

긴팔원숭이의 분포와 계통분류

허재원 · 김희수*

부산대학교 생명과학부

Distribution and Phylogeny of the Gibbon

Jae-Won Huh and Heui-Soo Kim*

Division of Biological Sciences, College of Natural Sciences, Pusan National University, Pusan 609-735, Korea

Abstract

Gibbons are called lesser apes and classified hominoidea, catarrhini, anthropoidea, primates. They are successfully speciated with 12 species, 4 genera, in tropical forest of Southeast Asia. Ten species among them are endangered. Compared to other primates, gibbons are highly endangered. However, we do not know exact geographical distributions of gibbons and their subspecies numbers. Therefore further investigations are needed for lesser apes. It is of great important to know exact phylogenetic relationships with the information of distribution and identification of gibbon species in order to understand speciation and conservation of gibbons.

Key words – evolution, gibbon, phylogeny, primates

서 론

긴팔원숭이는 4속 12종으로 구성되어 있는데 각각 염색체의 수가 다양하다 (Table 1). 이러한 4속의 분류는 불과 2년 전에 제안되어 현재는 일반화되어 널리 이용하고 있다. 긴팔원숭이는 동남 아시아 지역의 열대 우림 지역에 분포 하고 있으며, 고대에는 (신생대 3기, 마이오세, 올리고세) 아프리카, 유럽 그리고 아시아의 중국 북부에 까지 광범위하게 분포를 했다[1,5,9,11,18,21]. 이들의 서식지인 열대 우림은 벌채와 사람의 침입으로 인해서 파괴되어서 서식처가 구역화, 분절화 되어 있고, 특이하게 이들의 서식 지역은 강이라든지, 산맥 등으로 인한 지리적 격리가 심하

여 작은 그룹을 이루어 살고 있다. 즉 자유로운 이동이 어려워지고, 곁에 있는 다른 무리들과의 만남이 힘들어 졌다. 그로 인해서 더욱더 유전자 급원이 줄어들어서 대부분의 종이 자신들의 작은 서식처에 밀집되어 분포 하게 되었다. 이렇게 줄어든 서식처와 지리적인 격리로 인한 집단의 크기의 감소로 인해 생기는 유전적 부동 현상으로 설명 가능한 종 분화 및 특수한 자연적 환경으로 인해 생기는 서식처의 겹침에 의한 잡종생성지역에 대한 연구가 진행되었다 [17,21].

긴팔원숭이의 폐밀리는 나무열매와 잎이 주식이며, 곤충이나 새의 알 등도 먹는 것으로 알려져 있다. 잎을 먹는 비율은 종마다 틀리며 이것은 그 서식처의 과일이나 나무열매의 풍족함과 부족함에 따른 적응의 결과이다. 과일은 주로 잘 익은 것을 먹는다. 이들은 수상생활을 하며 나무 사이를 그네를 타듯이 교대로 손을 뻗쳐서 이동한다[3]. 하지

*To whom all correspondence should be addressed
Tel : 82-51-581-2962, Fax : 82-51-510-2259
E-mail : khs307@pusan.ac.kr

Table 1. Gibbon species and chromosome numbers

Genus	Chromosome number	Scientific name	Common name
<i>Hylobates</i>	<i>Lar</i> group (44:chromosome numbers)	<i>H. agilis</i>	Agile gibbon
		<i>H. klossii</i>	Kloss's gibbon
		<i>H. lar</i>	White-handed gibbon
		<i>H. moloch</i>	Silvery gibbon, Javan
		<i>H. muelleri</i>	Muller's gibbon, Gray or Bornean gibbon
		<i>H. pileatus</i>	Pileated gibbon
<i>Bunopithecus</i>	(38)	<i>B. hoolock</i>	Hoolock
<i>Nomascus</i>	Crested gibbons, <i>concolor</i> group (52)	<i>N. concolor</i>	Western black crested gibbon
		<i>N. sp. cf. nasutus</i>	Eastern black crested gibbon
		<i>N. gabriellae</i>	Yellow-cheeked crested gibbon
		<i>N. leucogenys</i>	White-cheeked crested gibbon
<i>Symphalangus</i>	(50)	<i>S. syndactylus</i>	Siamang

만 지상에서 이동 시에 두발로 뛰어서 이동하기도 한다. 사회체제를 가지고 있으며, 자신의 영역을 가지며 노래를 부르으로써 자신의 영역을 지키는 것으로 알려져 있다[16]. 새끼는 주로 한 마리를 낳으며, 자녀의 양육은 암컷과 수컷이 역할을 분담해서 하는 것으로 알려져 있다. 대부분의 종의 크기는 45-70cm이고 몸무게는 4-15kg으로 다양하다 [3,4].

긴팔원숭이 패밀리는 고등영장류에 속하면서 다양한 종으로 짧은 기간 내에 분화되어 동남아시아 일대에 서식하고 있다. 따라서 종분화, 계통분류 및 진화학적 연구에 대단히 흥미있는 종들이다. 따라서, 본 논문에서는 이들이 서식하는 위치, 계통적인 유연관계 (고전적 및 분자생물학적) 및 향후 연구 방향에 대하여 종합적으로 정리하고자 한다.

긴팔원숭이의 지리적 분포

*Hylobates agilis*는 Fig. 1에서 보여주듯이 3아종이 수마트라 섬과 말레이 반도 보르네오 섬에 서식하며 털 색깔의 변이가 많은 종이다. *H. klossii*는 다른 이름으로는 mentawai gibbon으로 주로 멘타웨이 섬에서 서식하는 종이며 대부분의 털의 색깔이 검은 것이 특징이다. 과거에는 이종이 lar group의 줄기에서 가장 먼저 분기되어 나온 종으로 생각 되었다[1,2,10,13]. *H. lar*는 가장 흔한 긴팔원숭이로서 흰손기본이라고 불린다. 5아종이 있으며 말레이 반도, 태

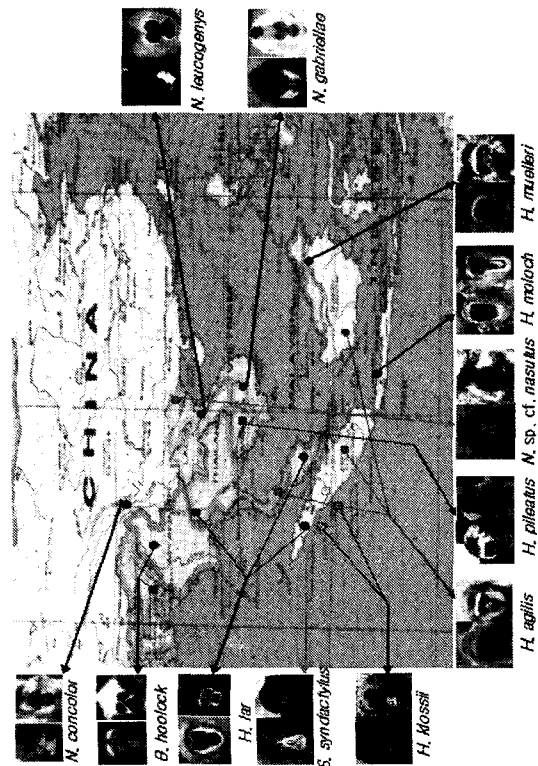


Fig. 1. Distribution of gibbon species

국, 버마, 라오스, 수마트라북부, 중국 윈난 북서쪽 등 아주 넓은 곳에서 광범위하게 서식하고 있다. *H. moloch*은 은빛 색깔의 털을 가진 긴팔원숭이 인데 2아종이 알려져 있으며 인도네시아의 자바에 한정되어 서식하고 있다. *H. muelleri*

는 보르네오 긴팔원숭이라고도 불리우며 3아종이 보르네오 지방에 분포 하는 것으로 알려져 있다. *H. pileatus*는 깃이 있는 긴팔원숭이로써 마치 사람이 깃을 쓴 것처럼 머리털이 나 있는데 타이나 캄보디아 서부 지역에 서식한다. 이상의 6종이 *Hylobates*의 속에 속한 종이며 다른 이름으로는 lar group이라고 불리는 종이다. 이상의 종들이 긴팔원숭이의 줄기에서 가장 최근에 분화한 종으로 알려져 있다.

*B. hoolock*은 흰색 눈썹 긴팔원숭이로써 2아종이 버마와 방글라데시, 중국 윈난 서부 지역에 서식하고 있다. *N. concolor*와 *N. sp. Cf. nasutus*는 머리 위의 털이 바짝 서 있어서 긴 깃을 형성하고 있는 긴팔원숭이 인데 각각 4아종과 2아종이 있다고 알려져 있으나 확인 되지는 않았다. 주로 베트남과 레드강, 살윈강, 메콩강 주변 그리고 하이난섬에 서식하고 있다. *N. lucogenys* 와 *N. gabriellae*는 뺨에 특이한 색을 가진 털을 가지고 있으며 머리 위에 깃이 있는 긴팔원숭이로써 *N. leucogenys*는 2아종을 가졌고, 라오스, 베트남, 캄보디아, 남부 윈난지방에 주로 서식하고 있다. 이 4종은 concolor group으로 불리는 종이며 다른 이름으로는 crest gibbon 이라고도 불린다. 긴팔원숭이 중 가장 덩치가 크고 큰 인후낭을 가진 *S. syndactylus*로써 siamang으로 불리는데 수마트라 섬과 말레이 반도에 서식하며 2아종이 있다고 알려져 있으나 확실치는 않다[3]. 이 siamang과 concolor group이 긴팔원숭이의 계통 관계에 있어서 가장 먼저 분기된 종으로 보고 있으나 그 순서는 확실히 알

려져 있지 않다. 이렇듯 긴팔원숭이는 4속 12종이며 약 30여 아종이 알려져 있으나 아직 정확한 분포지나 정확한 종의 실태 파악이 서식지에서 진행되고 있지 않아서 지금도 이들의 서식지나 어디서 어떤 종이 몇 개체나 살고 있는지는 아무도 알지 못한다. 그리고 지금 이순간도 이들의 서식지는 인간의 무분별한 산림의 벌채와 화전으로 인해 파괴 되고 있으며, 사냥으로 인해 많은 종이 멸종 위기에 있으며, 실제 벌써 멸종된 아종이 있을지도 모른다. 우리는 이 긴팔원숭이 종들에 대한 정확한 분포와 몇 종이 생존해 있으며 그들의 유연관계가 어떻게 되는지에 대한 계통학적 분류를 거듭 조사 및 연구 해야 할 것이다.

전통적인 계통 분류

긴팔원숭이에 대한 고전적인 계통 분류의 방법은 주로 외부 형태나, 행동 또는 소리를 이용하여 종간의 유연 관계를 밝히거나 또는 이들을 합한 자료를 가지고 계통 분류를 했었다 (Fig. 2). 염색체 분석 및 두개골의 형질을 가지고 분석한 연구 결과에 의하면[9], lar group은 진화학적 유연관계를 나타내기 어려웠으며 hoolock과 자매관계를 나타내었고, concolor group이 가장 먼저 분기된 것으로 시사되었다 (Fig. 2a). Chivers [1]는 긴팔원숭이의 얼굴의 띠 모양과 암수 털의 색깔의 비교분석으로 계통도를 작성하였는데, klossii를 hoolock보다 lar group에 가까운 유연 관계에 두었다. 가장 먼저 분기된 종으로서 siamang과

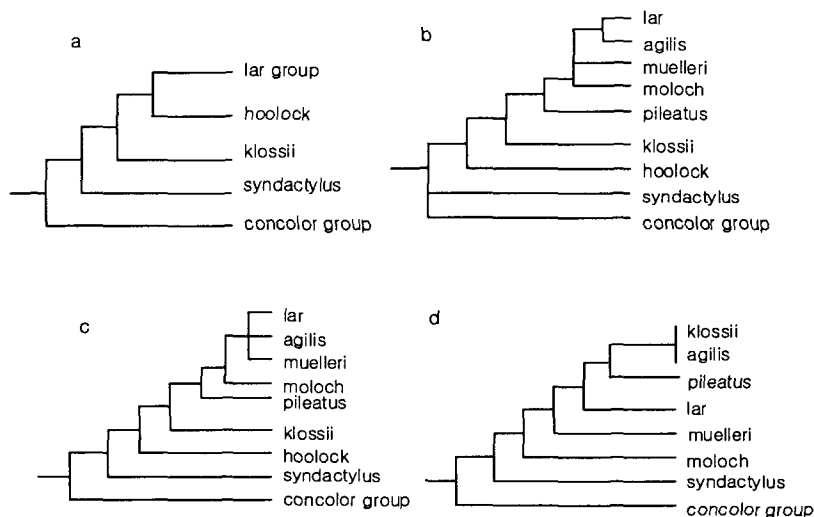


Fig. 2. Traditional phylogeny of gibbon species.

(a). Groves [9]; (b). Chivers [1]; (c). Haimoff et al. [12]; (d). Creel and Preuschoft [2].

concolor group을 구별해 내지 못하였다 (Fig. 2b). 두개골의 길이 및 넓이, 신체 크기 등의 40개의 형태학적인 데이터와 노래의 빈도 및 시기 등의 15개의 행동학적 데이터를 모두 모아 긴팔원숭이의 계통 관계를 분석해 본 결과 [12], Chivers가 제시한 계통도와 유사한 패턴을 나타내었고, concolor group이 가장 먼저 분기한 것으로 시사되었다 (Fig. 2c). Creel과 Preuschoft [2]는 두개골의 형태학적인 데이터와 소리를 분석한 자료를 가지고 계통도를 작성하여, syndactylus를 가장 초기에 분기된 종으로 두었고, 다음으로 hoolock을 두고, 그 다음에 concolor group을 두었다. 또한 lar와 pileatus가 자매 관계에 있음을 시사하였다 (Fig. 2d). 이렇게 학자들이 어떤 재료를 가지고 어떻게 분석하는 분석 방법에 따라 다양한 계통도가 제시되었고, 고전적인 방법을 통한 계통분류학적인 방법으로는 4속 12종의 긴팔원숭이의 계통적 유연관계를 추적 하는 것에는 한계를 보여 주었고, 이로 인해 많은 학자들은 최근 분자 계통 분류학적인 방법을 통해 이 문제의 해결을 시도 해 오고 있다.

분자 계통 분류학적인 분석

최근 DNA염기서열의 차이를 이용해 진화상의 관계를 추적하는 다양한 알고리즘들이 발명되어 각종 얼라이언트 프로그램이 개발됨과 동시에 다양한 분자생물학적 기법의

발달로 다양한 종간의 분자계통분류 및 진화적 유연관계의 파악이 용이해짐에 따라서 그 동안 고전적인 분류법으로 풀리지 않았던 긴팔원숭이의 계통적 유연관계에 대한 연구가 활기를 띠기 시작했다 (Fig. 3). 미토콘드리아의 싸이토크롬 b DNA (252 bp)의 염기서열을 이용해서 만들어진 계통도에 의하면 syndactylus가 먼저 분기된 종으로 되어 있고 lar group이 마지막에 분기된 종으로 시사하고 있다 (Fig. 3a) [6]. 이것은 형태학적인 자료들과 부합되지만 종간의 분기 순서에 있어서는 다소 차이가 있으며, 너무 작은 단편을 사용했기에 신뢰성에 다소 문제가 있다. 미토콘드리아의 ND4와 ND5 (896 bp)의 염기서열에 의한 결과로서는 lar와 klossii가 자매관계임을 나타내었으나 (Fig. 3b) [15], 싸이토크롬 b DNA의 전체 염기서열의 연구결과로서는 lar와 muelleri가 가까운 유연관계에 있음을 알 수 있었다 (Fig. 3c) [14]. 최근 16S rRNA의 염기서열을 이용한 계통도가 제안되었는데[19], klossii와 agilis가 서로 자매관계를 나타내었고, 중분화의 시간적인 견지에서는 concolor group이 syndactylus보다 먼저 분기된 것으로 시사되었다 (Fig. 3d). 이러한 결과들은 선택된 유전자의 염기서열에 의한 서로 다른 긴팔원숭이의 계통도를 나타내고 있다.

앞으로의 전망

긴팔원숭이는 *Hylobates*, *Symphalangus*의 2속으로 규정

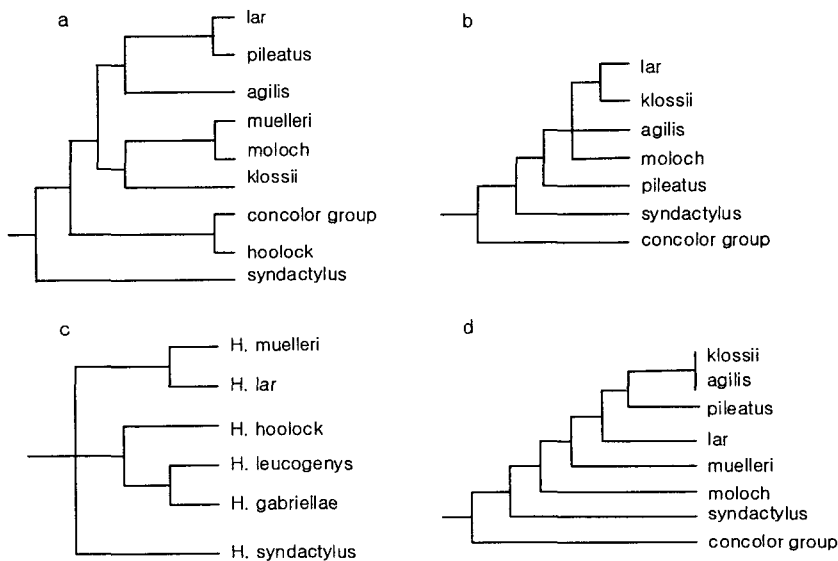


Fig. 2. Traditional phylogeny of gibbon species. (a). Groves [9]; (b). Chivers [1]; (c). Haimoff et al. [12]; (d). Creel and Preuschoft [2].

되었으나[20], 다시 *Hylobates*의 1속으로 규정되었다[4]. 최근, 4속 12종 약 30아종으로 규정되었다[8]. 이는 물론 다양한 형태학적 연구를 포함한 염색체, DNA, 소리 및 행동의 연구 등에 의해서 나온 결과이다. 이들 긴팔원숭이의 현실은 지금 멸종 되고 있을 지도 모르는 아주 위험한 상황에 놓여 있다. 무분별한 산림의 파괴와 사냥 등으로 인해 서식처가 파괴되고 급속이 그 개체 수 또한 줄고 있다. 비록 침팬지, 고릴라, 오랑우탄이 멸종위기에 있다고 많은 학자들이 입 모아 이야기 하고 있지만 사람들의 무관심 속에 긴팔원숭이의 종은 실제 멸종의 현실을 직면하게 된 것이다. 어떤 긴팔원숭이를 연구하는 학자들은 벌써 긴팔원숭이의 일부 아종은 야생에서는 멸종했을 지도 모른다고 말하고 있다. 이러한 상황인데도 우리는 이 작은 영장류의 정확한 계통관계가 무엇인지 이들이 어떻게 어디서 진화해 왔는지 우리 인간과 침팬지와 고릴라, 오랑우탄과 정확하게 어떻게 다른지, 이들이 어떻게 종분화를 그렇게 빠른 시기에 좁은 장소에서 이루어 냈는지 알지 못하고 있다. 따라서, 우리는 이들의 유전 및 진화학적 상호 계통 관계를 거듭 연구해야 할 것이다.

긴팔원숭이의 계통분류학적 연구에 있어서는 지금까지 미토콘드리아 DNA의 수준을 벗어나지 못했지만 앞으로의 연구는 수컷으로만 유전되는 Y염색체 상의 다양한 유전자의 연구와 집단에 있어서의 내부의 관계를 보여주는 microsatellite DNA의 비교 연구를 통해서 다양한 분자생물학적 최신 기법을 이용하여 긴팔원숭이의 계통 관계를 풀어나가야 할 것이다. 그리고 이들 긴팔원숭이 종들의 4속에 있어 *Hylobates*는 44개의 염색체를 *Bunopithecus*는 38개, *Nomascus*는 52개, *Symphalangus*는 50개를 가지는 아주 다양한 염색체 수를 보여주는데, 처음에는 분명히 이들 긴팔원숭이들은 같은 염색체를 가지고 있었을 것으로 추정하고 있다. 그것이 염색체 간의 교차나 중복, 전이 및 전좌 등의 복잡한 기작을 통해서 염색체의 숫자가 다양해 진 것으로 여겨진다. 그러므로 우리는 다양한 probe를 이용하여 이들 긴팔원숭이의 염색체 수준에서의 FISH 분석법 등을 통해 어느 곳에 있는 염색체가 어디로 이동해서 어떻게 옮겨 졌는지를 밝혀 낼 수 있으면 흥미있는 종분화 기작을 밝혀 낼 수도 있을 것이다. 또한 최근에 진행되고 있는 긴팔원숭이의 노래에 대한 연구와 행동의 연구도 긴팔원숭이의 진화 및 계통적인 유연관계를 풀어주는 열쇠가 되어줄 수

있을 것이다.

요 약

긴팔원숭이는 영장목, 유인원 아목, 좁은코원숭이 상과, 사람과에 속하는 영장류로써 소형 영장류라고 불린다. 이들은 동남 아시아 일대의 열대 우림에서 종 분화에 성공한 영장류로써 현재 4속 12종이 동정 되어 있지만 이들 중 10종이 멸종 위기에 있다. 다양한 영장류 중에 가장 높은 멸종 위기에 있으면서도 아직도 정확하게 많은 종 또는 아종의 동정이 되지 않고 있는 실정이며 많은 연구가 필요한 종이다. 그러므로 정확한 지리학적 분포와 종의 동정을 통해 이들 긴팔원숭이의 계통 관계를 파악 하는 것이 긴팔원숭이의 종분화의 이해 및 보존을 위해 무엇보다 중요하다.

참 고 문 헌

1. Chivers, D.J. 1977. The lesser apes, pp. 539-598, *In* Prince Rainier III of Monaco and G. H. Bourne (eds.), *Primate conservation*, Academic Press Inc., New York.
2. Creel, N. and H. Preuschoft. 1984. Systematics of the lesser apes: A quantitative taxonomic analysis of craniometric and other variables, pp. 562-613, *In* Preuschoft, H., D. J. Chivers, W. Y. Brockelman and N. Creel (eds.), *The lesser apes*, Edinburgh University Press Inc., Edinburgh.
3. Fleagle, J. G. 1988. *Primate Adaptation and Evolution*. Academic Press. New York.
4. Fleagle, J. G. 1999. *Primate Adaptation and Evolution*. 2nd eds., Academic Press. New York.
5. Gao, Y., H. Wen and Y. He. 1981. The change of historical distribution of Chinese gibbons (*Hylobates*). *Zool. Res.* **2**, 1-8.
6. Garza, J. C and D. S. Woodruff. 1992. A phylogenetic study of the gibbons (*Hylobates*) using DNA obtained non-invasively from hair. *Mol. Phylogenet. Evol.* **1**, 202-210.
7. Geissmann, T. 1991. Sympatry between white-handed gibbons (*Hylobates lar*) and pileated gibbons (*H. pileatus*) in southeastern Thailand. *Primates* **32**, 357-363.
8. Geissmann, T. 2002. Duet-splitting and the evolution of gibbon songs. *Biol. Rev.* **77**, 57-76.

9. Groves, C. P. 1972. Systematics and phylogeny of gibbons, pp. 1-89, *In* Rumbaugh, D. M (eds.), *Gibbon and siamang*, Vol. 1, Basel., Karger.
10. Groves, C. P. 1989. *A theory of human and primate evolution*. Clarendon Press. Oxford.
11. Gu, Y. 1989. Preliminary research on the fossil gibbons of the Chinese Pleistocene and recent. *Hum. Evol.* **4**, 509-514.
12. Haimoff, E. H., D. J. Chivers, S. P. Gittins and A. J. Whitten. 1982. A phylogeny of gibbons based on morphological and behavioural characters. *Folia Primatol.* **39**, 213-237.
13. Haimoff, E. H. 1983. Gibbon songs: An acoustical, organizational, and behavioural analysis. PhD. dissertation, University of Cambridge.
14. Hall, L. M., D. S. Jones and B. A. Wood. 1998. Evolution of the gibbon subgenera inferred from cytochrome b DNA sequence data. *Mol. Phylogenet. Evol.* **10**, 281-286.
15. Hayashi, S., K. Hayasaka, O. Takenaka and S. Horai, 1995. Molecular phylogeny of gibbons inferred from mitochondrial DNA sequences. *J. Mol. Evol.* **41**, 359-365.
16. Leighton, D. R. 1987. Gibbons: Territoriality and monogamy, pp. 135-145, *In* Smuts, B. B., D. L. Cheney, R. M. Seyfarth, R. W. Wrangham and T. T. Struhsaker (eds.), *Primate societies*, University of Chicago Press Inc., Chicago and London.
17. Ma, S. and Y. Wang. 1986. The taxonomy and distribution of the gibbons in southern China and its adjacent region - with description of three new subspecies. *Zool. Res.* **7**, 393-410.
18. Marshall, J. T. and J. Sugardjito. 1986. Gibbon systematics, pp. 137-185, *In* Swindler, D. R. and J. Erwin (eds.), *Comparative primate biology*, Vol. 1, New York.
19. Noda, R., C. G. Kim, O. Takenaka, R. E. Ferrell, T. Tanoue, I. Hayasaka, S. Ueda, T. Ishida and N. Saitou. 2001. Mitochondrial 16S rRNA sequence diversity of hominoids. *J. Hered.* **92**, 490-496.
20. Simons, E. 1972. *Primate Evolution*. Macmillan, New York.
21. Zhang, Y., G. Quan, T. Zhao and C. H. Southwick 1992. Distribution of primates (except macaca) in China. *Acta. Theriol.* **12**, 81-95.

(Received September 24, 2002; Accepted November 18, 2002)