

台灣原鄉論的震撼——族群遺傳基因資料的評析

陳叔倬

慈濟大學

許木柱

中央研究院

華裔學者宿兵 (B. Su) 與金力 (L. Jin) 等人發表於 *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 的這個研究，分析了東南亞、台灣、密克羅尼西亞、美拉尼西亞、波里尼西亞地區的 36 個族群，共計 551 位男性的 19 個 Y 染色體單一核鹼酸多態型 (Single Nucleotide Polymorphism) 所組成的單倍體基因型 (haplotype)，發現台灣南島民族 (即通稱的台灣原住民) 普遍出現的 Y 染色體單倍體基因型，和密克羅尼西亞、波里尼西亞普遍出現的基因型差異極大：台灣原住民的主要型態為 H6 至 H12 (但不同的台灣原住民族群各有不同的基因型態)，密克羅尼西亞、波里尼西亞為 H1, H5, H6 等，而美拉尼西亞則為 H1, H5, H17。但在島嶼東南亞族群中，前述兩個地區的單倍體基因型都有出現，顯示島嶼東南亞可能是這兩個地區南島族群共同的起源地。本文進一步使用三種不同的統計方法計算三個地區的族群遺傳距離 (即文中 Dm, Dst, Fst 三組數據)，發現東南亞族群和台灣及密克羅尼西亞、波里尼西亞的遺傳距離大約相等，而台灣和密克羅尼西亞、波里尼西亞的遺傳距離卻相當大，大約是他們各自與島嶼東南亞遺傳距離的兩倍多 (Su et al. 2000)。由此推論島嶼東南亞提供了兩支獨立遷徙的路線，一支往北遷移至台灣，另一支則往東移入美拉尼西亞與波里尼西亞。

宿兵等人在這一篇論文發表之前一年，已經檢測東南亞地區 34 個族群 925 位男性的 Y 染色體單一核鹼酸多態型，發現中國大陸北方族群的單倍體型式較少，且都被大陸南方族群的單倍體型式所包含，因而推測現代人在最後冰河期進入東亞後由南向北遷移 (Su et al. 1999)。而金力與宿兵甫於 2000 年 11 月份在 *Nature Reviews* 發表的一篇回顧論文中，更進一步確認現代智人種 (homo sapiens) 「遠離非洲」(out of Africa) 的理論 (Jin and Su 2000)，他們認為：現代智人種於六萬至一萬八千年前的更新世 (Pleistocene) 最後一個冰河期間進入中南半島，其中一波由南往北遷移，形成現今東北亞的族群 (日本、朝鮮、蒙古)，另有一波則往南遷移，經過馬來西亞與印尼，並往東遷移至大洋洲 (p.132)。上述研究所包含的阿美、排灣、泰雅、雅美等四群台灣原住民的血液檢體，係由我們所執行的 1992 至 1996

年中研院主題計畫「台灣與東南亞南島民族的生物與文化類緣關係之研究」所提供。

這一些震撼台灣原鄉論的資料主要來自遺傳基因的分析；但是並非所有遺傳基因的分析都指向這個結論。至目前為止，被用來探討南島族群起源地的基因資料，除了 Y 染色體之外，還包括紅血球血型、人類白血球抗原（HLA）、微衛星體（microsatellite）、粒線體 DNA（mtDNA）等。值得注意的是，利用不同的指標所得到的結論往往有相當大的差異。我們在一篇回顧性的文章中已經相當清楚的說明了相關研究發現的異同，有興趣的讀者可參考陳叔倬等（1999）。

在各種族群遺傳指標中，最受重視的是粒線體 DNA 及金力等人所分析的 Y 染色體。粒線體 DNA 是獨立於染色體之外的 DNA 序列，它不像 HLA 或微衛星體僅能比較族群間基因型的頻率分布，以推斷遺傳特性是否相似；粒線體 DNA 序列差異能確實顯示族群演化的進程。此外，粒線體 DNA 的突變速率約為核基因的 5-10 倍，因而極為適合區分人種及族群間的差異性。加上它是透過母系遺傳，所以在追尋母系始祖時特別有效。因此，自 80 年代開始，粒線體 DNA 就被用來研究同種但不同族群間的遺傳演化關係，最著名的研究是推斷現生人種為 15-20 萬年前非洲母系起源的「粒線體夏娃假說」（Mitochondria Eve Hypothesis）（Cann et al. 1987）。現今全世界絕大部分的族群皆已完成粒線體 DNA 上高度變異區序列的研究。

與南島族群起源問題相關的粒線體 DNA 的研究中，最受注意的例子是參與我們所進行的中研院主題計畫的英國遺傳人類學者 Terry Melton，他分析阿美、排灣、布農、泰雅四族與其他東南亞和大洋洲的粒線體 DNA 基因序列，探索南島語族的起源與遷徙。分析結果，發現台灣南島語族與菲律賓自成一群聚，其近側姊妹群依次為爪哇、中國大陸、馬來西亞、摩鹿加群島等，而根據台灣南島族群間遺傳變異的相似性，他推測台灣為遺傳獨立區域，環太平洋地區的南島族群極可能自台灣擴散出去；大洋洲的南島民族由亞洲大陸擴散至台灣，並在產生瓶頸效應（bottleneck effect），亦即基因型態減少後，向外擴展至東南亞及大洋洲（Melton et al. 1998）。

除了 Melton 之外，其他的粒線體 DNA 序列分析亦認為台灣為南島民族的原鄉（Melton et al. 1995, Redd et al. 1995, Sykes et al. 1995）。但是也有學者將上述數據利用不同的分子演化樹統計方法重新分析，卻提出對立的假設，認為東印尼才是南島族群的原鄉，而住在印尼的這一批古老原住民，其祖先並非來自中國大陸的新石器時代人群，而是久居東南亞的更新世遺留下來的人群，可能的地區為婆羅洲（Borneo）東南部及印尼東部的摩鹿加（Moluccas），根據 *P* 統計量的分析，

東印尼住民生存的年代早於一萬七千年前 (Richards et al. 1998)。

除了分析演化樹的方法有爭議之外，粒線體 DNA 的變異速率太過快速亦為爭議焦點之一。每一個細胞中的粒線體超過一千個，它容許多量變異的累積。同一個人可能有超過兩種不同的粒線體高變異區 DNA 序列同時存在，這種高度的變異速率容易造成族群內的差異與族群間差異相當，因而可能無法確實顯示族群遺傳的屬性。

在粒線體 DNA 分析爭議不斷之際，Y 染色體上單一核酞酸多態型 (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) 被認為適合用來探討人種之遷移，因為 Y 染色體具有下列特性：第一，它不是成對的染色體，基因不會重組 (recombination)，因此它的 DNA 序列變異可以解釋為單純的單點突變 (point mutation) 所造成，而無需考慮因為基因重組而導致變異的可能性；第二，它是經由男系遺傳，在遭遇人口遽減所造成的瓶頸效應時其多態性不易減少，因而用來推斷分裂時間時不至於將時間縮短，以此來追溯族群的遷徙演化歷程，其可信度較高 (Jobling and Tyler-Smith 1995)。

經由前述對於遺傳指標效力的評估，Y 染色體單一核酞酸多態型所組合成的單倍體基因型是目前探討族群起源與遷移的最佳利器。因此，宿兵、金力等人在 *PNAS* 論文中所提出的假設--南島族群起源於島嶼東南亞，分批多向遷移至台灣及大洋洲--從遺傳人類學方法論的角度而言，是相當具有說服力的推論。但是該論文仍有若干值得進一步確認之處，例如檢測的台灣南島語族只有 58 個檢體，最多為泰雅族 24 個檢體，依次為排灣 11 個、布農 9 個、雅美 8 個、阿美 6 個，是否因為檢體數量過少，導致無法檢測出所有的單倍體基因型？目前已普遍出現於全球族群的 H1，以及普遍出現於非洲地區以外族群的 H5，在台灣原住民中都未發現，若非檢體數量不足，導致應檢測出 H1、H5 而未檢測出來，就是台灣南島語族經歷嚴重的人口緊縮，產生瓶頸效應，致使 H1 與 H5 在現生台灣南島語族不存在。這個問題需要更多台灣南島族群檢體的資訊，若未來發現 H1 與 H5 存在，即台灣原住民和東南亞族群具有一樣多的基因型，則從遺傳基因的角度而言，台灣原鄉論亦有可能獲得支持。

此外，為了精確地探究每一族群的起源與擴散，我們需要多種跨科際資料的相互驗證，特別是古人類 DNA 的檢測及各族群（甚至部落）起源傳說與遷移史的資料。台灣人類學界多年來累積的研究成果，對這個謎題的解答提供了值得注意的線索。在最近的一篇論文中，我們根據詳細的民族誌資料，對主張阿美族是往南擴散始祖族群的台灣原鄉論提出質疑，並指出在這個長時間的遷移過程中，並沒有足夠的資料證實阿美族人有往南繼續擴散的跡象 (許木柱, 陳叔偉 2000)。

過去數十年來，不同學科的研究成果已經提出各種繁雜的資料與假設，使得爭議已久的南島民族的起源與擴散問題，已經到了開始解謎的關鍵時刻。在即將到臨的二十一世紀，我們預期將會出現更多具有說服力的科學發現，包括來自語言學、生物人類學、考古學及文化人類學的研究。人類族群史上一場令人振奮的學術對話已經悄悄的揭開序幕。

引用文獻

- Cann, R. L., M. Stoneking, and A. C. Wilson. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325:31-6.
- Jin, L., and B. Su. 2000. Native or immigrations: Modern human origin in East Asia. [Review] [59 refs] *Nature Reviews* 1:126-133.
- Jobling, M. A., and C. Tyler-Smith. 1995. Fathers and sons: The Y chromosome and human evolution. [Review] [33 refs] *Trends in Genetics* 11.11:449-56.
- Melton, T., R. Peterson, A. J. Redd, N. Saha, A. S. Sofro, J. Martinson, and M. Stoneking. 1995. Polynesian genetic affinities with Southeast Asian populations as identified by mtDNA analysis. *American Journal of Human Genetics* 57.2:403-14.
- _____, S. Clifford, J. Martinson, M. Batzer, and M. Stoneking. 1998. Genetic evidence for the Proto-Austronesian homeland in Asia: mtDNA and nuclear DNA variation in Taiwanese aboriginal tribes. *American Journal of Human Genetics* 63.6:1807-1823.
- Redd, A. J., N. Takezaki, S. T. Sherry, S. T. McGarvey, A. S. Sofro, and M. Stoneking. 1995. Evolutionary history of the COII/tRNA^{Lys} intergenic 9 base pair deletion in human mitochondrial DNAs from the Pacific. *Molecular Biology and Evolution* 12.4:604-15.
- Richards, M., S. Oppenheimer, and B. Sykes. 1998. mtDNA suggests Polynesian origins in Eastern Indonesia [letter]. *American Journal of Human Genetics* 63.4:1234-6.
- Su, B., J. Xiao, P. Underhill, R. Deka, W. Zhang, J. Akey, W. Huang, D. Shen, D. Lu, J. Luo, J. Chu, J. Tan, P. Shen, R. Davis, L. Cavalli-Sforza, R. Chakraborty, M. Xiong, R. Du, P. Oefner, Z. Chen, and L. Jin. 1999. Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last ice age. *American Journal of Human Genetics* 65:1718-1724.
- _____, L. Jin, P. Underhill, J. Martinson, N. Saha, S. T. McGarvey, M. D. Shriver, J. Chu,

- P. Oefner, R. Chakraborty, and R. Deka. 2000. Polynesian origins: Insights from the Y chromosome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 97.15:8225-8.
- Sykes, B., A. Leiboff, J. Low-Beer, S. Tetzner, and M. Richards. 1995. The origins of the Polynesians: An interpretation from mitochondrial lineage analysis. *American Journal of Human Genetics* 57.6:1463-75.
- 許木柱, 陳叔倬. 2000. 〈台灣是南島民族的原鄉? 阿美族的初步分析〉。原住民適應問題小型研討會宣讀論文。花蓮: 慈濟大學。
- 陳叔倬, 吳紹基, 蕭育民, 賴欣梅, 許木柱. 1999. 〈台灣南島族群的生物類緣關係: 體質與遺傳基因的觀點〉,《族群台灣: 台灣族群變遷研討會論文》, 187-209。南投: 台灣省文獻委員會。

陳叔倬
慈濟大學生命科學系
花蓮市 970 中央路三段 701 號
shujuo@mail.tcu.edu.tw

許木柱
中央研究院民族學研究所
台北市 115 研究院路二段 130 號
mutsu@ethno3.sinica.edu.tw