

從 DNA 的研究看台灣原住民的來源*

林媽利

馬偕紀念醫院

去年 7 月號的《美國國家科學院學報》刊載了美國休士頓德州大學的中國大陸學者宿兵、金力及多位美國、英國、澳洲不同研究單位的學者共同發表的一篇論文：〈從 Y 染色體看波里尼西亞族群（南島語族）的來源〉。他們檢驗了 36 個來自台灣、東南亞、密克羅尼西亞、美拉尼西亞、波里尼西亞族群共 551 位男性的 Y 染色體，檢測分散在 Y 染色體上的 19 處單一 DNA 鹼基的變異，而把各 2 處不同的變異歸類為 15 個單倍體基因型（haplotype，以下簡稱單倍體），然後觀察各單倍體在不同族群的分布。他們發現：從台灣原住民檢測出來的 Y 染色體單倍體，不見於密克羅尼西亞、波里尼西亞人當中；然而所有在上述地區（含台灣）原住民出現的 Y 染色體單倍體，都能在現存東南亞族群中發現。在遺傳距離上，波里尼西亞等地的人們距離東南亞族群的人們比較近，距離台灣比較遠。因此他們的 Y 染色體的研究結果，並不支持台灣是南島語族原鄉的說法。他們推測東南亞可能是兩支獨立移民路線的發源地，其中之一前往台灣，另外一支前往波里尼西亞。

澳洲學者 Peter Bellwood 在 1991 年曾繼語言學家 Dyen (1963) 及 Robert Blust (1988) 之後在 *Scientific America* 發表〈南島語族的擴散與語言的來源〉，認為台灣是南島語族的發祥地。他推測約在 6000 年前，南島先民從大陸南方耕種稻米的地方移居到台灣，在 5000 年前自台灣擴散到菲律賓，4000 年前到印尼；然後再到密克羅尼西亞，約在 1000 年左右到達波里尼西亞。這項說法雖讓台灣的原住民非常高興，但是所追溯的時間只有 5000-6000 年；這是沒有辦法的事，因為語言是容易

* 本文所依據的研究工作的順利完成，有賴於馬偕紀念醫院輸血醫學研究室及血庫的同仁朱正中、鮑博瑞（R. E. Broadberry）、余榮熾、李慧玲、詹詠絮、張小琳、張靜宜及涂玉青的努力，日本東京大學人類遺傳學研究所的 K. Tokunaga 教授及 J. Ohashi 教授，日本紅十字會血液中心的 T. Juji 教授、T. Akaza 教授及日本神奈川縣紅十字會 F. Nakajima 教授的協助。我們還要感謝原住民部落中的長老教會及衛生所（尤其是屏東縣來義鄉衛生所）協助採集血液檢體；也要感謝中央研究院民族學研究所、基督教蘭恩基金會、埔里基督教醫院、台東市東和外科及彰化師大郭惠二教授對我們採集檢體的協助。我們也要感謝台大考古人類學系宋文薰教授及連照美教授給我們的指導。最後感謝國科會及國家衛生研究院大力的支持。

發生移借的。大家可以看到台灣近 100 年中，通行語從台灣話改成日本話，再改爲北京話，就能有所了解。所以有人認爲 2000 年前台灣原住民講的話不能肯定和現在的相同（Meacham 1984），因此靠語言追溯 5、6 千年前的事會有它的困難及限制。

台灣在考古學上也曾有重要的發現。台灣在 1 萬 2 千年之前的冰河時期，因海水下降，台灣海峽成爲陸地，其間約有 2 萬年之久。當時台灣陸連到歐亞大陸（林朝棨 1963）。現在的爪哇海、暹羅灣及南中國海的西南端，在當時是一片陸地，即所謂的巽他陸地（Sundaland）。從巽他陸地起，包含海南島邊的東京灣，沿歐亞大陸東邊（包括台灣海峽在內）的沿岸，到北方的日本，全部都是沿海低窪的陸地。在這些現今在海底的古代陸地上可以找到史前人類遺跡，表示有人類的蹤跡。在台灣東海岸的長濱鄉發現的 4-5 萬年前舊石器時代史前人類遺跡的長濱文化（宋文薰 1980）、在台南縣菜寮溪發現相當於長濱文化、距今 2-3 萬年前人類的骨骸左鎮人（連照美 1981），還有數以千計大小新石器時代的遺跡，顯示許多互相相關或不甚相關的人類的活動長期出現在島上。

在體質人類學方面，過去雖然有人用體型（如頭顱、骨頭及牙齒的長短大小及形狀）研究過族群之間的關係，但是後來被紅血球血型的 isoenzyme，及血漿蛋白的 polymorphism 所取代。隨著 HLA（組織抗原）的發展，現在更是以 HLA 爲主要工具。HLA 自過去的血清學定型到現在 DNA 的基因定型（allele typing），是測定第 6 對染色體上的變異，即測定橫跨約 350 萬 DNA 鹼基上的變異。HLA 是由 A, B, C, DR, DP, DQ, E, F, G 及 H 等 10 個基因位（loci）構成，但主要是前面的 6 個基因位。A 基因位是由約 3500 個 DNA 鹼基構成，B 及 C 基因位是各由約 4000 個 DNA 鹼基構成，DRB1 則由約 8000 個 DNA 鹼基構成。每個基因位子上有不同數目的基因。到 2000 年 11 月初爲止，A 位子上被發現有 195 個基因，B 位上有 399 個基因，C 位上有 94 個基因，DR 之 DRB1 位上就有 257 個基因。由此可見可測定的基因（alleles）數龐大，爲現階段體染色體上被認定最具變異的地方。加上全球數以百計的族群均有同一個種（HLA）變異的資料，所以 HLA 變成現在知道最強有力、且最重要的標誌。這 6 個位子上基因的組合稱爲單倍體（haplotype），就單是 A, B 及 DR 三個位子上的基因就可組成約 20,000,000 個不同組合的單倍體；而 A, B 及 C 位子上基因的組合也可組成約 7,000,000 個不同的單倍體，可見這系統強大的能力。

馬偕醫院輸血醫學研究室自 1990 年開始做原住民的研究，總共爲期 10 年。首先研究 9 族高山原住民（泰雅、賽夏、鄒、布農、魯凱、排灣、阿美、卑南及雅美族）及 2 族平埔族（邵及巴宰族）原住民 1337 人的 37 種紅血球血型及血型

相關 DNA 的研究（紅血球血型的研究是參與中央研究院民族學研究所的研究計畫）；接著我們做 9 族高山原住民及巴宰族組織抗原（HLA）共 557 人的研究；最近我們則完成了菲律賓巴丹島上居民 Ivatans 的研究。我們的 HLA 的定型有血清定型（HLA-B, C）及 DNA 定型（HLA-A, DRB1）。研究的結果發現：所有高山原住民各族中出現的基因種類少，各族在 HLA-A, B, C, DRB1 四個基因位上總共也只出現 30 個左右的基因；而這四處原本可出現共約 1000 個基因。台灣原住民出現的基因數目不但非常有限，而且頻率都很高。包括 A*2402 等 20 幾個基因，常常是世界上最高的頻率或接近世界上最高的頻率；顯示台灣原住民可能是世界上最純（homogenous）的族群，即純種族群。其中賽夏族的 A*2402-Cw7-B39 之 44.5% 單倍體頻率，是世界上最高的。HLA-A, B, C, DRB1 的單倍體，從 DNA 的研究發現，許多的單倍體均由特定的基因構成，而這些單倍體常常經過幾千年的歲月傳遞而不改變；所以可以推測相同的單倍體來源相同。因此同一個單倍體在不同的族群出現時，可推測這些族群至少擁有部分共同的祖先。因為在台灣原住民常見的單倍體也在毛利人、新幾內亞高地人、澳洲原住民、愛斯基摩人（Inuit）、Orochon 人（在黑龍江之北）、蒙古人、日本人、滿族、Buryat 人（在外蒙古之北）及加拿大北方的印地安人（Tlingit）出現，顯示台灣原住民與這些族群在遺傳上有關聯。特別是 A*2402-Cw8-B48 的單倍體，它一直被日本體質人類學家當成東北亞的族群遷移標誌（遷到美洲），而這單倍體在大部分台灣原住民中以非常高的頻率出現（有些為世界上最高），顯示台灣原住民與現在東北亞的族群有關。另一方面，根據每個抗原的基因頻率再計算與這些族群的遺傳距離（即 N-J 方法的 Phylogenetic tree 及 Principal components analysis）時，台灣的原住民和大洋洲（Oceania）的族群相近，尤其是和毛利人及新幾內亞高地人；也和澳洲原住民接近；阿美族更是和新幾內亞高地人及澳洲原住民有很強的關聯。至於達悟族（雅美族），在基因上和台灣本島的原住民有一段距離，和菲律賓的 Ivatans 相近。我們的研究結果和文化人類學家所見相同，即台灣的達悟族和菲律賓巴丹島上的 Ivatans 很接近。在台灣閩南人及客家人的單倍體中，我們發現約有 13% 高山原住民及巴宰族原住民特有基因單倍體的混入。由於其他平埔族現在差不多已消失，無法追蹤檢驗，所以在現在閩南人及客家人的基因中尚有多少基因是來自其他已消失的平埔族，就不得而知了。

台灣原住民紅血球血型的研究，也顯示各族群間有很大的差異及不同的分布情形。如 A 血型的基因頻率在魯凱為 8%，但在達悟族為 32%，有 4 倍的差別。這樣高的 A 基因頻率，也在波里尼西亞人（Polynesian）中看到。在我們的研究裡很重要的發現，是有關 MiIII 血型（屬於 MNSs 血型系統，為稀有血型）的分布。

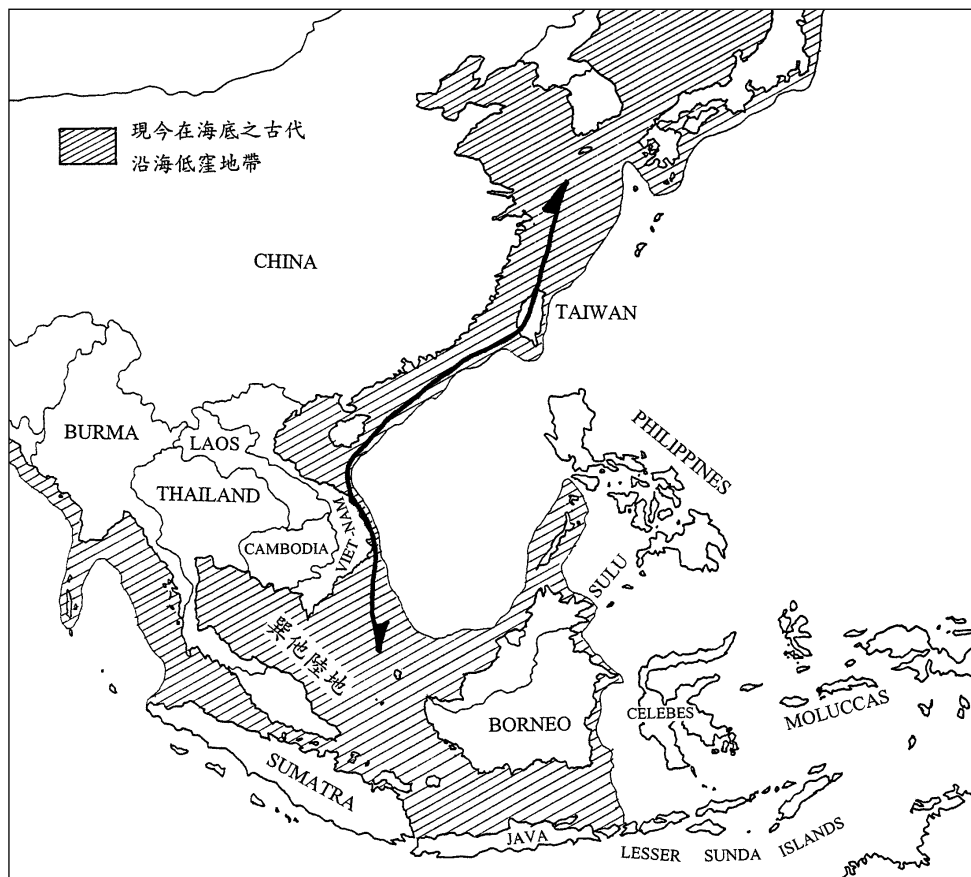
這種血型在阿美族有 88% (後來證明是 95%)，達悟族 34% 及卑南族 21%，為世界上最高頻率的三個族群；但是與他們相鄰的布農族、魯凱族及排灣族卻是 0%。這項發現不只顯示台灣原住民有不同來源之外，也顯示各族群間的互相隔離、不通婚，而成為最純種的族群。我們也發現 Lewis 血型中不見於閩南人及客家人的 Le (a+b-) 血型，在原住民大部分的族群中都出現。因為這種血型主要出現於白種人，為了探測相關的 *se* 基因是否來自白種人，所以我們測試原住民各族的 DNA。結果發現台灣原住民 Le (a+b-) 血型的幾個 *se* 基因和白種人的不同，反而有部分和紐西蘭毛利人的 *se* 基因一樣，表示台灣原住民與毛利人有相同的來源。

如前所述，台灣在冰河時期海水下降，台灣海峽因而成為陸地。在 1 萬 2 千年前台灣變成孤島之前，約有 2 萬年之久亞洲大陸從日本到海南島的東京灣，包括台灣海峽在內，全部是沿海低窪的陸地。可以推測在冰河時期人類沿著易走的低窪海岸地帶遷移，從南方熱帶地區北移，也有可能自北方南移；而台灣剛好在這遷移路線的中間站，有些族群就停留在台灣。所以在不同的時間有不同的族群從不同的地方來到台灣，這些族群是互相隔離的，在台灣變成孤島以後，繼續處於隔離狀況直到今天。所以現在我們看到許多不一樣的原住民族群，但都是純種的族群。台灣的原住民帶有南方及北方的基因的事實，相當符合台灣在冰河時期是人類遷移路途上中間站的推測。人類遷移的途徑，照理應會選擇沿著沿海低窪地區遷移而避免翻山越嶺。從我們的發現，再配合台灣島上滿布人類史前遺跡（超過 1000 處以上）的事實加以推測，不難想像台灣在古代族群遷移的歷史上應該佔有一個很重要的地位（請參看附圖）。

有關研究族群之間相關的 DNA 研究，可分「染色體 DNA」及「粒線體 DNA」。染色體 DNA 的研究又分為「體染色體 DNA」及「性染色體 DNA」二部分。體染色體 DNA 的研究是以 HLA 為主；我們研究的結果，認為台灣原住民的祖先遷移至台灣，是屬於古代蒙古種族遷移的一部分。即在 1 萬 2 千年前台灣尚未變成孤島之前，推測人類沿著歐亞大陸東邊沿海低窪的地帶遷移，而台灣剛好是在路線的中間站，有些族群就停留下來。我們的研究報告〈台灣原住民的多樣性，可能和史前蒙古種族的遷移相關〉一文受到重視，所以也在重要的雜誌 *Tissue Antigens*（《組織抗原》）刊出，而且是刊登在 2000 年一月號的第一篇。日本東京大學人類遺傳學研究所德永勝士教授，也認為我們的報告為古代蒙古種族遷移的研究打開了另一扇門。至於前述最近引起注意的〈從 Y 染色體看波里尼西亞族群（南島語族）的來源〉一文，因為是以 Y 染色體為研究對象、而 Y 染色體的研究是屬於性染色體 DNA 的研究，只靠 Y 染色體上 19 個 DNA 鹼基的變異而組合成的 15 個單倍體而下結論，證據力似嫌不足。粒線體 DNA 的研究對台灣是否為南島語族的故

鄉，尙沒有得到結論；所以台灣原住民是否為南島語族的發祥地尙待多方面進一步的研究及探討。但我們可以說，原住民在台灣的历史不是只限於最近的 6000 年，而是更久遠、比 1 萬 2 千年前更早的事。

附圖：史前人類遷移的途徑



引用文獻

- Bellwood, P. 1991. The Austronesian dispersal and the origin of language. *Scientific American* 7:70-73.
- Imanishi, T., T. Akaza, A. Kimura, K. Tokunaga, and T. Gojobori. 1992. Allele and haplotype frequencies for HLA and complement loci in various ethnic groups. *HLA 1991, Proceedings of the 11th International Histocompatibility Workshop and Conference* Vol. 1, ed. by K. Tsuji, M. Aizawa, and T. Sasazuki, 1064-1074, 1127-1141. Oxford: Oxford University Press.
- Kano, T. 1955. *Outline Review of the Taiwan Archaeology and Ethnology*. Taichung: The Historical Research Commission of Taiwan.
- Lien, C. M. (連照美). 1981. On the occurrence of fossil Homo sapiens in Taiwan. *Bull Dept Archaeology Anthropology NTU* 42:53-74.
- Lin, C. C. (林朝榮). 1963. Geology and ecology of Taiwan prehistory. *Asian Perspective* 7:203-213.
- Lin, M., and R. E. Broadberry. 1998. Immunohematology in Taiwan. *Transfu Med Review* 12:26-72.
- , C. C. Chu, H. L. Lee, S. L. Chang, J. Ohashi, K. Tokunaga, T. Akaza, and T. Juji. 2000. Heterogeneity of Taiwan's indigenous population: Possible relation to prehistoric Mongoloid dispersals. *Tissue Antigens* 50:1-9.
- Meacham, W. 1984-1985. On the improbability of Austronesian origins in South China. *Asian Perspectives* 25:89-105.
- Richards, M., S. Oppenheimer, and B. Sykes. 1998. mtDNA suggests Polynesian origins in Eastern Indonesia. *American Journal Human Genetics* 63:1234-1236.
- Su, B., L. Jin, P. Underhill et al. 2000. Polynesian origins: Insights from the Y chromosome. *PNAS* 97:8225-8228.
- Sung, W. H. (宋文薰). 1980. Archeology in Taiwan. *Chung Kuo te Taiwan*, 93-220. Taipei: Chung Yang Wen Wu Kung Ing She.
- Sykes, B., A. Leiboff, J. Low-Beer et al. 1995. The origin of the Polynesians: An interpretation from mitochondrial lineage analysis. *American Journal Human Genetics* 57:1463-1475.