

台北市立動物園長臂猿種緣關係之基因分析

胡光宇* 林念修* 楊翕雯**

摘要

為了確認台北市立動物園內長臂猿的種別，本研究將長臂猿毛囊細胞內粒線體中細胞色素 b (cytochrome b) 的 252 鹼基以及第 4 組和第 5 組 NADH 脫氫酵素 (NADH dehydrogenase complex) 基因的 896 鹼基片段進行聚合酵素連鎖反應後直接定序。根據基因分類的結果顯示，可以鑑別動物園所飼養之長臂猿有 *H. leucogenys* (中國白頰長臂猿) 一頭，*H. gabriellae* (金頰長臂猿) 二頭，*H. muelleri* (灰長臂猿) 四頭，*H. agilis* (黑手長臂猿) 四頭，*H. lar* (白手長臂猿) 十七頭，*H. syndactylus* (大長臂猿) 一頭，及一頭疑為雜交種之 *H. klossii* (小長臂猿)。園外所取得 3 隻長臂猿分別為 *H. muelleri* 一頭和 *H. leucogenys* 二頭。依據此研究之結果與外觀分類結果比對，除了名叫春花 (G2) 的長臂猿外，其餘基因分類結果及外觀分類結果一致，並確認出外觀分類無法確定種別的幾隻長臂猿，包括 G11、G13、G15、G16、G18 及 G25 等。綜合基因與外觀分類所得的結果，顯示動物園的圈養記錄有 9 隻長臂猿的種別需要修正，此一研究結果將有助於動物園長臂猿物種繁殖計畫之執行。

關鍵字：長臂猿、粒線體 DNA、聚合酵素連鎖反應、定序、種源關係

前言

長臂猿為熱帶亞洲特有之靈長類，依其染色體數可分為四個亞屬 *Bunopithecus* ($2n=38$)、*Hylobates* ($2n=44$)、*Nomascus* ($2n=52$)、和 *Symphalangus* ($2n=50$)，以及九個種別 (Haimoff *et al.*, 1982；Couturier and Lernould, 1991; Nowak, 1991; Garza and Woodruff, 1992)。但依據 1992 年 Garza 和 Woodruff 所探討之長臂猿基因分析結果 (Garza and Woodruff, 1992)，顯示九個種別中，屬黑長臂猿 (*Nomascus*) 亞屬之黑長臂猿種 (*H. concolor*) 中的中國白頰長臂猿 (*H. c. leucogenys*) 與金頰長臂猿 (*H. c. gabriellae*) 兩個亞種，存在豐富的遺傳多樣性，有必要再重新建立種級 (species) 及亞種級 (subspecies) 的分類和遺傳分化關係。

因此依照分布區域、外觀判定及聲音頻率等鑑別，目前可將長臂猿之種別分為如表

一所示之十一種 (Geissmann, 1995；Rowe, 1996；宿等 1997)。

台北市立動物園於 1993 年 3 月 29 日召開「台北市立動物園物種存活計畫執行報告與討論會」，會中確認長臂猿為焦點保育動物之一 (陳, 1993)，並於 1995 年擬出「台北市立動物園長臂猿物種保育計畫」 (陳, 1995)，且於該年 5 月 27 日邀請 G. Agoramoorthy 博士演講「台灣地區長臂猿的保育及圈養管理」 (Agoramoorthy, 1995)，由於用外觀來分類，可能會因長臂猿在成長過程中毛髮顏色改變而無法準確的判定種別，而基因分類可以提供較客觀的判斷依據，為了確認園內長臂猿種別以便分區圈養繁殖，故而本研究的主要目的係利用基因的遺傳工程技術來確定動物園內 30 隻長臂猿的種緣關係，以提供動物園在分類及繁殖上的參考資料，必免因弄錯分類而繁殖出雜交種。

* 國防醫學院生物化學研究所

** 台北市立動物園

Phylogenetic analysis of gibbons at Taipei Zoo

Kuang — Yu Hu*, Nien — Hsiu Lin*, and Ci Wen Yang**

Abstract

To identify the species of gibbons at the Taipei Zoo, mitochondrial DNAs from their hair follicle samples were isolated and subjected to polymerase chain reaction (PCR) —sequencing. DNA sequences for both the 252-base-pair (bp) segment of the cytochrome b gene and the 896-bp fragment of ND4 and ND5 (NADH Dehydrogenase complex) genes were successfully determined and used to construct phylogenetic trees. Preliminary genetic data indicate that 30 gibbons at the Taipei Zoo are 1 *H. leucogenys*, 2 *H. gabriellae*, 4 *H. muelleri*, 4 *H. agilis*, 17 *H. lar*, 1 *H. syndactylus*, and one suspected hybrid of *H. klossii*.

In addition, 3 living specimens outside the Taipei Zoo are 1 *H. muelleri* and 2 *H. leucogenys*. Except for the gibbon G2, the molecular analysis is consistent with morphological analysis. Moreover, for gibbons G11, G13, G15, G16, G18, and G25, which were doubtfully identified by morphological analysis, molecular analysis provides a method of choice for classification. Those findings indicate that 9 of the gibbons housed at the Taipei Zoo were incorrectly identified. The result derived from this study will be essential to the success of the Taipei Zoo Gibbon Conservation Project.

Key words: gibbons, mitochondrial DNA, polymerase chain reaction, sequencing, and phylogeny.

*Department of Biochemistry, National Defense Medical Center, Taipei, Taiwan.

**Taipei Zoo, Taipei, Taiwan, R.O.C.