

# 5 块牛骨解密“高原之舟”进化史

■ 杨晨 严涛

在世界“第三极”青藏高原，牦牛被人们誉为“高原之舟”，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风雪酷寒，牛粪更是每家必不可少的主要燃料。

近日，四川大学考古科学中心和西北农林科技大学的科研团队，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的论文，发表于《科学进展》。该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。

## 1 4 年发掘筛选

邦嘎遗址海拔 3750 米，早期遗存距今 2000~3000 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 4 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。

该中心从事博士后研究的张正为介绍，在遗址发掘过程中，除了通常采用的手检之外，研究人员还广泛采用精细化的筛选和浮选的方式收集样本。

筛网孔径的大小会根据出土遗物的情况而定，主要使用的筛网孔径大小为 6 毫米×6 毫米。为了全面收集植物种子等肉眼不易识别的样本，研究人员会采用浮选的方式。“在填土中加入水、碳化后的种子质量较轻，会浮上来。”张正为说。

筛选完成后，研究人员将出土物品分类。张正为主要负责动物骨骼的分析研究，他先将疑似部分挑出，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，判别属于哪个牛种。

同时，研究人员发现，邦嘎牛的死亡年龄都大于 4 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

■ 资料图

## 2 遗传学证据

得出初步结论后，团队希望利用分子生物学手段进行验证。

吕红亮随即联系到国家肉牛牦牛产业技术体系岗位专家、西北农林科技大学动物科学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、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学技术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、现代青藏高原黄牛的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可能由我国西北直接传入。

而这样的基因连续性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。“要是不适当的话，这种牛的数量就会大大减少，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，基因检测还显示，邦嘎黄牛拥有 12.1%~19.5% 的家养牦牛血统，说明至少 2500 年前，牦牛和黄牛就已经杂交。

在青藏高原，犏牛更短、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，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。

“同时与现代家养牦牛、野牦牛基

</