



- ⌘ [头条新闻](#)
- ⌘ [综合新闻](#)
- ⌘ [学术活动](#)
- ⌘ [科研动态](#)
- ⌘ [传媒扫描](#)

当前位置: [首页](#) > [新闻动态](#) > [科研动态](#)

## 张亚平研究组在中国兔属物种分类及进化历史方面取得新进展

2011-07-28 | 作者: 于黎 | 来源: 分子进化与基因组多样性组 | [【小中大】](#) [【打印】](#) [【关闭】](#)

种间杂交可以导致基因或基因组在种间渗透以及分类上的混乱。张亚平院士, 云南大学于黎研究员和博士生刘江通过分析124个中国兔鼠物种个体的线粒体基因和核基因序列, 第一次发现在6个中国兔属物种间存在着通过种间杂交而导致的基因渗透。令人惊奇的是, 东北兔的线粒体完全被来自雪兔和华南兔的线粒体所替代。此外, 核基因分析发现在中国兔属物种间存在高比例的杂合子, 在多个物种间有共享单倍型, 提示中国兔属物种间的核基因的渗透是一个正在发生的过程。因此, 推测由频繁的杂交事件所导致的形态上的过渡类型以及非典型的线粒体基因组世系的存在可能是导致中国兔属物种分类混乱的真正原因。

该研究结果近期发表在BMC Evolutionary Biology刊物上[Reticulate evolution: frequent introgressive hybridization among Chinese hares (genus Lepus) revealed by analyses of multiple mitochondrial and nuclear DNA loci, 2011, 11: 223]

» [相关文章](#)

### 友情链接

- [中央政府采购网](#)
- [中国政府采购网](#)
- [鹰之恋野生动物保护网](#)
- [中科院昆明分院](#)
- [昆明植物研究所](#)
- [西双版纳热带植物园](#)
- [云南医保网](#)
- [国家自然科学基金委员会](#)
- [中华人民共和国科学技术部](#)

