
中国古代家犬线粒体全基因组研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/7984.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！

2020年1月8日，《分子生物学与进化》（Molecular Biology and Evolution

）在线发表了中国科学院古脊椎动物与古人类研究所古DNA实验室研究员付巧妹团队与中国科学院昆明动物研究所、陕西省考古研究院、浙江省文物考古研究所、兰州大学和四川大学等合作完成的关于中国古代家犬线粒体全基因组的研究成果。研究结果表明，所获得的26例中国古代家犬线粒体基因组大多（18/26）属于A2单倍型，并且可能与现生的澳洲野犬及太平洋岛屿殖民时代之前的家犬直接相关。研究推测A2单倍型的家犬可能曾广泛分布于长江黄河流域并占据主导地位，后期扩散到中国南方、东南亚、新几内亚、澳大利亚及太平洋的岛屿上。

东亚南方是遗传学研究认为的家犬可能的起源地，但是与考古学的证据相冲突。家犬的古代遗存在中国北方地区较为常见，而且相对时间也较早，所以动物考古学研究更倾向于认为家犬起源于中国北方，或者首先在中国北方出现。中国南方地区可能是受到骨骼遗存保存条件的限制，发现于浙江田螺山遗址距今约7000年前，属于新石器时代较早期的遗址之一。这一遗址发现的田螺山个体在网络结构图上处于所有A2单倍型个体的中心位置，及在系统进化树上处于所有A2单倍型个体的基部，说明这一个体可能与A2单倍型祖先群体相关。另外，包括A2单倍型在内，约7000-2000年前这一区域至少存在有4种隶属A单倍型的亚型，然而现在生活在这一区域的绝大多数家犬属于A1单倍型，这一地区的家犬可能在2000年以来遭受了较大的种群替换，尤其是长江以北的地区。

中国是世界上最早的农业中心之一，在中国北方地区种植小米的历史至少可以追溯到8000年前。研究发现在约7500年前家犬有一个明显的种群扩增，这与中国农业起源及人群数量扩张相吻合。这也暗示着A2支系的家犬可能迅速地随着农业人群的扩张到达整个长江黄河流域。A2支系的家犬在中国古代家犬样品中非常常见，但是在2000年以来被A1单倍群的个体大量替代。在可能替代事件发生之前，有一些A2类型的家犬已经成功地向南扩散到澳大利亚、太平洋岛屿以及向北扩散到东西伯利亚的极地地区。殖民时代前的太平洋岛屿家犬可能从长江黄河流域起源，经东南亚大陆、印度尼西亚到太平洋深处的不同岛屿，这一支系的家犬可能随着前南岛语系人群和南岛语系人群一同扩散。

该研究首次系统地开展了中国古代家犬线粒体全基因组的研究工作。以后的研究还需要加入更多的东亚地区和相邻地区的古代样品的线粒体基因组和核基因组信息，特别是东亚南部的样品，能够对家犬的遗传历史和扩散路线有更明晰的结论。

本文的通讯作者为付巧妹、王国栋和胡松梅，第一作者为博士生张明。该研究得到国家重点研发计划、中科院战略性先导科技专项（B类）、国家自然科学基金、科学探索奖及霍华德休斯医学

研究所的支持。

[论文链接](#)

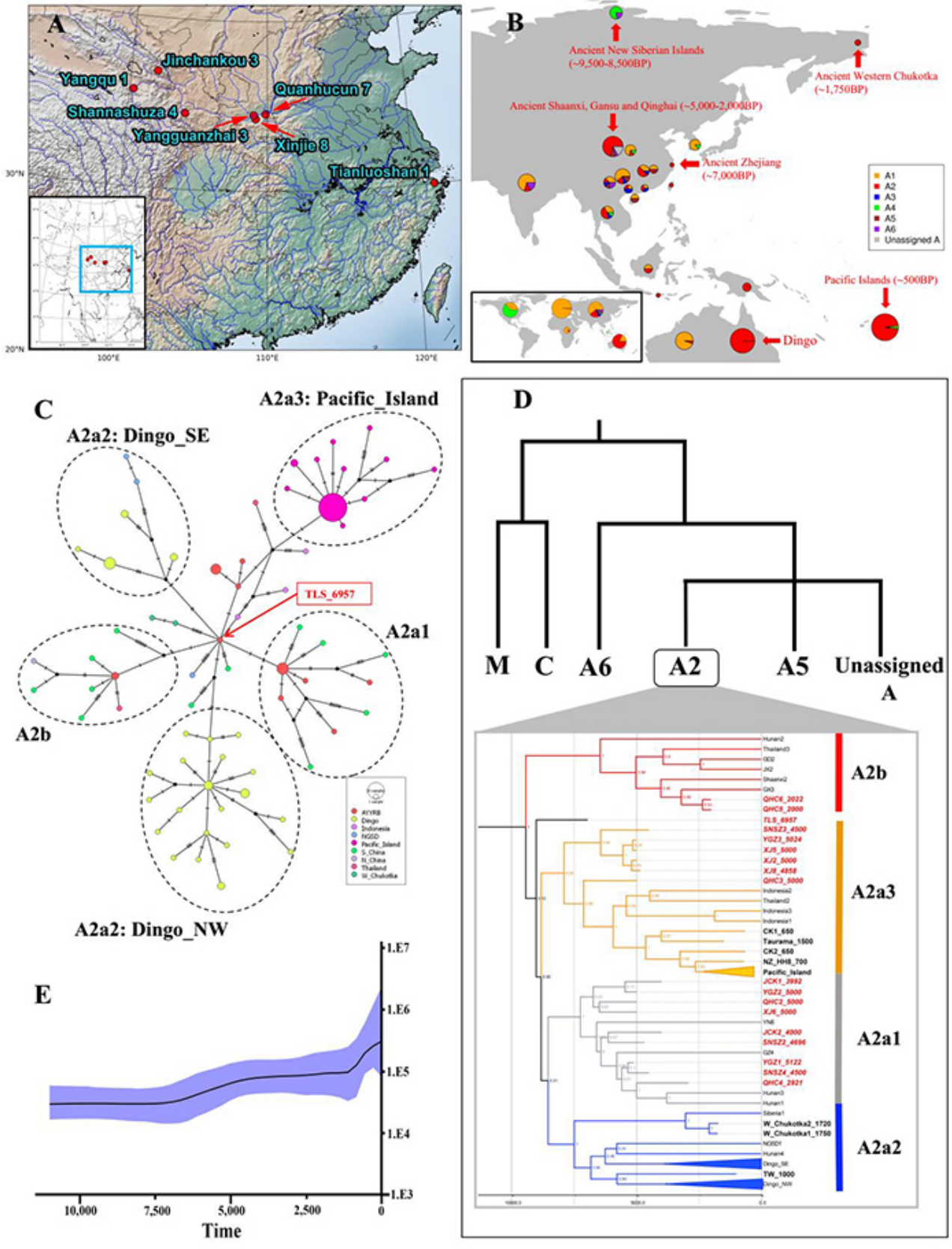


图1 (A) 采集的古代样品分布情况；(B) 单倍型A的几种亚型在中国、东南亚、太平洋岛屿上的组成情况；(C) 以A2单倍型构建的邻接法网络关系图，浙江田螺山的个体处于中心位置，代

表A2单倍型的基础类群；(D)以单倍型A构建的贝叶斯系统进化树A2单倍型部分；(E)贝叶斯种群增长图。(张明供图)

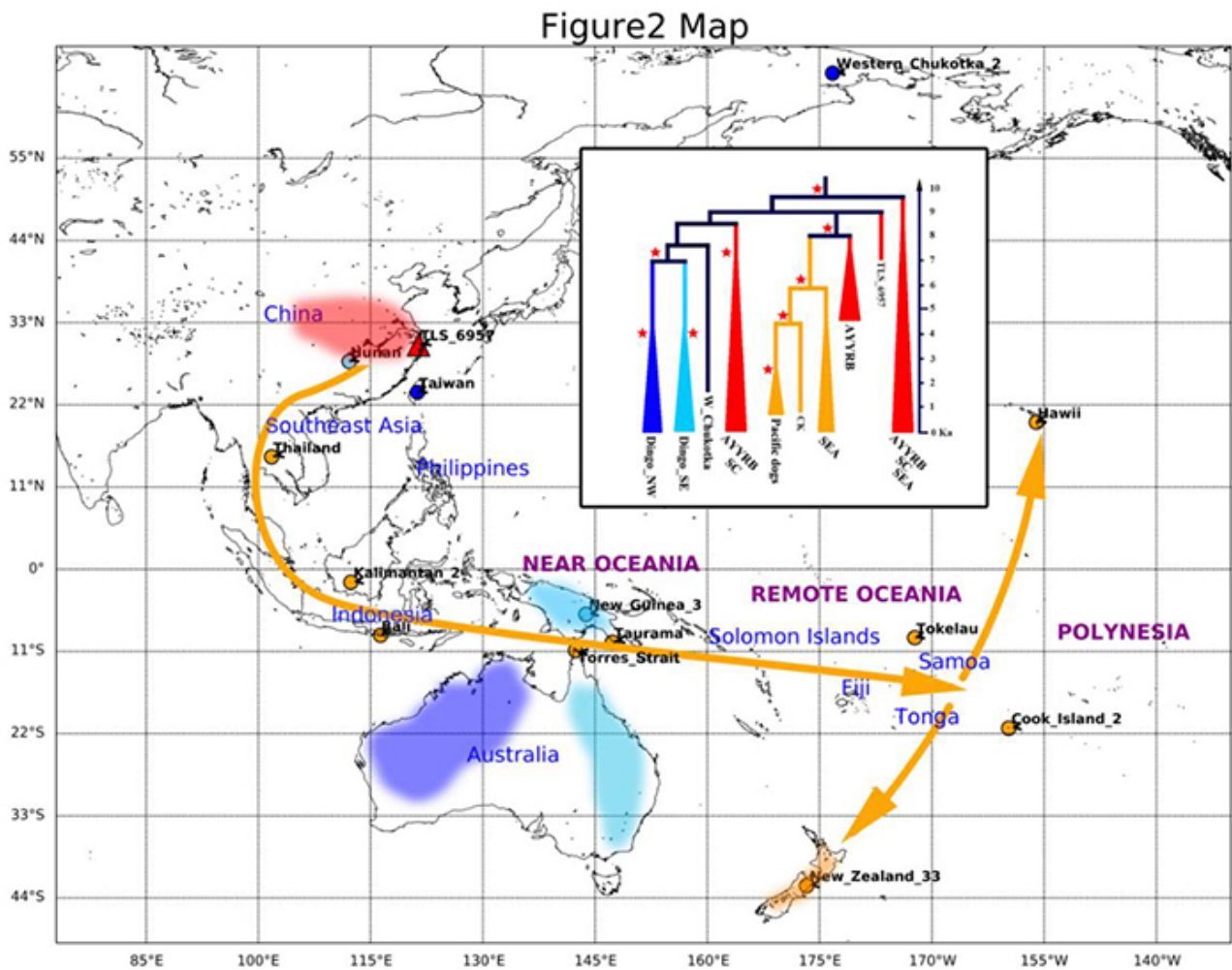


图2 红色区域代表了澳洲野犬、新几内亚歌唱犬和殖民时代之前的太平洋家犬的可能起源地。(张明供图)

研究团队单位：古脊椎动物与古人类研究所

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](http://www.iikx.com)转发