

從遺傳基因探討南島語族的原鄉

遺傳基因研究顯示南島語族出自台灣

1998年8月紐西蘭維多利亞大學生物學家張伯斯(Geoffrey Chambers)使用維多利亞大學分子系統分類學研究所所蒐集的去氧核糖核酸數據，進行「人類去氧核糖核酸(DNA)分析」的研究。該研究所的分子生物學實驗室使用志願者的血液樣本，將分析出的數據和全世界其他民族的人類基因研究結果進行比對，數據顯示，住在包括夏威夷、南太平洋島嶼的波里尼西亞人，以及紐西蘭毛利人的祖先，極可能以台灣為起點，經過許多世紀的時間越過太平洋，逐島南遷到現在的聚居地(Michael 1998)，研究結果此種情況完全符合近代遷移史。2002年9月在中央研究院舉行以南島語族起源為主題的會議中，挪威奧斯陸大學的體質人類學者也聲稱支持台灣原鄉論。

粒腺體 DNA 序列分析認為台灣為南島語族的原鄉

與南島族群起源問題相關的粒腺體 DNA(mtDNA)的研究中，英國遺傳人類學者梅爾頓(Melton)主持的中央研究院主題計畫，由許木柱研究員所執行，他利用台灣原住民血液檢體，分析阿美、排灣、布農、泰雅四族與其他東南亞和大洋洲的粒腺體 DNA 基因序列，探索南島語族的起源與遷徙。結果發現台灣南島語族與菲律賓自成一群聚，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(Melton *et al.* 1996)。1998年10月許木柱等學者以體質及遺傳基因的基礎研究，發表「台灣南島族群的生物類緣關係」研究報告，他指出台灣原住民是單一起源，說明台灣的原住民是由同一族先民所分出。除了梅爾頓之外，瑞德(Redd & Stoneking 1999)和西克斯(Sykes *et al.* 1995)等人的粒腺體 DNA 序列分析亦認為台灣為南島語族的原鄉。

酒精代謝基因研究證據支持台灣是南島語族源頭

2003年11月在台北舉行南島語族健康會議，紐西蘭維多利亞大學分子系統學院張伯斯教授指出，1988年起，他的實驗團隊與威靈頓藥物酒精中心合作運用基因鑑定法，了解酒精代謝基因在亞洲受驗者身上有否保護效應。發現亞洲人常見的「酒精敏感症候群(metabolism of alcohol)」的 ALDH2*2 變種，卻沒有出現在波里尼西亞人身上，在台灣原住民身上的出現頻率僅 0.05，非常低，也就是台灣原住民體內缺少保護免於酒精敏感症的基因，與其他南島語族相似，證明「遺傳基因因素」的證據支持台灣是南島語族源頭的理論之一 (Chambers *et al.* 2002; Kivisild *et al.* 2005)。

直接遺傳基因證據顯示大洋洲原住民大部分來自台灣

2004年8月由馬偕醫院研究部輸血醫學研究室林媽利教授領導的研究團隊，在「從基因、語言及考古學的發現看東亞大陸及台灣島上人類遷移」研討會上發表研究成果。長期鑽研台灣原住民基因的林媽利教授說，從人類遺傳基因中特定的一小段，可以分析族群間的遺傳特徵，因此她的研究團隊透過組織抗原、分泌基因、血小板抗原等種種基因，研究台灣族群之間的關係。研究結果遺傳證據顯示，台灣原住民人口裡約一成五帶有 B4a 族系基因，經過一萬六千個鹼基比對分析後，成為台灣原住民為波里尼西亞人祖先的有力佐證。更發現台灣原住民與東南亞族群間的關係密切，特別是東南亞島嶼的族群，甚至有些與新幾內亞族群相關，因此直接遺傳基因證據顯示，大洋洲夏威夷一帶的波里尼西亞人是來自台灣，而後才在東印尼或美拉尼西亞發展成熟。除了夏威夷一帶的波里尼西亞人外，研究也證實，菲律賓巴丹群島的原住民和台灣原住民間也有密切關係，絕大部分族人是台灣原住民遷徙

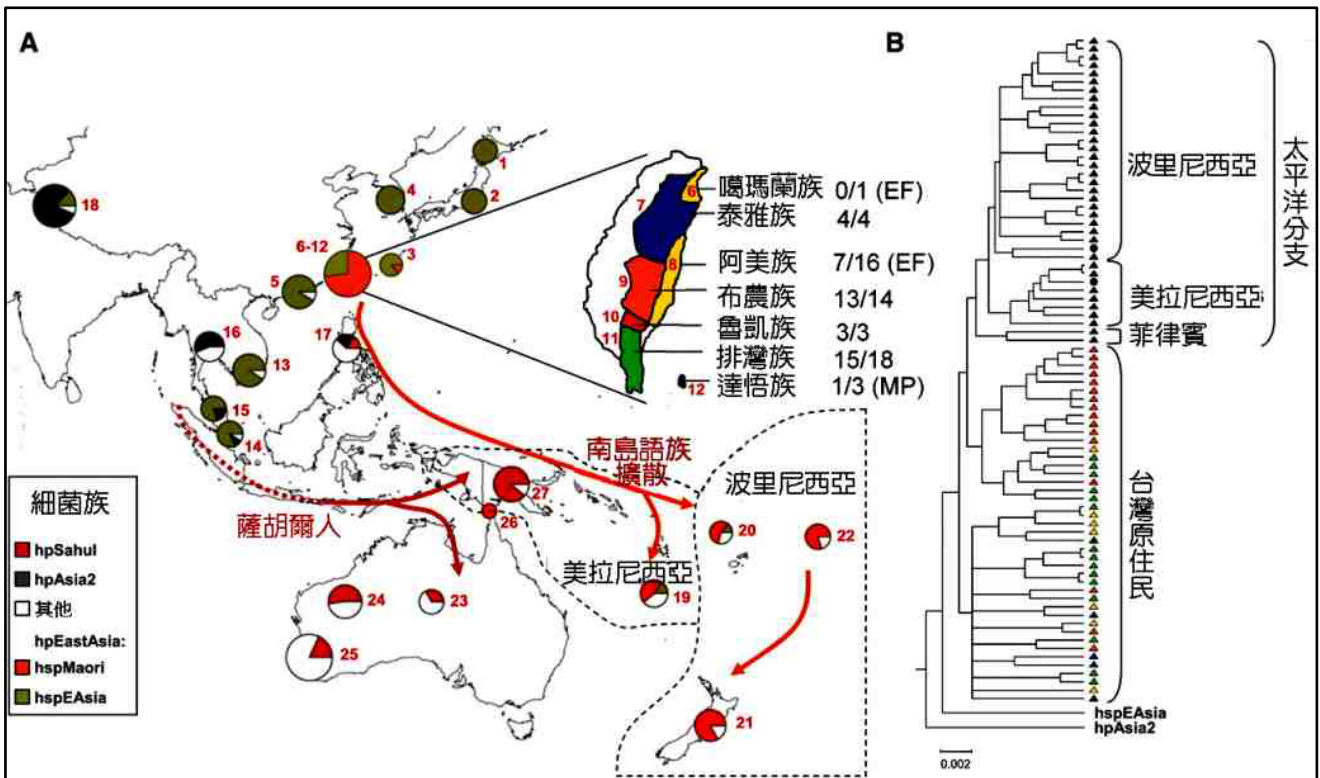
到巴丹群島。

台灣原住民粒腺體 DNA 研究證明波里尼西亞人來自台灣

2005 年馬偕醫院輸血醫學研究小組與愛沙尼亞籍的學者吉維席爾德(Kivisild)研究台灣各族原住民粒腺體 DNA，發現約有一成五帶有「B4a 族系」基因，這是台灣原住民常見的一些母系遺傳特徵；而這個族系在粒腺體 DNA 的編碼區三個被取代的鹼基，其實就是東南亞沿海及大洋洲的南島族群(包括波里尼西亞人)所特有，成為連接台灣原住民和現代波里尼西亞人祖先的證據(Trejaut *et al.* 2005)。研究小組成員解釋，從遠古人類遷徙路徑來看，台灣原住民是在更新世晚期來到台灣，台灣海峽是個低窪的陸地，還與歐亞大陸以陸橋連接。至少在一萬四千年前，甚至兩萬年前，現代智人就已到達台灣，成為原住民的祖先。而波里尼西亞人的出現則晚了幾千年，從時間的前後順序，加上鹼基定序的發現，證明波里尼西亞人是由台灣遷徙而來的。

分析幽門螺旋桿菌證實台灣原住民遷徙南洋

2009 年 1 月《科學》期刊上的研究報告，由波士頓貝勒(Baylor)醫學院教授葛拉罕(David Graham)應用一個國際研究團隊取自台灣、澳洲、新幾內亞、美拉尼西亞和波里尼西亞等原住民的 212 個病原體(Pathogen)幽門螺旋桿菌(Helicobacter Pylori)個體的遺傳學研究，他們利用兩種不同的幽門螺旋桿菌——命名為 hpSahul 和 hspMaori，追蹤人類遷徙史。人類的擴張，是一群南島語族分支的人類，帶著一些 hspMaori 病原體，大約在五千年前從台灣出發，經過菲律賓，擴散到太平洋的美拉尼西亞和波里尼西亞，在那裡語言和寄生蟲(Parasite)繼續分歧(Moodley *et al.* 2009)。根據這項研究也顯示南島語族出自台灣。



亞洲及太平洋地區幽門螺旋桿菌種群的分佈圖。

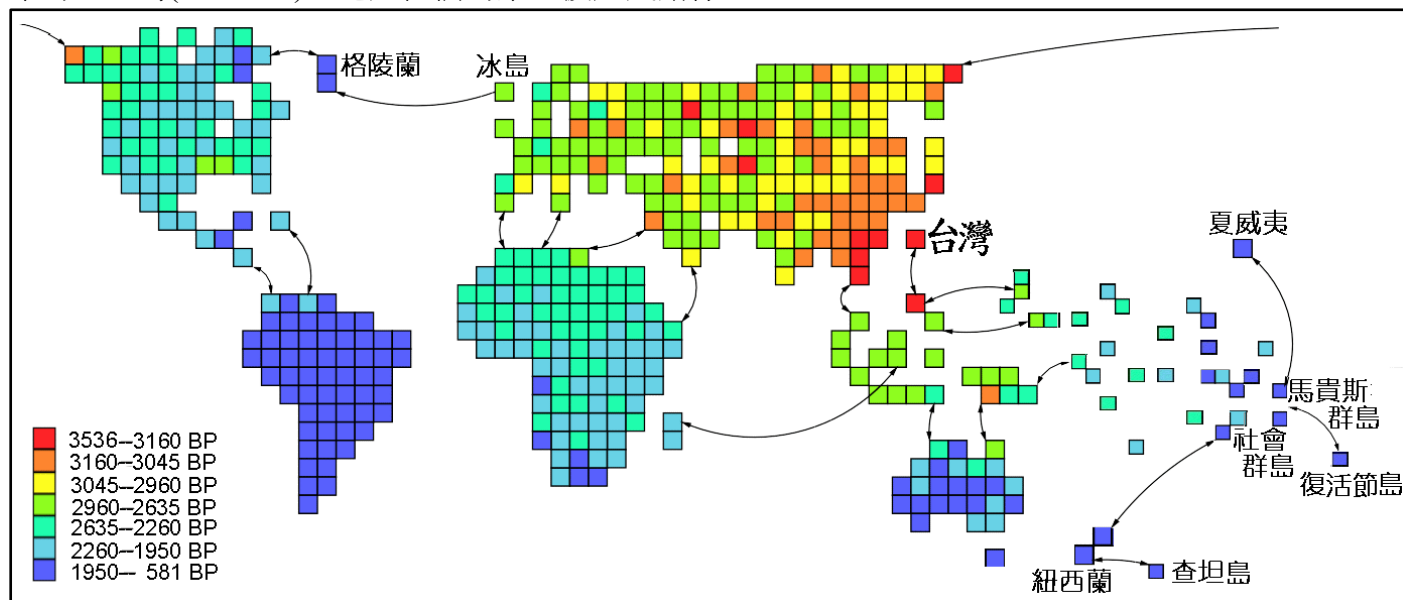
分佈圖中給不同細菌群體的每個採樣位置(紅色數目；表 S1)的單倍型比例，顯示為圓形圖，其大小表示單倍型的數量。描繪了美拉尼西亞和波里尼西亞的地理位置。「南島語族版圖」一詞是指從馬達加斯加到復活節群島講南島語的人居住的整個地區。插入的台灣詳細地圖，顯示原住民部落分佈情

況。部落的名字加上所有單倍型中的 hspMaori 單倍型的比例，在右邊以黑色顯示。語言家族名稱與部落名稱相同，除非用括弧表示：(EF：東台灣；MP：馬來-波里尼西亞人)。(B) 在 hspMaori 應變中的系統關係，100 個無性系框架分析的 80% 共識，每一個單倍型的 hpAsia 和 hspEAsia 被用來植根世代。應變是顏色編碼根據南島語系家族在(A)圖。在太平洋上的兩個分支黑圈表示了與托雷斯(Torres)海峽島嶼分離的單倍型，而一個黑色三角形則表示有來自台灣原住民雅美族的 hspMaori 單倍型。

麻省理工學院研究所有人類的共同祖先是台灣人

近年人們關注人類共同的女性祖先——「線粒體夏娃(Mitochondrial Eve)」，據信她在 10 萬至 20 萬年前就已經生存。人類共同的男性祖先——「Y 染色體亞當(Y Chromosome Adam)」，可能生存在 35,000-89,000 年前。然而我們考慮的祖先沿著所有的父母血統向上追溯，地球上的每個人都可能有一個共同的祖先，他是非常年輕的。這項研究 2003 年美國麻省理工學院引進了一個大規模、詳細的人類近代史電腦模式，經過一連串的模擬和計算之後，發表論文(Rohde 2003)。該模式得出了讓人震驚的結果：發現地球上所有七十二億人，每個人共同始祖，很可能生活在距今 2,000 至 5,000 年前的台灣人。

在模擬 C2 模式的一次試驗中，這個特殊的最近共同祖先於西元前 1536 年在台灣誕生。她有一個顯著的優勢，因為她的一個曾孫從海岸遷徙，來到了楚科奇(Chukotka)。其他早期後裔移居東南亞各地，有的前往俄羅斯中部。她的血統最早於西元前 106 年到達印尼，西元前 1091 年到達北美，在西元前 838 年到達非洲，在西元前 652 年到達澳大利亞，在西元前 95 年到達南美洲，在西元 381 年到達格陵蘭。最後到達的一些地方是西元 855 年的阿根廷南部和西元 1116 年的紐西蘭，以及西元 1419 年的查坦島(Chatham)，這是他們的第一波殖民路線。



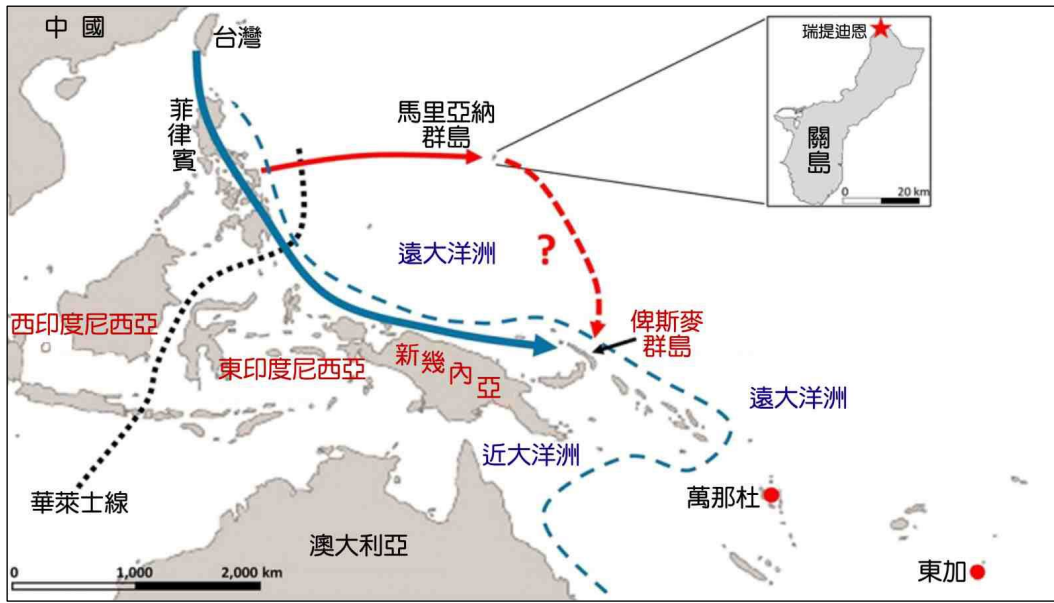
在選定的 C2 模式試驗中，最近共同祖先的第一個後代出現在每個地區的時期。

跨國團隊分析古 DNA：證實關島原住民祖源為台灣

澳大利亞國立大學研究員洪曉純與關島大學教授 Mike Carson、德國馬克斯·普朗克進化人類學研究所教授 Mark Stoneking 等人合作的跨國團隊，於 2016 年自關島北部的瑞提迪恩 (Ritidian) 海灘洞穴遺址發掘出兩具史前人類骨骸，並進行古 DNA 分析對比，發現關島原住民的親緣關係與菲律賓呂宋島北部的坎卡奈族 (Kankanaey) 及台灣的阿美族最接近，並得出關島原住民的祖先是從台灣遷

移到菲律賓、最後渡海到關島的結論，證實關島原住民的祖源可追溯至台灣。研究成果 2020 年 10 月 14 日刊登於「美國國家科學院院刊」網站(Pugach *et al.* 2021)。

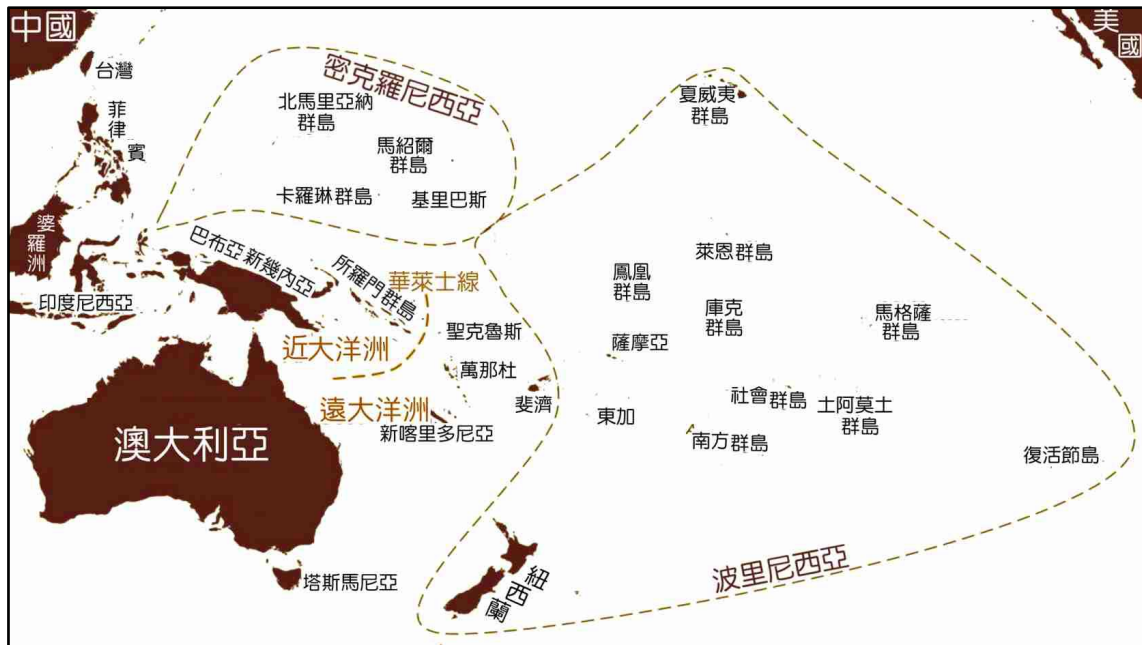
根據過去研究可知，史前人類最早在 3500 年前就到達馬里亞納群島，包括關島、塞班島等島嶼，但第一批島民是從哪裡來，考古學家則意見不一。來自台灣的洪曉純指出，近年來學者經由古 DNA 研究，證實台灣是南島語系的祖源地(Hung 2008)。2018 年丹麥哥本哈根大學古 DNA 實驗室也證實她在菲律賓呂宋島北部史前遺址挖掘的人骨，與台灣阿美族的親緣關係最近，這與她多年來考古學研究獲得的結論一致；目前可確定南島語族在 4000 年前從台灣遷移到菲律賓後，有一支向東遷移到關島及塞班島等地區，其他族群則向南擴張到印尼及太平洋上的群島。



西太平洋地圖，顯示文中提到的位置和地區。

東南亞人可能源於台灣可追溯到五千年前

2021 年 4 月 14 日法國國家科學研究中心(CNRS)研究員坤塔納-馬奇(Lluís Quintana-Murci)在《自然(Nature)》期刊刊出一篇「大洋洲居民歷史和生物適應性的基因組見解」論文。研究團隊根據來自太平洋地區 20 個群族 317 個人高覆蓋的基因組的研究，透過基因庫數據分析，認為大約五萬年前，人類離開非洲穿越歐亞大陸，定居在太平洋地區近大洋洲的島嶼上，包括巴布亞紐幾內亞、俾斯麥群島和索羅門群島，成為群族之祖先。在距今四萬年前至二萬年前從這個區域分散。研究團隊推斷，在新石器時代擴張之前，即五千年前左右，太平洋的東亞人祖先被認為是從台灣的原住民出走的[Gray *et al.* 2009]。這些原住民們在距今 3200 年前首次移動至離澳洲更遙遠的波里尼西亞、密克羅尼西亞等遠大洋洲地區，因此，台灣的原住民應是東亞人的祖先。此外，他們分散之後，涉及遺傳基因相互作用的重複發生事件，發生與高度結構化的古老人群單獨的雜交育種。研究團隊發現，人類身上所帶有的基因與尼安德塔人(Neanderthal)基因比例相近，基因滲入均勻分佈約 2.5%，促進了現代人相關的多種表型，例如新陳代謝、皮膚色素、神經元發育和免疫系統等性狀，為現代人類帶來有益的基因突變；而丹尼索瓦人(Denisovan)基因滲入因群體而異，介於 0~3.2%，主要有利於免疫功能，對天生的和適應性的免疫力有重大的益處。因此，2020 年以來，Covid-19 對全世界的傳染蔓延，南島語族比較輕微。



東南亞與南島語族地圖

南島語族基因分析採用台灣高山族檢體結果發生誤差

「台灣是南島語族的原鄉」最重要的理論——「出自台灣」，在國際上許多專家學者長久以來公認是一個接近事實的理論，但是近年來由於最新科學的人類基因分析，包括：線粒體 DNA(mtDNA)、Y 染色體和全基因組的研究資料，使這個「出自台灣理論」受到質疑。這是由於使用台灣原住民的檢體對象不正確而發生的誤差。因為台灣原住民的主流是平埔族，而研究者認為平埔族都是來自中國的漢人，少數的高山族才是台灣的原住民，因此採取的檢體大都出自高山族，並且台灣原住民是母系社會，不適用於代表男性的 Y 染色體 DNA 的分析，結果必定發生偏差。由於高山族也是台灣原住民，在五～六千年前從台灣南遷，定居於南洋島嶼的南島語族。後來一部分的族人或後裔乘舟於太平洋捕魚維生，受到從赤道快速北流的黑潮洋流又載回台灣，從東海岸上岸。當時平原是平埔族人的地盤，只能深入尚無人居住的高山生活，成為高山族。由於一些高山族曾長期在南洋生活，可能混有南方土著(如巴布亞族)的基因，其基因分析結果，可能會誤導是從南方遷徙過來的南島語族。

引用論文 References

- Michael, Field, 1998. Taiwan Identified As Original Polynesian Homeland, *Pacific Islands Report*, 8 Dec. 1998.
- Melton, T., Martinson, J. & Stoneking, M., 1996. Mitochondrial DNA variation in four Taiwan aboriginal tribes. Paper presented at the Symposium on Cultural as well as Biological Affinities among the Indigenous Peoples of Taiwan and Southeast Asia. Sponsored by the Institute of Ethnology, *Academia Sinica*, May 1996, pp. 21-23.
- Redd, Alan J. and Mark Stoneking, 1999. Peopling of Sahul: mtDNA Variation in Aboriginal Australian and Papua New Guinean Populations, *American Journal of Human Genetics*, 65 (1999), pp. 808-28.
- Sykes, B., Leifoff A., Low-Beer, J., Tetzner S. and Richards, M., 1995. The origins of the Polynesians: an interpretation from mitochondrial lineage analysis, *Am. J. Hum. Genet.*, 1995, 57, pp. 1463-1475.
- Chambers, Geoffrey K. et al., 2002. The Genetics of Alcoholism in Polynesians: Alcohol and Aldehyde Dehydrogenase Genotypes in Young Men, *Alcoholism: Clinical and Experimental Research*, Volume 26,

Issue 7, pp. 949-955.

- Kivisild, T., Trejaut, J. A., Loo, J. H., Lee, C. L., He, C. L. et al., 2005. Traces of archaic mitochondrial lineages persist in Austronesian-speaking Formosan populations, *PLoS Biology*, 3(10): e376.
- Trejaut, J. A., Kivisild, T., Loo, J. H., Lee, C. L., He, C. L., Hsu, C. J., Lee, Z. Y. and Lin, M., 2005. Traces of archaic mitochondrial lineages persist in Austronesian-speaking Formosan populations, *PLoS Biol.*, 2005; 3: e247.
- Moodley, Yoshan, et al., 2009. The Peopling of the Pacific from a Bacterial Perspective, *Science*, 323(5913): pp. 527-530.
- Rohde, Douglas L. T., 2003. On the Common Ancestors of All Living Humans, *Massachusetts Institute of Technology, report*, 11, November 2003.
- Pugach, Irina, Alexander Hübner, Hsiao-chun Hung, Matthias Meyer, Mike T. Carson, and Mark Stoneking, 2021. Ancient DNA from Guam and the peopling of the Pacific, *PNAS* January 5, 2021, 118 (1).
- Hung, Hsiao-Chun, 2008. Migration and Cultural Interaction in Southern Coastal China, Taiwan, and the Northern Philippines, 3000 BC to AD 100: The Early History of the Austronesian Speaking Populations, Australian National University, Canberra, 2008.
- Gray, R. D., Drummond, A. J. and Greenhill, S. J., 2009. Language Phylogenies Reveal Expansion Pulses and Pauses in Pacific Settlement, *Science*, Vol. 323, (5913): pp. 479-483.