**关于浙江大学与云南大学共同申报2023年度教育部“中国高等学校十大科技进展”的公示材料**

项目名称：灵长类基因组破译关键演化谜题、助力人类重大疾病研究

项目简介：

 非人灵长类是生物多样性保护的旗舰，洞悉人类演化历史的关键，连接基础研究与临床研究的桥梁。由来自云南大学、浙江大学、西北大学、四川大学及中国科学院昆明动物研究所等多家单位的科学家发起的灵长类基因组国际大科学计划，通过多学科交叉，解码了灵长类基因天书并破译生命演化谜题。通过本项目，已取得如下重要研究成果和突破：1）重建了灵长类生命之树，揭示不完全谱系分选广泛伴随灵长类演化历史，发现灵长类杂交成种新案例；2）解析了灵长类大脑、社会系统、免疫和行为等复杂性状的演化遗传基础，书写物种演化机制新认识，并为相关疾病机制研究提供新思路；该项目所产出的研究成果中有4篇在Science杂志以长文形式发表，并被选为当期封面。研究成果被*Science*、*Nature*等亮点点评，是灵长类学研究领域的一次重大突破，标志着我国灵长类学研究步入世界领先行列，铸就国家生物资源战略发展新优势。

 本年度“中国高等学校十大科技进展”由云南大学牵头，浙江大学、西北大学、四川大学及中国科学院昆明动物研究所4家单位作为参与单位共同进行申报。关于成果归属、主要完成人与参与人的排列顺序如下：

主要完成人及申报单位：

排名：1 姓名：于黎 技术职称：高校教授

工作单位：云南大学 完成单位：云南大学

主要贡献：在灵长类金丝猴类群中发现自然界中哺乳动物杂交成种的新案例。研究报道了通过种间杂交产生黔金丝猴新物种及其独特镶嵌式的毛色性状，提出种间杂交是哺乳动物物种形成和表型多样化的重要机制之一（代表性论文1）。

参与人及参与单位

排名：2 姓名：张国捷 技术职称：高校教授 工作单位：浙江大学

主要贡献：揭示六千多万年以来灵长类物种分化历程以及不完全谱系分选现象对物种分化和功能表型的深远影响，解析基因组结构演变模式对灵长类性别分化及其他生理性状演化的影响，提出基因组部分功能区域的加速突变累积是灵长类表型多样性的重要机制（代表性论文2、4、5）。

排名：3 姓名：齐晓光 技术职称：高校教授 工作单位：西北大学

主要贡献：解析社会系统这一复杂行为性状演化的遗传基础，提出了寒冷通过强化多巴胺、催产素等通路，增加了个友好行为以及容忍度，促进了单家庭群向重层社会的聚集，建立的“行为-生态-基因组”框架，为理解灵长类社会行为演化提供了新范式（代表性论文3、4）。

排名：4 姓名：李保国 技术职称：高校教授 工作单位：西北大学

主要贡献：作为长期从事灵长类动物研究的专家，在本项目中参与项目的整体设计，并对灵长类动物的表型、行为等生物学问题进行解读,促进人们对于灵长类社会系统进化的理解（代表性论文3）。

排名：5 姓名：刘建全 技术职称：高校教授 工作单位：四川大学

主要贡献：作为长期从事物种形成演化过程和分子机制的专家，在本项目中参与金丝猴与猕猴等灵长类动物类群中杂交物种形成演化机制的科学问题提出、数据分析方法的制定，促进人们关于杂交物种形成机制对生物多样性塑造作用的理解和认识（代表性论文1）。

排名：6 姓名：吴东东 技术职称：研究所研究员 工作单位：中国科学院昆明动物研究所

主要贡献：厘清了灵长类动物的系统发育关系，解析了灵长类大脑及社会系统等诸多复杂性状的遗传基础，破译灵长类抑制人类艾滋病毒感染的机制并提出新的潜在治疗靶点（代表性论文3、4、5、6）。

主要完成人及参与人代表性研究成果/论文：

1. H. Wu et al., Hybrid origin of a primate, the gray snub-nosed monkey. Science 380, eabl4997 (2023).
2. I. Rivas-González et al., Pervasive incomplete lineage sorting illuminates speciation and selection in primates. Science 380, eabn4409 (2023).
3. X. G. Qi et al., Adaptations to a cold climate promoted social evolution in Asian colobine primates. Science 380, eabl8621 (2023).
4. Y. Shao et al., Phylogenomic analyses provide insights into primate evolution. Science 380, 913-924 (2023).
5. B. L. Zhang et al., Comparative genomics reveals the hybrid origin of a macaque group. Science Advances 9, eadd3580 (2023).
6. W. Pang et al., Genomic Evidence for the Nonpathogenic State in HIV-1-Infected Northern Pig-Tailed Macaques. Molecular biology and evolution 40, (2023).