

中国山羊的起源与扩散研究*



蔡大伟

(吉林大学边疆考古研究中心
吉林大学西蒙菲莎大学生物考古联合实验室)



张乃凡

(吉林大学边疆考古研究中心)



赵欣

(中国社会科学院考古研究所)

摘要:家养动物的起源与扩散与农业起源、古代贸易、文化交流密切相关,一直是考古学研究的核心问题。山羊(*Capra hircus*)是人类最早驯化的家畜之一,为早期人类提供了重要的肉食资源、奶、羊毛和毛皮,在古代社会发展过程中扮演了一个重要的角色。在中国,由于早期动物考古研究的局限性,动物考古学家并没有仔细区分考古遗址中出土的绵羊和山羊,而是笼统地以羊来代替,导致我们对山羊在中国的起源、驯化及其传播情况并不十分清楚。本文系统整理了中国古代遗址中出土的山羊资料,同时结合现代山羊分子生物学研究成果以及古代山羊的古DNA研究,阐述了中国古代山羊的起源与扩散过程,为今后的深入研究提供了一个新的研究思路。

关键词:山羊;起源;动物考古;分子生物学;古DNA

Abstract: The origin and spread of domestic animals are closely related to the origins of agriculture, ancient trade, and cultural exchanges, and they have always been the core issue of archaeological research. The goat (*Capra hircus*) is one of the earliest domesticated domestic animals. It provided important meat resources, milk, wool and fur for early humans, and played an important role in the development of ancient society. In China, due to the limitations of early animal archaeological research, zooarchaeologists did not carefully distinguish between sheep and goats unearthed from archaeological sites. Instead, they generally replaced them with Caprinae. As a result, we are not very clear about the origins, domestication and spread of goats in China. In this study, we systematically collected the record of ancient Chinese goats, and combining with modern goat molecular biology research results and ancient DNA research to reveal the origins and spread of ancient Chinese goats. It provides a new perspective for future in-depth research.

Key Words: Goat; Origins; Zooarchaeology; Molecular biology; Ancient DNA

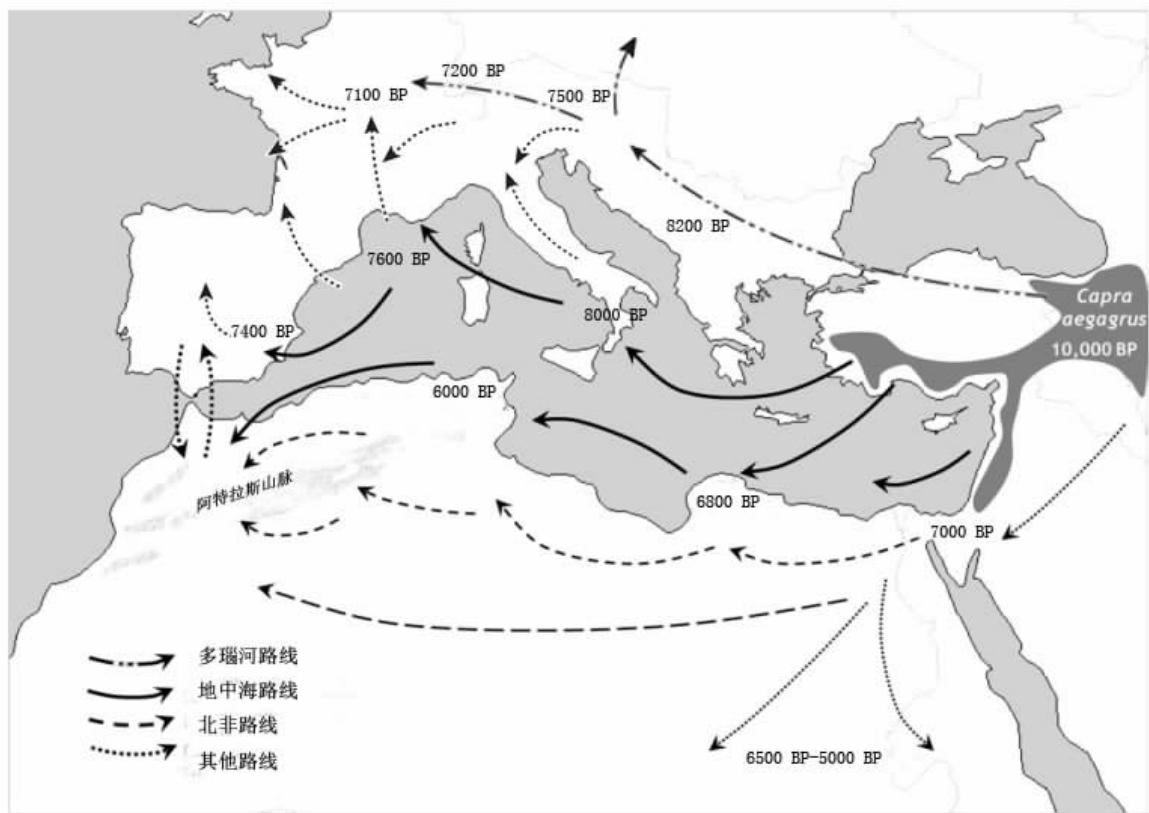
一、前言

山羊是人类最早驯化的家养动物之一,为早期人类提供了重要的肉食资源、奶、羊毛和毛皮,在古代社会发展过程中扮演了一个重要的角色。大量的考古证据表明家养山羊是距今约10000年前在近东新月沃地由野山羊 *Bezoar* (*Capra aegagrus*) 驯化而来,但具体的驯化中心尚不清楚,因为土耳其东南部和中、塞浦路斯、叙利亚幼发拉底河谷和大马士盆地以及伊朗扎格罗斯山脉地区的多个遗址都出土了万

年左右的山羊遗骸。2000年,Zeder等对扎格罗斯山脉中部克尔曼沙赫地区(Kermanshah)甘吉·达维(Ganj Dareh)新石器时代早期遗址(公元前8000年)出土的山羊进行了骨骼形态分析,发现其处于早期驯化阶段,这表明扎格罗斯山脉中部地区是一个重要的驯化中心^①。2008年,Naderi等对遍布近东地区的现代野山羊进行了大规模线粒体DNA分析,指出安纳托利亚东部是另一个重要的驯化中心^②。

山羊被驯化后,通过古代人群的迁徙、贸易交流向欧洲、非洲和亚洲传播。山羊向欧洲传播的情况比较清楚,主要有两条途径^③:一条被称为多瑙河路线

*本研究得到国家社科基金重大项目“古动物DNA视角下的丝路文化交流研究”(17ZDA221)资助。



图一 山羊在欧洲和北非的扩散时间和路线 (综合文献③和④制作)

(Danubian route), 通过爱琴海向北到达匈牙利盆地; 另一条被称为地中海路线 (Mediterranean route), 通过海上运输从西亚到达地中海沿岸地区, 然后到达中欧和西欧 (图一)。山羊通过北非路线 (North African route) 从埃及西奈半岛进入东非, 沿着地中海北非沿岸由东向西部和南部传播^⑥ (图一)。美洲和大洋洲的现有山羊主要是近代由欧洲殖民者从欧洲和非洲带人的^⑤。

山羊向亚洲传播的路线比较复杂, 考古证据表明东西方的交流路线主要有三条: (1) 欧亚草原通道, 从横贯欧亚大陆的草原地带经过中亚地区到达蒙古高原, 继而向南进入中原地区; (2) 绿洲通道, 经中亚进入河西走廊, 向东扩散到达黄土高原; (3) 通过巴基斯坦与阿富汗之间的开伯尔山口 (khyber pass) 进入印度河谷, 到达南亚次大陆、东南亚等广大地区。最近的研究显示小麦^⑦、黄牛^⑧和绵羊^⑨就是通过欧亚草原通道和绿洲通道传播到东亚地区。

在中国, 由于早期动物考古研究的局限性, 动物考古学家并没有仔细区分考古遗址中出土的绵羊和山羊, 而是笼统地以羊来代替, 导致我们对山羊在中国的起源、驯化及其传播情况并不十分清楚。因而, 本文希望系统整理中国古代遗址中出土的山羊资料, 同时结合现代山羊分子生物学研究成果以及古代山羊的古 DNA 研究, 阐述中国古代山羊的起源与发展过程。

二、中国山羊的动物考古学研究

探寻中国山羊的起源与扩散最有效的方法是进行动物考古学研究。中国远离山羊的驯化中心, 而且缺乏野山羊的资源 (野山羊的栖息地范围从西部的土耳其和高加索地区到东部的土库曼斯坦、阿富汗和巴基斯坦), 独立驯化的可能性极小, 很明显中国现有的山羊是从外域引进输入的。

山羊是何时从何地传入中国, 尚难确切断定。从目前的考古资料上看, 有关山羊遗骸的考古记录年代都比较晚, 集中出现的时间大约在新石器时代晚期 (3000BC~2000BC), 地点主要分布在西北地区 (表一, 图二)。本文统计的有关山羊的考古记录中, 有部分研究目前尚存争议, 焦点是山羊种属的鉴定问题。傅罗文等指出西北地区一些属于牛科的岩羊、蒙古瞪羚、喜马拉雅斑羚和鬣羚等野生动物骨骼形态与山羊和绵羊有相似之处^⑩, 这大大增加了研究者鉴定的难度。此外, 一些早期的研究缺乏对动物骨骼形态、年龄结构、驯化状态以及考古学文化现象等的综合系统分析, 导致鉴定结果不可信。左豪瑞曾指陕西榆林火石梁遗址、陕西神木新华遗址、河南汤阴白营遗址等鉴定出的山羊都存在问题^⑪。

目前经过系统骨骼形态学鉴定的家养山羊出自龙山晚期的陕西神木石峁和木柱柱梁遗址。胡松梅

表一 中国出土山羊的记录

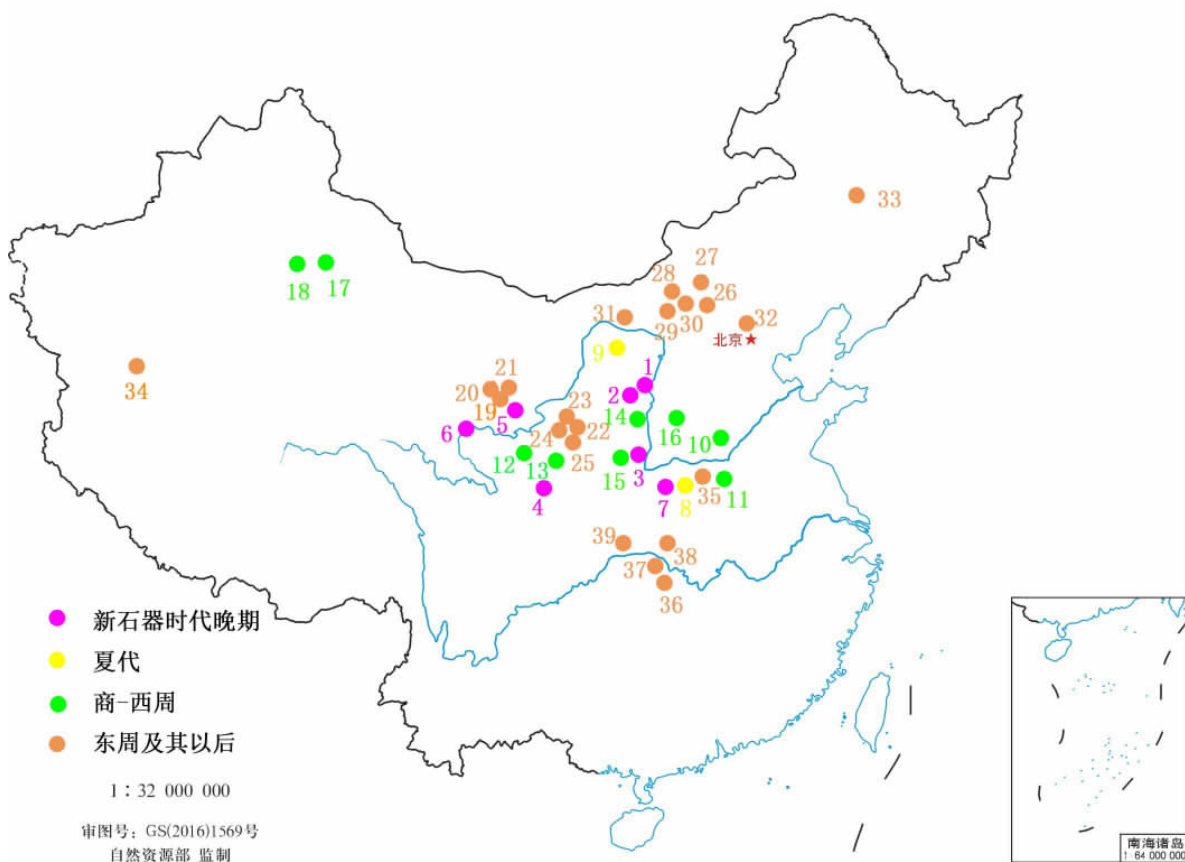
时代	地区	遗址	驯化情况	骨骼情况
新石器时代晚期	陕西	石岭 ^③	家养	下颌骨等
	陕西	木柱柱梁 ^④	家养	肩胛骨等肢骨、下颌骨
	陕西	康家 ^⑤	?	趾骨
	陕西	零口村 ^{⑥*}	?	下颌骨、肱骨等
	甘肃	礼县西山(仰韶晚) ^⑦	?	※
	甘肃	磨咀子 ^⑧	野生	※
	甘肃	师赵村(齐家文化层) ^{⑨*}	家养	※
	青海	长宁 ^⑩	家养	肱骨、桡骨、尺骨、跟骨、头骨
	河南	汤阴白营 ^{⑪*}	?	角鞘
夏代	河南	庙底沟(龙山文化层) ^⑫	?	※
	河南	二里头 ^⑬	家养	角心、掌骨、跖骨
	内蒙古	朱开沟 ^⑭	?	掌骨、跖骨
商—西周	陕西	火石梁 ^{⑮*}	家养	头骨残片、角、肢骨、下颌骨
	河南	殷墟孝民屯 ^⑯	家养	
	河南	王城岗(二里岗文化层) ^⑰	?	下颌骨
	甘肃	寺洼山 ^⑱	家养	角
	甘肃	徐家碾墓地 ^⑲	?	头骨、角
	甘肃	礼县西山(西周) ^⑳	家养	※
	陕西	李家崖古城址 ^㉑	家养	※
	陕西	周公庙 ^㉒	家养	※
	山西	曲村 ^㉓	?	角、下颌骨等
	新疆	五堡墓地 ^㉔	家养	皮革制品
东周及其后	新疆	洋海墓地 ^㉕	家养	皮革制品
	甘肃	蛤蟆墩墓地 ^㉖	?	头骨
	甘肃	西岗墓地 ^㉗	?	头骨
	甘肃	柴湾岗墓地 ^㉘	?	头骨、角
	宁夏	中庄墓地 ^㉙	家养	肢骨等
	宁夏	九龙山墓地 ^㉚	家养	头骨
	宁夏	硝河墓地(2017PXM2) ^㉛	?	头骨等
	宁夏	王大户墓地 ^㉜	家养	头骨等
	内蒙古	小双古城墓地 ^㉝	家养	头骨、指骨、趾骨、寰椎
	内蒙古	忻州窑子墓地(板城墓地) ^㉞	家养	头骨、冠骨、蹄骨、下颌骨、寰椎、肩胛骨
	内蒙古	崞县窑子墓地 ^㉟	家养	头骨等
	内蒙古	新店子墓地 ^㊱	家养	头骨、寰椎
	内蒙古	毛庆沟墓地 ^㊲	?	头骨、肩胛骨
	内蒙古	燕家梁 ^㊳	※	※
	北京	玉皇庙墓地 ^㊴	?	头骨
	吉林	后套木嘎(战国—辽金) ^㊵	家养	肱骨、桡骨、距骨、跖骨、腕骨、胫骨
	新疆	圆沙古城 ^㊶	家养	掌骨、距骨
	河南	王城岗(唐代、宋元明) ^㊷	家养	跟骨(宋元明)
	河南	天玺(宋代) ^㊸	家养	※
	湖北	卜庄河 ^㊹	家养	※
	湖北	罗坪 ^㊺	家养	※
	湖北	土地湾 ^㊻	家养	※
	重庆	蓝家寨 ^㊼	家养	下颌骨

? :缺乏判定为家养的证据。

*:有学者提出异议,种属或其性质存疑。

※:具体骨骼部位情况不详。

中国地图



图二 中国出土山羊的遗址地点

1 石峁 2 木柱柱梁 3 康家 4 礼县西山 5 磨咀子 6 长宁 7 庙底沟 8 二里头 9 朱开沟 10 孝民屯 11 王城岗 12 寺洼山
13 徐家碾 14 李家崖 15 周公庙 16 曲村 17 五堡 18 洋海 19 蛤蟆墩 20 西岗 21 柴湾岗 22 中庄 23 九龙山 24 硝河
25 王大户 26 小双古城 27 忻州窑子(板城墓地) 28 崞县窑子 29 新店子 30 毛庆沟 31 燕家梁 32 玉皇庙 33 后套木嘎
34 圆沙古城 35 天玺 36 卜庄河 37 罗坪 38 土地湾 39 蓝家寨

等对陕西神木石峁(距今 4300~3800 年)遗址出土的山羊骨骼进行了系统分析,鉴定为家养山羊^③。杨苗苗等对陕西木柱柱梁(距今 2500~2000 年)遗址出土的山羊遗骸进行了形态和死亡年龄分析,指出古人饲养山羊除了用于肉食以外,还食用其羊奶^④。与西北地区相比,山羊在中原地区出现的时间稍晚,目前中原地区出土山羊最早的遗址是河南偃师二里头遗址(距今 3700 年前)^⑤。在商周时期,山羊开始在北方地区大量出现,并逐渐散布各地。综上所述,我们推测家养山羊可能在距今 4000 年前后的龙山晚期从甘青地区进入中国,在距今 3700 年前左右的二里头文化时期被引入中原地区。

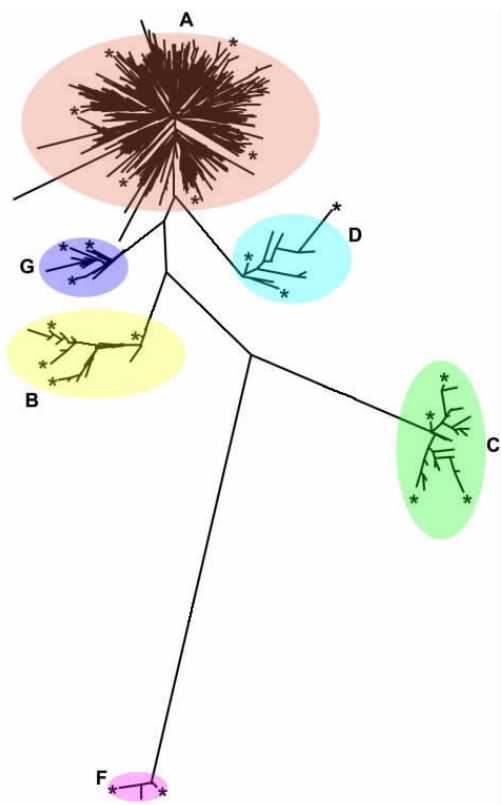
三、现代山羊的分子生物学研究

(一) 山羊的多母系起源

线粒体 DNA 序列结构简单、进化速率快,严格遵循母系遗传,而被广泛地应用于山羊的起源进化研究。当前线粒体 DNA 研究结果表明,现代家养山

羊中存在 6 个线粒体 DNA 世系:A、B、C、D、F 和 G。2001 年,Luikart 等通过对来自近东地区、欧洲、非洲和亚洲的 406 只山羊进行了线粒体 D-loop 区序列分析,揭示了三个高度分化的母系世系 A、B、C,其中 A 占绝对统治地位^⑥。2003 年,Sultana 等分析了来自巴基斯坦 13 个品种的 44 只山羊,揭示了一个新的世系 D^⑦。2004 年,Joshi 等分析了自印度 10 个品种的 363 只山羊的线粒体 D-loop 区序列,发现了新的世系 E^⑧。2006 年,Sardina 等在西西里岛的山羊中识别出新的世系 F^⑨。2007 年,Naderi 等对遍布旧世界的 2430 只山羊进行了线粒体 D-loop 区序列分析,揭示了一个新的世系 G,同时发现先前识别出的世系 E 只是世系 A 的一个亚群^⑩。至此,人们明确山羊存在 6 个世系:A、B、C、D、F、G(图三)。

近东地区的野山羊 Bezoar 群体拥有现代山羊的所有世系,因而被确认为现代家养山羊的野生祖先。Colli 等对欧亚大陆现代、古代和野山羊的大规模线粒体 DNA 分析显示山羊的线粒体 DNA 世系呈现较弱的地理结构,表明山羊群体之间存在较强的基因



图三 现代山羊母系世系分类示意图(引自文献^{⑤0})

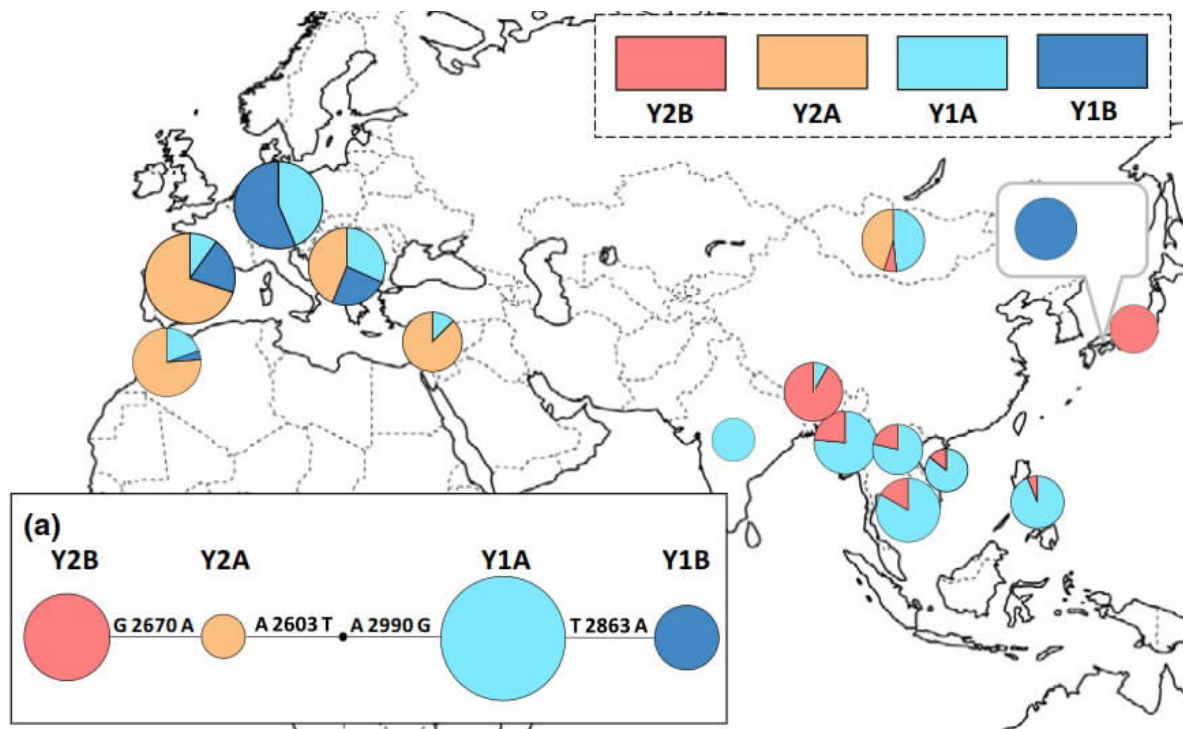
流动^⑤。世系 A 是所有现代群体的主要世系,频率最高,在整个欧亚大陆世系 A 的频率由西向东是逐渐衰减的,这暗示世系 A 起源于欧亚大陆西部。世系 B 主要分布在亚洲,少量分布在南非。世系 C 和 D 在整个欧洲和亚洲都有分布。世系 G 主要分布在近东

地区和北非。世系 F 仅分布在西西里岛的山羊中(图五)。

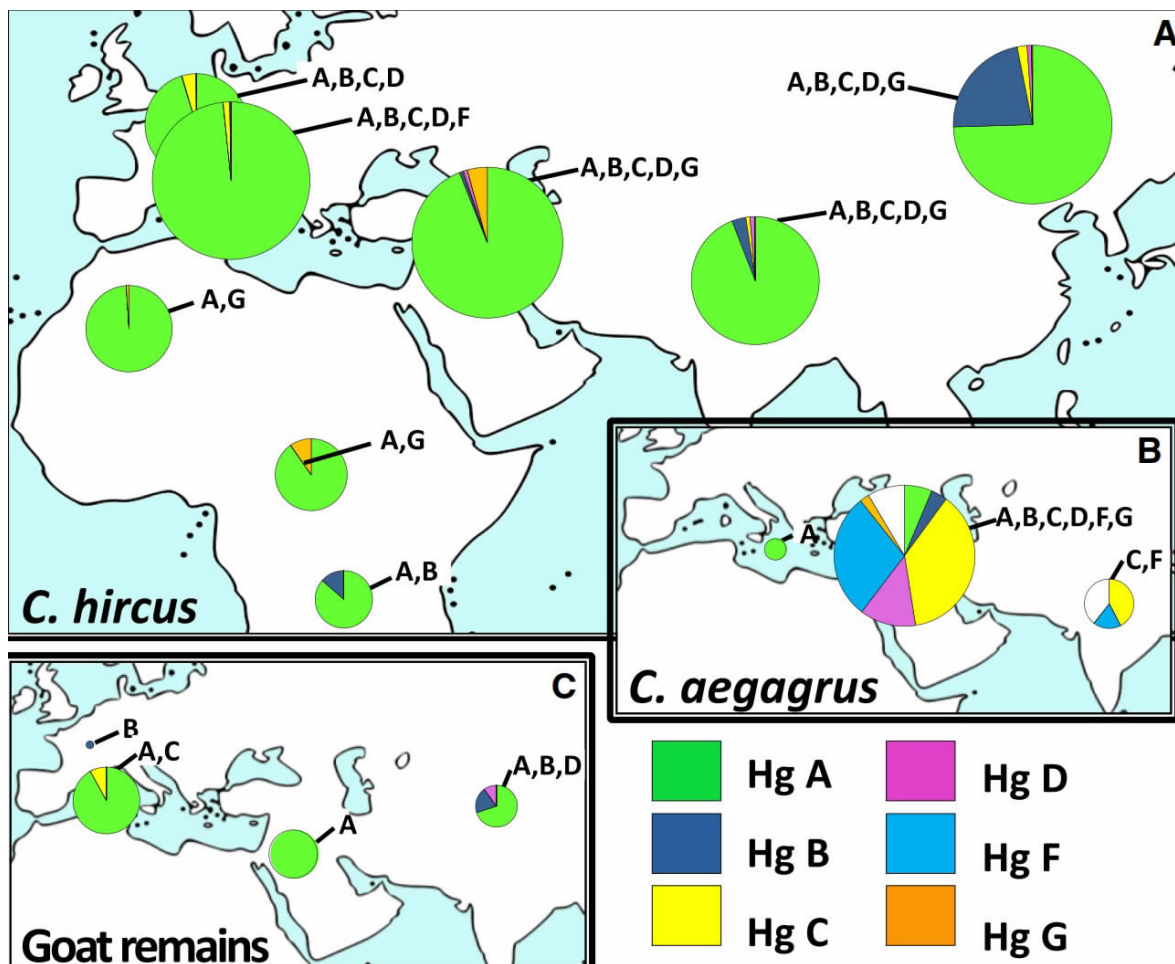
(二)山羊的父亲起源

Y 染色体 DNA 分子标记严格遵循父系遗传、突变率比线粒体低,可以准确反映驯化迁移过程中雄性介导的基因流事件。Y 染色体上的 SRY 基因是雄性的性别决定基因,广泛用于家养动物的父系起源与驯化研究中。2005 年,Lenstra 等在欧洲和土耳其山羊 SRY 区找到四个诊断位点,确定了四个 Y 染色体世系 Y1A、Y1B、Y1C 和 Y2^⑤。2009 年,Pereira 等分析了北非马格里布和伊比利亚半岛的山羊 Y 染色体,两个地区山羊群体的 Y2 和 Y1B 的分布频率非常接近,暗示两地的山羊通过直布罗陀海峡发生了基因交流^⑤。2015 年,Cinar Kul 等在土耳其山羊中识别出 Y 染色锌指蛋白 ZFY 基因上的一个 SNP,确定了一个新的 Y 染色体世系 Y2C^⑤。2015 年,Waki 等对全世界山羊进行了父系群体遗传结构分析(图四),发现了一个新的多态性位点 SRY: g.2670A>G,确定了一个亚洲独有的新型 Y2B,原来的 Y2 被重新命名为 Y2A^⑤。亚洲山羊群体主要以 Y1A (62%) 和 Y2B (30%) 为主。2017 年,Vidal 等发现瑞士山羊主要以 Y1 世系为主,其中 Y1A:24%,Y1B1:15%,Y1B2:43%,Y1C:18%,而意大利和西班牙的山羊以 Y2A 为主,频率高达 77%,两个地区截然不同的遗传结构,暗示两地的山羊可能是通过多瑙河和地中海路线分别扩散的^⑤。

(三)中国山羊的线粒体 DNA 研究



图四 山羊的 Y 染色体世系在世界各地的分布图(引自文献^{⑤5})



图五 山羊线粒体 DNA 世系在不同地区的频率分布图

A.家养山羊 B.野山羊 C.古代山羊^①(引自文献^①)

2003 年,张红平测定了中国 16 个家养山羊品种的线粒体 D-loop 区全序列,构建系统发育树,证明家养山羊有多个母系来源^①。2005 年,刘宁分析了中国南方 11 个家养山羊品种 72 个个体的线粒体 D-loop 区全序列,结果显示中国南方山羊品种没有出现群体扩张,另外中国家养山羊的遗传多样性较丰富,品种间遗传结构弱^②。同年,Chen 等分析了 18 个中国山羊地方品种 368 只山羊的线粒体 D-loop 区序列,发现了 4 种线粒体 DNA 世系 A、B、C、D,呈现了丰富的母系遗传多样性,其中世系 A 高频,世系 B 中频,世系 C、D 低频^③。该研究在世系 B 中识别出两个亚世系 B1 和 B2,其中 B1 东亚所独有的世系(主要是分布于中国,特别是中国的西北部),B2 世系与东亚和南亚山羊共享,该结果支持中国古代的西南山区可能是山羊驯化中心的假说。此后,杨忠诚等^④、刘若余等^⑤、王杰^⑥、武艳平^⑦、季香等^⑧、Wang 等^⑨、Zhong 等^⑩、Zhao 等^⑪、Wang 等^⑫、郝荣超等^⑬、E 等^⑭对中国多个地区的山羊地方品种进行了线粒体 DNA 分析,与之前的研究相类似,在中国山羊群体具有多样化的母系来源,最主要的世系为 A (大约

75%) 和 B (大约 22%),其次是 C (大约 2%) 和 D (大约 0.9%),G 极度稀少 (0.1%),F 没有在中国山羊中观测到。

四、山羊的古 DNA 研究

现代山羊的分子生物学研究只能反映山羊现今的遗传结构,而对其遗传结构历史形成过程,我们并不清楚,例如早期进入中国的山羊的母系类型及其与现代山羊的关系如何,我们尚不了解。古 DNA 技术可以从时间跨度上研究家养动物群体历史变化,通过分析不同时期、不同地点家养动物群体的遗传结构变化规律,重建古代动物谱系演变的时空框架,能够准确地反映家养动物起源与驯化过程及其与现代群体的亲缘关系。

西方很早就开展了古 DNA 研究,早在 2002 年, Kahila Bar-Gal 等就分析了以色列 Abu Gosh 新石器时代遗址前陶(距今约 9500~8000 年)和陶器(距今约 7500~5500 年)两个时期的山羊线粒体 DNA,结果显示家养山羊是在陶器时期,揭示了新石器时代野生山羊向家养山羊的转变过程^⑮。2003 年, Kahila Bar-Gal



中国最早的山羊古 DNA 研究始于 2009 年,韩璐等对内蒙古春秋战国时期凉城县忻州窑子和小双古城墓地出土的 11 例古代山羊样本进行线粒体 DNA 分析,获得 10 个长度为 289bp 的山羊线粒体 DNA 控制区序列,分别属于已定义的世系 A(频率 70%)、B1(20%)、D(10%),其中一只山羊共享世系 B1 的建立者,而 B1 和 B2 的建立者单倍型的共享序列主要分布在中国^⑥。这些结果表明,包括 B1 和 B2 亚群在内的世系 B 可能起源于中国,并进一步支持了中国可能是山羊驯化中心之一的假说。此外,内蒙古的古山羊与中国现代山羊遗传密切相关,这表明内蒙古的古山羊与中国现代山羊具有遗传贡献。

2016 年, Schrodter 等测定了中国新疆五堡墓地(公元前 1500~800 年)中出土的皮革进行了线粒体 DNA 分析, 识别出山羊和绵羊, 其中山羊属于最普遍的世系 A[®]。此外, 青铜时代从哈密和吐鲁番绿洲驯养的山羊和绵羊具有与该地区现代家畜相同或密切相关的单倍型, 表明畜牧业在该地区持续发展, 占有极为重要的地位。

2020年,Zheng等对来自于世界各地的现代山羊进行全基因组测序,发现世界山羊以地域可划分为东亚、西南亚-南亚、非洲和欧洲这四大类群,欧、亚、非洲家羊群体两两之间的分化时间早于驯化时间,支持山羊多起源地驯化的假说,结合古代数据,推测被驯化的山羊主要以携带线粒体世系A的雌性个体为主向其他地区扩散^⑥。该研究还发现与免疫功能相关的MUC6基因通过杂交在7200年前渗入山羊基因组中,在此后千余年,迅速扩散到世界60%以上的家养山羊基因组中。MUC6基因编码胃肠道表面黏膜上的黏蛋白,能够减轻各种寄生虫在胃肠黏膜中存活寄生的作用,从而有效提高动物体的免疫功能,这对于山羊在驯化初期适应拥挤的人工

圈养环境至关重要。

2020年,Cai等首次对中国北方九个考古遗址发掘的约450年到3900年前的古代山羊样本进行全基因组分析,通过与现有西亚地区的古代山羊基因组以及全世界的现代山羊品种进行全基因组序列比较,发现中国山羊具体发源于古代的伊朗西部,最可能在伊朗的红铜时期(约6000~7000年前)从该地出发,在距今4000年左右扩散到西北地区,经历数千年的演化,分化为适应北方干冷和南方湿热环境的两个大群体^⑧。该研究还鉴定与绒毛性状相关的重要基因FGF5和EDA2R,为中国绒山羊的起源提供了新的线索。

六、展望

家养动物的起源与扩散与农业起源、古代贸易、文化交流密切相关,一直是考古学研究的核心问题。与其他动物相比如马、牛、狗等,有关山羊的研究比较薄弱。本文希望通过梳理和回顾山羊起源与扩散问题的相关研究资料,对家山羊的研究进展有一个较为清晰的认识,便于今后更好地开展工作,深化研究水平。

在先前的研究中,我们发现黄牛、绵羊可能经过欧亚草原和沙漠绿洲两条通道进入中国,在西北和东北地区距今5000~4000年的多处遗址都发现了相关的动物遗骸,并进行过古DNA分析。关于山羊的起源与扩散,尽管目前我们只发现甘青地区一条路线,并且在欧亚草原通道上的相关遗址中很少发现山羊遗骸,但我们不能忽视欧亚草原通道的考古研究,希望今后的考古发掘工作重点关注欧亚草原通道上的新石器时代晚期遗址。

在分子生物学研究方面,近年来全基因组测序技术已经广泛应用到山羊经济性状、表型性状等的研究中,一系列与山羊毛色、体型、生产繁殖、产绒以及环境适应相关的候选基因被筛选出来^{⑨⑩}。这些基因的出现与人类在驯化过程中的严格筛选密切相关,通过对不同时代古代样本的全基因组分析,我们能够了解山羊驯化的历史过程以及古人的驯化选择策略,对于今后中国山羊遗传资源的保护、遗传育种具有重要的现实意义。

注释:

①Zeder MA,Hesse B. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science*. 2000, 287(5461): 2254-2257.

②Naderi S, Rezaei HR, Pompanon F, et al. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial

DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008, 105(46): 17659-17664.

③Fernández H, Hughes S, Vigne J, et al. Divergent mtDNA Lineages of Goats in an Early Neolithic Site, Far from the Initial Domestication Areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2006, 103(42): 15375-15379.

④Pereira F, Queiros S, Gusmao L, et al. Tracing the history of goat pastoralism: new clues from mitochondrial and Y chromosome DNA in North Africa. *Molecular Biology and Evolution*. 2009, 26(12): 2765-2773.

⑤贾青、常洪、马章全:《山羊的起源驯化和品种形成》,《河北农业大学学报》1997年第2期。

⑥赵志军:《小麦传入中国的研究——植物考古资料》,《南方文物》2015年第3期。

⑦Dodson JR, Li XQ, Zhou XY, et al. Origin and spread of wheat in China. *Quaternary Science Reviews*. 2013, 72: 108-111.

⑧Cai DW, Sun Y, Tang ZW, et al. The origins of Chinese domestic cattle as revealed by ancient DNA analysis. *Journal of Archaeological Science*. 2014, 41: 423-434.

⑨Cai DW, Zhang NF, Zhu SQ, et al. Ancient DNA reveals evidence of abundant aurochs (*Bos primigenius*) in Neolithic Northeast China. *Journal of Archaeological Science*. 2018, 98: 72-80.

⑩Cai DW, Tang ZW, Yu HX, et al. Early history of Chinese domestic sheep indicated by ancient DNA analysis of Bronze Age individuals. *Journal of Archaeological Science*. 2011, 38: 896-902.

⑪傅罗文、袁靖、李水城:《论中国甘青地区新石器时代家养动物的来源及特征》,《考古》2009年第5期。

⑫左豪瑞:《中国家羊的动物考古学研究综述和展望》,《南方文物》2017年第1期。

⑬胡松梅、杨苗苗、孙周勇等:《2012~2013年度陕西神木石峁遗址出土动物遗存研究》,《考古与文物》2016年第4期。

⑭杨苗苗、胡松梅、郭小宁等:《陕西省神木县木柱柱梁遗址羊骨研究》,《农业考古》2017年第3期。

⑮杨杰:《河南偃师二里头遗址的动物考古学研究》,中国社会科学院研究生院硕士论文,2006年。

⑯刘莉、阎毓民、秦小丽:《陕西临潼康家龙文化遗址1990年发掘动物遗存》,《华夏考古》2001年第1期。

⑰张云翔、周春茂、阎毓民等:《陕西临潼零口文化遗址脊椎动物遗骸的古环境意义》,《地质论评》2003年第2期。

⑱余翀、吕鹏、赵丛苍:《甘肃省礼县西山遗址出土动物骨骼鉴定与研究》,《南方文物》2011年第3期。

⑲动物课题组:《中华文明形成时期的动物考古学研究》,见中国社会科学院考古研究所科技考古中心编:《科技考古》(第3辑),第80~99页,科学出版社,2011年。

⑳袁靖:《中国古代家养动物的动物考古学研究》,《第四纪研究》2010年第2期。

- ②李凉:《青海省长宁遗址的动物资源利用研究》,吉林大学硕士论文,2012年。
- ③考古编辑部:《考古学集刊(3)》,中国社会科学出版社,1983年。
- ④中国科学院考古研究所编著:《庙底沟与三里桥(黄河水库考古报告之二)》,科学出版社,1959年。
- ⑤黄蕴平:《内蒙古朱开沟遗址兽骨的鉴定与研究》,《考古学报》1996年第4期。
- ⑥胡松梅、张鹏程、袁明:《榆林火石梁遗址动物遗存研究》,《人类学学报》2008年第3期。
- ⑦李志鹏:《晚商都城羊的消费利用与供应——殷墟出土羊骨的动物考古学研究》,《考古》2011年第7期。
- ⑧北京大学考古文博学院、河南省文物考古研究所编著:《登封王城岗考古发现与研究(2002—2005)》上,大象出版社,2007年。
- ⑨夏鼐:《临洮寺洼山发掘记》,《考古学报》1949年第4期。
- ⑩包曙光:《中国北方地区夏至战国时期的殉牲研究》,吉林大学博士论文,2014年。
- ⑪林永昌、种建荣、雷兴山:《周公庙商周时期聚落动物资源利用初识》,《考古与文物》2013年第3期。
- ⑫北京大学考古学系商周组、山西省考古研究所编著,邹衡主编:《天马—曲村(1980—1989)》(第三册),科学出版社,2000年。
- ⑬Schroder O, Wagner M, Wutke S, et al. Ancient DNA identification of domestic animals used for leather objects in Central Asia during the Bronze Age. *The Holocene*. 2016, 26(10): 1722–1729.
- ⑭蒲朝绂、赵建龙:《甘肃永昌三角城沙井文化遗址调查》,《考古》1984年第7期。
- ⑮宁夏文物考古研究所、彭阳县文物管理所编著:《王大户与九龙山——北方青铜文化墓地》,文物出版社,2016年。
- ⑯陈全家、曹建恩、孙金松等:《凉城县小双古城墓地殉牲研究》,《内蒙古文物考古》2010年第2期。
- ⑰陈全家、曹建恩:《内蒙古凉城县忻州窑子墓地殉牲研究》,《边疆考古研究》2006年第5辑。
- ⑱魏坚:《凉城县窑子墓地》,《考古学报》1989年第1期。
- ⑲陈全家、曹建恩:《内蒙古和林格尔新店子墓地殉牲研究》,《内蒙古文物考古》2009年第2期。
- ⑳李丹:《毛庆沟文化研究》,郑州大学硕士论文,2010年。
- ㉑陈全家、赵莹、张海滨:《内蒙古燕家梁遗址出土的动物骨骼研究报告》,见内蒙古自治区文物考古所、包头市文物管理处编著,塔拉、张海滨、张红星主编:《包头燕家梁遗址发掘报告》,科学出版社,2010年。
- ㉒左豪瑞:《后套木嘎遗址(2011—12)出土的战国至辽金时期哺乳动物遗存研究》,吉林大学硕士论文,2015年。
- ㉓黄蕴平:《新疆于田县克里雅河圆沙古城遗址的兽骨分析》,《考古学研究》2008年第7期。
- ㉔河南省文物考古研究院王娟博士鉴定。
- ㉕周乐鹏:《三峡地区动物群与古环境研究》,重庆师范大学硕士论文,2010年。
- ㉖武仙竹、邹后曦、黄秒斌:《巫山蓝家寨遗址家畜的动物骨骼》,《人类学学报》2015年第3期。
- ㉗Luikart G, Gielly L, Excoffier L, et al. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001, 98(10): 5927–5932.
- ㉘Sultana S, Mannen H, Tsuji S. Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. *Animal Genetics*. 2003, 34(6): 417–421.
- ㉙Joshi MB, Rout PK, Mandal AK, et al. Phylogeography and origin of Indian domestic goats. *Molecular Biology and Evolution*. 2004, 21(3): 454–462.
- ㉚Sardina MT, Ballester M, Marmi J, et al. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*. 2006, 37(4): 376–378.
- ㉛Naderi S, Rezaei HR, Taberlet P, et al. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS One*. 2007, 2(10): p. e1012.
- ㉜Colli L, Lancioni H, Cardinali I, et al. Whole mitochondrial genomes unveil the impact of domestication on goat matrilineal variability. *BMC Genomics*. 2015, 16: p.1115.
- ㉝Lenstra JA. Evolutionary and demographic history of sheep and goats suggested by nuclear, mtDNA and Y-chromosome markers. *International Workshop on the role of biotechnology for the characterisation and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources*. 2005: 97–100.
- ㉞Pereira F, Queiros S, Gusmao L, et al. Tracing the History of Goat Pastoralism: New Clues from Mitochondrial and Y Chromosome DNA in North Africa. *Molecular Biology and Evolution*. 2009, 26(12): 2765–2773.
- ㉟Cinar KB, Bilgen N, Lenstra JA, et al. Y-chromosomal variation of local goat breeds of Turkey close to the domestication centre. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2015, 132(6): 449–453.
- ㊱Waki A, Sasazaki S, Kobayashi E, et al. Paternal phylogeography and genetic diversity of East Asian goats. *Animal Genetics*. 2015, 46(3): 337–339.
- ㊲Vidal O, Drogemuller C, Obexer-Ruff G, et al. Differential distribution of Y-chromosome haplotypes in Swiss and Southern European goat breeds. *Scientific Reports*. 2017, 7: p.16161.
- ㊳张红平:《采用 mtDNA 序列研究中国家养山羊的遗传多样性与起源分化》,四川农业大学博士论文,2003年。
- ㊴刘宁:《中国南方主要地方山羊品种遗传多样性及进化特征的研究》,甘肃农业大学博士论文,2005年。
- ㊵Chen SY, Su YH, Wu SF, et al. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2005, 37(3): 804–814.
- ㊶杨忠诚、吴芸、滕尚辉等:《贵州山羊遗传多样性及其

起源研究》,《山地农业生物学报》2006年第5期。

①刘若余、杨公社、雷初朝:《中国山羊 mtDNA D-loop 遗传多样性及其起源研究(英文)》,《遗传学报》2006年第5期。

②王杰:《中国11个山羊品种遗传多样性与起源分化研究》,西北农林科技大学博士论文,2007年。

③王杰、陈玉林、杨朝霞:《中国山羊 mtDNA D-loop 遗传多态性研究》,《安徽农业科学》2010年第4期。

④武艳平:《中国部分山羊品种多样性及系统进化分析》,中国农业科学院博士论文,2008年。

⑤季香、马月辉、叶绍辉等:《山羊 mtDNA 多态性及其遗传结构的研究》,《云南农业大学学报》2008年第2期。

⑥Wang J, Chen YL, Wang XL, et al. The genetic diversity of seven indigenous Chinese goat breeds. *Small Ruminant Small Ruminant Research*. 2008, 74: 231-237.

⑦Zhong T, Zhao QJ, Niu LL, et al. Genetic phylogeography and maternal lineages of 18 Chinese black goat breeds, *Tropical Animal Health and Production*. 2013, 45(8): 1833-1837.

⑧Zhao YJ, Zhao RZ, Zhao ZQ, et al. Genetic diversity and molecular phylogeography of Chinese domestic goats by large-scale mitochondrial DNA analysis. *Molecular Biology Reports*. 2014, 41(6): 3695-3704.

⑨Wang GZ, Pi XS, Ji ZB, et al. Investigation of the diversity and origins of Chinese dairy goats via the mitochondrial DNA D-loop. *Journal of Animal Science*. 2015, 93(3): 949-955.

⑩郝荣超、王国华、梁菲菲:《中国南部和西北地区山羊 mtDNA D-loop 区遗传多样性及群体分化》,《农业生物技术学报》2017年第2期。

⑪E GX, Zhao YJ, Chen LP, et al. Genetic diversity of the Chinese goat in the littoral zone of the Yangtze River as assessed by microsatellite and mtDNA. *Ecology and Evolution*. 2018, 8(10): 5111-5123.

⑫Bar-Gal GK, Khalaily H, Mader O, et al. Ancient DNA Evidence for the Transition from Wild to Domestic Status in Neolithic Goats: A Case Study from the Site of Abu Gosh, Israel. *Ancient Biomolecules*. 2002, 4(1): 9-17.

⑬Bar-Gal GK, Ducos P, Horwitz LK. The application of ancient DNA analysis to identify Neolithic caprinae: A case study from the site of Hatoula, Israel. *International Journal of Osteoarchaeology*. 2003, 13(3): 120-131.

⑭Fernandez H, Hughes S, Vigne JD, et al. Divergent mtDNA lineages of goats in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2006, 103(42): 15375-15379.

⑮Han L, Yu HX, Cai DW, et al. Mitochondrial DNA analysis provides new insights into the origin of the Chinese domestic goat. *Small Ruminant Research*. 2010, 90(1-3): 41-46.

⑯蔡大伟、朱存世、栾伊婷等:《殉牲的古DNA分析》,

见宁夏文物考古研究所、彭阳县文物管理所编著:《王大户与九龙山——北方青铜文化墓地》,文物出版社,2016年。

⑰Dong Y, Xie M, Jiang Y, et al. Sequencing and automated whole-genome optical mapping of the genome of a domestic goat (*Capra hircus*). *Nat Biotechnology*. 2013, 31(2): 135-141.

⑱Dong Y, Zhang XL, Xie M, et al. Reference genome of wild goat (*capra aegagrus*) and sequencing of goat breeds provide insight into genic basis of goat domestication. *BMC Genomics*. 2015, 16(1): 1471-2164.

⑲Bickhart DM, Rosen BD, Koren S, et al. Single-molecule sequencing and chromatin conformation capture enable de novo reference assembly of the domestic goat genome. *Nature Genetics*. 2017, 49(4): 643-650.

⑳Daly KG, Maisano DP, Mullin VE, et al. Ancient goat genomes reveal mosaic domestication in the Fertile Crescent. *Science*. 2018, 361(6397): 85-88.

㉑Zheng ZQ, Wang XH, Li M, et al. The origin of domestication genes in goats, *Science advances*. 2020, 6(21): eaaz 5216.

㉒Cai YD, Fu WW, Cai DW, et al. Ancient Genomes Reveal the Evolutionary History and Origin of Cashmere-Producing Goats in China. *Molecular Biology and Evolution*. 2020, 37(7): 2099-2109.

㉓李宏伟:《绒肉兼用山羊重要经济性状基因组选择的模拟研究》,内蒙古农业大学硕士论文,2018年。

㉔Kumar Chandar:《七个巴基斯坦本地山羊品种的全基因组扫描及藏山羊的高海拔适应性候选基因分析》,中国农业科学院博士论文,2017年。

㉕管代禄:《全基因组重测序筛选山羊经济性状候选基因》,西南大学硕士论文,2017年。

(特约责编:罗运兵)