



河南省郑州地区青铜时代遗址出土牛骨的 DNA 研究*

- ◆ 赵欣 (中国社会科学院考古研究所科技考古中心
(西蒙菲莎大学(Simon Fraser University)考古学系古 DNA 实验室))
- ◆ 顾万发 (郑州市文物考古研究院)
- ◆ 吴倩
- ◆ 东晓玲
- ◆ 韩雨 (中国社会科学院考古研究所科技考古中心)
- ◆ 刘铭
- ◆ 尤悦 (首都师范大学历史学院)
- ◆ 刘一婷 (中国社会科学院考古研究所科技考古中心)
- ◆ 袁靖
- ◆ 杨东亚(通讯作者) (中国社会科学院考古研究所科技考古中心
(西蒙菲莎大学(Simon Fraser University)考古学系古 DNA 实验室))

摘要:运用古 DNA 技术对河南省郑州地区两个青铜时代遗址出土的牛骨样本进行遗传学分析。共选取花地嘴遗址(HDZ)12例、望京楼遗址(WJL)17例牛骨样本,从中提取 DNA,并选择套叠引物对线粒体 DNA 控制区(285bp)进行 PCR 扩增。线粒体 DNA 结果显示,其中 15 例个体(花地嘴遗址 5 例、望京楼遗址 10 例)属于家养普通牛(*Bos taurus*),花地嘴遗址有 1 例个体属于圣水牛(*Bubalus mephistopheles*)。在家养普通牛中共检测出 8 个不同的单倍型,可以归属于 3 个不同的单倍型类群 T2、T3 和 T4,以 T3 为主占 60.0%,T4 次之约占 26.7%,T2 最少约占 13.3%,未见其他单倍型类群。以每个遗址为单位分别统计,比例相似。通过与已发表的其他中国考古遗址出土黄牛线粒体 DNA 的单倍型类群分布频率的比较发现,除本研究中的两个遗址外,仅有河南二里头遗址和辽宁大山前遗址同时存在 T2、T3 和 T4 三个不同的单倍型类群。花地嘴遗址、望京楼遗址和二里头遗址均位于河南省,综合其重要的考古学文化性质及地理位置,认为各种家养黄牛便于通过不同的路线汇聚于此,并且作为一种稳定的遗传结构在该地区长期保留下来,在青铜时代中原地区是各种考古学文化交流的中心地区之一。研究发现花地嘴遗址中存在圣水牛,说明晚至青铜时代中国本地水牛仍然存在。

关键词:家养黄牛;古 DNA;青铜时代;花地嘴遗址;望京楼遗址

Abstract: This paper reports ancient DNA analysis of 29 bovid remains recovered from two Bronze Age sites in Zhengzhou region of Henan Province: 12 from Huadizui site (HDZ) and 17 from Wangjinglou site (WJL). Through overlapping PCR amplifications, a mtDNA D-loop fragment (285bp) was targeted and obtained, 15 samples (5 from HDZ and 10 from WJL) were then determined to belong to domesticated cattle *Bos taurus*, while one sample from HDZ to water buffalo *Bubalus mephistopheles*. Haplogroup analysis show the two sites share a similar distribution pattern, together, they contain three major haplogroups T2 (13.3%), T3 (60.0%) and T4 (26.7%). When compared with other previously analyzed archaeological sites in China, only 2 of 9 comparable sites contain all three mtDNA haplogroups, one of the two sites is in fact also from Henan Province. The data clearly show that Central Plain / Henan Province must have been the central location for exchanges between different cultures or regions as the cattle diversity of haplogroup, even in the Bronze Age, had reached the same pattern as those observed in modern cattle populations in China. The study has also added an important water buffalo specimen to show Chinese indigenous water buffalo had survived to as late as to the Bronze Age when compared with much earlier water buffalo at Kangjia site.

Key Words: Domesticated cattle; Ancient DNA; the Bronze Age; Huadizui site; Wangjinglou site

*项目编号: 国家社科基金青年项目“中原地区先秦时期家养黄牛的分子考古学研究”(15CKG017), 中国社会科学院创新工程项目, Henry Luce Foundation 与 SSHRC(Yang)共同资助。

在中国,黄牛泛指牦牛(*Bos grunniens*)和水牛(*Bubalus bubalis*)以外的所有家牛,主要分为普通牛(*Bos taurus*)和瘤牛(*Bos indicus*)两个种。就世界范围而言,普通牛分布于全世界,瘤牛主要分布于印度次大陆,均由已灭绝野生原牛(*Bos primigenius*)驯化而来。综合考古学与DNA研究表明,家养黄牛有两个独立的驯化中心,普通牛于公元前8000年左右在近东地区由野生原牛驯化而来^{①②③④⑤⑥},瘤牛于公元前6000年左右在南亚被独立驯化^{⑦⑧⑨⑩⑪⑫}。

动物考古学证据表明,家养普通牛于公元前3600年~公元前2000年从西亚传入中国^{⑬⑭}。关于瘤牛最早的考古证据来自于公元前475~公元前221年的青铜器,该青铜器纹饰上有肩峰高耸的家牛形象^⑮,但是瘤牛何时传入中国目前尚不清楚。饲养黄牛不仅为人类提供稳定的动物蛋白,牛耕的发明使黄牛成为传统农耕经济的主要畜力,使人们可以从繁重的体力劳动中解放出来。此外,饲养黄牛为宗教活动提供了新的物种来源,并且大部分早期家牛遗存都来源于宗教祭祀有关的遗迹^⑯。到了商代晚期(ca. 1600-1046 BCE),黄牛已经代替家猪成为中国考古遗址中最主要的祭牲^⑰。

蔡大伟等^{⑱⑲⑳㉑㉒}采集了中国河南、山西、陕西、吉林、内蒙古、新疆、青海、宁夏等多个考古遗址出土的牛骨样本进行DNA分析,研究认为:中国家养黄牛最早由近东地区引入中国;青铜时代中国北方黄牛均为普通牛,未见瘤牛;近东起源的普通牛可能经过两条路线进入中国;中国古代家牛对现代东亚家养普通牛具有重要的遗传贡献。博凯玲等^㉓对山西陶寺、周家庄遗址出土牛卜骨的DNA研究显示,新石器时代晚期至青铜时代早期中国北方地区依然存在野生原牛,野生原牛、野生水牛和家养黄牛种群共存。并且首次发现使用原牛肩胛骨制作卜骨的现象。

动物考古学研究表明,全新世时期中国境内很多地方有水牛(*Bubalus sp.*)生存,这些土生土长的中国水牛被称为圣水牛(*Bubalus mephistopheles*),曾被认为是现代家养水牛的祖先。现研究表明它们可能没有被驯化,应该是野生水牛。中国最早的家养水牛(*Bubalus bubalis*)可追溯至1世纪之后^㉔。现代动物线粒体DNA研究显示,沼泽水牛(Swamp type)可能在中国西南部或东南亚被驯化^㉕。对陕西省临潼康家遗址等几个遗址出土水牛的古DNA研究显示,在公元前2000年左右的北方考古遗址中出土的圣水牛对中国现代家养水牛没有基因贡献^㉖。

河南省郑州地区地处华北平原南部、黄河下游,居中原地区核心位置。本文对河南省郑州地区青铜

时代的花地嘴遗址和望京楼遗址出土的牛骨进行了采集、DNA提取,并选择线粒体DNA控制区片段进行PCR扩增,研究郑州地区古代牛的群体遗传学特征,并通过与国内外的古代和现代牛的比较,分析郑州地区特别是中原地区在中国古代牛的出现与发展过程中所起的作用。

一、材料与方 法

1、样本采集

花地嘴环壕聚落遗址位于河南省巩义市站街镇北瑶湾村南面的黄土原上,东、南远望猴山等嵩山余脉,西临伊洛河,北为断崖,远眺黄河,海拔高度为90~110米。是一处由四条环壕围成的夏代早期聚落遗址,内部分布有夯土、房址、窑址、祭祀坑、窖穴及墓葬等重要遗迹,而且出土了大量陶器、玉器、石器、蚌器等遗物,所有这些将有助于推动对夏代早期文化的认识和深入研究^㉗。

望京楼遗址位于河南省新郑市以北约4000米处,处于豫西山地丘陵区东缘冲积扇中部,西北高、东南低。西邻黄水河,东临黄沟水(黄水河支流),两条河流于遗址东南汇合。望京楼二里头文化城址与二里冈文化城址同位于此地点,是夏、商时期的重要邑聚^㉘。

在动物考古学家进行种属鉴定等形态学研究的基础上,本文对花地嘴遗址和望京楼遗址出土的共计29例牛骨样本(花地嘴遗址12例、望京楼遗址17例)进行了采集,样本的具体信息见表一。

2、样本处理与DNA提取

首先取牛骨上约1cm×1cm见方的小块,用钻头打磨骨骼表面和截面以去除骨骼表面尘垢,次氯酸钠溶液(有效氯6%)浸泡和紫外照射(紫外灯置于样本以上8cm的高度,波长254nm),用以去除骨骼表面的外源DNA污染,之后使用冷冻研磨机打磨成粉。在此基础上采用Yang等^㉙提出的硅柱离心法进行DNA提取。

3、DNA扩增与测序

由于古DNA的含量低、高度降解、广泛损伤,几乎不可能一次性扩增较长的片段。为了得到较长的连续DNA序列,本文选择了Troy等^㉚、蔡大伟等^㉛设计的三对套叠引物(L16022/H16178, L16137/H16315和L16159/H16334)来扩增黄牛线粒体DNA控制区的片段(16022~16334,包括引物长度),并选择Yang等^㉜设计的引物(F213/R381)来扩增水牛线粒体DNA控制区的片段(16004~16172,包括引物长度)。

表一 花地嘴遗址和望京楼遗址出土牛骨样品的考古学背景信息及 DNA 鉴定结果
Table 1 DNA-analyzed skeletal samples from Huadizui site (HDZ) and Wangjinglou site (WJL)

序号	实验编号	遗址	出土单位	取样部位	形态鉴定	DNA 鉴定	时代
1	BOC76	花地嘴(HDZ)	03HZT44H96, ID2115	右侧肱骨	黄牛	--	夏代早期
2	BOC77	花地嘴(HDZ)	04HZT86H179, ID4678	左侧肱骨	黄牛	<i>B.taurus</i> T2	夏代早期
3	BOC78	花地嘴(HDZ)	03HZT52H99, ID3595	右侧下颌骨	黄牛	--	夏代早期
4	BOC79	花地嘴(HDZ)	04HZT90H185 ⑤, ID1238	左侧肱骨	黄牛	<i>B.taurus</i> T3	夏代早期
5	BOC80	花地嘴(HDZ)	03HZT31H78, ID2019	左侧肱骨	黄牛	--	夏代早期
6	BOC81	花地嘴(HDZ)	04HZT90H185 ⑥, ID4314	左侧肱骨	黄牛	<i>B. taurus</i> T3	夏代早期
7	BOC82	花地嘴(HDZ)	01HZT9H29, ID657	右侧肱骨	水牛	<i>B.mephistopheles</i> KJ2	夏代早期
8	BOC83	花地嘴(HDZ)	01HZT9H29, ID794	左侧下颌骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	夏代早期
9	BOC84	花地嘴(HDZ)	04HZT81H177, ID3785	左侧下颌骨	牛	--	夏代早期
10	BOC85	花地嘴(HDZ)	HZT52H99, ID3594	右侧下颌骨	牛	<i>B.taurus</i> T4	夏代早期
11	BOC86	花地嘴(HDZ)	01HZT9H29, ID801	下颌骨	牛	--	夏代早期
12	BOC87	花地嘴(HDZ)	04HZT90H185 ③, ID1409	右侧肱骨	水牛	--	夏代早期
13	BOC54	望京楼(WJL)	T1708⑤	左侧桡骨	牛	--	二里冈文化上层一期
14	BOC55	望京楼(WJL)	T0505③	左侧桡骨	牛	--	战国时期
15	BOC56	望京楼(WJL)	T1903H464	左侧桡骨	牛	--	----
16	BOC57	望京楼(WJL)	T1205⑤c	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	二里冈文化上层一期
17	BOC63	望京楼(WJL)	T0505⑤	上颌骨	牛	<i>B.taurus</i> T4	二里冈文化上层一期
18	BOC64	望京楼(WJL)	T2162H592	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	第二期
19	BOC65	望京楼(WJL)	T1005H202	右侧下颌骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	第二期
20	BOC66	望京楼(WJL)	T3014③	左侧桡骨	牛	--	----
21	BOC67	望京楼(WJL)	T1205⑥灰黑土	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T2	二里头文化四期
22	BOC68	望京楼(WJL)	T1306⑤b	左侧桡骨	牛	--	二里冈上层一期
23	BOC69	望京楼(WJL)	T1105③	左侧桡骨	牛	--	战国
24	BOC70	望京楼(WJL)	T1306⑥b	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	二里头文化四期
25	BOC71	望京楼(WJL)	T0605H656	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	第四期
26	BOC72	望京楼(WJL)	T0305H161	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T4	第四期
27	BOC73	望京楼(WJL)	T1802G5③	左侧桡骨	牛	<i>B.taurus</i> T3	第六期
28	BOC74	望京楼(WJL)	T4113H140	右侧下颌骨	牛	--	第五期
29	BOC75	望京楼(WJL)	T0707H380	下颌骨	牛	<i>B.taurus</i> T4	第二期

*注:--DNA 分析没有成功;----相关信息不能确定。望京楼遗址第一至二期为二里头文化期,第三至六期为二里岗文化期。

在古 DNA 研究中,PCR 扩增常用的 BSA (牛血清白蛋白,Albumin from bovine serum)是从牛中提取的,本文的研究对象是古代牛的 DNA,因此实验时并未使用 BSA。PCR 反应体系为 30 μ L,包括 4–5 μ L 的 DNA 提取液、1–3U AmpliTaq Gold™ (Applied Biosystems)、50 mM KCl、2.5mM MgCl₂、0.2mM dNTPs Mix 和 0.3 μ M 引物。PCR 扩增程序如下:95 $^{\circ}$ C 12min,随后是 94 $^{\circ}$ C 变性 30s、52–55 $^{\circ}$ C 退火 30s、72 $^{\circ}$ C 延伸 40s 共 60 个循环,最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min。扩增产物用 2%琼脂糖凝胶进行电泳检测。PCR 阳性产物送到测序公司 (Invitrogen) 直接测序,正反引物双向测序。在全部实验过程中,严格按照防污染措施操作,具体实验操作详见^⑧。

4、数据分析

PCR 产物所得到的序列使用 Chromas Pro 软件进行读取,通过 Clustal X2 软件进行序列比对^⑨,并使用 BioEdit 进行编辑^⑩。使用 MEGA 6 软件^⑪构建系统发育树,对比序列包括:普通牛单倍型类群 T1 (GenBank:JN817351^⑫和 GenBank:MF475809^⑬)、普通牛单倍型类群 T2 (GenBank:KT184456^⑭和 GenBank:MF475825^⑮)、普通牛单倍型类群 T3 (GenBank:V00654^⑯)、普通牛单倍型类群 T4 (GenBank:DQ124372)和瘤牛单倍型类群 I (GenBank:EU177868 和 EU177870)^⑰,水牛 (GenBank:NC_006295^⑱) 作为外类群,详见图一。使用 Network 5.0 软件构建中介网络图^⑲,选择中国考古遗址出土家养普通牛作为对比序列,包括:吉林后套木嘎、山西周家庄、山西陶寺、河南二里头、陕西石峁、陕西泉护村、辽宁大山

表二 花地嘴遗址和望京楼遗址出土家养黄牛样本的线粒体 DNA 序列情况
(引物 L16022/H16178、L16137/H16315、L16159/H16334 和 F213/R381)

Table 2 Polymorphic positions of ancient cattle mtDNA from Huadizui site (HDZ) and Wangjinglou site (WJL) using primers L16022/H16178, L16137/H16315, L16159/H16334 and F213/R381 respectively

ID	16042	16055	16057	16093	16119	16141	16185	16255	16301	16302	Haplogroup	Notes
V00654	T	T	G	G	T	T	G	T	C	G	T3	<i>Bos taurus</i> reference sequence
BOC57	.	C	T3	
BOC63	C	.	.	A	A	T4	
BOC64	C	T3	
BOC65	C	T3	
BOC67	.	.	C	.	.	.	A	C	.	.	T2	
BOC70	C	C	T3	
BOC71	.	C	T3	
BOC72	C	.	.	A	.	C	.	.	.	A	T4	
BOC73	C	T3	
BOC75	C	.	.	A	T	T4	
BOC77	.	.	C	.	.	.	A	C	.	.	T2	
BOC79	C	T3	
BOC81	C	.	.	.	T	.	T3	
BOC83	.	C	T3	
BOC85	C	.	.	A	.	.	N	N	N	N	T4	"PCR fail for L16137/H16315, and L16159/ H16334"

注: . 表示与参考序列一致, N 表示该位点未知。

Note: Dots indicate identical sequences, and N indicate PCR failed at these sites.

前、青海长宁、新疆小河等^{④⑤⑥⑦⑧⑨⑩⑪}, 详见图二。

二、结果

在 29 例牛骨样本中, 本文成功地获得了 14 个样本线粒体 DNA 控制区的 285bp 序列 (16029~16313, 去除两端引物), 另有 2 个样本 (BOC82、BOC85) 获得了部分线粒体 DNA 控制区序列。在 GenBank 数据库中 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) 对这些 DNA 序列进行了 BLAST 共享序列搜索, 结果发现 15 个样本属于家养普通牛 (花地嘴遗址 5 个、望京楼遗址 10 个), 1 个样本 (花地嘴遗址 BOC82) 属于水牛。

1、普通牛线粒体 DNA 控制区序列变异情况及单倍型类群归属

以 V00654^⑫作为参考序列, 将属于家养黄牛的 15 个线粒体 DNA 控制区序列与之进行比对, BOC85 仅获得了部分线粒体 DNA 序列 (16029~16158, 去除两端引物), 实验结果见表二。共检测出 10 个多态性

位点, 8 个为转换, 1 个为颠换 (16057G→C), 另 16302 位点既有转换 (G→A) 也有颠换 (G→T), 转换主要在嘧啶之间, 占 75.0% (6/8), 遗传多态性不高。除 BOC85 外, 其他 14 个序列中共检测出 8 个单倍型。BOC64、BOC65、BOC73 和 BOC79, BOC57、BOC71 和 BOC83, BOC67 和 BOC77 分别共享有相同的单倍型, 并且这三个单倍型在花地嘴遗址和望京楼遗址均有发现。

根据已发表研究成果关于普通牛单倍型类群的划分^{⑬⑭⑮}, 基于线粒体 DNA 控制区序列变异模式, 本文发现的 8 个单倍型可以归属于 3 个不同的单倍型类群 T2、T3 和 T4, 以 T3 为主占 60.0%, T4 次之约占 26.7%, T2 最少约占 13.3%, 未见其他单倍型类群。以每个遗址为单位分别统计, 比例相似。在花地嘴遗址中, 以 T3 为主占 60.0%, T2 和 T4 各占 20.0%; 在望京楼遗址中, 以 T3 为主占 60.0%, T4 次之占 30.0%, T2 最少占 10.0%。

2、水牛线粒体 DNA 控制区序列变异情况及单

表三 花地嘴遗址出土水牛样本的线粒体 DNA 序列情况 (引物 L16022/H16178 和 F213/R381)
Table 3 Polymorphic positions of ancient Water Buffalo mtDNA from Huadizui site (HDZ) using primers L16022/H16178, and F213/R381

ID	16058	16066	16067	16073	16074	16081	16082	16084	16101	16102	16104	16120	16122	16123	16128	16140	16142	16146	16147	16156	16159	16163	16168	Haplogroup
NC_006295	A	G	G	C	A	C	A	G	T	C	A	A	T	G	C	G	C	G	C	A	T	C	C	Swamp type
AY195595	G	A	A	T	A	C	A	G	A	T	A	A	C	A	T	A	T	A	T	G	T	T	T	River type
BF1*	A	A	A	T	G	T	A	A	A	C	G	G	C	A	T	A	T	G	C	A	C	T	T	KJ1**
BF3*	A	A	A	T	A	T	G	G	A	C	A	A	C	A	T	A	T	A	T	A	C	T	T	KJ2**
BOC82	A	A	A	T	A	T	G	G	A	C	A	A	C	A	T	A	T	A	T	A	C	T	T	KJ2

注: * 和 ** 分别代表在 Yang 等发表文章中的样本编号和单倍型类群。

Note: * and ** indicate the sample names and the haplogroups published in the original paper, respectively (Yang et al., 2008)

倍型类群归属

以 NC_006295 和 AY195595 作为参考序列^{⑧⑨}, 将属于水牛的 BOC82 的线粒体 DNA 控制区序列与之进行比对, 并与康家水牛进行比较, 实验结果见表三。根据已发表研究成果关于水牛单倍型类群的划分, 基于线粒体 DNA 控制区序列变异模式, 本文发现的这 1 例水牛的单倍型可以归属于单倍型类群 KJ2^⑩, 与康家遗址的 5 个个体、天马纱厂遗址的 1 个个体共享相同的线粒体 DNA 控制区序列。

三、讨论

1、普通牛线粒体 DNA 研究

二十世纪九十年代学术界开始在世界范围对现代家养黄牛进行遗传学研究, 以探讨其起源与驯化历史。综合这些关于线粒体 DNA 控制区的分析, 黄牛分为普通牛和瘤牛两个基因型; 普通牛有 T、T1、T2、T3、T4、T5 和 P、Q、R 等单倍型类群, 其中 T、T2 和 T3 主要分布于近东和欧洲, T1 主要发现于非洲, T4 仅见于东亚, 单倍型类群 T5 发现于意大利黄牛种群中^{⑪⑫⑬⑭⑮⑯}。由于 T4 只存在于东亚, 所以有学者认为东亚也是一个独立的普通牛驯化中心^{⑰⑱}。然而, 最近研究显示 T4 是单倍型类群 T3 的一个分支^⑲。此外还有学者认为欧洲牛起源较为复杂, 并非简单地近东引入, 欧洲原牛对欧洲普通牛有基因贡献, 例如普通牛中稀有的线粒体 DNA 单倍型类群 P、Q、R 等反映了家养普通牛和欧洲原牛之间存在杂交^⑳。目前在东亚地区还未发现东亚本地原牛种群与外来家养黄牛种群之间存在杂交。瘤牛包括 I1 和 I2 两个单倍型类群。

中国现代黄牛的线粒体 DNA 分析结果表明中

国黄牛包含普通牛和瘤牛两种, 普通牛主要分布在北方, 瘤牛主要分布在南方。在普通牛中发现单倍型类群 T1、T2、T3 和 T4, 在瘤牛中发现单倍型类群 I1 和 I2^{㉑㉒}。

中国所有已知的古代家养黄牛均属于普通牛的线粒体 DNA 单倍型类群, 公元前 2000 年前后单倍型类群 T2、T3 和 T4 在中国已全部存在^㉓。没有考古学或遗传学方面的证据表明中国家养黄牛是由本地野牛驯化而来。

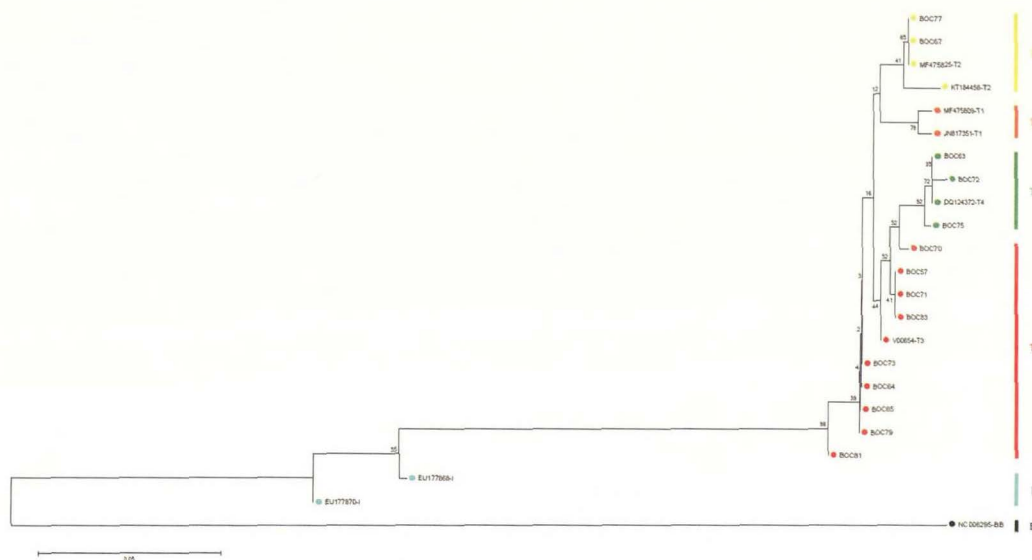
目前人们对于东亚地区原牛的遗传学信息还知之甚少。对中国东北地区的一个全新世早期牛下颌骨进行了线粒体 DNA 全基因组测序, 发现了一个新的牛线粒体 DNA 单倍型类群 C^㉔。此外, 在周家庄^㉕和后套木嘎^㉖也发现了同属于 C 的牛的样本, 但是其年代已经进入新石器时代晚期。而该单倍型类群 C 不同于其他已知的现代普通牛单倍型类群, 对现代家养普通牛没有遗传贡献。

本文对花地嘴和望京楼两个遗址出土牛骨的线粒体 DNA 研究显示, 家养普通牛可以归属于单倍型类群 T2、T3 和 T4, 以 T3 为主, T2 和 T4 较少(见图一), 这一遗传结构特征与中国现代家养普通牛相似, 但未见其他单倍型类群。将这两个遗址与已发表的其他中国考古遗址出土黄牛线粒体 DNA 的单倍型类群分布频率进行比较(见表四), 本文发现花地嘴和望京楼家养普通牛的线粒体 DNA 单倍型类群分布频率与其他遗址相似, 但是同时存在 T2、T3 和 T4 的遗址中, 除本文研究的两个遗址外, 仅有河南二里头遗址和辽宁大山前遗址两个, 说明河南地区古代家养黄牛的多样性更高。中介网络分析(见图二)显示, 花地嘴、望京楼和二里头这三个遗址中常见的

表四 中国古代家养普通牛的单倍型类群分布频率

Table 4 Haplogroup frequencies of *Bos taurus* from archaeological sites in China

序号	考古遗址	数量	T2	T3	T4	参考文献
1	河南花地嘴	5	1(20.0%)	3(60.0%)	1(20.0%)	本文
2	河南望京楼	10	1(10.0%)	6(60.0%)	3(30.0%)	本文
3	吉林后套木嘎	1	0(0%)	1(100%)	0(0%)	⑧
4	山西周家庄	6	0(0%)	5(83.3%)	1(16.7%)	⑮
5	山西陶寺	17	0(0%)	15(88.2%)	2(11.8%)	⑮⑯
6	河南二里头	9	1(11.1%)	7(77.8%)	1(11.1%)	⑲
7	陕西石峁	10	0(0%)	7(70.0%)	3(30.0%)	⑲
8	陕西泉护村	5	0(0%)	4(80.0%)	1(20.0%)	⑲
9	辽宁大山前	13	1(7.7%)	8(61.5%)	4(30.8%)	⑲
10	青海长宁	17	0(0%)	17(100%)	0(0%)	⑲
11	宁夏打石沟	----	0%	--(80.00%)	--(20.00%)	⑲
12	新疆小河	11	3(27.3%)	8(72.7%)	0(0%)	⑲

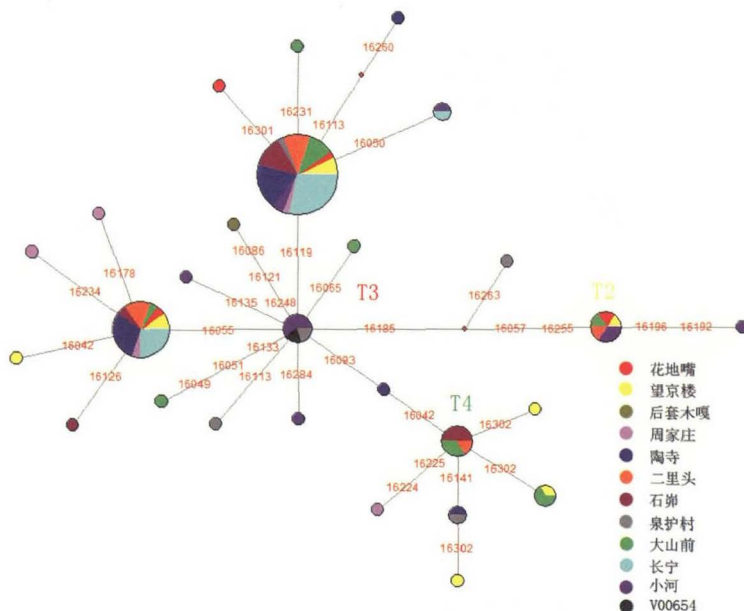


图一 系统发育邻接树

Fig. 1 Neighbor-joining phylogenetic tree

注:本文研究样本用 BOC 表示。对比序列包括:普通牛单倍型类群 T1 (GenBank: JN817351 和 GenBank: MF475809)、普通牛单倍型类群 T2 (GenBank: KT184456 和 GenBank: MF475825)、普通牛单倍型类群 T3 (GenBank: V00654)、普通牛单倍型类群 T4 (GenBank: DQ124372) 和瘤牛单倍型类群 I (GenBank: EU177868 和 GenBank: EU177870), 水牛 (GenBank: NC_006295) 作为外类群。全部节点都标注自展值。

Note: Archaeological *Bos* samples were labeled "BOC". Comparative sequences include *Bos taurus* T1 (GenBank: JN817351 and GenBank: MF475809), T2 (GenBank: KT184456 and GenBank: MF475825), T3 (GenBank: V00654) and T4 (GenBank: DQ124372) haplogroups, and *Bos indicus* I haplogroups (GenBank: EU177868 and EU177870). *Bubalus bubalis* (GenBank: NC_006295) is included as the outgroup. All major nodes are labeled with bootstrap values (% of 10000 replicates). Scale bar indicates the number of nucleotide substitutions per site.



图二 中介网络图

Fig. 2 Network analysis of ancient Chinese *Bos Taurus*

注:直线上的数字代表突变位点。每一个圆圈代表一个单倍型,圆圈的大小与共享这一单倍型的样本数量成正比,不同颜色代表不同遗址。Note: Numbers on the lines represent the mutations. Circles represent haplotypes, and the area being proportional to the frequency of the haplotype. Different colors represent different archaeological sites.

单倍型都在其他遗址中有发现。

广义的中原,指黄河中下游地区;狭义的中原,指今河南一带^⑧。“今韩、魏,中国之处而天下之枢也”^⑨,这里的“中国”即为中原,自古为咽喉要地,是华夏文明和中华文明的发源地,随着华夏民族的大融合以及中原文明的扩展,中原文化与其他文化交流频繁。花地嘴遗址是夏代早期聚落遗址,望京楼遗址是夏、商时期的重要邑聚,二里头更是夏时期都城性质的遗址。这三个遗址均位于今河南省,其重要的考古学文化性质及地理位置,便于各种家养黄牛通过不同的路线汇聚于此,由此形成了本文看到的这三个遗址都存在 T2、T3 和 T4 三个家养黄牛的线粒体 DNA 单倍型类群,并且作为一种稳定的遗传结构在该地区长期保留下来了。

2、水牛线粒体 DNA 研究

Yang 等^⑩对陕西省 7 个考古遗址出土的水牛样本进行了线粒体 DNA 分析,认为这些水牛都属于已灭绝的圣水牛(*Bubalus mephistopheles*),并且可以划分为两个单倍型类群 KJ1 和 KJ2。这些本土野生的圣水牛对现代家养水牛没有遗传贡献。此外,在山西龙山时期周家庄遗址中发现了属于 KJ1 的牛骨样本。本文在花地嘴遗址中发现的水牛样本(BOC82)属于圣水牛的单倍型类群 KJ2,与康家遗址的 5 个个体、天马纱厂遗址的 1 个个体共享有相同的线粒体 DNA 序列。

四、结论

通过对河南省郑州地区花地嘴遗址、望京楼遗址出土牛骨进行线粒体 DNA 控制区序列的分析,并结合该地重要的地理位置,本文得出以下认识:

(1) 花地嘴遗址出土的牛骨包括有家养普通牛和野生的圣水牛两个不同的种,望京楼遗址出土的牛骨均属于家养普通牛。

(2) 花地嘴遗址、望京楼遗址的家养普通牛可以归属于线粒体 DNA 单倍型类群 T2、T3 和 T4,以 T3 为主,T2 和 T4 较少,这一遗传结构特征与中国现代家养普通牛相似,但未见其他单倍型类群。通过与已发表的其他中国考古遗址出土黄牛线粒体 DNA 的单倍型类群分布频率的比较发现,同时存在 T2、T3 和 T4 的遗址中,除本文研究的两个遗址外,仅有河南二里头遗址和辽宁大山前遗址两个,说明河南地区古代家养黄牛的多样性更高。综合花地嘴遗址、望京楼遗址和二里头遗址重要的考古学文化性质及地理位置,本文研究认为各种家养黄牛便于通过不同

的路线汇聚于此,由此形成了本文看到的这三个遗址都存在 T2、T3 和 T4 三个家养黄牛的线粒体 DNA 单倍型类群,并且作为一种稳定的遗传结构在该地区长期保留下来了。

(3) 花地嘴遗址中发现的水牛样本(BOC82)属于圣水牛的单倍型类群 KJ2,与康家遗址、天马纱厂遗址等多个个体共享有相同的线粒体 DNA 序列。它们之间是否具有某种联系,还需要有进一步的研究和探讨。

致谢 感谢郑州市文物考古研究院为本研究提供了宝贵的样本。

参考文献 (Reference)

- ①⑧ Loftus R T, MacHugh D E, Ngere L O, et al. Mitochondrial genetic variation in European, African and Indian cattle populations. *Anim. Genet.*, 1994, 25(4): 265~271. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2052.1994.tb00203.x>.
- ②⑨ Loftus R T, Ertugrul O, Harba A H, et al. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Mol. Ecol.*, 1999, 8(12): 2015~2022. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00805.x>.
- ③ MacHugh D E, Shriver M D, Loftus R T, et al. Mitochondrial DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 1997, 146: 1071~1086.
- ④ Helmer D, Gourichon L, Monchot H, et al. Identifying early domestic cattle from Pre-Pottery Neolithic sites on the middle Euphrates using sexual dimorphism. In: Vigne J-D, Peters J, Helmer D. (eds.) *The First Steps of Animal Domestication: New Archaeobiological Approaches*. Oxford, Oakville, CT, Oxbow [Distributed in the U.S. by] D. Brown Bk. Co. 2005. pp. 86~95.
- ⑤④ Bradley D G, Magee D A. Genetics and the origins of domestic cattle. In: Zeder M A, Bradley D G, Emshwiller E, Smith B D. (eds.) *Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms*. Berkeley, CA: University of California Press. 2006. pp. 317~328.
- ⑥ Hongo H, Pearson J, Öksüz B, et al. The process of ungulate domestication at Cayönü, southeastern Turkey: a multidisciplinary approach focusing on *Bos* sp. and *Cervus elaphus*. *Anthropozoologica*, 2009, 44 (1): 63~78. <http://dx.doi.org/10.5252/az2009n1a3>.
- ⑦ Grigson C. *Bos indicus* and *Bos namadicus* and the problem of autochthonous domestication in India. In: Misra V N, Bellwood P S. (eds.) *Recent Advances in Indo-Pacific Prehistory*. New Delhi, India: Oxford and IBH. 1985. pp. 425~428.
- ⑩ Meadow R H. The origins and spread of pastoralism in northwestern South Asia. In: Harris D R. (ed.) *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. London: UCL Press. 1996. pp. 390~412.

⑪ Meadow R H, Patel A K. Prehistoric pastoralism in northwestern South Asia from the neolithic through the harappan period. In: Weber S A, Belcher W R. (eds.) *Indus Ethnobiology: New Perspectives from the Field*. Lanham MD: Lexington Books. 2003. pp. 65~93.

⑫ Chen S, Lin B Z, Baig M, et al. Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia Neolithic. *Mol. Biol. Evol.*, 2010, 27 (1): 1~6. <http://dx.doi.org/10.1093/molbev/msp213>.

⑬ Flad R K, Yuan J, Li S. Zooarchaeological evidence for animal domestication in northwest China. In: Madsen D B, Chen F H, Gao X. (eds.) *Late Quaternary Climate Change and Human Adaptation in Arid China*. Amsterdam; London: Elsevier. 2007. pp. 167~204.

⑭⑰ 吕鹏:《论中国家养黄牛的起源》,《动物考古》(第一辑),第152~176页,文物出版社,2010年。

⑮ 张增祺:《晋宁石寨山》,云南美术出版社,1998年。

⑯ 陈小波:《岭南地区牛的考古发现与研究》,《学术论坛》1999年第4期。

⑰⑱ Yuan J, Flad R K. New zooarchaeological evidence for changes in Shang Dynasty animal sacrifice. *J. Anthropol. Archaeol.*, 2005, 24 (3): 252~270. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jaa.2005.03.001>.

⑲⑳㉑㉒ Cai D, Sun Y, Tang Z, et al. The origins of Chinese domestic cattle as revealed by ancient DNA analysis. *J. Archaeol. Sci.*, 2014, 41: 423~434. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jas.2013.09.003>.

㉓㉔㉕ Cai D, Luan Y, Gao Y, et al. Molecular archaeological research on ancient cattle from the early bronze age changning site, Qinghai Province. *Asian archaeology*, 2015, 3: 167~175.

㉖㉗㉘ 蔡大伟、胡松梅、孙玮璐等:《陕西石峁遗址后阳湾地点出土黄牛的古DNA分析》,《考古与文物》2016年第4期。

㉙㉚㉛ 蔡大伟、胡松梅、孙洋等:《陕西泉护村古代黄牛的分子考古学研究》,《考古与文物》2014年第5期。

㉜㉝㉞ 栾伊婷:《后套木嘎遗址古代牛的分子考古学研究》,吉林大学硕士学位论文,2016年。

㉟㊱㊲ Brunson K, Zhao X, He N, et al. New insights into the origins of oracle bone divination: Ancient DNA from Late Neolithic Chinese bovines. *Journal of Archaeological Science*, 2016, 74: 35~44.

㊳ 刘莉、杨东亚、陈星灿:《中国家养水牛的起源初探》,《考古学报》2006年第2期。

㊴ Yue X-P, Li R, Xie W-M, et al. Phylogeography and domestication of Chinese swamp buffalo. *PLoS One*, 2013, 8 (2): e56552. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0056552>.

㊵㊶㊷㊸ Yang D, Liu L, Chen X, et al. Wild or domesticated: DNA analysis of ancient water buffalo remains from north China. *J. Archaeol. Sci.*, 2008, 35 (10): 2778~2785. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jas.2008.05.010>.

㊹ 郑州市文物考古研究院:《河南巩义花地嘴夏代早期环壕聚落遗址发掘工作阶段性报告》。

㊺ 顾万发主编,郑州市文物考古研究院编著:《新郑望京楼——2010~2012年田野考古发掘报告》,科学出版社,

2016年。

㊻ Yang D Y, Eng B, Wayne J S. Technical Note: Improved DNA extraction from ancient bones using silica-based spin columns. *American Journal of Physical Anthropology*, 1998, 105(4): 539~543.

㊼㊽㊾ Troy C S, MacHugh D E, Bailey J F, et al. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 2001, 410 (6832): 1088~1091. <http://dx.doi.org/10.1038/35074088>.

㊿ 赵欣, Antonia T Rodrigues, 尤悦等:《新疆石人子沟遗址出土家马的DNA研究》,《第四纪研究》2014年第34卷第1期。

㉀ Larkin M A, Blackshields G, Brown N P, et al. Clustal W and clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 2007, 23: 2947~2948. <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btm404>.

㉁ Simmons M P. Independence of alignment and tree search. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 31 (3): 874~879.

㉂ Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. Mega6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30 (12): 2725~2729. <http://dx.doi.org/10.1093/molbev/mst197>.

㉃ Bonfiglio S, Ginja C, De Gaetano A, et al. Origin and spread of *Bos taurus*: new clues from mitochondrial genomes belonging to haplogroup T1. *PLoS One*, 2012, 7 (6): e38601. doi: 10.1371/journal.pone.0038601.

㉄㉅ Di Lorenzo P, Lancioni H, Ceccobelli S, et al. Mitochondrial DNA variants of Podolian cattle breeds testify for a dual maternal origin. *PLoS One*, 2018, 13 (2): e0192567. doi: 10.1371/journal.pone.0192567.

㉆ Olivieri A, Gandini F, Achilli A, et al. Mitogenomes from Egyptian Cattle Breeds: New Clues on the Origin of Haplogroup Q and the Early Spread of *Bos taurus* from the Near East. *PLoS One*, 2015, 10(10): e0141170. doi: 10.1371/journal.pone.0141170.

㉇㉈ Anderson S, de Bruijn M H L, Coulson A R, et al. Complete sequence of bovine mitochondrial DNA conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J. Mol. Biol.*, 1982, 156 (4): 683~717. [http://dx.doi.org/10.1016/0022-2836\(82\)90137-1](http://dx.doi.org/10.1016/0022-2836(82)90137-1).

㉉㊱㊲ Achilli A, Olivieri A, Pellecchia M, et al. Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Curr. Biol.*, 2008, 18: R157~R158. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2008.01.019>.

㊳㊴ Kierstein G, Vallinoto M, Silva A, et al. Analysis of mitochondrial D-loop region casts new light on domestic water buffalo (*Bubalus bubalis*) phylogeny. *Mol. Phylogenetics Evol.*, 2004, 30: 308~324. [http://dx.doi.org/10.1016/S1055-7903\(03\)00221-5](http://dx.doi.org/10.1016/S1055-7903(03)00221-5).

㊵ Bandelt H-J, Forster P, Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, 1999, 16:37~48.

㊶㊷㊸ Mannen H, Tsuji S, Loftus R T, et al. Mito-

④何弩:《2010年陶寺遗址群聚落形态考古实践与理论收获》,《中国社会科学院古代文明研究中心通讯》2011年第21期。

⑤中国社会科学院考古研究所山西队,山西省考古研究所:《山西襄汾县陶寺遗址 III 区大型夯土基址发掘简报》,《考古》2015年第1期。

⑥中国社会科学院考古研究所山西队等:《2012年度陶寺遗址发掘的主要收获》,《中国社会科学院古代文明研究中心通讯》2013年第24期。

⑦何弩:《陶寺遗址石器工业性质分析》,《三代考古》(七),第448~459页,科学出版社,2017年。

⑧何弩:《对于陶寺文化晚期聚落形态与社会变化的新认识》,《新世纪的中国考古学(续)》,第158~171页,科学出版社,2015年。

⑨久保田慎二:《陶寺文化の成立とその背景——土器分析を中心に》,《中国考古学》(第八号),2008年11月22日。

⑩高江涛,何弩:《陶寺遗址考古研究论著存目》,《中国陶寺遗址出土文物集萃》,第315~332页,天津古籍出版社,2018年。

⑪何弩:《陶寺考古:尧舜“中国”之都探微》,《帝尧之都,中国之源——尧文化暨德廉思想研讨会文集》,第63~123页,中国社会科学院出版社,2015年。

⑫高江涛,何弩:《陶寺遗址考古研究论著存目》,《中国陶寺遗址出土文物集萃》,第315~332页,天津古籍出版社,2018年。

⑬高江涛,何弩:《陶寺遗址考古研究论著存目》,《中国陶寺遗址出土文物集萃》,第315~332页,天津古籍出版社,2018年。

⑭何弩:《陶寺遗址 IIM26 出土骨相刻文试析》,《考古》2017年第2期。

⑮罗明:《陶寺中期大墓 M22 随葬公猪下颌意义浅析》,《中国文物报》2004年6月4日第七版。

⑯高江涛:《试论盛期陶寺文化的和合思想(简稿)》,《中国社会科学院古代文明研究中心通讯》2008年第15期。

⑰何弩:《陶寺文化原始宗教信仰蠡测及其特点试析——陶寺出土的艺术品与原始宗教》,《殷墟与商文化——殷墟科学发掘80周年纪念文集》,第295~327页,科学出版社,2011年。

⑱何弩:《试论都邑性聚落布局的宇宙观指导理论——以陶寺遗址为例》,《三代考古》(五),第19~37页,科学出版社,2013年。

⑲李伯谦:《略论陶寺遗址在中国古代文明演进中的地位》,《华夏考古》2015年第4期。《帝尧之都,中国之源——尧文化暨德廉思想研讨会文集》,第27~33页,中国社会科学出版社,2015年。

⑳王震中:《陶寺与尧都:中国早期国家的典型》,《帝尧之都,中国之源——尧文化暨德廉思想研讨会文集》,第36~62页,中国社会科学出版社,2015年。

㉑何弩:《陶寺圭尺“中”与“中国”概念由来新探》,《三代考古》(四),第85~128页,科学出版社,2011年。

(责任编辑:周广明)

上接 第 134 页

chondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle (*Bos taurus*). Genetics, 1998, 150: 1169~1175.

⑤②⑨Mannen H, Kohno M, Nagata Y, et al. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in north eastern Asian cattle. Mol. Phylogenetics Evol., 2004, 32 (2): 539 ~544. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2004.01.010>.

⑤⑧Lei C Z, Zhang W, Chen H, et al. Independent maternal origin of Chinese swamp buffalo (*Bubalus bubalis*). Anim. Genet., 2007, 38: 97~102. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01567.x>.

⑥②⑦⑤③Achilli A, Bonfiglio S, Olivieri A, et al. The multifaceted origin of taurine cattle reflected by the mitochondrial genome (the origin of taurine cattle). PLoS One, 2009, 4 (6): e5753. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0005753>.

⑥⑦Magee D A, MacHugh D E, Edwards C J. Interrogation of modern and ancient genomes reveals the complex domestic history of cattle. Anim. Front., 2014, 4(3): 7~22. <http://dx.doi.org/10.2527/af.2014-0017>.

⑦①⑦Lai S-J, Liu Y-P, Liu Y-X, et al. Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. Mol. Phylogenetics Evol., 2006, 38 (1): 146~154. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.013>.

⑦③Edwards C J, Bollongino R, Scheu A, et al. Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs. Proc. Biol. Sci., 2007, 274: 1377~1385. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2007.0020>.

⑦④Edwards C J, Magee D A, Park S D E, et al. A complete mitochondrial genome sequence from a Mesolithic wild aurochs (*Bos primigenius*) (an aurochs mtDNA genome). PLoS One, 2010, 5 (2): e9255. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0009255>.

⑦⑤Zhang H, Pajmans J L A, Chang F, et al. Morphological and genetic evidence for early Holocene cattle management in northeastern China. Nat. Commun., 2013, 4: 2755. <http://dx.doi.org/10.1038/ncomms3755>.

⑦⑥吕鹏、袁靖、李志鹏:《再论中国家养黄牛的起源——商榷〈中国东北地区全新世早期管理黄牛的形态学和基因学证据〉一文》,《南方文物》2014年第3期。

⑦⑦《辞源》纪念版,商务印书馆,2009年。

⑦⑧刘向:《战国策·秦策》。