
四肢修长，竟是因为缺段基因

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36578.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

四肢修长，竟是因为缺段基因。作为人类近亲，长臂猿终于有了迄今最全面的基因组数据集，并被识别出，其四肢修长的典型特征，是由于在其核心基因的关键调控区内，缺失了特异性片段导致。

这项11月8日发表于《细胞》杂志的研究，系统阐明了长臂猿科的演化历程、种群动态及其标志性长臂表型的遗传基础，并成功获取了包括已灭绝的君子长臂猿在内的3个古代样本的线粒体基因组，为全球长臂猿的保护行动提供了新的科学见解。

这也是由中国科学院昆明动物研究所（下称昆明动物所）牵头发起的国际灵长类基因组计划（Primate Genome Project）的又一重要成果。

长臂猿以其独特的臂行运动方式、复杂的鸣唱行为、独特的配偶制以及严峻的濒危现状受到广泛关注。然而，由于样本获取困难及其快速的演化辐射历史，长臂猿的系统发育关系长期存在争议，许多关键的演化问题悬而未决。

为此，昆明动物所牵头，联合中国科学院古脊椎动物与古人类研究所、中山大学等国内外多家科研机构开展研究。

研究团队构建的基因组数据集，覆盖了18个现存长臂猿物种。他们通过创新的全基因组比对和溯祖分析方法，克服了由不完全谱系分选（ILS）导致的遗传信号冲突，首次以确凿的基因组证据揭示了长臂猿科下四大属的演化关系为（长臂猿属, (冠长臂猿属, (合趾猿属, 白眉长臂猿属))）。

这一发现解决了长臂猿属级分类的百年难题，为理解其快速辐射演化提供了关键框架。

而长臂猿最显著的身体特征，是其用于臂行的修长四肢。其背后的遗传机制一直是演化发育生物学领域的热点问题。

研究团队通过多物种比较基因组学分析，在长臂猿Sonic Hedgehog (SHH) 基因的关键调控区内，识别出一个特异性缺失片段。

实验结果显示，携带长臂猿特有基因缺失的敲入小鼠，四肢骨骼表现出显著的相对增长，表明该结构变异可能在长臂猿四肢伸长演化过程中发挥了关键作用，为理解形态演化的遗传机制提供了重要案例。（来源：中国科学报 张楠）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.10.016>

作者：吴东东等 来源：《细胞》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发