
5块牛骨揭开尘封三千年的“高原之舟”进化史

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26740.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！

5块牛骨揭开尘封三千年的“高原之舟”进化史。在世界第三极的青藏高原，家牦牛、黄牛及其杂交后代——犏牛对人类定居高海拔极端环境意义重大。它们不仅是高原农业犁耕和运输的主力，而且全身是宝：牛肉和酥油、酸奶等牛乳制品是重要的食物资源，牦牛毛编织的帐篷能抵御烈风酷寒，牛粪更是每家必不可少的主要燃料。

长期以来，青藏高原牦牛和黄牛的起源驯化、犏牛的利用等遗传学和考古学问题，都备受关注。近日，四川大学考古科学中心和西北农林科技大学科研团队联合多家单位共同完成了关于青藏高原史前牦牛驯化与黄牛利用研究的论文，并发表于《科学进展》上。

研究整合传统动物考古学鉴定方法及古DNA测序技术，分析了西藏自治区山南市琼结县邦嘎遗址出土的牛类骨骼。结果显示，在2500年前，青藏高原牧民已经开始广泛饲养牦牛、黄牛及犏牛。

一段青藏高原早期牧业发展史的切片，得已呈现。

四年的发掘筛选

邦嘎遗址海拔3750米，早期遗存距今3000至2000年，是西藏为数不多的经系统考古发掘的高海拔史前遗址。

自2015年起，四川大学考古科学中心教授吕红亮团队联合西藏自治区文物保护研究所、山南市博物馆在邦嘎连续开展了四年的考古发掘。陶片、石制品、动物骨骼标本、植物种子等上万件出土遗存的整理和分析工作，均由四川大学考古科学中心主导完成。

对遗址进行发掘过程中，除了通常采用的手捡之外，研究人员还广泛使用精细化的筛选和浮选的方式收集遗物。

由于邦嘎遗址的使用时间较长，古人在遗址的活动很频繁也很多样，使得遗址内存在巨量的细小的陶器碎片、骨骼碎片、碳化的植物种实等。针对这种情况，我们在发掘遗址早期地层和遗迹时，全程使用了筛选。四川大学考古科学中心博士后张正为介绍，筛网孔径的大小会根据出土东西的情况而定，主要使用的孔径大小为6mm*6mm。

为了完全收集植物种子等在遗址中肉眼不易识别的更微小的遗物，研究人员就会采用浮选的方式。在填土中加入水，碳化后的种子质量较轻，就会浮上来。

对于一些保存情况较好或埋藏方式比较特殊的标本，研究人员在现场会利用全站仪及RTK等设备记录它们的三维坐标，以便后期可以准确复原它们在遗址中的出土位置。我们在发掘早期遗迹时，还将石构建筑等较大型的遗迹细分为1平米的小区域，分区域收集陶片、石器、骨骼等不同的遗物，以便识别它们在遗迹中的空间分布规律，借此来探究遗迹的功能和古人对它们的使用规划。张正为表示。

筛选完成后，研究人员便将出土物品进行分类。张正为主要负责动物骨骼的分析研究，他先将疑似的部分挑出，再利用比较形态学的方法，进行种类识别。最终，团队总共收集到180多块牛骨。

我们经过详细的形态学分析，发现这些牛骨中可能同时包含黄牛和牦牛的骨骼他介绍，鉴别过程中要先定位，即确定骨骼属于哪个部位，再依据不同牛种各自的骨骼特征，判别属于哪个物种。

同时，研究人员发现，邦嘎牛的死亡年龄都大于四岁，这与近现代民族志记载的青藏高原牧人利用及管理家养牛种的策略类似。邦嘎出土的牛骨身体部位及骨骼表面痕迹等信息也显示，这些牛的屠宰与食用地点都在遗址区域。



邦嘎遗址考古现场。受访者供图

遗传学证据

得出初步结论后，团队希望利用分子生物学的手段进行验证。

吕红亮随即联系到国家肉牛牦牛产业技术体系岗位专家西北农林科技大学教授雷初朝，将邦嘎遗址出土的牛骨中5件保存较好的骨骼送交雷初朝教授实验室，开展牛骨的古DNA分析工作。选择和雷初朝团队合作的原因很简单，因为其已经深耕中国地方黄牛领域二十余年。

无论是中国现代黄牛的基因组，还是之前出土的3900年前我国西北石峁遗址出土的古代黄牛，甚至牦牛和国外各种牛科动物基因组数据，团队都拥有在国内较为领先的庞大的基因组数据库，且前期对青藏高原牛科动物已经进行了相关的研究。

团队通过提取样本的古DNA，再与基因库数据中3900年前石峁遗址出土的黄牛以及现代西藏牛进行比对后，完全支持了之前形态学的鉴定结果，即邦嘎出土的黄牛遗骨为家养黄牛。同时和现代家养牦牛和野牦牛基因组数据进行比较，发现邦嘎牦牛同现代家养牦牛具有很近的亲缘关系，也支持邦嘎出土的牦牛遗骨为家养牦牛。西北农林科技大学动物科技学院副教授陈宁博表示。

研究人员还发现，邦嘎的黄牛与石峁遗址出土的古代黄牛，以及现代青藏高原黄牛基因组有极高相似性，即有较近的亲缘关系和遗传连续性，推测史前时期青藏高原的黄牛极有可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性，亦表明了以邦嘎黄牛为代表的青藏高原史前家畜群体对高海拔极端环境的成功适应。因为要是不适应的话，这种牛的数量就会大大减少，会被能够适应的其他牛种替代，基因上就会发生很大的变化。雷初朝解释。

不仅如此，基因检测显示，邦嘎黄牛拥有12.1%-19.5%的家养牦牛血统，说明起码2500年前牦牛和黄牛已经有杂交。

在青藏高原，犏牛毛更短、长得快，产奶、产肉以及役用性能均高于牦牛。也许当时邦嘎的牧民已经知道，牦牛和黄牛的杂交后代犏牛的好处，并加以推广利用。陈宁博指出，由此可说明，该研究也为探究牦牛的驯化和黄牛的高原适应性提供了遗传学证据。

历史的切片

此次研究取得的成果，离不开研究人员长期的积累。

骨骼属于哪种动物的哪个部位？同样的部位，不同牛种之间又有哪些不同……想要从形态学上回答这些问题，必须基于大量样本数据的对比和分析。

张正为在近十年时间里，一直专攻青藏高原动物考古研究。期间，陆陆续续在多地博物馆、动物研究所、考古文物研究院等查阅和收集了青藏高原常见各种牛的骨骼信息。基本每一个牛种我都掌握了十几个样本资料，足以支撑此次的鉴定工作。

同样，雷初朝致力于中国地方黄牛基因组遗传变异数据库建设，二十多年来在中国地方黄牛的起源进化领域深耕，尤其在中国地方黄牛基因组遗传多样性方面进行了系统研究。

而这次研究，将两个团队的工作作了一个很好的结合。吕红亮认为，其开创了青藏高原高海拔地区史前考古动物遗存的考古学和古DNA深度融合研究。在以往，也许我们只获取了某个骨骼的

古DNA信息，但对其背景情况并不清楚，例如遗址地点、年代和形态等。但这次我们能够更加深入了解、印证和追溯，反之亦然。

雷初朝也表达了类似的观点。以前我们可能只拉出了历史的一段线。但经过积累，我们掌握了现代牛的资料，也逐步找到了一些古代牛的信息，这条线会越拉越长，起源和进化的过程愈发清楚。

但未来仍有无数个待解之谜。诸如邦嘎遗址中的牛有哪些用途，又是如何被驯养的这一类问题，我们目前都没法解答。张正为表示，在讨论下一步问题之前，还要对目标遗址进行更为严格且细致的动物考古形态筛查。他也一直在建立区域性的动物骨骼形态标准，提升鉴定的准确度。

我们现在只看到了一段历史的切片。吕红亮说，目前只能说明在2500年前，青藏高原已经有驯化的牦牛，以及牦牛和黄牛的杂交种。但这个时间点肯定能再往前推，至于最早是多久，我们还得继续寻找。（来源：中国科学报 杨晨 严涛）

相关论文信息：<https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.adi6857>

作者：吕红亮等 来源：《科学进展》

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