万年前神农架种群最先分化,随后秦岭种群于约1.35万年前分离,扩散过程中伴随不平衡的基因流事件[30]。此外,研究还表明黔金丝猴的独特毛色为川、滇金丝猴毛色性状的嵌合表现,其物种形成可能与生殖隔离相关[31]。关于乌叶猴属,石山叶猴与森林叶猴约在2.90 Ma分化,石山叶猴内部在1.13 Ma进一步分化,黑叶猴与白头叶猴的分化时间约为0.35 Ma,其种群规模在冰期下降、间冰期回升,反映了气候波动对演化的持续影响[29]。

总体而言,疣猴亚科基因组研究已在多个方面形成初步共识:能量代谢优化被广泛认为是其高海拔适应的核心分子策略,基因复制与扩张在食叶性和矿物质环境适应中发挥关键作用,神经与激素通路的正选择为复杂社会结构的演化提供了潜在的分子基础,而青藏高原隆升及冰期气候波动则被普遍视为其系统分化与历史基因流的重要外部驱动力。然而,当前研究仍存在若干争议与知识缺口。首先,尽管许多与环境适应相关的候选基因已被鉴定,但其真正的生物学功能仍缺乏实验验证,使基因与表型之间的因果关系仍停留在推测层面。此外,尽管已有研究提示神经调控系统可能是复杂社会行为演化的关键,但相关基因的功能解释仍较为碎片化,尚未形成统一的理论框架。综上,未来需要在跨尺度整合、多组学验证和功能实验领域取得突破,以全面揭示疣猴亚科适应性演化的分子过程与生态背景。

5. 展望

尽管猴科动物比较基因组学研究已取得显著进展,为理解灵长类复杂性状的演化机制及其生物医学应用奠定了坚实基础,但该领域仍面临一系列挑战,并孕育着新的发展机遇。未来研究可从以下几个方向重点突破:(1) 拓展数据广度与深度的协同,未来需着力填补关键演化支系(如非洲的疣猴亚科物种)的基因组空白,构建更为系统全面的猴科基因组图谱;(2) 实现从“关联”到“因果”的功能验证,基因组扫描已鉴定了大量与适应性性状(如高原适应、疾病抵抗)相关的候选基因和变异,但其生物学功能及调控机制大多尚未明确。整合多组学数据,并利用类器官培养、基因编辑等前沿技术进行功能验证,将是揭示基因型与表型间因果关系的核心挑战与关键下一步;(3) 跨学科和多维数据的整合与机制,即未来的研究不应局限于基因组序列本身,而需将基因组信息与生态、环境、行为及生理数据深度整合。通过开发新的计算模型与方法,在宏观生态与微观分子尺度之间建立桥梁,从而更精确地解析自然选择、基因流等演化动力如何共同塑造了猴科动物丰富的多样性。总之,随着测序技术的持续革新、分析方法的日益完善以及多学科交叉的不断深入,猴科动物比较基因组学必将持续为我们揭示灵长类生命演化的奥秘,并为人类健康和生物多样性保护作出更为关键的贡献。

基金项目

感谢以下项目资助:大学生创新创业训练项目(202510649003);四川省自然科学基金青年科学基金项目(2024NSFSC1331);乐山市科学技术局项目(24YYJC0018);乐山师范学院西南山地濒危鸟类保护四川省高等学校重点实验室平台基金(203250087)。

参考文献

- [1] Martin, R.D. (2012) Primates. *Current Biology*, **22**, R785-R790. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2012.07.015>
- [2] Mittermeier, R.A., Rylands, A.B. and Wilson, D.E. (2013) Handbook of the Mammals of the World: 3. Primates. Lynx Edicions.
- [3] Liu, Z., Tan, X., Orozco-terWengel, P., Zhou, X., Zhang, L., Tian, S., *et al.* (2018) Population Genomics of Wild Chinese Rhesus Macaques Reveals a Dynamic Demographic History and Local Adaptation, with Implications for Biomedical Research. *GigaScience*, **7**, giy106. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy106>
- [4] 李伟, 印莉萍. 基因组学相关概念及其研究进展[J]. 生物学通报, 2000(11): 1-3.

- [5] 吴学军, 柴建华. 比较基因组学和人类基因组研究[J]. 生物工程进展, 2000(1): 57-59.
- [6] 杨晓玲, 施苏华, 唐恬. 新一代测序技术的发展及应用前景[J]. 生物技术通报, 2010(10): 76-81.
- [7] 田李, 张颖, 赵云峰. 新一代测序技术的发展和应用[J]. 生物技术通报, 2015, 31(11): 1-8.
- [8] 赵晋平, 徐平丽, 孟静静, 等. 从结构基因组学到功能基因组学[J]. 生命科学研究, 2006(S1): 57-61.
- [9] Watson, J.D. (1990) The Human Genome Project: Past, Present, and Future. *Science*, **248**, 44-49. <https://doi.org/10.1126/science.2181665>
- [10] Gibbs, R.A., Rogers, J., Katze, M.G., Bumgarner, R., Weinstock, G.M., Mardis, E.R., *et al.* (2007) Evolutionary and Biomedical Insights from the Rhesus Macaque Genome. *Science*, **316**, 222-234. <https://doi.org/10.1126/science.1139247>
- [11] Zhang, G., Li, C., Li, Q., Li, B., Larkin, D.M., Lee, C., *et al.* (2014) Comparative Genomics Reveals Insights into Avian Genome Evolution and Adaptation. *Science*, **346**, 1311-1320. <https://doi.org/10.1126/science.1251385>
- [12] Badouin, H., Gouzy, J., Grassa, C.J., Murat, F., Staton, S.E., Cottret, L., *et al.* (2017) The Sunflower Genome Provides Insights into Oil Metabolism, Flowering and Asterid Evolution. *Nature*, **546**, 148-152. <https://doi.org/10.1038/nature22380>
- [13] Wang, K., Wang, J., Zhu, C., Yang, L., Ren, Y., Ruan, J., *et al.* (2021) African Lungfish Genome Sheds Light on the Vertebrate Water-To-Land Transition. *Cell*, **184**, 1362-1376.e18. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.047>
- [14] The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005) Initial Sequence of the Chimpanzee Genome and Comparison with the Human Genome. *Nature*, **437**, 69-87. <https://doi.org/10.1038/nature04072>
- [15] Shao, Y., Zhou, L., Li, F., Zhao, L., Zhang, B., Shao, F., *et al.* (2023) Phylogenomic Analyses Provide Insights into Primate Evolution. *Science*, **380**, 913-924. <https://doi.org/10.1126/science.abn6919>
- [16] Yan, G., Zhang, G., Fang, X., Zhang, Y., Li, C., Ling, F., *et al.* (2011) Genome Sequencing and Comparison of Two Non-human Primate Animal Models, the Cynomolgus and Chinese Rhesus Macaques. *Nature Biotechnology*, **29**, 1019-1023. <https://doi.org/10.1038/nbt.1992>
- [17] Zimin, A.V., Cornish, A.S., Maudhoo, M.D., Gibbs, R.M., Zhang, X., Pandey, S., *et al.* (2014) A New Rhesus Macaque Assembly and Annotation for Next-Generation Sequencing Analyses. *Biology Direct*, **9**, Article No. 20. <https://doi.org/10.1186/1745-6150-9-20>
- [18] He, Y., Luo, X., Zhou, B., Hu, T., Meng, X., Audano, P.A., *et al.* (2019) Long-Read Assembly of the Chinese Rhesus Macaque Genome and Identification of Ape-Specific Structural Variants. *Nature Communications*, **10**, Article No. 4233. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-12174-w>
- [19] Higashino, A., Sakate, R., Kameoka, Y., Takahashi, I., Hirata, M., Tanuma, R., *et al.* (2012) Whole-genome Sequencing and Analysis of the Malaysian Cynomolgus Macaque (*Macaca fascicularis*) Genome. *Genome Biology*, **13**, Article No. R58. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-7-r58>
- [20] Zhang, B., Chen, W., Wang, Z., Pang, W., Luo, M., Wang, S., *et al.* (2023) Comparative Genomics Reveals the Hybrid Origin of a Macaque Group. *Science Advances*, **9**, eadd3580. <https://doi.org/10.1126/sciadv.add3580>
- [21] Rogers, J., Raveendran, M., Harris, R.A., Mailund, T., Leppälä, K., Athanasiadis, G., *et al.* (2019) The Comparative Genomics and Complex Population History of *Papio* baboons. *Science Advances*, **5**, eaau6947. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aau6947>
- [22] Warren, W.C., Jasinska, A.J., García-Pérez, R., Svardal, H., Tomlinson, C., Rocchi, M., *et al.* (2015) The Genome of the Vervet (*Chlorocebus aethiops sabaeus*). *Genome Research*, **25**, 1921-1933. <https://doi.org/10.1101/gr.192922.115>
- [23] Palesch, D., Bosinger, S.E., Tharp, G.K., Vanderford, T.H., Paiardini, M., Chahrouti, A., *et al.* (2018) Sooty Mangabey Genome Sequence Provides Insight into AIDS Resistance in a Natural SIV Host. *Nature*, **553**, 77-81. <https://doi.org/10.1038/nature25140>
- [24] Zhou, X., Wang, B., Pan, Q., Zhang, J., Kumar, S., Sun, X., *et al.* (2014) Whole-Genome Sequencing of the Snub-Nosed Monkey Provides Insights into Folivory and Evolutionary History. *Nature Genetics*, **46**, 1303-1310. <https://doi.org/10.1038/ng.3137>
- [25] Yu, L., Wang, G., Ruan, J., Chen, Y., Yang, C., Cao, X., *et al.* (2016) Genomic Analysis of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) Identifies Genes and Processes Related to High-Altitude Adaptation. *Nature Genetics*, **48**, 947-952. <https://doi.org/10.1038/ng.3615>
- [26] Zhou, X., Meng, X., Liu, Z., Chang, J., Wang, B., Li, M., *et al.* (2016) Population Genomics Reveals Low Genetic Diversity and Adaptation to Hypoxia in Snub-Nosed Monkeys. *Molecular Biology and Evolution*, **33**, 2670-2681. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw150>
- [27] Wang, L., Wu, J., Liu, X., Di, D., Liang, Y., Feng, Y., *et al.* (2019) A High-Quality Genome Assembly for the Endangered Golden Snub-Nosed Monkey (*Rhinopithecus roxellana*). *GigaScience*, **8**, giz098. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giz098>

-
- [28] Qi, X., Wu, J., Zhao, L., Wang, L., Guang, X., Garber, P.A., *et al.* (2023) Adaptations to a Cold Climate Promoted Social Evolution in Asian Colobine Primates. *Science*, **380**, eabl8621. <https://doi.org/10.1126/science.abl8621>
 - [29] Liu, Z., Zhang, L., Yan, Z., Ren, Z., Han, F., Tan, X., *et al.* (2019) Genomic Mechanisms of Physiological and Morphological Adaptations of Limestone Langurs to Karst Habitats. *Molecular Biology and Evolution*, **37**, 952-968. <https://doi.org/10.1093/molbev/msz301>
 - [30] Kuang, W., Ming, C., Li, H., Wu, H., Frantz, L., Roos, C., *et al.* (2018) The Origin and Population History of the Endangered Golden Snub-Nosed Monkey (*Rhinopithecus roxellana*). *Molecular Biology and Evolution*, **36**, 487-499. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy220>
 - [31] Wu, H., Wang, Z., Zhang, Y., Frantz, L., Roos, C., Irwin, D.M., *et al.* (2023) Hybrid Origin of a Primate, the Gray Snub-Nosed Monkey. *Science*, **380**, eabl4997. <https://doi.org/10.1126/science.abl4997>