•综述•

长江流域农作物起源及其与生物多样性特征的关联

赵 耀¹ 陈家宽^{1,2*}¹ (南昌大学生命科学研究院流域生态研究所, 南昌 330031)² (复旦大学生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 上海 200438)

摘要: 长江流域的农耕文明是中华文明的重要组成部分。作为世界著名的农作物起源中心之一, 长江流域拥有丰富的生物多样性, 孕育了大量的栽培植物。本文梳理了起源于长江流域的农作物的资料以及新石器时代文化遗址的植物遗存信息; 结合对长江流域的自然环境特征与全新世以来植被变化的总结, 尝试厘清长江流域对植物资源利用的动态变化, 探讨本地栽培植物与生物多样性的关联。结果表明长江流域农耕文明以稻作为最主要的生产方式, 驯化了大量果树与水生蔬菜, 反映出对本地亚热带常绿阔叶林与湿地的依赖与适应。与其他流域相比, 长江流域具有相对优越的生态要素配置, 其驯化作物类型表现出典型的亚热带湿润森林植被区特征。研究长江流域农作物驯化相关的自然与人类因素, 有助于我们更好地把握长江流域农耕文明的起源。本文不但可为长江流域植物遗传资源的保护与开发提供参考, 而且对于推进长江流域的生态文明建设和可持续发展具有指导作用。

关键词: 长江流域; 农作物; 农耕文明; 植被; 气候; 生物多样性

The origin of crops in the Yangtze River Basin and its relevance for biodiversity

Yao Zhao¹, Jiakuan Chen^{1,2*}¹ Center for Watershed Ecology, Institute of Life Science, Nanchang University, Nanchang 330031² Ministry of Education Key Laboratory for Biodiversity Science and Ecological Engineering, Institute of Biodiversity Science, Fudan University, Shanghai 200438

Abstract: The agricultural civilization that originated in the Yangtze River Basin is an important part of Chinese civilization. Being one of the world-famous crop origin centers, the Yangtze River Basin is rich in biodiversity, and has bred many cultivated plants. This review has collected data of crops that originated in the Yangtze River Basin and information of plant remains found in Neolithic archaeological sites. By summarizing the environmental features and tracking the changes of vegetation since the Holocene in the Yangtze River Basin, we attempt to dissect the dynamics of plant use in this area and investigate the relationship between local cultivated plants and biodiversity. Our results indicate the agricultural civilization in the Yangtze River Basin greatly relied on rice production, and domesticated a large amount of fruit and aquatic vegetable crops, which reflects the adaptation and dependence to local subtropical evergreen broad-leaved forests and wetlands. When compared to other basins, the Yangtze River Basin is advantageous in allocation of ecological factors, and the characteristic of domesticated crops shows a typical feature of subtropical humid forest vegetation areas. Studying the natural and human factors related to crop domestication can help us to better understand the origin of agriculture civilization in the Yangtze River Basin. This work not only provides a reference for the conservation and utilization of plant genetic resources, but also plays a guiding role in promoting the construction of ecological civilization and sustainable development in the Yangtze River Basin.

Key words: Yangtze River Basin; crop; agricultural civilization; vegetation; climate; biodiversity

收稿日期: 2017-09-14; 接受日期: 2018-02-06

基金项目: 国家自然科学基金青年基金(31600293)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: jkchen@fudan.edu.cn

农业是现代人类社会生产的重要组成部分。农耕在人类文明进程中的出现,标志着人类开始从采集狩猎的生活方式向定居型农耕生活的转变。经过不同地区人类驯化而产生的多种栽培植物奠定了农耕的物质基础。这些农作物的出现和与之配套的农业生产方式的形成促成了农耕的兴起,进而加速了人类文明的发展(Rindos, 1984; Diamond, 2002; Bowles, 2011; Willcox, 2013)。

早在距今约15,000年前旧石器时代晚期,先民已在进行渔猎采集的过程中对周围环境中可利用的动植物资源积累了充分的认识,不但能够驯化动物辅助狩猎,还出现了原始的人工栽培行为,形成了农耕文明的萌芽(Kislev et al, 2006; Weiss et al, 2006; Liu et al, 2013; Vigne, 2015)。从约12,000年前开始,多个地区的人类文明开始由渔猎采集的生产方式逐渐转为以农耕为主、采集狩猎为补充的复合生产方式,进而发展出较为成熟的农耕文明(Willcox et al, 2008; Zhao, 2011; Vigne, 2015)。基于目前获得的考古证据,学界对农耕起源的动力已形成一些共同认识。比较具有代表性的“标准进化理论(standard evolutionary theory)”认为,农耕的出现源于在人类社会过程中资源的供给-需求平衡的破坏,无论是供给端还是需求端的改变都会打破平衡而促使生产方式发生调整以适应这种变化。从需求端来看,第四纪冰川期结束后全球气候大体稳定并持续转暖,这种相对稳定的气候促进了人口增长与生产工具的进步,从而使得原先富余的环境承载能力逐步达到上限(Richerson et al, 2001);就供给端而言,虽然气候在大部分时间里保持相对稳定的状态,环境承载能力与人类种群大小达到动态平衡,但极端气候变化(如发生在11,500–13,000 BP期间气候急剧冷化的“新仙女木事件”)造成的全球性的环境波动会使一些环境敏感区域的动植物资源发生变更甚至衰退,某些处于环境承载能力相对较低的地区的人群面临持续的生存压力,进而产生了农耕的原初驱动力(Binford, 1971; Cohen, 1977)。生态位构建理论(niche construction theory)对标准进化理论进行了补充,指出驯化行为并非总是由资源短缺驱动;人类活动会改变局部地区的生态环境,间接促进了部分农作物的祖先种产生对人工环境的适应性性状,再演化出早期的农耕活动(潘艳, 2011)。生态位构建理论有效阐述了在资源相对丰富

的地区出现农作物驯化事件的驱动因素(Smith, 2016)。

近一万年来农耕文明的诞生与发展是人类依赖环境、适应环境并逐渐改造环境的渐进过程。尽管农耕文明的萌芽在世界范围内曾广泛出现,但真正发展成为成熟的农耕文明并对人类历史进程产生深远影响的古文明屈指可数。这些文明一般位于20°–40° N之间的大河流域,如两河流域、尼罗河流域、印度河流域以及黄河与长江流域(Fuller, 2007; Purugganan & Fuller, 2009)。农耕的出现是人类文明应对环境变化以及内生需求增长的结果,而它的发展则需要满足一系列生态要素(如土壤、水、光和温度等)的配置。由于不同农耕文明所处地理位置的差异,多样的局域气候与地形地貌塑造出各自不同的生境,导致区域间生态要素的配置式样发生分化,造就特有的生物多样性组成,进而发展出具有地域特色的农耕文明(陈家宽和李琴, 2014)。文明发源地之间生物区系与主要植被类型的差异使得不同农耕文明各自选育出适应本地生态要素配置的代表性农作物,例如稻粟之于中华文明,小麦大麦之于两河文明(Willcox, 2005; Kovach et al, 2007; Barton et al, 2009; Araus et al, 2014)。综合考古学资料与现代生物学方法,通过研究这些农作物的起源与驯化过程,能进一步了解农耕文明的起源与发展历程,以及其与自然环境的关系(Doebley et al, 2006; Zedler et al, 2006; Purugganan & Fuller, 2009)。早在20世纪30年代,前苏联学者瓦维洛夫调查了全球植物资源的分布情况,据此预测了一些农作物的起源地,提出农作物“八大起源中心”学说,并总结了农业起源与古人类文明之间的密切关系。Harlan (1971)结合考古发现提出了农作物起源的“中心”与“非中心”说。后来学者们基于不断积累的由考古发掘得到的植物遗存材料,整理并总结出古代栽培农作物的地理分布以及其表型的时空变化信息,共定位了24个农作物起源中心(包括次级起源中心),这些地区中的大部分都发展出了一定规模的农耕文明(Fuller, 2007; Purugganan & Fuller, 2009)。

中华文明是世界上最古老的农耕文明之一,也是持续时间最长且从未中断过的文明。关于中华文明的起源有两种观点:一种主张单起源,认为中华文明最早起源于黄河流域再由此向其他地区扩张,长江流域的农耕文明是对黄河流域文明的继承和

发展; 另一种主张多起源, 即中华文明是黄河农耕文明、长江农耕文明以及其他较小的地域文明在多处相对独立的地理单元内先后起源, 再逐渐融合的结果; 一般认为黄河流域农耕文明起源相对较早, 而越来越多的考古证据则表明长江流域的农耕文明起源并不晚于黄河流域(Jones & Liu, 2009; Cohen, 2011; Qin et al, 2011; Zuo et al, 2017)。不同于黄河流域的农耕以粟(*Setaria italica*)、黍(*Panicum miliaceum*)与大豆(*Glycine max*)等旱生作物为主, 长江流域起源的以稻(*Oryza sativa*)为代表的农耕文明, 是世界上仅有的发源于湿润森林植被区且成功发展壮大并延续下来的案例。追溯长江流域在全新世以来的自然环境变化过程, 厘清该流域起源的农作物的类型与特征, 有助于我们更好地了解长江流域起源的农耕文明的特点, 并为长江流域的保护与开发提供参考资料与建议。

1 长江流域的自然特征

1.1 长江流域的地理特征

长江发源于青海省唐古拉山, 于上海市崇明岛附近汇入东海, 途经青海、西藏、四川、云南、重庆、湖北、湖南、江西、安徽、江苏、上海11个省级行政区。长江流域是指长江干流和支流流经的广大区域, 横跨中国东部、中部和西部, 是世界第三大流域, 面积达180万平方公里, 流域呈现东西向的多级阶梯性地形, 包括山地、高原、盆地、丘陵和平原等。

长江流域的年平均气温呈东高西低、南高北低的分布趋势, 中下游地区高于上游地区, 江南高于江北。中下游大部分地区年平均气温在16–18℃之间。湘、赣南部至南岭以北地区达18℃以上, 为全流域年平均气温最高的地区; 长江三角洲和汉江中下游在16℃左右; 汉江上游地区为14℃左右; 四川盆地大部分地区在16–18℃之间; 云贵高原地区西部高温中心达20℃左右, 东部低温中心在12℃以下, 冷暖差别极大; 金沙江地区高温中心在巴塘附近, 年平均气温达12℃, 低温中心在理塘至稻城之间, 年平均气温仅4℃左右; 江源地区气温极低, 年平均气温在–4℃上下。长江流域为典型的季风气候, 年平均降水量为1,067 mm; 由于地域辽阔外加地形复杂, 降水量的时空分布很不均匀。流域内大部分地区年降水量在800–1,600 mm, 属湿润带; 而江源

地区年降水量小于400 mm, 属于干旱带; 四川盆地西部和东部边缘、江西和湖南、湖北部分地区年降水量大于1,600 mm, 为特别湿润带; 川西高原、青海、甘肃部分地区及汉江中游北部年降水量在400–800 mm, 属于半湿润带。

长江流域具有丰富的生物多样性, 拥有众多具有国际影响力的生物多样性热点地区, 如青藏高原高寒江源湿地、川西高山峡谷地区、两湖平原湿地区域以及长江河口湿地等, 截至2015年, 流域内已建立了150多处国家级自然保护区。长江流域发育了森林、草地、灌丛、湿地、荒漠以及农田、城市等多种生态系统类型, 其中森林在流域生态系统中占有主要地位, 湿地面积占全流域的9%。长江流域有高等植物14,000余种, 高等动物1,300余种, 占我国现有物种总数的70%左右(WWF, 2011)。长江流域的栽培植物和家养动物资源丰富, 瓦维洛夫(1982)曾指出: “中国亚热带地区有极大数量的水生植物和特有的块根和块茎植物, 果树物种(苹果属 *Malus*、李属 *Prunus* 和梨属 *Pyrus*)的丰富度为世界第一位。”

1.2 长江流域的植被特征以及历史变迁

长江流域的地带性植被在纬向上变化较小, 在经向上由东向西出现森林–草原的规律更替。流域中位于丘陵与山脉的植被带沿山地等高线分布, 依海拔的升高所引起的水热因素变化而出现规律的更迭。中东部地区的主要植被类型为亚热带常绿阔叶林和常绿落叶阔叶混交林, 其常见乔木树种主要为壳斗科中的落叶树种、樟科和山茶科的常绿树种, 以及交让木科、山矾科、桦木科、金缕梅科、胡桃科和漆树科等。西北部地区为针阔叶混交林、山地寒温带针叶林、硬叶常绿阔叶林和高山灌丛。非地带性植被主要为流域内河流、湖泊的水生植被以及亚热带与高寒沼泽植被, 常见的植物种类包括莎草科、禾本科、蓼科、菊科、田葱科和灯心草科等。

目前在长江流域发现的古人类文化遗址主要集中在长江中下游, 提示该地区自古以来就是人类活动的热点区域。该区域当前主要的植被类型为亚热带常绿阔叶林、常绿落叶阔叶混交林以及沼泽植被。由于气候因素对植被的构成影响较大, 在长江流域农耕文明起源和发展的时间区间内(约10,000–4,000年前), 长江中下游的植被无疑会随气候变化而发生更迭; 不仅如此, 按照生态位构建理

论, 人类的活动同样可能显著改变本地植被的构成。农耕文明驯化的农作物的祖先种一般来源于文明发源地附近的自然生境。我们在探讨长江流域农耕文明起源的要素时, 不能忽视生态环境的变迁对农耕文明发展的重要影响。因此有必要对本区域自新石器时代以来的生态环境及其植被变迁过程进行复原。

我们对长江中下游地区地层孢粉学相关的文献进行初步调研, 分析了该地区近一万年来气候和植被的变化情况。江汉平原地区的孢粉样品的研究表明, 约13,000–12,000年前末次冰期结束之后, 气候逐渐转为暖湿, 植被主要为亮针叶以及喜温的落叶阔叶为主的针阔叶混交森林草原; 12,000–7,500年前, 气候出现冷暖、干湿的频繁波动, 针叶与阔叶乔木增多, 部分沼泽开始发育; 7,500–2,500年前, 气候转入全新世大暖期, 雨量充沛, 年均气温比现代高3–6℃, 亚热带常绿与落叶阔叶树比例显著增加; 2,500年前至现代, 气候属亚热带, 四季分明, 较大的湖泊淤塞、解体, 大块冲积平原形成, 植被为常绿落叶阔叶混交森林(张文卿等, 1999; Li et al, 2010; Gu et al, 2012)。鄱阳湖地区的孢粉研究证明, 约12,830–10,500年前, 该地区气候较现代更为凉爽干燥, 植被为亚热带常绿阔叶林为主的阔叶混交森林草原; 到4,000年前, 该区域植被以常绿落叶阔叶林为主; 在2,000年前木本植物孢粉比例开始出现明显的减少, 而草本植物孢粉增加(Jiang & Piperno, 1999)。Chen等(2009)调查了巢湖附近样点共63份样品的孢粉组成变化, 推测当地在约10,000–7,500年前为常绿落叶阔叶混交林; 在7,500–3,750年前, 森林比例略有下降, 陆生草本孢粉比例增加; 3,750年前以后, 则出现了显著的人为扰动迹象。Yi等(2006)对长江三角洲地区多个地点的孢粉研究指出, 该地区自全新世以来其植被演替过程依次为针叶阔叶混交林(10,930–9,000 BP), 常绿落叶阔叶林(9,000–4,800 BP), 常绿落叶针阔叶混交森林草原(4,800–1,340 BP), 常绿阔叶为主的阔叶针叶混交林(1,340 BP–现代)。气候由末次冰期结束时的偏凉干燥向温暖潮湿方向变化, 后来又转为温暖干燥, 最后变为与现代相近。

综合以上孢粉学研究结果可知, 长江中下游不同地区近一万年来气候与植被变化规律大致相同。在全新世早期气候温和干燥时, 广大平原地区

为针阔混交林, 孢粉组合以松、柏、落叶松为主, 也有楠、栗、桦、桑等落叶阔叶成分; 低山丘陵地区则生长以松、柏为主的针叶林。在全新世中期之初, 气候温暖潮湿, 森林植被进一步发育, 常绿阔叶林面积增加, 孢粉组合中出现大量的常绿阔叶林成分, 以栲和栎为主, 也有樟、木兰和冬青等, 混合有一些落叶阔叶种属; 随后气候转为温暖干燥, 落叶阔叶林变为主要植被。全新世晚期, 气候再转为温暖湿润, 植被为常绿落叶阔叶混交林, 与该地区现代的植被组成相似, 但部分地区的森林出现较多人为开垦的迹象。

2 长江流域起源的农作物

2.1 长江流域主要农作物类别与特点

目前, 中国共有农作物840种, 涉及到栽培物种1,251个; 其中起源于中国的农作物有420种(包括共同起源与二次起源), 占中国栽培农作物总数的50%, 涉及到栽培物种553个, 占总数的44.2% (郑殿升等, 2012)。董玉琛和刘旭(2008)按农作物的特点和用途将其分为八大类: 粮食作物、经济作物、蔬菜作物、果树作物、饲用及绿肥作物、花卉作物、药用作物和林木作物; 其中粮食作物、蔬菜作物、果树作物以及经济作物在农耕史上具有相对重要的地位, 经统计我国本土起源的这几类栽培植物的数量在200种以上(卜慕华, 1981; 中国农学会遗传资源学会, 1994; 郑殿升等, 2012)。

我们根据已有的资料(瓦维洛夫, 1982; 董玉琛和刘旭, 2008; 郑殿升等, 2012), 通过中国数字植物标本馆(www.cvh.ac.cn)查询物种地理分布信息, 并结合文献调研, 对长江流域的重要农作物资源进行了统计。在粮食、蔬菜(不包含食用菌类)、果树以及经济作物这四种最重要的农作物类型中, 原产于中国的农作物共计124种, 其中可能由长江流域农耕文明选育与利用的作物为58种(附录1), 占总数的46.8%。进一步计算长江流域起源的某种类型作物数量与我国起源的同类型作物总数的比值, 并在不同类型作物间进行比较发现, 长江流域起源的粮食作物的相对比例最低, 为33.3% (2/6); 而果树作物的相对比例最高, 达到51.4% (18/35); 蔬菜作物占41.9% (18/43), 经济作物占50% (20/40)(图1)。

长江流域起源的农作物的类型和相对数量具有明显的地域特征。粮食作物的种类相对单一, 稻

图1 长江流域起源的四种主要类型的作物数量(灰色条)及其与中国起源的同类型作物数量(白色条)的对比

Fig.1 Comparisons between the number of four main crop types originated in Yangtze River Basin (gray bar) and those originated in China (white bar)

作生产在该区域占据了绝对优势;与原产于中国北方的粮食作物粟与黍相比,水稻生产虽然对耕作技术与农业基础设施有一定要求,但更为适合本地温暖湿润的气候,且单位面积产量相对较高,易于食用(Kovach et al, 2007; Fuller & Qin, 2010; Zhao, 2011)。在长江流域被驯化的大部分经济作物为来源于常绿落叶阔叶林的小乔木、灌木或者林下草本植物,包括油料类(如油茶*Camellia oleifera*、油桐*Vernicia fordii*等),纤维类(如黄麻*Corchorus capsularis*、苧麻*Boehmeria nivea*等)和香料类(如紫苏*Perilla frutescens*、花椒*Zanthoxylum bungeanum*、樟

*Cinnamomum camphora*等)。起源于长江流域的蔬菜作物相对数量并不高,但值得注意的是,这些蔬菜作物大部分为水生植物,其野生祖先至今依然广泛分布于本区域的湿地中(Qin et al, 2011)。起源于长江流域的果树类型丰富,且大多是我国的特有物种,如柑橘(*Citrus reticulata*)、猕猴桃(*Actinidia* spp.)、枇杷(*Eriobotrya japonica*)、杨梅(*Myrica rubra*)等,这与瓦维洛夫(1982)的结论一致。总体上来说,长江流域起源的特色农作物大部分源于常绿落叶阔叶林与湿地,反映出先民在利用自然资源的过程中对局域环境的适应。

我们总结了部分长江流域主要作物的驯化时间(表1)。纵观长江流域起源的农作物,除少量极为重要的物种(如水稻)外,大部分作物被驯化的时间相对较晚(< 3,000 BP),驯化程度也不高(刘旭, 2012)。在原始农业时期(10,000–4,070 BP),有确切驯化证据的作物唯有水稻;进入传统农业萌芽期(4,070–2,475 BP)之后,有栽培记载的作物明显增加,仅《诗经》中就有提到韭菜、冬葵、菜瓜、莼菜、竹笋等蔬菜作物,榛、栗、李、樱桃、枣等果树作物,以及桑、花椒、麻等经济作物。西晋之后,政治与经济中心南迁导致长江流域农业有了长足发展(317–1,127 AD),约成书于8世纪初的《食疗本草》记录了160多种粮油蔬果植物,该时期较前一时期有不少新的蔬菜作物被驯化(如茭白、牛蒡等)。长江流域农业的成熟期(1,127–1,911 AD)有明确记录

表1 长江流域起源的代表性作物的驯化时间

Table 1 The domestication time of typical crops originated in the Yangtze River Basin

	驯化时间 Time of domestication (year BP)	参考资料 Reference
水稻 Rice	12,000–7,000	Fuller & Qin, 2010; Huang et al, 2012
荞麦 Buckwheat	7,000–4,000	Konishi et al, 2005
茶 Tea	3,000–2,000	Xia et al, 2017
苧麻 Ramie	4,000–3,000	Zhu et al, 2017
油茶 Oil-tea camellia	< 1,000	Cui et al, 2016
油桐 Tung oil tree	< 1,500	Zhang et al, 2015
莲 Lotus	3,000–2,000	Yang et al, 2013
菱 Water chestnut	3,000–2,500	Dong & Liu, 2008
柑橘 Orange	4,000–3,000	Dong & Liu, 2008
李 Plum	3,000–2,000	Dong & Liu, 2008
枇杷 Loquat	2,000–1,500	Wang et al, 2017
中国樱桃 Chinese cherry	3,000–2,000	Li et al, 2009
猕猴桃 Kiwifruit	< 100	Huang & Liu, 2014

综述

的新驯化植物以经济作物为主(如油桐、油茶等),伴随耕作技术与制度的极大发展,传统作物产量到达瓶颈,同时也面临着新大陆引进的更优秀作物(玉米、花生、红薯等)的挑战。

人类所重视与利用的植物资源总是不断变化的,历史上对某些植物资源的利用未必会导致对应的驯化作物的产生,原生起源的作物被外来的作物取代更是频繁发生(Jones et al, 2011; 刘旭, 2012)。Clement (1999)在研究南美亚马孙河流域的作物资源时发现,该区域曾有上百种植物被人类频繁利用甚至驯化,但最终均被现代作物所替代。人类的驯化能力也是制约作物驯化的一个因素,新石器时期长江中下游的部分文明的食物供给曾一度高度依赖橡实和菱角,然而并未发现这些植物在新石器时代发生驯化的证据(Fuller, 2007; Fuller & Qin, 2010)。

2.2 长江流域新石器文化面貌与植物遗存证据

长江流域农耕文明的形成并非一蹴而就,由渔猎生产转为农耕生产是一个较为漫长的过程,在适

应环境变化(如气候与植被)的前提下,伴随着生产方式的改变、生产工具的改良以及依赖的食物资源的偏好变化等一系列特征。反映在农作物的性状上,则表现为从野生型(wild),到早期的半驯化(semi-domestication)类型,再到完全驯化类型(full-domestication)的转变,这个过程可能长达数千年(Fuller, 2007; Araus et al, 2014)。通过对长江流域新石器时代文化遗迹的考古资料的梳理,我们尝试复原该区域农耕文明的演化历程,并着重考察先民对植物资源的利用与驯化情况。

长江流域的新石器时代文化在地理上可以划分为两个区域:长江中上游地区(包括三峡地区、江汉平原地区、鄱阳湖与赣江流域地区)与长江下游及杭州湾地区(以太湖平原—杭州湾地区为中心,包括江苏省、上海市和浙江省北部地区)(游修龄, 2009)。我们收集了长江流域在约10,000–4,000年前这一阶段的主要新石器时代文化遗迹的动植物遗存信息,并总结了其主要的生产方式(表2)。

表2 长江流域主要古文化遗迹的考古遗存统计与生产方式小结 (据游修龄, 2009; 笪浩波, 2010; 潘艳, 2011)

Table 2 A summary of archaeological remains statistics and production mode speculation for major archaeological sites in Yangtze River Basin (According to You, 2009; Da, 2010; Pan, 2011)

流域 Basin	区域 Region	古文化 遗迹 Archaeo- logical site	年代 Age (year BP)	植物遗存 Plant remains	动物遗存 Animal remains	生产方式 Mode of production
长江中 上游 Middle and upper reaches of the Yangtze River	三峡地区、洞庭 湖以及江汉平原 Three Gorges region, Dongting Lake and Jiang- han Plain	玉蟾岩 Yuchanyan	10,000	稻谷、朴树籽 Rice and nettle tree seed	大量哺乳动物、 鸟类、水生动物 Mammals, birds, and aquatic ani- mals	采集与渔猎, 水稻种植 Gathering, fishing and hunting; rice cul- tivation
		彭头山 Pengtou- shan	9,100–8,200	稻谷、莲子、菱 角、薏苡 Rice, lotus seed, water chestnut and Job's tears	水牛 Buffalo	采集与渔猎, 水稻种植, 家畜饲养 Gathering, fishing and hunting; rice cul- tivation; livestock breeding
		皂市 Zaoshi	8,000–7,000	稻谷 Rice	水牛, 猪, 鹿 Buffalo, boar and deer	原始农业, 家畜饲养, 采集与渔猎 Primitive farming; livestock breeding; gathering, fishing and hunting
		城背溪 Chengbeixi	8,000–7,000	稻谷、果核 Rice and fruit seeds	水牛, 猪, 鹿 Buffalo, boar and deer	原始农业, 家畜饲养, 采集与渔猎 Primitive farming; livestock breeding; gathering, fishing and hunting
		大溪 Daxi	6,300–5,300	稻谷 Rice	牛, 猪, 狗以及 大量水生动物 Cattle, boar, dog and aquatic ani- mals	水稻种植, 采集与渔猎 Rice cultivation; gathering, hunting and fishing
		屈家岭 Qujialing	5,000–4,000	稻谷、粟、 猕猴桃 Rice, millet and kiwifruit	饲养的猪、 狗、羊 Domesticated pig, dog and goat	稻作农业, 家畜饲养, 采集与渔猎, 纺 织业发达 Rice farming; livestock breeding; fishing and hunting; textiles are developed

表 2 (续) Table 2 (continued)

流域 Basin	区域 Region	古文化 遗迹 Archaeo- logical site	年代 Age (year BP)	植物遗存 Plant remains	动物遗存 Animal remains	生产方式 Mode of production
	鄱阳湖区域 The areas around the Poyang Lake	仙人洞 Xianren- dong	12,000	稻谷 Rice	哺乳动物、鱼、 螺、蚌 Mammals, fishes, snails and mus- sels	采集与渔猎 Gathering, fishing and hunting
		山背 Shanbei	5,000–4,500	稻谷、粟 Rice and millet		水稻种植 Rice cultivation
		筑卫城 Zhuwei- cheng	5,000–4,500	稻谷、粟 Rice and millet		水稻种植 Rice cultivation
长江下游 Lower reaches of the Yangtze River	杭州湾以及太湖 区域 The areas around the Hangzhou Bay and Taihu Lake	河姆渡 Hemudu	7,000–5,000	稻谷、橡子、菱 角、芡实、慈姑、 桃、南酸枣、葫 芦、柿、紫苏 Rice, acorn, water chestnut, gorgon fruit, arrowhead, peach, axillary choerospondias fruit, gourd, persimmon and perilla	狗、猪、鹿、象、 犀牛、四不象、 猴和鱼类 Dog, boar, deer, elephant, rhino, Milu-deer, mon- key and fishes	稻作农业, 家畜饲养, 采集与渔猎, 出 现纺织业 Rice farming; livestock breeding; gath- ering, fishing and hunting; textiles oc- curred
		马家浜 Majiabang	7,000–5,000	稻谷、橡子、菱 角、桃、葫芦 Rice, acorn, water chestnut, peach and gourd	水牛、鹿、野猪、 狐狸、麝、龟、 蚌、螺蛳与各种 鱼类 Buffalo, deer, boar, fox, musk, turtle, mussel, snail and fishes	稻作农业, 家畜饲养, 采集与渔猎, 纺 织业发达 Rice farming; livestock breeding; gath- ering, fishing and hunting; textiles were developed
		良渚 Liangzhu	4,000	稻谷、小豆、苕 麻、甜瓜子、南 酸枣、桃、葫芦、 菱角 Rice, legume, ramie, melon, axillary choero- spondias fruit, peach, gourd and water chestnut	水牛、鹿、野猪、 蚌、螺蛳与各种 鱼类 Buffalo, deer, boar, mussel, snail and fishes	稻作农业, 家畜饲养, 采集与渔猎, 纺 织业发达, 出现丝织品 Rice farming, livestock breeding; gath- ering, fishing and hunting; textiles were developed; silks occurred

从空间分布上来看, 长江流域整体上同属亚热带季风气候, 长江的东西走向导致各区域基本处于同纬度, 生态环境的差异主要来源于海拔和地形地貌, 各个地区处于同一时期的新石器文化面貌大体相似, 沿海地区则显著受到海平面变化的影响(Qin et al, 2011)。考古证据表明, 长江流域新石器时代文化广泛存在以水稻为主要植物资源的采集或栽培行为, 最早的稻作发源于中游地区(江西仙人洞), 并逐步向周边地区传播并发展; 文明对稻作的依赖程度也随着农耕的发展逐渐加深(Zhao, 2011)。流域

范围内广泛分布的亚热带常绿阔叶林与密布的水系为渔猎采集提供了丰富的资源(例如在植物遗存中频繁出现的橡实与菱角, 动物遗存中出现的大量兽骨和鱼骨)。在稻作农耕文明发展成熟之前, 这些来源于自然生境的动植物一直是人类主要的食物来源, 也是之后驯化的主要对象。

从时间序列上来看, 长江流域的新石器时代文化表现出生产方式明显的进步: 从最初阶段的主营渔猎采集, 到农耕文化出现萌芽, 进而发展成为后期以农耕为主、渔猎采集为辅的较为成熟的农耕文

明。农耕文化的充分发展带动了整个文明的进步,在稻作农业发展成型之后,畜牧业和纺织业相关的遗存在年代较晚的遗迹中陆续变得普遍(如出现石制纺轮与具有明显驯化性状的兽骨)。Jones等(2011)指出各个农耕文明的粮食作物在完成最初的驯化后都出现了随时间推移向周边地区辐射扩散的现象。我们在长江流域一些年代相对较晚的遗迹中,观察到中国北方旱作代表作物粟遗存的出现(如彭头山遗迹晚期地层、屈家岭文化的部分遗迹、筑卫城遗迹和山背文化遗迹) (Nasu et al, 2007); 这些迹象说明在该阶段长江流域起源的文明已经与黄河流域的文明发生了一定程度的交流。

通过观测不同年代考古遗迹出土的植物遗存性状(花序、种子大小与落粒性),可以推测驯化性状出现的时间(Kislev et al, 2006; Fuller, 2007)。在长江流域起源的农作物中,目前仅针对水稻进行了相关研究(Fuller, 2007; Zhao, 2011)。对在长江下游杭州湾地区发现的稻谷遗存的形状和小穗基盘等性状的研究表明,该区域水稻的这些驯化性状在距今8,000–6,000年前这一时间段发生显著改变,表现为逐渐趋近现代栽培稻的表型性状;与此类似,在近东地区考古遗迹发现的距今11,000–9,000年的小麦遗存种子大小发生明显增大;这些表型性状的变化都提示了驯化的发生(Fuller, 2007)。虽然在长江流域的考古遗迹中还频繁发现其他植物的遗存(例如大量的橡实、芡实与菱角),但它们的表型变化却少有研究。在长江流域农耕文明发展早期,大部分植物资源从自然环境中采集获得,暂无直接证据表明它们被大规模栽培或者出现原始的驯化迹象(潘艳, 2011)。通过统计不同年代地层的植物遗存的数量变化还发现,全新世中期因气候变化而导致长江中下游流域降水减少,使得该地区森林中阔叶树种的比例略有下降,造成橡实获取量不足,从而驱使先民加大了对水稻的重视力度,这也是促进农耕发展的重要动力之一(Fuller & Qin, 2010)。

长江流域新石器时代的农耕文明充分利用了周边区域中森林与湿地的植物资源,逐渐形成以稻作农耕为核心的经济体系,始终存在采集渔猎的行为。我们认为长江流域新石器时代的先民在采集行为中对有价值的植物资源产生了一定的认识,可能出现原始的栽培行为,但还未形成驯化物种(Weiss et al, 2006); 这些植物资源相关的知识随文明的延

续传承下去,进而为后人进行作物驯化提供了原始经验,最终促成了长江流域特有栽培物种的诞生。

3 长江流域与其他农作物起源中心的比较

3.1 农作物起源中心的生态要素

纵观世界上重要的农耕文明发源地,都有着适合农耕文化起源与发展的必要生态要素。它们一般地处亚热带和暖温带的大河冲积平原或者河口三角洲,不但气候条件适合大部分农作物生长,而且由河流冲积形成的肥沃土地以及充足的水资源为农耕活动提供了优质的基质和理想的灌溉条件。

中华文明无疑是世界历史上最具有生命力的农耕文明,而长江流域的农耕文明又是中华文明极富特色的组成部分,这些都基于其得天独厚的自然条件。长江流域农耕文明发源地处于湿润森林植被区,属于亚热带季风气候,雨热同期,温暖湿润,光热充足,水源丰富,土地肥沃(陈家宽和李琴, 2014)。河流的东西走向决定了长江流域处于相同的纬度,在这种相近的气候带和土壤带上,同一形态的农耕文明极易发生纬向传播与扩张(Diamond, 2002); 地理上邻近的两河流域与尼罗河流域中下游地区也因纬度接近、气候相近而具有类似的农耕形态。

长江流域年平均降水量远高于两河流域(年均降水量约150 mm,西北地区新月沃地“Fertile Crescent”可达400 mm)与尼罗河流域中下游地区(年均降水量50–200 mm),降水量的年中变化也契合本地农作物的生长周期,因此农耕对灌溉的依赖程度较低。温度变化对农耕文明的发展无疑也具有非常重要的影响:有研究认为12,000年前发生的全球气温短期大幅下降(新仙女木事件)是世界范围内农耕文明起源的重要驱动力(Richerson et al, 2001); Zhang等(2008)发现年均温的历史变化趋势与中国历史朝代变更事件显著相关,小冰期时期的气温下降会破坏农业生产与社会稳定,造成政权更迭; Burke等(2015)对近50年来国家生产力的量化研究发现,国家的经济生产力与该地区的年均温呈现非线性的相关关系,在年均温13℃的地区达到峰值,当年均温升至20℃时生产力出现陡然下降,该研究提示温带与亚热带地区是最适合人类文明发展的地理位置,这些区域与历史上重要人类文明的起源地区正好重合。

在新石器时代, 相比当时长江流域的生态要素而言, 黄河流域更有利于文明的发展, 而且地理上更容易与其他文明(尤其是两河流域文明)发生接触, 分享技术的进步(如轮子、冶金等); 然而随着气候变化与人类活动加剧, 黄河流域生态环境恶化, 长江流域生态要素的配置则变得更为合理。在中国北方因战乱陷入衰落之后, 由于黄河流域与长江流域地理上的连续性, 文明重心南移, 中华文明的核心区在近一千年来逐渐转到长江流域, 促使南方已有的农耕文明进一步走向成熟(刘旭, 2012)。反观世界上诞生于其他流域的农耕文明, 各有其无法克服的自然和人为因素导致文明衰落。以两河流域文明为例, 其自然条件与黄河流域部分类似, 十分有利于以禾草类为主粮的旱作农业的开展; 然而, 尽管新月沃地一线的自然环境优越, 但面积狭小, 承载上限低; 两河流域除新月沃地之外地区的生态要素配置并不足以支持大规模农耕, 年降水量的限制使得农业生产极度依赖灌溉, 后来因气候变化导致的整

个地区平均降水量减少又加剧了这一问题(Flannery, 1965; Roberts et al, 2011)。长年累月的灌溉导致大量土地肥力丧失且高度盐碱化(Araus et al, 2014), 而频繁的战乱对灌溉设施造成极大的破坏, 透支了两河流域农耕文明的发展潜力。尼罗河流域和印度河流域所处地理位置使文明的纬向扩张受阻, 偏高的年均温度也阻碍了文明的进一步发展(Diamond, 2002)。

3.2 作物类型与驯化

农作物的起源地一般被认为必须位于其祖先种/野生近缘种的遗传多样性中心附近(Kislev et al, 2006; Willcox et al, 2008; Zhao, 2011)。由于起源地植被构成的差异, 各个农耕文明驯化的农作物不尽相同(表3)。属于湿润森林植被区的中国长江流域驯化出水稻、果树与水生蔬菜, 而黄河流域与两河流域同属温带与亚热带平原/低丘森林草原(Zhao, 2011; Arranz-Otaegui et al, 2017), 驯化作物以禾草和豆类为主。尼罗河流域的农耕文明是由两河流域

表3 不同流域农耕文明的主要农作物(旧大陆)
Table 3 The major crops of agricultural civilizations in different basins (Old World)

	谷类 Grains	豆类 Legumes	蔬菜作物 Vegetable crop	经济作物 Economic crop	果树作物 Fruit crop
中国黄河 流域 The Yellow River Basin, China	粟 <i>Setaria italica</i> 黍 <i>Panicum miliaceum</i>	大豆 <i>Glycine max</i>	白菜 <i>Brassica rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i> 韭 <i>Allium tuberosum</i>		杏 <i>Armeniaca vulgaris</i> 海棠 <i>Malus prunifolia</i> 山楂 <i>Crataegua pinnatifida</i>
中国长江 流域 The Yangtze River Basin, China	稻 <i>Oryza sativa</i> 荞麦 <i>Fagopyrum esculentum</i>		菰 <i>Allium chinense</i> 蕹菜 <i>Ipomoea aquatica</i> 慈姑 <i>Sagittaria trifolia</i> 茭白 <i>Zizania latifolia</i>	苎麻 <i>Boehmeria nivea</i> 桑 <i>Morus alba</i> 茶 <i>Camellia sinensis</i>	柑橘 <i>Citrus reticulata</i> 猕猴桃 <i>Actinidia chinensis</i> 李 <i>Prunus salicina</i> 梅 <i>Armeniaca mume</i>
两河流域 Mesopotamia	大麦 <i>Hordeum vulgare</i> 小麦 <i>Triticum aestivum</i> 燕麦 <i>Avena sativa</i>	扁豆 <i>Lablab purpureus</i> 豌豆 <i>Pisum sativum</i> 蚕豆 <i>Vicia faba</i>	洋葱 <i>Allium cepa</i> 大蒜 <i>Allium sativum</i>	芝麻 <i>Sesamum indicum</i> 亚麻 <i>Linum usitatissimum</i> 枣椰 <i>Phoenix dactylifera</i> 油橄榄 <i>Olea europaea</i>	无花果 <i>Ficus carica</i>
尼罗河流域 The Nile Valley	大麦 <i>Hordeum vulgare</i> 小麦 <i>Triticum aestivum</i>	蚕豆 <i>Vicia faba</i>		芝麻 <i>Sesamum indicum</i> 亚麻 <i>Linum usitatissimum</i>	无花果 <i>Ficus carica</i>
印度河流域 The India River Basin	稻 <i>Oryza sativa</i>	绿豆 <i>Vigna radiata</i>	黄瓜 <i>Cucumis sativus</i> 丝瓜 <i>Luffa cylindrical</i> 茄子 <i>Solanum melongena</i> 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i>	木棉 <i>Bombax malabaricum</i> 胡椒 <i>Piper nigrum</i>	甜瓜 <i>Cucumis melo</i>

衍生而来,两者主要栽培作物基本一致。尼罗河流域的农业生产非常依赖尼罗河每年的定期泛滥。处于亚热带-热带季风气候区的印度河流域农耕文明,也培育出了相当多的禾本科、豆科与葫芦科的农作物。

经由农耕文明所培育的驯化作物通常可分为谷类主粮(首要的碳水化合物来源)、豆类(主要的植物蛋白质来源,也可归为粮食作物)、蔬菜与果树(维生素与膳食纤维的植物来源,可直接采集利用的重要辅食)以及经济作物(如油料、香料和纤维)等类型。其中谷类主粮对于人类的重要程度远高于其他类型的作物,因此受到的关注度极高。谷类主粮的驯化历史悠久,驯化的程度最高,是研究作物驯化的模式材料,研究资料也尤为丰富。谷类主粮在其起源地发生最初的驯化之后,逐渐向世界其他地区扩散(附录2),并在此过程中被人类继续驯化,发生“次生起源”以适应新的环境并满足人类的需求(Jones et al, 2011)。豆类因其营养价值较高,是主粮的有效补充,其驯化时间也相对较早,几乎与主粮同时期,而且各农耕文明早期的栽培作物中都有豆类物种(Zohary & Hopf, 1973; Fuller, 2006; Barton et al, 2009)。不同农耕文明所培育的蔬菜、水果与经济作物呈现比较丰富的地区间多样性,这些类型的农作物通常驯化时间较晚,在4,000年前人类农耕文明基本发育成熟后才得到进一步开发,而且它们的驯化程度相较主粮和豆类而言也较低(刘旭, 2012)。

受限于科学技术的发展水平,部分植物资源的充分开发利用直到近现代才得以完成(如番茄、辣椒与猕猴桃)。随着技术的进步,对有些以前难以驯化但具有高经济价值的植物资源的利用可以通过现代分子生物学手段实现。例如橡树作为欧亚大陆历史上最重要的野生木本粮食植物,从未被人类成功驯化。研究发现,与野生杏仁类似,多数野生橡子都含有苦味的有毒物质;两者不同的是,无毒性状在杏仁中由单一显性基因控制,而在橡树中却是由多基因控制的。出现无毒突变的杏树个体的后代一般可以获得稳定的无毒性状,但橡树的无毒变异不能稳定地遗传(Diamond, 2002)。如今,利用分子标记辅助育种则有希望培育出生产无毒橡子的橡树品种。不仅如此,有许多驯化程度不高或是栽培面积有限的优质植物资源还存在很大的改良潜力,

如新兴的粮食作物藜麦(*Chenopodium quinoa*)与美国“野生稻”(Zizania palustris),还有木本油料作物油茶和凤丹(*Paeonia ostii*)等。此外,应坚持推进对长江流域栽培作物的野生近缘种的保护与利用,尤其是具有重大经济价值与利用潜力的物种:首先对植物野生资源进行分布点信息调查汇总并建立数据库;然后用分子标记对种群遗传多样性进行检测,根据结果构建核心种质库;最后基于核心种质资源,定位优秀性状的关联基因,用于栽培作物的改良。

4 结语

长江流域是中华文明的发源地之一,同时也是中国生物多样性的热点地区;它不仅在中华文明发源与延续的过程中扮演了不可替代的角色,也是中国今后发展的核心区域,是现代中国的命脉所在。随着“长江大保护”的理念越来越深入人心,对这片区域的自然地理特征与历史文化脉络进行全面的梳理显得尤为必要。本文尝试从农作物起源的角度对长江流域农耕文明起源和发展的特点进行了初步探讨。长江流域具有悠久的农耕历史与丰富的植物资源,而当前该区域的生态环境受到严峻的挑战,植物遗传资源的保护与利用亟需得到重视。

我们应该基于长江流域的自然特征与资源优势,重视植物遗传资源的保护,对本区域特有作物资源进行深度发掘与利用;不仅加强对传统驯化作物的品种改良,也可在新型作物的驯化上开展更多工作,以满足人民群众日益增长的物质需求。

参考文献

- Araus JL, Ferrio JP, Voltat J, Aguilera M, Buxo R (2014) Agronomic conditions and crop evolution in ancient Near East agriculture. *Nature Communications*, 5, 3953.
- Arranz-Otaegui A, Lopez-Saez JA, Araus JL, Portillo M, Balbo A, Iriarte E, Gourichon L, Braemer F, Zapata L, Ibanez JJ (2017) Landscape transformations at the dawn of agriculture in southern Syria (10.7–9.9 ka cal. BP): Plant-specific responses to the impact of human activities and climate change. *Quaternary Science Reviews*, 158, 145–163.
- Barton L, Newsome SD, Che FH, Wang H, Guilderson TP, Bettinger RL (2009) Agricultural origins and the isotopic identity of domestication in northern China. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 106, 5523–5528.
- Binford L (1971) Post Pleistocene adaptations. In: *Prehistoric Agriculture* (ed. Struever S), pp. 313–341. Natural History Press, Garden City.

- Bowles S (2011) Cultivation of cereals by the first farmers was not more productive than foraging. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 108, 4760–4765.
- Burke M, Hsiang SM, Miguel E (2015) Global non-linear effect of temperature on economic production. *Nature*, 527, 235–239.
- Chen JK, Li Q (2014) *Ecological Civilization: An Inevitable Choice for the Development of Human History*. Chongqing Publishing Group, Chongqing. (in Chinese) [陈家宽, 李琴 (2014) 生态文明: 人类历史发展的必然选择. 重庆出版社, 重庆.]
- Chen W, Wang WM, Dai XR (2009) Holocene vegetation history with implications of human impact in the Lake Chaohu area, Anhui Province, East China. *Vegetation History and Archaeobotany*, 18, 137–146.
- Clement CR (1999) 1492 and the loss of Amazonian crop genetic resources. I. The relation between domestication and human population decline. *Economic Botany*, 53, 188–202.
- Cohen DJ (2011) The beginnings of agriculture in China: A multi-regional view. *Current Anthropology*, 52(S4), S273–S293.
- Cohen M (1977) *The Food Crisis in Prehistory: Overpopulation and the Origins of Agriculture*. Yale University Press, New Haven.
- Cui XY, Wang WJ, Yang XQ, Li S, Qin SY, Rong J (2016) Potential distribution of wild *Camellia oleifera* based on ecological niche modeling. *Biodiversity Science*, 24, 1117–1128. (in Chinese with English abstract) [崔相艳, 王文娟, 杨小强, 李述, 秦声远, 戎俊 (2016) 基于生态位模型预测野生油茶의潜在分布. 生物多样性, 24, 1117–1128.]
- Da HB (2009) *The Research on the Relations Between Culture and Ecological Environment of Neolithic Age in the Middle Reaches of Yangtze River*. PhD dissertation, Central China Normal University, Wuhan. (in Chinese with English abstract) [笪浩波 (2009) 长江中游新石器时代文化与生态环境关系研究. 博士学位论文, 华中师范大学, 武汉.]
- Diamond J (2002) Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418, 700–707.
- Doebley JF, Gaut BS, Smith BD (2006) The molecular genetics of crop domestication. *Cell*, 127, 1309–1329.
- Dong YC, Liu X (2008) *Crops and Their Wild Relatives in China*. China Agriculture Press, Beijing. (in Chinese) [董玉琛, 刘旭 (2008) 中国作物及其野生近缘种. 中国农业出版社, 北京.]
- Flannery KV (1965) The ecology of early food production in Mesopotamia. *Science*, 147, 1247–1256.
- Fuller DQ (2006) Agricultural origins and frontiers in South Asia: A working synthesis. *Journal of World Prehistory*, 20, 1–86.
- Fuller DQ (2007) Contrasting patterns in crop domestication and domestication rates: Recent archaeobotanical insights from the Old World. *Annals of Botany*, 100, 903–924.
- Fuller DQ, Qin L (2010) Decline oaks, increasing artistry, and cultivating rice: The environmental and social context of the emergence of farming in the Lower Yangtze Region. *Environmental Archaeology*, 15, 139–159.
- Gu YS, Wang HL, Huang XY, Peng HX, Huang JH (2012) Phytolith records of the climate change since the past 15000 years in the middle reach of the Yangtze River in China. *Frontiers in Earth Science*, 6, 10–17.
- Harlan JR (1971) Agricultural origins: Centers and noncenters. *Science*, 174, 468–474.
- Huang HW, Liu YF (2014) Natural hybridization, introgression breeding, and cultivar improvement in the genus *Actinidia*. *Tree Genetics and Genome*, 10, 1113–1122.
- Huang XH, Kurata N, Wei X, Wang ZX, Wang A, Zhao Q, Zhao Y, Liu KY, Lu HY, Li WJ (2012) A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature*, 490, 497–501.
- Jiang QH, Piperno DR (1999) Environmental and archaeological implications of a late Quaternary palynological sequence, Poyang Lake, southern China. *Quaternary Research*, 52, 250–258.
- Jones MK, Hunt H, Lightfoot E, Lister D, Liu XY, Motuzaite-Matuzeviciute G (2011) Food globalization in prehistory. *World Archaeology*, 43, 665–675.
- Jones MK, Liu XY (2009) Origins of agriculture in East Asia. *Science*, 324, 730–731.
- Kislev ME, Hartmann A, Bar-Yosef O (2006) Early domesticated fig in the Jordan Valley. *Science*, 312, 1372–1374.
- Konishi T, Yasui Y, Ohnishi O (2005) Original birthplace of cultivated common buckwheat inferred from genetic relationships among cultivated populations and natural populations of wild common buckwheat revealed by AFLP analysis. *Genes and Genetic Systems*, 80, 113–119.
- Kovach MJ, Sweeney MT, McCouch SR (2007) New insights into the history of rice domestication. *Trends in Genetics*, 23, 578–587.
- Li MM, Cai YL, Qian ZQ, Zhao GF (2009) Genetic diversity and differentiation in Chinese sour cherry *Prunus pseudocerasus* Lindl., and its implications for conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56, 455–464.
- Li YY, Wu J, Hou SF, Shi CX, Mo DW, Liu B, Zhou LP (2010) Palaeoecological records of environmental change and cultural development from the Liangzhu and Qujialing archaeological sites in the middle and lower reaches of the Yangtze River. *Quaternary International*, 227, 29–37.
- Liu L, Bestel S, Shi JM, Song YH, Chen XC (2013) Paleolithic human exploitation of plant foods during the Last Glacial Maximum in North China. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 110, 5380–5385.
- Liu X (2012) Stage division of Chinese crop cultivation history and formation of traditional agriculture. *The Agriculture History of China*, (2), 3–16. (in Chinese with English abstract) [刘旭 (2012) 中国作物栽培历史的阶段划分和传

统农业形成与发展. 中国农史, (2), 3–16.]

- Nasu H, Momohara A, Yasuda Y, He JJ (2007) The occurrence and identification of *Setaria italic* (L.) P. Beauv. (foxtail millet) grains from the Chengtoushan site (ca. 5800 cal BP) in central China, with reference to the domestication centre in Asia. *Vegetation History and Archaeobotany*, 16, 481–494.
- Pan Y (2011) The Resource Production in Yangtze Delta and Qiantang River Basin during 10000–6000 BP: Palaeoethnobotany and Human Ecology Research. PhD dissertation, Fudan University, Shanghai. (in Chinese with English abstract) [潘艳 (2011) 长江三角洲与钱塘江流域距今10000–6000年的资源生产: 植物考古与人类生态学研究. 博士学位论文, 复旦大学, 上海.]
- Pu MH (1981) A brief review of the origin of cultivated plants in China. *Scientica Agricultura Sinica*, 4, 86–96. (in Chinese with English abstract) [卜慕华 (1981) 我国栽培作物来源的探讨. 中国农业科学, 4, 86–96.]
- Purugganan MD, Fuller DQ (2009) The nature of selection during plant domestication. *Nature*, 457, 843–848.
- Qin JG, Taylor D, Atahan P, Zhang XR, Wu GX, Dodson J, Zheng HB, Itzstein-Davey F (2011) Neolithic agriculture, freshwater resources and rapid environmental changes on the lower Yangtze, China. *Quaternary Research*, 75, 55–65.
- Richerson P, Boyd R, Bettinger R (2001) Was agriculture impossible during the Pleistocene but mandatory during the Holocene? A climate change hypothesis. *American Antiquity*, 66, 387–411.
- Rindos D (1984) *The Origins of Agriculture: An Evolutionary Perspective*. Academic Press, San Diego.
- Roberts N, Eastwood WJ, Kuzucuoglu C, Fiorentino G, Caracuta V (2011) Climatic, vegetation and cultural change in the eastern Mediterranean during the mid-Holocene environmental transition. *Holocene*, 21, 147–162.
- Smith BD (2016) Neo-Darwinism, niche construction theory, and the initial domestication of plants and animals. *Evolutionary Ecology*, 30, 307–324.
- Society of Crop Genetic Resources, Chinese Association of Agricultural Science Societies (1994) *Crop Genetic Resources in China*. China Agriculture Press, Beijing. (in Chinese) [中国农学会遗传资源学会 (1994) 中国作物遗传资源. 中国农业出版社, 北京.]
- Vavilov NI (translated by Dong YC) (1982) *Origin and Geography of Cultivated Plants*. China Agriculture Press, Beijing. (in Chinese) [瓦维洛夫 (董玉琛译) (1982) 主要栽培植物的世界起源中心. 中国农业出版社, 北京.]
- Vigne JD (2015) Early domestication and farming: What should we know or do for a better understanding? *Anthropozoologica*, 50, 123–150.
- Wang YS, Shahid MQ, Lin SQ, Chen C, Hu C (2017) Footprints of domestication revealed by RAD-tag resequencing in loquat: SNP data reveals a non-significant domestication bottleneck and a single domestication event. *BMC Genomics*, 18, 354.
- Weiss E, Kislev ME, Hartmann A (2006) Autonomous cultivation before domestication. *Science*, 312, 1608–1610.
- Willcox G (2005) The distribution, natural habitats and availability of wild cereals in relation to their domestication in the Near East: Multiple events, multiple centres. *Vegetation History and Archaeobotany*, 14, 534–541.
- Willcox G (2013) The roots of cultivation in southwestern Asia. *Science*, 341, 39–40.
- Willcox G, Fornite S, Herveux L (2008) Early Holocene cultivation before domestication in northern Syria. *Vegetation History and Archaeobotany*, 17, 313–325.
- WWF (2011) *Atlas of Biodiversity and Conservation in the Yangtze River Basin*. Science Press, Beijing. [世界自然基金会 (2011) 长江流域生物多样性格局与保护图集. 科学出版社, 北京.]
- Xia EH, Zhang HB, Sheng J, Li K, Zhang QJ, Kim CH, Zhang Y, Liu Y, Zhu T, Li W, Huang H, Tong Y, Nan H, Shi C, Shi C, Jiang JJ, Mao SY, Jiao JY, Zhang D, Zhao Y, Zhao YJ, Zhang LP, Liu YL, Liu BY, Yu Y, Shao SF, Ni DJ, Eichler EE, Gao LZ (2017) The tea tree genome provides insights into tea flavor and independent evolution of caffeine biosynthesis. *Molecular Plant*, 10, 866–877.
- Yang M, Liu F, Han YN, Xu LM, Juntawong N, Liu YL (2013) Genetic diversity and structure in populations of *Nelumbo* from America, Thailand and China: Implications for conservation and breeding. *Aquatic Botany*, 107, 1–7.
- Yi SH, Saito Y, Yang DY (2006) Palynological evidence for Holocene environmental change in the Changjiang (Yangtze River) Delta, China. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 241, 103–117.
- You XL (2009) Neolithic culture in the Yangtze River Basin. In: *Chinese Agricultural History: Primitive Society* (eds Du YL, Sun ZC), pp. 113–122. China Agriculture Press, Beijing. (in Chinese) [游修龄 (2009) 长江流域新石器时代文化. 见: 中国农业通史——原始社会卷 (杜言林, 孙政才主编), pp. 113–122. 中国农业出版社, 北京.]
- Zedar MA, Emshwiller E, Smith BD, Bradley DG (2006) Documenting domestication: The intersection of genetics and archaeology. *Trends in Genetics*, 22, 139–155.
- Zhang LL, Lu SY, Sun DF, Peng JH (2015) Genetic variation and geographical differentiation revealed using ISSR markers in tung tree, *Vernicia fordii*. *Journal of Genetics*, 94, 5–9.
- Zhang PZ, Cheng H, Edwards RL, Chen FH, Wang YJ, Yang XL, Liu J, Tan M, Wang XF, Liu JH, An CL, Dai ZB, Zhou J, Zhang DZ, Jia JH, Jin LY, Johnson KR (2008) A test of climate, sun and culture relationships from a 1810-year Chinese cave record. *Science*, 322, 940–942.
- Zhang WQ, Jia SQ, Li JX, Zheng J (1999) Palynological assemblages and their environmental significance since Quaternary in Wuhan area. *Acta Geoscientia Sinica*, 20 (Suppl.), 197–202. (in Chinese) [张文卿, 贾淑琴, 李继新,

- 郑军 (1999) 武汉地区第四纪以来的孢粉组合及其环境意义. 地球学报, 20(增刊), 197–202.]
- Zhao ZJ (2011) New archaeobotanic data for the study of the origins of agriculture in China. *Current Anthropology*, 52(S4), S295–S306.
- Zheng DS, Liu X, Li Y (2012) Cultivated plants originated in China. *Journal of Plant Genetic Resource*, 12, 1–10. (in Chinese with English abstract) [郑殿升, 刘旭, 黎裕 (2012) 起源于中国的栽培植物. 植物遗传资源学报, 12, 1–10.]
- Zhu SY, Liu TM, Dai QZ, Wu DQ, Zheng X, Tang SW (2017) Genetic structure and relationships of an associated population in ramie (*Boehmeria nivea* L. Gaud) evaluated by SSR markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 31, 36–44.
- Zohary D, Hopf M (1973) Domestication of pulses in the Old World. *Science*, 182, 887–894.
- Zuo X, Lu H, Jiang L, Zhang J, Yang X, Huan X, He K, Wang C, Wu N (2017) Dating rice remains through phytolith carbon-14 study reveals domestication at the beginning of the Holocene. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 114, 6486–6491.
- (责任编辑: 杨庆文 责任编辑: 闫文杰)

附录 Supplementary Material

附录1 长江流域的重要植物资源

Appendix 1 The important plant resources in Yangtze River Basin
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017251-1.pdf>

附录2 欧亚大陆三个区域主要驯化作物最早的考古记录

Appendix 2 The earliest archaeobotanical records of major domesticated crops in three regions of Eurasia
<http://www.biodiversity-science.net/fileup/PDF/2017251-2.pdf>

附录1 长江流域的重要植物资源

Appendix 1 The important plant resources in Yangtze River Basin

作物名称	物种	相关文献
Crop	Species	Related articles
粮食作物 Food crop		
稻*	亚洲栽培稻 <i>Oryza sativa</i>	Huang et al, 2012
荞麦*	甜荞 <i>Fagopyrum esculentum</i>	Konishi et al, 2005
	苦荞 <i>Fagopyrum tataricum</i>	
经济作物 Economic crop		
茶	茶 <i>Camellia sinensis</i>	Xia et al, 2017
桑	白桑 <i>Morus alba</i>	—
油茶	油茶 <i>Camellia oleifera</i>	崔相艳等, 2016
	浙江红山茶 <i>Camellia chekiangoleosa</i>	Wang et al, 2014
花椒	花椒 <i>Zanthoxylum bungeanum</i>	Feng et al, 2015
紫苏*	紫苏 <i>Perilla frutescens</i>	Nitta et al, 2005
油桐	油桐 <i>Vernicia fordii</i>	Zhang et al, 2015
苧麻	苧麻 <i>Boehmeria nivea</i>	Zhu et al, 2017
黄麻*	圆果黄麻 <i>Corchorus capsularis</i>	Kundu et al, 2013
青麻*	青麻 <i>Abutilon theophrasti</i>	Kurokawa et al, 2004
棕榈*	棕榈 <i>Trachycarpus fortunei</i>	—
构树	构树 <i>Broussonetia papyrifera</i>	Liao et al, 2014
香椒子	香椒子 <i>Zanthoxylum schinifolium</i>	Feng et al, 2016
樟	樟 <i>Cinnamomum camphora</i>	Zhou et al, 2016; Shi et al, 2016
灯心草	灯心草 <i>Juncus effusus</i>	Michalski & Durka, 2012
茜草	茜草 <i>Rubia cordifolia</i>	—
漆树	漆树 <i>Toxicodendron vernicifluum (Rhus verniciflua)</i>	赵喜萍和魏硕南, 2007
皂荚	皂荚 <i>Gleditsia sinensis</i>	Han et al, 2016
肥皂荚	肥皂荚 <i>Gymnocladus chinensis</i>	—
蓝花子*	蓝花子 <i>Raphanus sativus</i> var. <i>oleifera</i>	—
雷公藤	雷公藤 <i>Tripterygium wilfordii</i>	—
蔬菜作物 Vegetable crop		
莲*	莲 <i>Nelumbo nucifera</i>	Yang et al, 2013
芋*	芋 <i>Colocasia esculenta</i>	Chair et al, 2016
慈姑	慈姑 <i>Sagittaria trifolia</i>	Chen et al, 2008
菱*	乌菱 <i>Trapa bicornis</i>	Li et al, 2017
芡实	芡实 <i>Euryale ferox</i>	Imanishi et al, 2014
茭白	菰 <i>Zizania latifolia</i>	Xu et al, 2008
蕹菜*	蕹 <i>Ipomoea aquatica</i>	—
水芹	水芹 <i>Oenanthe javanica</i>	Jiang et al, 2015
莼菜	莼菜 <i>Brasenia schreberi</i>	—
藠头	薤 <i>Allium chinense</i>	—
荠菜*	荠菜 <i>Capsella bursa-pastoris</i>	Ceplitis et al, 2005

牛蒡	牛蒡 <i>Arctium lappa</i>	—
藿香	藿香 <i>Agastache rugosa</i>	—
卷丹百合	卷丹百合 <i>Lilium lancifolium</i>	Wang et al, 2014
百合	龙牙百合 <i>Lilium brownii</i>	Huang et al, 2009
香椿	香椿 <i>Toona sinensis</i>	Xing et al, 2016
蕹荷	蕹荷 <i>Zingiber mioga</i>	—
土人參	土人參 <i>Talinum paniculatum</i>	—
果树作物 Fruit crop		
柑橘	宽皮橘 <i>Citrus reticulata</i>	Coletta et al, 1998
李	中国李 <i>Prunus salicina</i>	Carrasco et al, 2012
梅	梅 <i>Prunus mume</i>	—
樱桃	中国樱桃 <i>Prunus pseudocerasus</i>	Li et al, 2009
杨梅	杨梅 <i>Myrica rubra</i>	Jia et al, 2015
枣*	枣 <i>Ziziphus jujuba</i>	Xu et al, 2016
柿*	柿 <i>Diospyros kaki</i>	Luo et al, 2013
	油柿 <i>Diospyros oleifera</i>	—
银杏	银杏 <i>Ginkgo biloba</i>	Zhao et al, 2010
栗*	茅栗 <i>Castanea seguinii</i>	Huang et al, 1994; Lang & Huang, 1999
	板栗 <i>Castanea mollissima</i>	
	锥栗 <i>Castanea henryi</i>	
猕猴桃	中华猕猴桃 <i>Actinidia chinensis</i>	Huang & Liu, 2014
	美味猕猴桃 <i>Actinidia deliciosa</i>	
枇杷	枇杷 <i>Eriobotrya japonica</i>	Wang et al, 2017
山核桃	山核桃 <i>Carya cathayensis</i>	Li et al, 2014
榧	香榧 <i>Torreya grandis</i>	Zeng et al, 2014
刺梨	刺梨 <i>Rosa roxburghii</i>	—
木瓜	木瓜 <i>Chaenomeles sinensis</i>	—
枳	枳 <i>Poncirus trifoliata</i>	—
金柑	圆金柑 <i>Fortunella japonica</i>	—
	金弹 <i>Fortunella crassifolia</i>	—
拐枣	枳椇 <i>Hovenia dulcis</i>	—

*部分野生资源分布于长江流域

参考文献

- Carrasco B, Diaz C, Moya M, Gebauer M, Garciagonzalez R (2012) Genetic characterization of Japanese plum cultivars (*Prunus salicina*) using SSR and ISSR molecular markers. *Ciencia E Investigacion Agraria*, 39, 533–543.
- Chair H, Traore RE, Duval MF, Rivallan R, Mukherjee A, Aboagye LM, van Rensburg WJ, Andrianavalona V, Pinheiro de Carvalho MA, Saborio F, Sri Prana M, Komolong B, Lawac F, Lebot V (2016) Genetic diversification and dispersal of taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott). *PLoS ONE*, 11, e0157712.
- Ceplitis A, Su Y, Lascoux M (2005) Bayesian inference of evolutionary history from chloroplast microsatellites in the cosmopolitan weed *Capsella bursa-pastoris* (Brassicaceae). *Molecular Ecology*, 14,

4221–4233.

- Chen JM, Liu F, Wang QF, Motley TJ (2008) Phylogeography of a marsh herb *Sagittaria trifolia* (Alismataceae) in China inferred from cpDNA atpB-rbcL intergenic spacers. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 48, 168–175.
- Coletta HD, Machado MA, Targon MLPN, Moreira MCPQDG, Pompeu J Jr (1998) Analysis of the genetic diversity among mandarins (*Citrus* spp.) using RAPD markers. *Euphytica*, 102, 133–139.
- Cui XY, Wang WJ, Yang XQ, Li S, Qin SY, Rong J (2016) Potential distribution of wild *Camellia oleifera* based on ecological niche modeling. *Biodiversity Science*, 24, 1117–1128. (in Chinese with English abstract) [崔相艳, 王文娟, 杨小强, 李述, 秦声远, 戎俊 (2016) 基于生态位模型预测野生油茶的潜在分布. 生物多样性, 24, 1117–1128.]
- Feng SJ, Liu ZS, Chen L, Hou N, Yang TX, Wei AZ (2016) Phylogenetic relationships among cultivated *Zanthoxylum* species in China based on cpDNA markers. *Tree Genetics and Genome*, 12, 45.
- Feng SJ, Yang TX, Liu ZS, Chen L, Hou N, Wang Y, Wei AZ (2015) Genetic diversity and relationships of wild and cultivated *Zanthoxylum* germplasms based on sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 62, 1193–1204.
- Han S, Wu Z, Wang X, Huang K, Jin Y, Yang W, Shi H (2016) De novo assembly and characterization of *Gleditsia sinensis* transcriptome and subsequent gene identification and SSR mining. *Genetics and Molecular Research*, 15, gmr.15017740.
- Huang H, Dane F, Norton JD (1994) Allozyme diversity in Chinese, Seguin and American chestnut (*Castanea* spp.). *Theoretical and Applied Genetics*, 88, 981–985.
- Huang HW, Liu YF (2014) Natural hybridization, introgression breeding, and cultivar improvement in the genus *Actinidia*. *Tree Genetics and Genome*, 10, 1113–1122.
- Huang XH, Kurata N, Wei X, Wang ZX, Wang A, Zhao Q, Zhao Y, Liu KY, Lu HY, Li WJ (2012) A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature*, 490, 497–501.
- Huang YF, Yang MX, Zhang H, Zhuang XY, Wu XH, Xie W (2009) Genetic diversity and genetic structure analysis of the natural populations of *Lilium brownii* from Guangdong, China. *Biochemical Genetics*, 47, 503–510.
- Imanishi A, Imanishi J (2014) Seed dormancy and germination traits of an endangered aquatic plant species, *Euryale ferox* Salisb. (Nymphaeaceae). *Aquatic Botany*, 119, 80–83.
- Jia HM, Jiao Y, Wang GY, Li YH, Jia HJ, Wu HX, Chai CY, Dong X, Guo Y, Zhang L, Gao QK, Chen W, Song LJ, van de Weq E, Gao ZS (2015) Genetic diversity of male and female Chinese bayberry (*Myrica rubra*) populations and identification of sex-associated markers. *BMC Genomics*, 16, 394.
- Jiang Q, Wang F, Tan HW, Li MY, Xu ZS, Tan GF, Xiong AS (2015) De novo transcriptome assembly, gene annotation, marker development, and miRNA potential target genes validation under abiotic stresses in *Oenanthe javanica*. *Molecular Genetics and Genomics*, 290, 671–683.
- Konishi T, Yasui Y, Ohnishi O (2005) Original birthplace of cultivated common buckwheat inferred from genetic relationships among cultivated populations and natural populations of wild common buckwheat revealed by AFLP analysis. *Genes and Genetic Systems*, 80, 113–119.
- Kundu A, Topdar N, Sarkar D, Sinha MK, Ghosh A, Banerjee S, Das M, Balyan HS, Mahapatra BS, Gupta

- PK (2013) Origins of white (*Corchorus capsularis* L.) and dark (*C. olitorius* L.) jute: A re-evaluation based on nuclear and chloroplast microsatellites. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 22, 372–381.
- Kurokawa S, Shibaike H, Akiyama H, Yoshimura Y (2004) Molecular and morphological differentiation between the crop and weedy types in velvetleaf (*Abutilon theophrasti* Medik.) using a chloroplast DNA marker: Seed source of the present invasive velvetleaf in Japan. *Heredity*, 93, 603–609.
- Lang P, Huang HW (1999) Genetic diversity and geographic variation in natural populations of the endemic *Castanea* species in China. *Acta Botanica Sinica*, 41, 651–657.
- Li J, Zeng YR, Shen DF, Xia G, Huang Y, Chang J, Huang J, Wang Z (2014) Development of SSR markers in hickory (*Carya cathayensis* Sarg.) and their transferability to other species of *Carya*. *Current Genomics*, 15, 357–379.
- Li MM, Cai YL, Qian ZQ, Zhao GF (2009) Genetic diversity and differentiation in Chinese sour cherry *Prunus pseudocerasus* Lindl., and its implications for conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56, 455–464.
- Li XL, Fan XR, Chu HJ, Li W, Chen YY (2017) Genetic delimitation and population structure of three *Trapa* taxa from the Yangtze River, China. *Aquatic Botany*, 136, 61–70.
- Liao SX, Deng ZH, Cui K, Cui YZ, Zhang CH (2014) Genetic diversity of *Broussonetia papyrifera* populations in southwest China. *Genetics and Molecular Research*, 13, 7553–7563.
- Luo C, Zhang F, Zhang QL, Guo DY, Luo ZR (2013) Characterization and comparison of EST-SSR and TRAP markers for genetic analysis of the Japanese persimmon *Diospyros kaki*. *Genetics and Molecular Research*, 12, 2841–2851.
- Michalski SG, Walter D (2012) Identification and characterization of microsatellite loci in the rush *Juncus effusus* (Juncaceae). *American Journal of Botany*, 99, e53–55.
- Nitta M, Lee JK, Kang CW (2005) The distribution of *Perilla* species. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52, 797–804.
- Shi XP, Zhang CJ, Liu QH, Zhang Z, Zhang B, Bao MZ (2016) De novo comparative transcriptome analysis provides new insights into sucrose induced somatic embryogenesis in camphor tree (*Cinnamomum camphora* L.). *BMC Genomics*, 17, 26.
- Wang JM, Yang Y, Liu XH, Huang J, Wang Q, Gu J, Lu Y (2014) Transcriptome profiling of the cold response and signaling pathways in *Lilium lancifolium*. *BMC Genomics*, 15, 203.
- Wang YS, Shahid MQ, Lin SQ, Chen C, Hu C (2017) Footprints of domestication revealed by RAD-tag resequencing in loquat: SNP data reveals a non-significant domestication bottleneck and a single domestication event. *BMC Genomics*, 18, 354.
- Wang ZW, Jiang C, Wen Q, Wang N, Tao YY, Xu LA (2014) Deep sequencing of the *Camellia chekiangoleosa* transcriptome revealed candidate genes for anthocyanin biosynthesis. *Gene*, 538, 1–7.
- Xia EH, Zhang HB, Sheng J, Li K, Zhang QJ, Kim CH, Zhang Y, Liu Y, Zhu T, Li W, Huang H, Tong Y, Nan H, Shi C, Shi C, Jiang JJ, Mao SY, Jiao JY, Zhang D, Zhao Y, Zhao YJ, Zhang LP, Liu YL, Liu BY, Yu Y, Shao SF, Ni DJ, Eichler EE, Gao LZ (2017) The tea tree genome provides insights into tea flavor and independent evolution of caffeine biosynthesis. *Molecular Plant*, 10, 866–877.

- Xing PY, Liu T, Song ZQ, Li XF (2016) Genetic diversity of *Toona sinensis* Roem in China revealed by ISSR and SRAP markers. *Genetics and Molecular Research*, 15, 15038387.
- Xu CQ, Gao J, Du ZF, Li D, Wang Z, Li Y, Pang X (2016) Identifying the genetic diversity, genetic structure and a core collection of *Ziziphus jujuba* Mill. var. *jujuba* accessions using microsatellite markers. *Scientific Reports*, 6, 31503.
- Yang M, Liu F, Han YN, Xu LM, Juntawong N, Liu YL (2013) Genetic diversity and structure in populations of *Nelumbo* from America, Thailand and China: Implications for conservation and breeding. *Aquatic Botany*, 107, 1–7.
- Zeng YR, Ye SY, Yu WW, Wu S, Hou W, Wu RL, Dai WS, Chang J (2014) Genetic linkage map construction and QTL identification of juvenile growth traits in *Torreya grandis*. *BMC Genetics*, 15, S2.
- Zhang LL, Lu SY, Sun DF, Peng JH (2015) Genetic variation and geographical differentiation revealed using ISSR markers in tung tree, *Vernicia fordii*. *Journal of Genetics*, 94, 5–9.
- Zhao XP, Wei SN (2007) Genetic evaluation of *Toxicodendron vernicifluum* cultivars using amplified fragment length polymorphism markers. *Journal of Molecular Cell Biology*, 40, 262–266. (in Chinese with English abstract) [赵喜萍, 魏朔南 (2007) 漆树品种的 AFLP 分析及评价(简报). 分子细胞生物学报, 40, 262–266.]
- Zhao YP, Paule J, Fu CX, Koch MA (2010) Out of China: Distribution history of *Ginkgo biloba* L. *Taxon*, 59, 495–504.
- Zhou Y, Yan WD (2016) Conservation and applications of camphor tree (*Cinnamomum camphora*) in China: Ethnobotany and genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 63, 1049–1061.
- Zhu SY, Liu TM, Dai QZ, Wu DQ, Zheng X, Tang SW, Chen JH (2017) Genetic structure and relationships of an associated population in ramie (*Boehmeria nivea* L. Gaud) evaluated by SSR markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 31, 36–44.

附录 2 欧亚大陆三个区域主要驯化作物最早的考古记录。W: 两河流域; S: 印度河与恒河流域; E: 黄河与长江流域。参考 Jones et al, 2011。

Appendix 2 The earliest archaeobotanical records of major domesticated crops in three regions of Eurasia. W, Mesopotamia; S, Indian River Basin and Ganges River Basin; E, Yellow River Basin and Yangtze River Basin; refer to Jones et al, 2011.

时间 Time (year BP)	黍 <i>Panicum</i>			粟 <i>Setaria</i>			荞麦 <i>Fagopyrum</i>			稻 <i>Oryza</i>			小麦 <i>Triticum</i>			大麦 <i>Hordeum</i>			高粱* <i>Sorghum</i>		
	<i>miliaceum</i>			<i>italica</i>			<i>esculentum</i>			spp.			spp.			spp.			<i>bicolor</i>		
	W	S	E	W	S	E	W	S	E	W	S	E	W	S	E	W	S	E	W	S	E
1,000										•									•		
3,000								•													
5,000		•			•								•			•			•		
6,000				•																•	
7,000							•		•												
8,000	•																				
9,000						•															
10,000													•			•					
> 12,000			•							•	•	•				•					

*非洲起源, 作为对照

*Africa origin, as control