

# 從遺傳學探討台灣是南島語族的原鄉

何顯榮

## 早期從遺傳基因分析證明南島民族出自台灣

目前世界各地出土的古人類化石(Fossil)，出現一個不容忽視的「化石斷層」，距今十萬年前至五萬年前，在這持續長達五萬年之久的時段中，沒有任何人類化石出土。「化石斷層」的原因是在第四紀最後一次冰河期，也就是距今八萬年前，生活在東亞的直立人和早期智人因惡劣氣候而絕滅。從近年來科學家大力發展的分子生物學，認定單憑化石研究人類起源存有許多問題，無法得到正確的判斷。

近些年來，遺傳基因的分析已被用來探討人類的演化及族群來源、分布、移動和血緣關係等問題。不像考古學主要以文化的遺物，語言學主要以抽象的語言作為研究對象，遺傳基因的分析可以直接從人類的身體或遺骸中來獲取證據，可以說為上述問題的探討，開闢了一條嶄新而更具有潛力的途徑。根據世界各地人種的遺傳基因來推測人群關係，要比化石精確得多，原因是化石骨頭大小有很多因素決定，例如人類的營養好壞、發育程度、健康狀況等，除此之外，化石還受到大自然的侵蝕，所以推測時有很多非客觀的因素在裡面。例如由比較人群之間遺傳物質「去氧核糖核酸(DNA)」在染色體的異同、多少、有無，是純客觀角度的分析，較不受外來的影響，精確度自然較高；不過，在另一方面，遺傳基因所獲得的訊息也可能對一些以傳統研究資料和方法所獲得的知識產生了衝擊。

1998年8月紐西蘭威靈頓市維多利亞大學生物學家張伯斯對「人類去氧核糖核酸(DNA)分析」的新技術進行的研究，提出成果報告顯示，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，源自蒙古人種，並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。張伯斯使用維多利亞大學分子系統分類學研究所其他研究人員所蒐集的DNA數據，以進行他的研究。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。維多利亞大學所蒐集到的DNA數據也顯示，一般波里尼西亞人，特別是紐西蘭毛利人，彼此間的基因差距較其他種族來得少，不如其他種族多樣化。這些民族的遷移過程留有精確的活生生紀錄，被保存在仍住在其遷移路線的現代後裔的DNA中，研究結果此種情況完全符合近代遷移史。

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主持的中央研究院主題計畫，由中央研究院民族所研究員許木柱所執行，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，探索南島民族的起源與遷徙。結果發現台灣南島民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。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，瑞德和西克斯等人的粒腺體DNA序列分析亦認為台灣為南島民族的原鄉。

2003年11月在台北舉行南島民族健康會議，紐西蘭維多利亞大學分子系統學院教授張伯斯指出，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」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，與其他南島民族相似，證明「遺傳基因因素」的證據支持台灣是南島民族源頭

的理論之一。

## 近年DNA研究也顯示南島民族出自台灣

2004年8月舉行「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，中外學者分別以遺傳基因研究以及相關語言、考古等證據，說明台灣島上的人類早年可能的遷徙途徑。由馬偕醫院醫學研究部輸血醫學研究小組林媽利教授領導的研究團隊，在研討會上發表這項研究成果。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，絕大部分族人可能是台灣原住民遷徙到巴丹群島。

另外，愛沙尼亞籍的學者圖馬斯·吉維席爾德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。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。

2005年7月由馬偕醫院醫學研究部輸血醫學研究小組林媽利教授領導的研究團隊在《生物科學公共圖書館》期刊發表，利用基因研究，從台灣原住民的B4ala型到波里尼西亞人的B4alalp，發現粒腺體DNA基因的直接關連，證明台灣原住民與波里尼西亞人母系血緣有直接相關。她們共研究640名台灣高山原住民的粒腺體DNA，藉著測定不同的突變而歸納出不同的粒腺體DNA型，再測定不同型發生的年代，來推測台灣原住民的祖先來處。結果發現，台灣原住民雖與亞洲大陸有遠古以前的關係，卻有自己獨特的粒腺體DNA型，推測形成年代介於距今七千七百年到一萬六千一百年前，因此可推測在一萬一千年前冰河時期終結，海水上升，台灣變成島嶼的前後時間，在台灣形成了這些粒腺體DNA型，而成為台灣原住民獨特的標誌。顯示台灣原住民與亞洲大陸的族群在冰河時期結束時即已分開。

在台灣原住民看到的幾個主要mtDNA型，在東南亞島嶼上也以高頻率出現，顯示台灣原住民很可能是從東南亞島嶼(古代巽他古陸)遷移過來的。因為B4ala主要在台灣的阿美族看到，而阿美族在遷移的過程一直保持母系社會型態，所以保存了母系血緣的B4ala。在比對國際DNA資料庫中所有B4a全長的mtDNA序列，可推測約一萬三千年前B4ala在台灣原住民形成以後到九千三百年前之間的四千年中間，帶這基因的原住民祖先移出台灣，推測經過菲律賓、印尼東部的島嶼，到達新幾內亞的東北海岸，一路混合後，先形成B4alal，再很快的形成B4alalp。B4alalp人口的成長猜測費時約四千至五千年，然後成為下來二千至三千年內快速擴散在太平洋群島上的波里尼西亞人。波里尼西亞人的母系血緣(即mtDNA)大部份屬於B4alalp型，父系的血緣(即Y染色體的遺傳)大部份屬於不見於台灣原住民的K及C型，這些Y染色體的基因，可能是原住民的祖先自台灣移出到新幾內亞的途中或在新幾內亞後得到的。以上從遺傳基因分析的研究結果，均顯示南島民族出自台灣。

## 幽門桿菌的 DNA 分析為人類遷徙史提供線索

1991 年在歐洲冰川上發現的 5300 年前冰封木乃伊「冰人奧茨」，近日義大利科學家對他胃部幽門螺旋桿菌進行 DNA 分析，發現該菌株與寄生於現代歐洲人胃部的菌株不同。現代歐洲人寄生的該桿菌是兩種古菌株的混合體，一種源於亞洲，另一種源於非洲，而現代人類於 5 萬年前首度離開非洲，展開遷徙。在冰河期災難性酷寒時，歐洲許多地方無法居住。約在 2 萬年前冰川開始消退，來自中東與其他南方群眾往北遷徙，才落腳歐洲，而這些移民將混合種的桿菌菌株帶到歐洲。然而冰人體內菌株卻只有亞洲種，顯示與非洲菌株的混合是較晚才發生，即冰人生存時期早於現代人的入歐潮，亦即現代人遷入歐洲是在過去 5000 年內發生的，為人類遷徙史提供了嶄新的線索。

2009 年 1 月日《科學》期刊上的研究報告，刊載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的 212 個病原體幽門螺旋桿菌個體的遺傳學研究，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，有二次史前的移民潮分布太平洋。首先 hpSahul 大約於三萬一千年前到三萬七千年前移轉到澳洲和新幾內亞，符合考古歷史。其次人類的擴張，是一群南島民族分支的人類，帶著一種 hspMaori 分化的病原體，大約在五千五百年前從台灣出發，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繼續分化，顯示先民定居台灣比現代人遷入歐洲還早得多。根據這項研究也顯示南島民族出自台灣，即台灣是南島語族的原鄉。



南島語族版圖