

利用古代 DNA 信息研究黄河流域家猪的起源驯化

王志^①, 向海^①, 袁靖^②, 罗运兵^③, 赵兴波^{①*}

① 中国农业大学动物科技学院, 畜禽育种国家工程实验室, 农业部动物遗传育种与繁殖重点开放实验室, 北京 100193;

② 中国社会科学院考古研究所, 北京 100710;

③ 武汉大学历史学院, 武汉 430077

* 联系人, E-mail: zhxb@cau.edu.cn

2011-09-23 收稿, 2012-01-30 接受

国家自然科学基金(31072017)和国家科技支撑计划(2010BAK67B03)资助

摘要 猪的起源驯化一直是人们关注的科学问题. 古 DNA 技术可为家猪起源驯化研究提供更为直接的科学证据. 已有研究表明, 中国家猪在黄河中下游流域曾发生过独立的驯化过程, 但黄河上游的古代猪样品研究尚属空白. 本研究选取黄河流域的 3 个遗址出土的 14 个古代猪样本为实验材料, 通过 DNA 提取、PCR 扩增和 DNA 测序, 结合现代不同品种家猪、野猪及黄河中下游猪古 DNA 序列信息, 系统分析了中国家猪的起源驯化关系. 实验共获得 5 个古代猪样本 mtDNA *D-loop* 179 bp 的 DNA 序列, 包括 2 个湖北青龙泉遗址样本和 3 个青海喇家遗址样本. 序列比对分析发现, 湖北青龙泉遗址与青海喇家遗址的样本分别共享 1 种单倍型. 结合现代不同品种猪、野猪及黄河中下游猪古 DNA 序列信息, 发现湖北青龙泉遗址样本与山西贾湖遗址的部分古代样本具有相同的单倍型, 青海喇家遗址的样本与山西高红遗址和陶寺遗址的另外部分样本具有相同的单倍型, 并且这 2 个单倍型对应于中国现代猪种的 2 个主单倍型, 说明黄河上游与中下游的猪具有相同的驯化中心. 本研究填补了黄河流域上游古代猪 DNA 研究的空白, 为中国家猪的起源驯化研究提供了新的科学佐证.

关键词

古 DNA
猪
黄河流域
起源
驯化

家养动物的起源驯化是一个复杂的发展过程, 究其原因, 有自身群体之间发生基因互渗的影响, 也有人类流动和迁移的影响. 开展家养动物起源与进化研究意义深远: (1) 有助于了解现代家养动物自身遗传多样性的形成过程, 为动物遗传资源多样性的可持续性利用与保护提供理论依据; (2) 有助于了解人类迁移活动的历史以及畜牧业和农业的起源与发展, 为研究现代人类文明的形成和发展过程提供科学依据^[1].

近年来, 人们通过考古学与遗传学手段对猪的起源、驯化进行了大量深入的研究. 在考古学方面, 中国各地的考古发掘中出土了大量猪的骨骼和模型物品, 特别是在各个新石器时代的遗址中出土的猪的骨骼遗存不仅数量巨大, 而且分布极其广泛^[2,3]. 通过对这些猪出土遗存的研究表明, 家猪在中国驯养已有

很长历史. 目前河南贾湖遗址的证据表明, 早在 8500 年前就有猪被驯化的迹象^[4]. 在遗传学方面, 利用线粒体 DNA(mtDNA)分子标记研究表明, 在全球范围内家猪的驯化是多元的动态过程, 欧洲和亚洲的家猪分别是由各自地区的野猪独立驯化而来^[5,6]; 而全世界则至少存在包括中国在内的 6 个家猪驯化中心^[7]. 包括中国在内的东亚野猪很可能起源于湄公河流域, 而所有东亚家猪源于同一世系, 其中包含有多个支系, 分别在湄公河流域和长江中下游流域得到驯化^[8].

动物驯化是一个复杂的过程, 单纯利用现代动物的遗传信息并不能真正还原动物驯化的过程^[9]. 通过分子生物学技术直接从古代猪样本中获取遗传信息, 直接利用古代 DNA 信息克服时间束缚研究家猪的驯化过程显得尤为必要. 本课题组通过对古代猪

英文引用格式: Wang Z, Xiang H, Yuan J, et al. Exploring the origin of domesticated pigs in the Yellow River area using information from ancient DNA (in Chinese). *Chin Sci Bull (Chin Ver)*, 2012, 57: 1011–1018, doi: 10.1360/972011-1903

样本与现代猪的 mtDNA 序列进行系统发生学分析发现,黄河中下游流域曾发生过猪的独立驯化过程,且这一过程与欧洲猪的驯化不同,表现为延续性驯化形式^[10,11].然而,由于古代样品原因,黄河上游的古代猪样品并没有涉及,中国黄河上游地区家猪的驯化情况没能开展研究.黄河上游地区古代猪样品的分析成为整个黄河流域家猪驯化研究的一个空白.

本研究通过对源自黄河上游的青海喇家遗址以及黄河中下游的湖北青龙泉遗址和河南南洼遗址中的 14 个古代猪样品的 mtDNA 序列分析,综合以往文献以及公共数据库 GenBank 公布的中国古代猪与现代家猪 mtDNA 序列,对中国家猪和黄河流域古代猪的系统发生学关系进行研究,为揭示中国家猪的起源驯化过程提供了新的科学佐证.

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验共收集到 14 个古代猪的颌骨样本(其中用于提取 DNA 的是颌骨上的牙齿),其来源为:青海喇家遗址 4 个,位于青海省民和县;河南南洼遗址样品 3 个,位于河南省登封市;湖北青龙泉遗址 7 个,位于湖北省十堰市.¹⁴C 测年表明,青海喇家遗址年代为距今约 4000 年前,河南南洼遗址距今 4000~5000 年前,湖北青龙泉遗址为距今 3900~4400 年前.青海喇家遗址样品属黄河上游样本,河南南洼遗址、湖北十堰青龙泉遗址样品属黄河中游样本.

1.2 实验方法

(i) 古代 DNA 的提取. 取 500 mg 骨粉至 15 mL 离心管,加入 3 mL 裂解缓冲液(0.45 mol/L EDTA, 0.5% SDS, 0.5 mg/mL 蛋白酶 K, pH 8.0),震荡混匀,摇床 50℃ 孵育 24 h; 孵育结束后 8000×g 离心 30 min, 转上清液至 Amicon® Ultra-4 超滤浓缩管(Millipore Ireland, 爱尔兰)中, 7000×g 离心约 1 h, 使溶液浓缩到 100 μL; 将这 100 μL 浓缩液移至 QIAquick Spin Column(QIAGEN, 美国)后再加入 500 μL Buffer PB 工作液, 用枪头反复抽吸混匀; 12000×g 离心 1 min, 弃滤液; 加入 500 μL Buffer PE 工作液到 QIAquick Spin Column, 用枪头反复抽吸混匀; 12000×g 离心 1 min, 弃滤液; 12000×g 离心 3 min, 弃滤液; 取出 QIAquick Spin Column 放入新的 1.5 mL 离心管中, 加 50 μL

Buffer EB 到硅膜中心; 室温孵育 15 min; 12000×g 离心 1 min; 收集滤液, -20 或 -80℃ 保存(可以重复加 50 μL Buffer EB 到硅膜中心进行第二次孵育, 增加溶液中的 DNA 总量, 但 DNA 浓度会降低).

在提取过程中以水代替骨粉设置 2 次 PCR 的空白对照, 以检测提取过程中是否存在污染.

(ii) 引物设计. 参考 GenBank 猪线粒体基因序列(AF276927)设计 mtDNA 高变区(*D-loop*)179 bp 片段的引物, *D-loop*F: 5'-TGCTAGTCCCCATGCATAT-AA-3', *D-loop*R: 5'-CCTGCCAAGCGGGTTGCTGG-3'.

(iii) PCR 扩增. PCR 反应体系为: 10×PCR Buffer 5 μL; dNTPs (10 mmol/L) 2 μL; 正向引物(10 mmol/L) 2 μL; 反向引物 (10 mmol/L) 2 μL; Goldstar Taq 酶(5 U/μL) 0.4 μL; 古代 DNA 提取液 4 μL; 加 ddH₂O 34.6 μL 至 50 μL.

每次扩增均设阳性对照(以现代 DNA 为模板)与阴性对照(以 ddH₂O 替代模板).

将样品放入 PCR 仪, 设置程序如下: 95℃, 预变性 5 min; 循环步骤: 95℃ 变性 30 s, 63℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 循环次数 40; 之后 72℃ 延伸 8 min; 最后 4℃ 保存.

(iv) 产物回收、二次 PCR 与测序. 使用 PCR 产物回收试剂盒(康为世纪试剂公司, 北京)回收 PCR 产物, 以回收的 PCR 产物为模板进行第二次 PCR, 反应体系和扩增程序均与第一次 PCR 相同. 扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后进行双向测序. 测序结果用 Chromas2.23 软件查看并核对, 将读取错误的碱基修正. 输出测序序列, 供下一步数据分析使用.

(v) 数据挖掘分析. 搜索已发表的文献^[7,8,10-20]和公共数据库 GenBank, 共下载源自中国地方品种猪的对应序列 913 条. 将获得的古代猪与现代猪 mtDNA *D-loop* 的 179 bp 序列, 使用 Clustal X 2.1 与 Collapse1.2 软件进行单倍型比对分析; 利用 Network 4.6.00 软件构建 Median-Joining Network 网络图; 使用 DNASTar 中的 MegAlign 组件构建所有单倍型的系统进化树, 分析古代猪和现代家猪与野猪的系统发生学关系.

2 结果分析

2.1 DNA 提取扩增与测序分析

古代 DNA 浓度一般都很低, 第一次 PCR 的扩增

产物量也较低,以至于凝胶电泳可能检测不到.为提高 PCR 产物浓度,本研究将一次 PCR 产物回收后再作为模板进行了第二次 PCR.

最终本研究从 14 个样本中成功扩增出 5 个样本 mtDNA *D-loop* 179 bp 序列.其中青海喇家遗址 3 个(共 4 个样品),河南南洼遗址 0 个(共 3 个样品),湖北青龙泉遗址 2 个(共 7 个样品).所有提取成功的古代样本都进行了独立重复实验,实验获得的序列结果与第一次实验一致,序列结果可靠真实.比对所获得的 5 个古代猪样本 mtDNA *D-loop* 179 bp 序列,共发现 2 个单倍型,其中青海喇家遗址 3 个样品为同一单倍型,湖北青龙泉遗址 2 个样品为同一单倍型,这 2 个单倍型共有 2 个碱基的差异(图 1).

2.2 单倍型分析

结合本课题组报道的 6 个遗址 18 个古代样本的

序列分析结果^[10,11],黄河流域地区古代猪样品共形成 9 个单倍型(表 1),其中本研究获得的 3 个黄河上游遗址(青海喇家遗址)和 2 个中原地区遗址(青龙泉遗址)的 DNA 序列都没有产生新的单倍型.利用 Clustal X 2.1 与 Collapse1.2 软件对所有获得的古代 DNA 序列和现代 DNA 序列进行单倍型分析,共产生 48 个单倍型,其中现代猪样品共形成 45 个单倍型,分别命名为 H1~H45.古代样品共形成 9 个单倍型,其中 3 个是古代样本所特有的单倍型(名称与对应的 GenBank 号: WD1-FJ601545; GCJ1-FJ601530; GCJ2-FJ601531),其余的古代样本单倍型都包含于现代样本的主单倍型中(表 2).

就本次实验而言,所测得古代 DNA 单倍型分别为:湖北青龙泉样品与 H4 单倍型相同,且与山西贾湖遗址的 1 个古代猪样本的单倍型相同;青海喇家样品与山西高红遗址的 4 个样品和陶寺遗址的 3 个样品

LJ-1	TGCTAGTCCCCATGCATATAAGCATGTACATATTATTATTAATATTACATAGTACATATCATTATTGATC	70
LJ-2	-----	70
LJ-3	-----	70
QLQ-1	-----	70
QLQ-2	-----	70
LJ-1	GTACATAGCACATATCATGTCAAATAACTCCAGTCAACATGCGTATCACCACCATTAGATCACGAGCTTA	140
LJ-2	-----	140
LJ-3	-----	140
QLQ-1	-----	140
QLQ-2	-----	140
LJ-1	ATTACCATGCCGCGTGAAACCAGCAACCCGCTTGCCAGG	179
LJ-2	-----	179
LJ-3	-----	179
QLQ-1	-----	179
QLQ-2	-----	179

图 1 古代猪样本 mtDNA *D-loop* 部分序列测序结果

LJ, 青海喇家遗址样本; QLQ, 湖北青龙泉遗址样本. 5 个序列共形成了 2 个单倍型, 青海喇家遗址样本与湖北青龙泉遗址样本各具有 1 个单独的单倍型

表 1 古代猪样本采集地点与 mtDNA 单倍型对应关系

遗址地点	单倍型								
	H1	H2	H3	H4	H5	H7	WD1/New	GCJ1/New	GCJ2/New
青海喇家遗址(距今 4000 年前)		3							
湖北青龙泉遗址(距今 3900~4400 年前)				2					
山西陶寺遗址(距今 3900~4400 年前)	1	3							
山西高红遗址(距今 3200~3500 年前)		4	2						
河南瓦店遗址(距今 4000~4200 年前)					1	1	1		
河南王成岗遗址(距今 3415~3600 年前)	1								
河南古城寨遗址(距今 4000~4200 年前)								1	1
河南贾湖遗址(距今 8400~9000 年前)			1	1					

表2 45个现代样本形成的单倍型、个体数与对应的 GenBank 序列号

单倍型	数目	GenBank 号	单倍型	数目	GenBank 号	单倍型	数目	GenBank 号
H1	234	DQ496500	H16	3	DQ496454	H31	1	FJ601506
H2	202	DQ496358	H17	3	DQ496392	H32	1	DQ152886
H3	138	DQ496306	H18	3	DQ496770	H33	1	DQ496851
H4	113	DQ496395	H19	3	DQ496827	H34	1	AF276929
H5	36	DQ496339	H20	3	AY884706	H35	1	DQ496264
H6	28	DQ496309	H21	1	AY230821	H36	1	EF375877
H7	29	DQ496498	H22	2	DQ496451	H37	1	AY884610
H8	17	DQ496915	H23	2	DQ496791	H38	1	AY884641
H9	17	DQ496788	H24	2	DQ496892	H39	1	DQ496792
H10	14	DQ496464	H25	2	DQ496743	H40	1	DQ496803
H11	14	DQ496804	H26	2	DQ496877	H41	1	DQ496860
H12	7	DQ496753	H27	2	DQ496852	H42	1	DQ496835
H13	7	DQ496655	H28	1	AY230825	H43	1	DQ496799
H14	6	DQ496966	H29	1	DQ496598	H44	1	AY486118
H15	5	DQ496802	H30	1	AY463062	H45	1	DQ496876

有相同的单倍型，均属于 H2 单倍型。

2.3 Network 软件构建网络图分析结果

利用简约 Median-Joining Network 方法分析所有现代猪与古代猪 mtDNA *D-loop* 的 179 bp 序列，生成简约网络图(图2)。图2中可见中间节点不连续，有很多中介节点，因此分隔线上部与下部单倍型群之间遗传距离较远，分隔线下方为野猪类群，其单倍型主要是野猪特有的类型，上方大部分是家猪类群或家猪与野猪的混合分枝组成的主类群，可以看出 H1, H2, H3 和 H4 是现代猪与古代猪数量最多的 4 个单倍型。本研究样本的 2 个单倍型包含在这 4 个之中，且这 2 个主单倍型均有很多枝与其他单倍型相互联系，由此可见在遗址存在的历史时期，湖北的家猪和青海的家猪都与山西的家猪具有相同的驯化中心。

2.4 应用 DNASTar 构建系统进化树

使用 DNASTar 的 MegAlign 组件构建出所提取 48 个单倍型的系统进化树(图3)。建树结果和 Network 结果相似，整体可以分为 2 类，分别为与 Network 的主类群和野生类群相对应的 2 类类群。其中，主类群又分成 2 个小的类群，H2 与 H4 单倍型分别位于这 2 个类群中。H2 单倍型处于一个较小分枝的基部，说明 H2 单倍型为一个中间型的单倍型，是一部分个体的

祖先单倍型；H4 处于一个分枝的顶端，说明它是一个发展水平较高的单倍型，这也正是 H2 单倍型对应的个体要比 H4 单倍型多的原因。

同时可以看到，在主类群中既有家猪特有单倍型，也有混合单倍型，还有野猪特殊单倍型，说明在这一类群中的野猪曾受人类活动的影响，或是曾出现过经驯化后又复返回野生状态的现象，或者这些野猪与家猪曾有基因交流，以至于与家猪的遗传关系较近。还可以看到，野猪群体中存在持与家猪相同单倍型的群体和持野猪特有单倍型的群体，且前者受人类影响时间要早于后者，这就进一步说明了中国家猪驯化是一个在时间和地区上多层次、多位点交叉发展的过程。

3 讨论

已有的考古学和遗传学证据表明，东亚地区曾发生过家猪驯化事件，而且很可能多次发生。考古学家倾向于将中国家猪驯化地区划分为北方地区和南方地区(大致为黄河流域沿线和长江流域沿线)，并且在两地区最早的遗址——北方的贾湖遗址(距今 7800~9000 年)和南方的跨湖桥遗址(距今 7000~8000 年)中都有发现家猪遗存。

本课题组利用黄河中下游的 18 个古代猪样本，结合东亚现代家猪与野猪的信息研究了东亚地区家

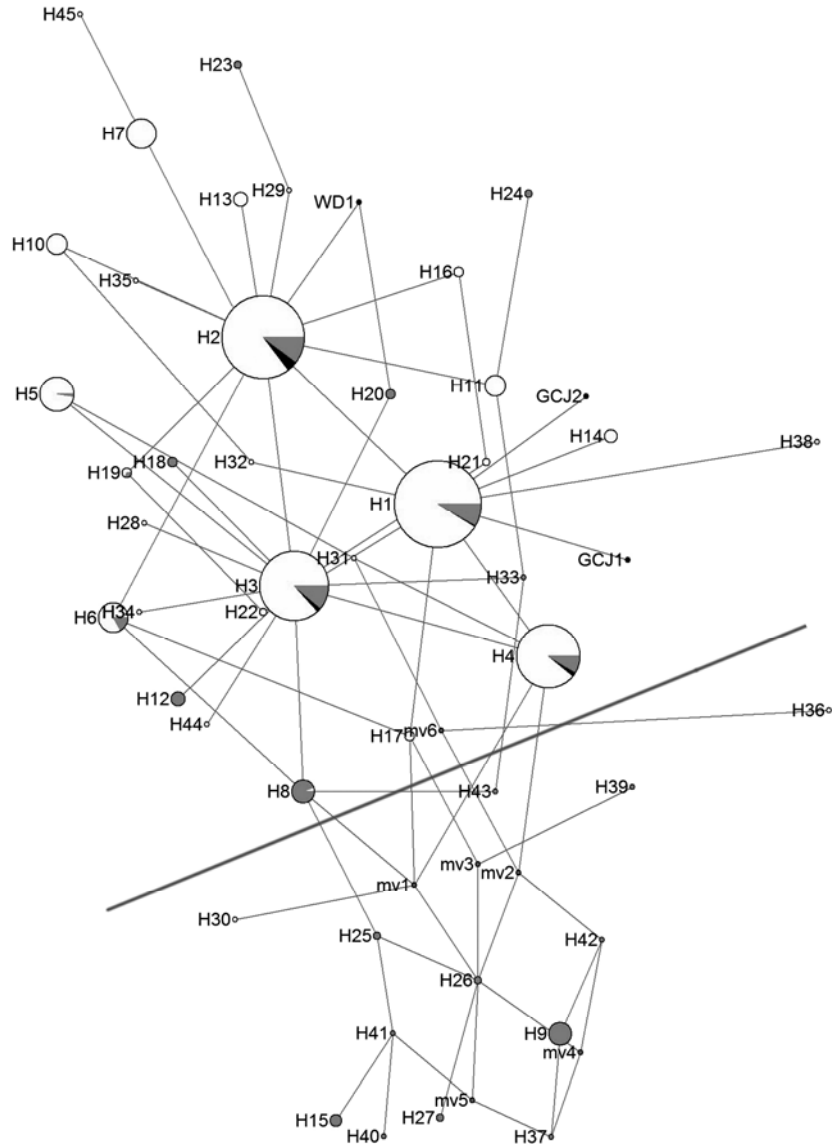


图 2 由中国现代猪与古代猪 mtDNA *D-loop* 179 bp 序列构建的 Median-Joining Network 网络图

图中 1 个节点代表 1 个单倍型，节点的大小与单倍型频率成正比。mv1~6 所对应的点代表程序推断出的中介单倍型，其余节点中白色代表家猪的单倍型，黑色代表古代猪的单倍型，灰色代表野猪单倍型。本研究所得的 5 个样品的 2 个单倍型是 H2 和 H4，可以看出这 2 个单倍型占有单倍型的比例很大。分隔线下方的单倍型是与上方主类群的距离较远的野猪类群。在主类群中 H2、H4 单倍型与其他单倍型有较多的联系，说明它们之间有较近的遗传关系

猪的起源驯化历史，发现黄河流域曾发生过猪的驯化过程。本研究增加了黄河上游的古代样本，进一步扩大了古代样品的地理分布范围，使古代 DNA 序列信息来源涵盖整个黄河流域，在更大的地理范围内提供了黄河流域曾发生过家猪的驯化过程的证据。

本研究对古代猪与现代猪样本的系统发生学分析发现，湖北青龙泉遗址与青海喇家遗址出土的猪遗存的单倍型可分别在山西陶寺、高红和贾湖遗址的

猪遗存样本中找到，并且这 2 个单倍型与现代猪的 2 个主单倍型相同，表明黄河流域中下游与上游的家猪来自于相同的驯化中心。但由于此区域内古代猪与现代家猪、野猪间遗传背景相似以及人类活动极大地掩盖了该地区猪的系统地理学特征，这一驯化中心存在于黄河流域的哪个具体位置，我们尚且不能确定。要解决这一科学问题，还需通过对更多、更早考古年代的古代样本展开研究，提供证据。

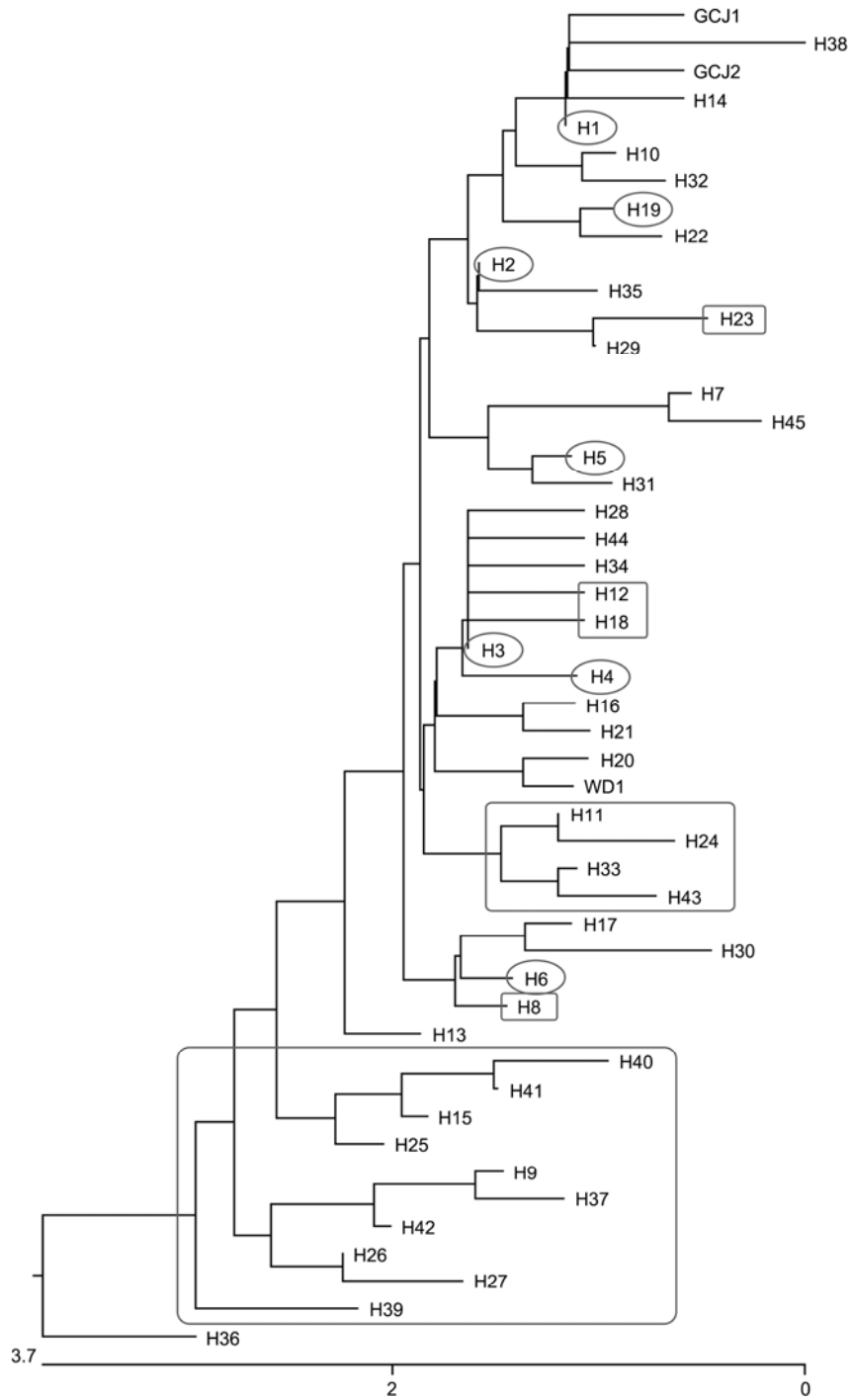


图3 基于48个单倍型构建的系统进化树

方框内的是野猪特有单倍型，椭圆框内的是野猪与家猪的混合单倍型，其余的为家猪特有的单倍型。最下方方框内是与Network网络图中的野猪类群相同的单倍型，其与主类群距离较远。在主类群中可以看到H2与H4分别处于单独的两个较小分枝上，进化水平有一定差距，H2处于较早的进化水平，而H4要晚一些

本研究得出的黄河流域曾是中国家猪驯化中心的结论，并不否认以前被认为是家猪驯化中心的区

域(如长江流域)^[8]，也不排斥中国家猪的驯化是多起源中心、多时间点的一个复杂进程。中国家猪起源驯

化这项研究还需更加丰富的古代样品来充实和完善。

4 结论

黄河上游和中原地区遗址出土的古代猪 DNA 序

列, 从属于黄河中下游猪古 DNA 的单倍型, 且对应于中国现代家猪的主单倍型, 说明黄河上游与黄河中下游的猪经历了相同的驯化过程, 但黄河上游地区的家猪驯化晚于黄河中下游地区。

参考文献

- 1 Diamond J, Bellwood P. Farmers and their languages: The first expansions. *Science*, 2003, 300: 597–603
- 2 Yuan J, Flad R K. Pig domestication in ancient China. *Antiquity*, 2002, 76: 724–732
- 3 黄英伟, 张法瑞. 考古资料所见中国新石器时期家猪的分布. *古今农业*, 2007, 4: 30–34
- 4 罗运兵, 张居中. 河南舞阳县贾湖遗址出土猪骨的再研究. *考古*, 2008, 1: 90–96
- 5 Giuffra E, Kijas J M, Amarger V, et al. The origin of the domestic pig: Independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*, 2000, 154: 1785–1791
- 6 Kijas J M, Andersson L. A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome. *J Mol Evol*, 2001, 52: 302–308
- 7 Larson G, Dobney K, Albarella U, et al. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*, 2005, 307: 1618–1821
- 8 Wu G S, Yao Y G, Qu K X, et al. Population phylogenomic analysis of mitochondrial DNA in wild boars and domestic pigs revealed multiple domestication events in East Asia. *Genome Biol*, 2007, 8: R245
- 9 Zeder M A, Emshwiller E, Smith B D, et al. Documenting domestication: The intersection of genetics and archaeology. *Trends Genet*, 2006, 22: 139–155
- 10 Larson G, Liu R R, Zhao X B, et al. Patterns of East Asian pig domestication, migration and turnover revealed by modern and ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2010, 107: 7686–7691
- 11 刘冉冉. 利用古代和现代线粒体 DNA 研究东亚家猪驯化历史. 博士学位论文. 北京: 中国农业大学, 2009
- 12 Larson G, Cucchi T, Fujita M, et al. Phylogeny and ancient DNA of *Sus* provides insights into neolithic expansion in Island Southeast Asia and Oceania. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2007, 104: 4834–4839
- 13 Watanobe T, Ishiguro N, Okumura N, et al. Ancient mitochondrial DNA reveals the origin of *Sus scrofa* from Rebutan Island, Japan. *J Mol Evol*, 2001, 52: 281–289
- 14 Gongora J, Fleming P, Spence P B, et al. Phylogenetic relationships of Australian and New Zealand feral pigs assessed by mitochondrial control region sequence and nuclear GPIP genotype. *Mol Phylogenet Evol*, 2004, 33: 339–348
- 15 Hongo H, Ishiguro N, Watanobe T, et al. Variation in mitochondrial DNA of Vietnamese pigs: Relationships with Asian domestic pigs and Ryukyu wild boars. *Zoolog Sci*, 2002, 19: 1329–1335
- 16 Kim K, Lee J H, Li K, et al. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Anim Genet*, 2001, 33: 19–25
- 17 Fang M Y, Andersson L. Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. *Proc Biol Sci*, 2006, 273: 1803–1810
- 18 Okumura N, Ishiguro N, Nakano M, et al. Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs. *Biochem Genet*, 1996, 34: 179–189
- 19 Robins J H, Ross H A, Allen M S, et al. Taxonomy: *Sus bucculentus* revisited. *Nature*, 2006, 440: E7
- 20 Yang J, Wang J, Kijas J, et al. Genetic diversity present within the near-complete mtDNA genome of 17 breeds of indigenous Chinese pigs. *J Hered*, 2003, 94: 381–385

Exploring the origin of domesticated pigs in the Yellow River area using information from ancient DNA

WANG Zhi¹, XIANG Hai¹, YUAN Jing², LUO YunBing³ & ZHAO XingBo¹

¹National Engineering Laboratory for Animal Breeding & Key Laboratory of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Agriculture, College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;

²Institute of Archaeology, Chinese Academy of Social Science, Beijing 100710, China;

³School of History, Wuhan University, Wuhan 430077, China

The origin of domesticated pigs is of interest to the general public. Technology to analyze ancient DNA can provide direct scientific evidence to address this question. It has been reported that modern Chinese pigs were domesticated in an independent pattern in the area of the middle and lower reaches of the Yellow River; however, ancient pig samples from the upper reaches of the Yellow River have never been tested. In this study, 14 unearthed ancient pig samples were collected from three archaeological sites in the upper and middle reaches of the Yellow River. Using DNA extraction, PCR amplification and DNA sequencing, these ancient samples were analyzed and compared with gene information from ancient pig samples from the middle and lower reaches of the Yellow River and from modern wild boars and domesticated pigs. We succeeded in generating a 179 bp sequence of mitochondrial *D-loop* from five ancient pig samples respectively, including three samples from the Qinglongquan archaeological site in Hubei Province and two samples from the Lajia archaeological site in Qinghai Province. Sequence alignment analysis indicated that ancient samples from Qinglongquan and Lajia were sorted into different haplotypes. Compared with previous data from ancient DNAs, modern pig breeds and wild boars, the two Qinglongquan samples shared one haplotype with one sample from the Jiahu site, and the Lajia samples shared a haplotype with four samples from the Gaohong archaeological site and with three samples from the Taosi archaeological site, which are both located in Shanxi Province. The two haplotypes were consistent with the four main types of modern Chinese pigs. The results indicate that pigs in the upper reaches of the Yellow River originated from the same domestic center as the pigs in the middle and lower reaches of the Yellow River did. These findings further our understanding of the origin of pig domestication in China.

ancient DNA, pig, reaches of Yellow River, origin, domestication

doi: 10.1360/972011-1903

补充材料

表 S1 GenBank 下载的现代家猪品种登录序列、单倍型及品种对应关系

表 S2 GenBank 下载的野猪登录序列、采集地点及单倍型对应关系

本文的以上补充材料见网络版 csb.scichina.com. 补充材料为作者提供的原始数据, 作者对其学术质量和内容负责.