

希望中国科学院不断出创新成果、出创新人才、出创新思想，率先实现科学技术跨越发展，率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——习近平总书记2013年7月17日在中国科学院考察工作时的讲话

高级

首页 新闻 机构 科研 院士 人才 教育 合作交流 科学普及 出版 信息公开 专题 访谈 视频 会议 党建 文化

您现在的位置: 首页 > 新闻 > 科技动态 > 国际动态

最后一种猿类基因组被“破译”

文章来源: 新华网 林小春

发布时间: 2014-09-12

【字号: 小 中 大】

一个国际科研小组10日说，他们已经完成了对生活东南亚热带雨林中的长臂猿的基因组测序工作。至此，地球上所有猿类的遗传密码全部被“破译”。

长臂猿是一种小型类人猿，因其前臂长而得名，它的手腕关节灵活，能在树林中像荡秋千一样灵巧、快速地进行。猿类分为大猿和小猿，其中大猿包括黑猩猩、红毛猩猩、大猩猩和倭黑猩猩，它们的基因组均已测序完成；而小猿则单指长臂猿。从进化角度看，长臂猿属于接近猴类的猿，猴类分为南美洲的新世界猴和分布在亚洲及非洲的旧世界猴(包括猕猴和狒狒等)。

“长臂猿代表着灵长类进化树上的一个分支，它填补了旧世界猴与大猿之间的空白，但其基因组序列尚未被研究过，”参与研究的美国贝勒医学院副教授杰弗里·罗杰斯说，对这种独特灵长类动物以及其他猿类的研究“将帮助我们更详细、更全面地认识人类生物学”。

研究人员在长臂猿基因组中找到了与前臂和前臂肌腱生长发育有关的基因。基因组研究还表明，猿类与猕猴等旧世界猴的分化出现在2900万年前，而长臂猿与大猿之间的分化则出现在1680万年前。

新成果也将有助于了解染色体重组现象。罗杰斯说，染色体重组类似于“染色体发生爆炸，然后把碎块重新拼接”。人类和猿类中都存在染色体重组现象，它会导致出生缺陷和癌症等问题，长臂猿的染色体重组频率远比其他猿类“高得多”，但长臂猿却表现得能良好耐受。

科学家还发现了长臂猿基因组特有的一种重复DNA(脱氧核糖核酸)序列，这些被称作LAVA的片段有上千个之多，它们影响细胞分裂过程中与染色体分离有关的基因。研究人员说，LAVA的存在也许可以解释为何长臂猿染色体重组频率较高。

这项成果发表在新一期英国《自然》杂志上。

打印本页

关闭本页