

中国绵羊起源的分子考古学研究

蔡大伟¹, 汤卓炜¹, 陈全家¹, 韩璐², 周慧^{1,2}

(1. 吉林大学边疆考古研究中心, 长春, 130012;

2. 吉林大学生命科学学院, 长春, 130023)

内容提要: 为了探讨中国绵羊的起源, 对 7 处考古遗址出土的 53 个距今约 4000~2500 年之前的古代绵羊遗骸进行了分子考古学研究。利用 PCR 技术分别扩增并测序了线粒体 DNA 控制区 271 bp 序列, 并进行了 DNA 数据分析。我们的结果从分子水平上揭示了距今 4000~2500 年以来中国古代绵羊母系遗传结构的变化轨迹: 在距今 4000 年前的绵羊群体中存在两个世系 A 和 B, 其中世系 A 占有统治地位, 频率高达 95.5%; 而在距今 2500 年前的绵羊群体中, 除了世系 A 和 B, 又新出现一个世系 C, 其遗传结构与现代中国绵羊群体极为相似, 这表明距今 2500 年以来中国绵羊的遗传结构就已经趋于稳定遗传, 对现代中国绵羊基因池的形成做出了非常重要的贡献。对中国早期绵羊遗传结构的分析表明中国绵羊的驯化有本地因素, 也有外来基因的引入, 应该与东西方史前人类的迁移、文化交流有关。

关键词 绵羊 线粒体DNA 古DNA 世系

中图分类号: K871 **文献标识码:** A

绵羊 (domestic sheep, *Ovis aries*) 是世界上最重要的经济动物之一, 为人类社会提供了大量的产品 (例如, 肉、奶、羊毛纤维等), 在人类的早期文明中扮演着农业、经济、文化甚至是宗教的角色, 这一切使得家绵羊成为新石器时代早期人类驯化的最成功的动物之一。来自考古的证据表明, 绵羊最早可能是在距今 10000 年前西南亚的新月沃地被驯化的^[1]。与近东地区相比, 中国的家羊饲养历史较短, 河南新郑裴李岗遗址 (6500~5000 BC) 曾出土了少量的羊骨^[2]。陕西大地湾文化 (6220~5420 BC) 的元君庙灰坑中^[3], 陕西省西安半坡遗址^[4] (5000~4000 BC) 中也出土了羊的骨骼。但是, 这些标本并没有进行遗骸形态测量和种属鉴定, 不知道是绵羊还是山羊, 也不知道是经过驯化的还是野生的。真正意义上最早的绵羊遗骸应该是甘肃天水师赵村遗址马家窑文化石岭下类型 (3000~2650 BC) 的墓葬^[5]和青海民和核桃庄马家窑文化 (3300~2050 BC) 墓葬^[6]中发现的随葬的绵羊下颌和骨架。袁靖等认为绵羊作为家养动物起源的时间大概在 3600~3000BC 以前, 地区大致是甘肃和青海一带。中原地区绵羊的起源时间大致在 2500~2000BC, 有可能是由于文化的传播, 从其他地域引进的^[7]。

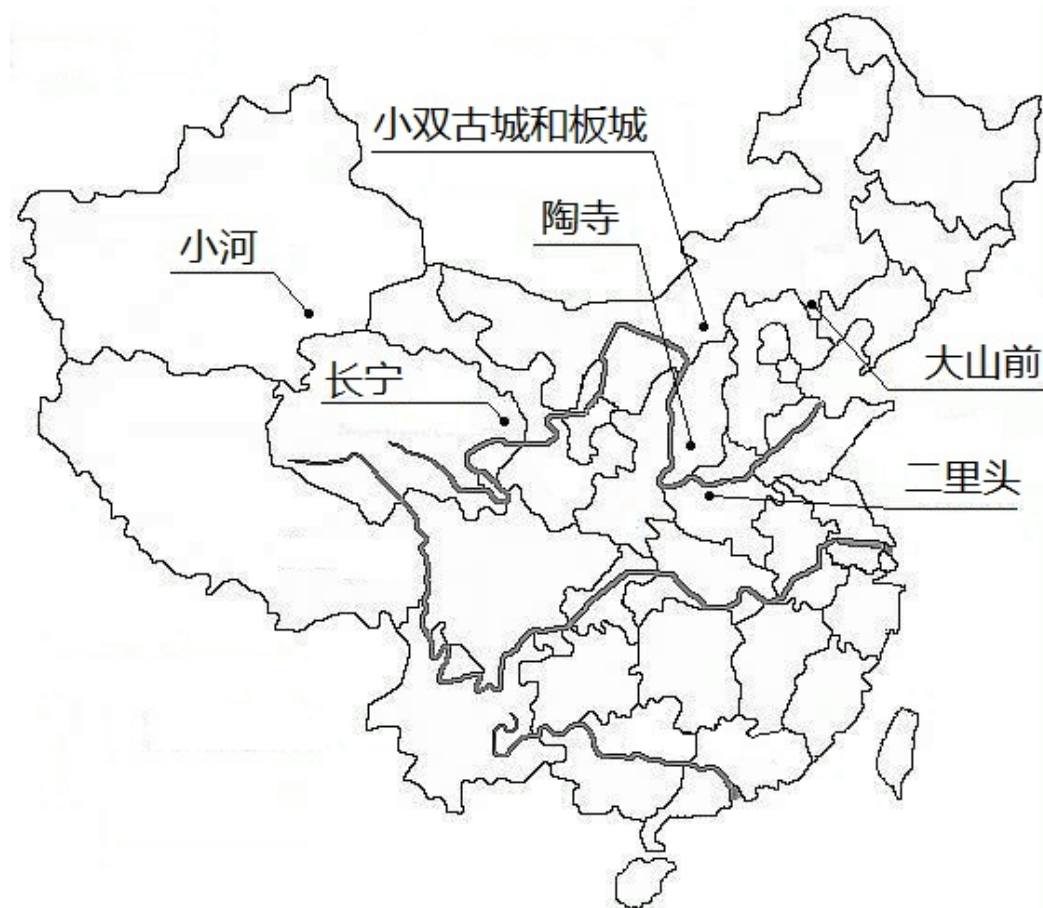
近年来, 随着分子生物学技术以及分子系统学的飞速发展, 针对家畜的起源问题, 遗传学家展开了一系列的研究。线粒体 DNA 作为真核细胞内较为简单的 DNA 分子, 具有母系遗传、极少发生重组、进化速率快等特点, 因而被广泛的用于家畜的起源研究。大量的研究表明在现代绵羊群体中存在 5 个不同的线粒体 DNA 世系: A、B、C、D 和 E。世系 A、B 和 C 是主要的世系, 其分歧时间远远超过绵羊的驯化时间, 而且历史上经历了群体扩张, 暗示绵羊经历了多个驯化事件。世系 D 和 E 是最近发现的, 数量很少, 据推断可能是在三个原有世系的基础上产生的新世系。对现代绵羊群体的线粒体 DNA 分析, 可以准确地反映现代群体的遗传结构。但是, 数千年来, 家畜的繁育受到长期的人工选择干预, 与外来引进品种之间存在大量的杂交和基因交流, 造成现代群体遗传结构不同于历史群体遗传结构, 所得到的数据不足以准确地反映家畜遗传结构的变化过程, 而这一过程恰恰反映了家畜的驯化过程。

分子考古研究的优势在于不受形态学鉴定的限制, 通过重建家养动物过去的遗传结构, 直接从分子层面上揭示家养动物起源与驯化过程, 摆脱了“时间陷阱”的束缚。在本研究中, 我们通过分析了不同时期、不同遗址绵羊遗传结构动态变化规律, 重建古代绵羊谱系演变的时空框架, 揭示中国绵羊起源与驯化的历史。

一、材料与方法

1. 样本的采集

我们分析的 53 个古代绵羊样本来自 7 处考古遗址，分别由青海省文物考古研究所、内蒙古文物考古研究所、新疆文物考古研究所、中国社科院考古研究所提供，采集地点和遗址概况详见图一和表一。吉林大学边疆考古研究中心的汤卓炜先生和陈全家先生以及社科院考古研究所的袁靖先生对绵羊遗骸进行了形态鉴定。我们主要选择了牙齿标本进行古 DNA 分析，因为先前的大量研究表明古 DNA 在牙齿中的保存状况最好。



图一 考古遗址地理分布图

遗址名称	遗址位置	考古学文化	遗址年代 (BC)	样本 数量	采集 部位	实验编号
山西陶寺遗址	襄汾县陶寺村	陶寺龙山文化	2500~1900	1	牙齿	TS01
青海长宁	西宁市大通县长宁乡长宁村	齐家文化	2200~1700	10	牙齿	CNS1~10
内蒙古大山前遗址	赤峰市喀喇沁旗永丰乡大山前村	夏家店下层文化	2000~1500	6	牙齿	DSQS1~6
河南二里头遗址	偃师市二里头村	二里头文化	1900~1500	9	牙齿	ELS1~9
新疆小河墓地	罗布沙漠	不详	1900~1600	3	骨骼	XHS1~3
内蒙古小双古城墓地	乌兰察布市凉城县八苏木乡小双古城村	不详	~500	10	牙齿	LSM1~10
内蒙古板城墓地	乌兰察布市凉城县永兴乡坂城村	不详	~500	14	牙齿	LBM1~14

表一 考古遗址和采集样本信息

2. 样本处理

首先用毛刷清理牙齿表面或骨骼的灰尘和泥土，紫外线照射1小时。用电动打磨机Stronger 90(韩国)去掉骨骼样本表面的1~2毫米，将骨骼在装有液氮的冷冻研磨机6850 SPEX CertiPrep Freezer/mill(美国)中打磨成粉末。牙齿样本先在1当量的盐酸溶液中浸泡5分钟，依次用超纯水、无水乙醇清洗、晾干，用紫外线照射牙齿各侧面，每个侧面30分钟，在装有液氮的冷冻研磨机6750 SPEX CertiPrep Freezer/mill(美国)中打磨成粉末。粉末分装成每管500毫克，零下20度冷冻保存。

3. DNA 提取、PCR 扩增和测序

古DNA的抽提方法采用参见蔡大伟等人的方法^[8]。先用自行配制的裂解液(0.465摩尔 EDTA, 0.5% SDS, 0.4克/升蛋白酶K)裂解骨粉，随后利用Centricon[®] YM-10浓缩含DNA的裂解液，最后用商业化试剂盒QIAquick[®] PCR Purification Kit按照操作说明提取DNA。

PCR扩增：根据参考序列AF010406设计了两对套叠引物：第一对引物L15391 5'-CCACTATCAACACCCAAAG-3'和H15534 5'-AAGTCCGTGTTGTATGTTG-3'；第二对引物L15496 5'-TTAAACTTGCTAAAACCTCCA-3'和H15661 5'-AATGTTATGTACTCGCTTAGCA-3'。扩增线粒体DNA控制区(D-loop)从核苷酸位点15391到15661，扩增片段长度为271bp。

所有PCR扩增反应均在Mastercycler[®] personal热循环仪上进行，PCR扩增体系和扩增程序参见文献^[8]。

扩增产物通过2%琼脂糖凝胶电泳检测，利用QIAEX II GEL Extraction Kit胶回收试剂盒(德国)纯化PCR产物，纯化产物用ABI 310 DNA自动测序仪(美国)进行测序。

4. 古DNA数据分析

古绵羊线粒体DNA序列截取到位点15437-15639，共203bp以适应GenBank上公开的序列。DNA序列用Clustal X 1.83软件进行对位比对，确定变异位点及单倍型。利用Network 4.1软件构建系统发育网络，分析古代绵羊与现代绵羊的母系遗传关系。

5 古DNA结果真实性

为了保证古DNA序列的真实可靠，在本研究中采取了以下严格的防污染措施：(1)所有的实验都是在一个专门的古DNA实验室内完成的，非本实验室人员不得入内，而且没有做过现代绵羊的DNA分析，极大地降低了外源污染的可能性。(2)样本的处理、DNA的抽提、PCR扩增以及PCR产物检测均在专用的相互隔离的操作间(配备有专用超净台)进行，实验的每一个步骤都有专用的设备(例如移液枪和离心机等)，不能相互混用，而且在PCR加样室安装有紫外灯和空气过滤正压排风系统。(3)实验前都预先使用紫外灯照射，并且使用排风装置净化操作间。(4)实验中穿双层防护服，戴一次性帽子和口罩、乳胶手套、每完成一步操作，立即更换手套，随时用次氯酸溶液(DNA去除剂)擦拭超净台和用紫外线照射以消除污染。(5)在实验中所使用的试剂盒与试剂均不含有DNA，一次性实验耗材(离心管，PCR彩管，枪头)均经高压灭菌处理(121℃，15min)。(6)对同一样本至少要经过2次独立抽提，对不同的DNA提取液分别进行3次PCR扩增，同时在DNA的抽提过程和PCR扩增过程中设立空白对照，以保证结果的重现性和真实性。(7)为了测试本实验室的准确性，随机选取10样本送至中国农业大学农业生物技术国家重点实验室进行独立重复验证实验，结果与本实验室实验结果一致。以上防污染的措施和实验验证结果，表明本实验中的古DNA数据真实可靠。

二、结果与讨论

1. 古代绵羊线粒体DNA控制区序列变异

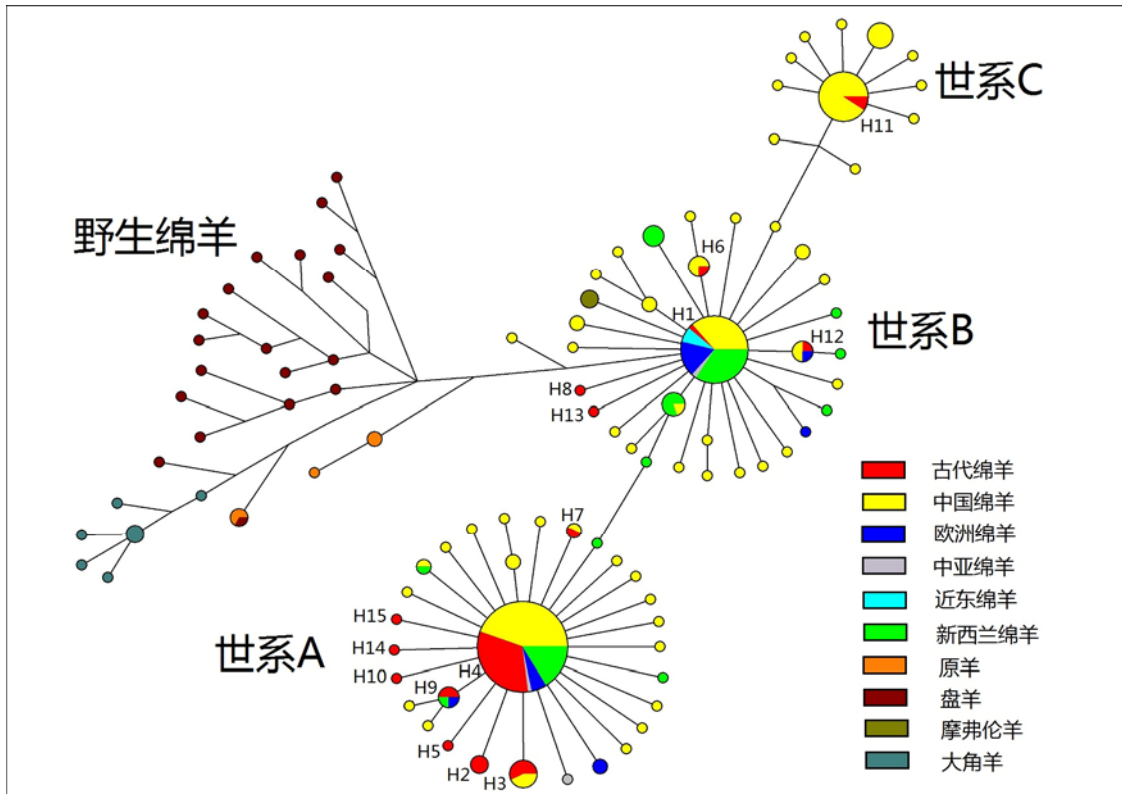
我们从53个样品中成功的获得45线粒体控制区序列，其中青海长宁遗址3个样本(CNS2、CNS6和CNS9)、二里头遗址1个样本(ELS9)、新疆小河墓地3个样本(XH1、XH2和XH3)、内

的绵羊群体只有世系 A 和 B，其中世系 A 的频率高达 95.5%，世系 B 仅为 4.5%；而在距今 2500 年前的绵羊群体中，除了世系 A 和 B，又新出现一个世系 C，三个世系 A、B 和 C 的频率分别为 73.9%、17.4%和 8.7%。作为对比，我们进一步调查了绵羊线粒体 DNA 世系在现代中国绵羊群体中的分布情况，其频率分别为 62.9% (A)、24.7% (B)、11.9% (C)、0.2% (D) 和 0.3% (E)。上述数据从分子水平上显示了距今 4000 以来中国古代绵羊母系遗传结构的变化细节：在距今 4000 千年前的早期青铜时代，当时的古人驯养了大量的 A 世系绵羊和少量的 B 世系绵羊；而在经过 1500 年的发展，到了春秋战国早期铁器时代，B 世系绵羊的规模开始增加，而且 C 世系绵羊被引入到中国绵羊基因池中，从距今 2500 年前到现在，中国绵羊的遗传结构基本保持稳定，极少量的新世系如 D 和 E 开始出现。

3. 古代绵羊与现代绵羊和野生绵羊的关系

为了揭示古代绵羊序列与现代家绵羊和野生绵羊的关系，我们从 GenBank 核酸数据库中选取了东亚、中亚、近东、新西兰、欧洲的现代绵羊群体以及原羊 (*Ovis Vignei*)、盘羊(*Ovis ammon*)、大角羊 (*Ovis canadensis*) 和摩弗伦羊 (*Ovis aries musium*) 等野生绵羊作为比较群体^[10-16]构建了系统发育网络图。系统网络图显示 4 个分支明显的聚簇：野生绵羊聚簇、世系 A 聚簇、世系 B 聚簇、世系 C 聚簇，三个现代绵羊聚簇呈现明显的放射性星状结构，每个聚簇都有一个中心建立者，而且被来自不同地区的绵羊共享，暗示不同地区绵羊品种间存在基因渗透的现象。系统发育网络图显示 15 个古代绵羊单倍型 (包含 45 个个体) 分散在三个世系聚簇之中，其中单倍型 H3、H4、H6、H7、H9、H11 和 H12 与现代绵羊存在共享现象。值得注意的是，单倍型 H4、H1 和 H11 分别处于世系 A、B 和 C 的中心。在古代绵羊群体中分布最广的单倍型 H4 与 33 个中国现代绵羊、12 个新西兰绵羊、1 个中亚绵羊和 4 个欧洲绵羊分享世系 A 建立者单倍型，来自中国的绵羊序列占优势地位，表明古代绵羊与现代中国绵羊之间存在遗传联系性，进一步支持世系 A 起源于东亚。

基于形态特征的研究，多数学者认为中国西北甘肃、新疆、青海、西藏等地广泛分布的盘羊以及中亚山脉地区的野生原羊是中国绵羊的野生祖先^[17,18]。然而，系统发育网络图显示，除了野生摩弗伦羊与世系 B 绵羊聚集在一起，其他野生绵羊如原羊、盘羊和大角羊形成与现代绵羊完全独立的聚簇，对现代绵羊没有遗传贡献。但不能因此完全排先前的假说，首先，尽管原羊(n=58)和盘羊(n=56)的染色体数目与现代绵羊 (n=54) 不同，但是它们与现代绵羊杂交的后代具有生育能力，也就是说，它们与现代绵羊之间没有种间隔离。其次，在家畜驯化的过程中，人们经常会捕捉野生绵羊来进行回交从而改良品种，这样野生绵羊的基因就会渗透到家绵羊的群体之中。最后，原羊和盘羊有很多亚种，有些亚种已经灭绝，而我们并没有获得它们的 DNA 遗传信息，在灭绝的亚种中是否有现代绵羊的祖先未尝可知。因此，我们今后的研究工作是尽可能地获得已灭绝的野生绵羊的古 DNA 遗传信息，这对于揭示中国绵羊的野生祖先具有重要的意义。



图中的圆圈代表线粒体 DNA 的单倍型，圆圈的大小与分享单倍型的个体数量成正比。

图二 古代绵羊与现代绵羊以及野生绵羊的系统发育网络图

4. 中国绵羊的起源

通过分析古老群体的线粒体 DNA 遗传结构，可以推测群体的母系起源。在距今 4000 年前的古代群体中，我们发现世系 A 占有绝对的优势，而且这种优势地位一直延续到现代中国绵羊群体，这表明世系 A 对中国绵羊的贡献最大。由此可见，明确世系 A 的地理起源是揭示中国绵羊起源关键。作为对比，我们进一步调查了绵羊线粒体 DNA 世系在欧亚大陆 5 个地区（东亚、中亚、近东、高加索地区、欧洲）的分布情况，详见表三。世系 A 在东亚地区的频率最高，而且自东向西呈现逐步递减的趋势；而世系 B 恰恰相反，其在欧洲呈现最高的频率，自西向东呈现逐步递减的趋势，世系 C 并没有呈现明显的地理分布趋势。考虑到世系 A 在现代绵羊群体以及中国古代绵羊群体中的统治地位，暗示世系 A 可能是在东亚地区被驯化的。上述观点，与绵羊起源于近东地区，随着农业的扩散传播到其他地区的单一地区起源观点不一致。然而，近年来对其他家养动物如牛^[19]、山羊^[20]和猪^[21]的研究表明，这些家畜存在多地区起源现象，并不仅仅局限在近东地区，东亚和南亚也是重要的家畜驯化中心。另外，陈善元等^[22]在对中国现代绵羊群体的研究中，发现了一个中国独有的世系 A 的支系，这暗示中国现代绵羊的遗传多样性很高，群体的历史更古老，因为通常越古老的群体其遗传多样性更高。一般而言，家畜从其熟悉的生存环境扩散到其他地区时，其生活环境如气候、温度、水土、食物等发生了很大变化，而造成不适应甚至死亡的现象时有发生。而驯养技术的传播似乎更容易受到人们的接受。当土著居民掌握驯养技术时，很容易对周围的野生动物资源进行开发利用，所谓的多次驯化事件就此发生。另外，在原始状态下，不同地区居民所受到的环境压力、生存压力不同，导致经济形态发展不平衡，也可以造成驯化事件可能在不同的时期发生。综上所述，世系 A 极有可能在东亚地区被驯化，而驯化技术的传播可能是其主要动力，当然我们的结论尚需对更古老的样品研究来证实。

世系	东亚	中亚	高加索	近东	欧洲
A	61.7%	34.1%	28.3%	24.0%	7.0%
B	25.0%	47.7%	59.1%	58.0%	92.7%
C	13.0%	18.2%	12.6%	15.9%	0.3%
D	0.1%	—	—	0.7%	—
E	0.2%	—	—	1.4%	—

表三 绵羊线粒体 DNA 世系在欧亚大陆的分布频率表

值得注意的是,在距今 4000 年前的早期绵羊群体中,除了统治性的世系 A,我们还发现了微弱的世系 B。根据考古发掘记录,出土绵羊的遗骸遍布近东地区,进一步考虑到世系 B 的地理分布倾向,支持世系 B 起源于近东地区。占统治地位的亚洲世系 A 以及近东起源的世系 B 在中国古绵羊群体中呈现,表明中国绵羊的驯化有本地因素,也有外来基因的引入,应该与史前人类的迁移、文化交流有关。至于在距今 2500 年前出现的世系 C,目前我们还无法判断其是在中国原有世系的基础上新发展出来的,还是从外域引入的,需要进一步调查研究。

以上我们利用分子考古技术分析揭示了距今 4000 年来中国绵羊母系遗传结构的变化规律,对中国绵羊起源与驯化的历史有了初步的认识。不过要得到更加准确、清晰的结论,我们尚需要扩大取样的范围,选取更古老的样本,同时开展父系 Y 染色体的研究。

附记: 本研究先后受到以下基金项目的资助:“十一五”国家科技支撑计划重点项目“中华文明探源工程(二)”《3500BC-1500BC 中国文明形成与早期发展阶段的技术与经济研究》(资助号:2006BAK21B03);中国博士后科学基金资助项目(资助号:20080430156);中国博士后科学基金特别资助项目(资助号:200902491);吉林大学基础科研经费资助项目(资助号:2008ZZ029)。国家基础学科人才培养基金(批准号:J0930002);教育部人文社会科学重点研究基地 2009 年度重大项目“东北地区古代动物遗存综合研究”(批准号:2009JJD780003)。

本研究的古绵羊样本由青海省文物考古研究所、内蒙古文物考古研究所、新疆文物考古研究所、中国社科院考古研究所提供。吉林大学边疆考古研究中心的汤卓炜先生和陈全家先生以及社科院考古研究所的袁靖先生对绵羊遗骸进行了形态鉴定。中国农业大学农业生物技术国家重点实验室进行了古 DNA 验证实验。在此作者对他们的鼎力支持和帮助表示衷心感谢。

注释

- [1] Peters J. von den Driesch A. Helmer D. The upper Eurphrates-Tigris basin: cradle of agro-pastoralism? In: Vigne J.D., Peters J., Helmer D. (Ed.), *The First Steps of Animal Domestication. New Archaeological Approaches* [M], Oxbow Books, Oxford, UK. 2005.
- [2] 开封地区文物管理委员会、新郑县文物管理委员会、郑州大学历史系考古专业.裴李岗遗址一九七八年发掘简报 [J]. 考古, 1979(3).
- [3] 北京大学考古研究室华县报告编写组.华县、渭南古代遗址调查与试掘 [J].考古学报,1980 (3).
- [4] 李有恒、韩德芬. 陕西西安半坡新石器时代遗址中之兽类骨骼 [J]. 古脊椎与古人类, 1959 (4).
- [5] 中国社会科学院考古研究所. 师赵村与西山坪 [M]. 北京: 中国大百科全书出版社,1999.
- [6] 青海考古队. 青海民和核桃庄马家窑类型第一号墓葬 [J]. 文物, 1979 (9).
- [7] 袁靖、黄蕴平、杨梦菲等. 公元前 2500 年~公元前 1500 年中原地区动物考古学研究-以陶寺、王城岗、新砦和二

里头遗址为例, 科技考古(第二辑) [M]. 北京: 科学出版社, 2007.

- [8] Cai D W. Han L. Zhang X L. Zhou H. et al. DNA analysis of archaeological sheep remains from China [J]. *Journal of Archaeological Science*, 2007, 34:1347-1355.
- [9] 罗玉柱、成述儒、Batsuuri L.等. 用 mtDNA D_环序列探讨蒙古和中国绵羊的起源及遗传多样性 [J]. *遗传学报*, 2005,32(12): 1256-1265.
- [10] Guo J. Du L X. Ma Y H. et al. A novel maternal lineage revealed in sheep (*Ovis aries*) [J]. *Animal Genetics*, 2005, 36: 331-336.
- [11] Wang X. Chen H. Lei C Z. Genetic diversity and phylogenetic analysis of the mtDNA D-loop region in Tibetan sheep [J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2007, 20 (3):313-317.
- [12] Wang X. Ma Y H. Chen H. et al. Genetic and phylogenetic studies of Chinese native sheep breeds (*Ovis aries*) based on mtDNA D-loop sequences [J]. *Small Ruminant Research* 2007, 72 (2-3), 232–236.
- [13] Hiendleder S. Mainz K. Plante Y. et al. Analysis of mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidence for contributions from urial and argali sheep [J]. *Journal of Heredity*, 1998, 89: 113-120.
- [14] Hiendleder S. Lewalski H. Wassmuth R. et al. The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *Journal of Molecular Evolution*, 1998, 47 (4) : 441-448.
- [15] Hiendleder S. Kaup B. Wassmuth R. et al. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies [J]. *Proc R Soc Lond B Biol Sci*, 2002, 269 (1494) : 893-904.
- [16] Boyce W M. Ramey R R. Rodwell T C. et al. Population subdivision among desert bighorn sheep (*Ovis canadensis*) ewes revealed by mitochondrial DNA analysis [J]. *Molecular Ecology*, 1999, 8 (1): 99 -106.
- [17] 薄成吾, 藏系绵羊是中国最古老的羊种[J]. *农业考古*, 1996, (1): 218-221.
- [18] 邹介正, 我国古代养羊技术成就史略 [J]. *农业考古*, 1982, (2):171-180.
- [19] Troy C S. MacHugh D E. Bailey J F. et al. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle [J]. *Nature*, 2001, 410: 1088-1091.
- [20] Luikart G. Gielly L. Excoffier L. et al. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2001, 98: 5927–5932.
- [21] Giuffra E. Kijas J M. Amarger V. et al. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression [J]. *Genetics*, 2000, 154 (4):1785-91.
- [22] Chen S Y. Duan Z Y. Sha T. et al. Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep [J]. *Gene*, 2006, 376: 216-223.

Molecular archaeological study on the origin of Chinese domestic sheep

Dawei Cai Zhuowei Tang Quanjia Chen Lu Han Hui Zhou

Abstract:To investigate the origin of Chinese domestic sheep, we analyzed 53 sheep remains excavated from seven archaeological sites dating from 4000 to 2500 years ago in China. PCR amplification, sequencing and DNA analysis were carried out based on the 271bp mtDNA D-loop fragment. Our results revealed the changes in maternal genetic structure of Chinese sheep from 4000 to 2500 years ago. Two lineages (A and B) were observed in ancient Chinese sheep populations about 4000 years ago, with Lineage A accounting for 95.5% of all ancient

Chinese sheep. Subsequently, besides lineages A and B, a new lineage C was present in ancient Chinese sheep populations around 2500 years ago, and their genetic structure is similar to that of modern Chinese sheep, suggesting the genetic structure has become stable since 2500 years ago, and contribute to modern Chinese sheep gene pool. Genetic structure analysis of early Chinese sheep indicated the origin of Chinese domestic sheep is more complex than previously thought. Both indigenous breeds and mtDNA lineages introduced from outside of China possibly were involved in the process of domestication, which reflect the human migration and culture exchange between East and West.

Key words: Domestic sheep Mitochondrial DNA Ancient DNA Lineage