



文·圖／何傳坤

人類基因組圖譜終於在二十世紀即將結束之前被破解，科學界並聲稱這是阿姆斯特壯式「登陸」基因革命時代，更有人擔心這是人類即將邁向不確定性未來的第一步。新加坡也不落人後將展開基因組計畫，探究亞洲人的基因和西方人是否不同？在台灣也有學者呼籲需儘速設立人群基因庫。他們也面對了誰的基因才能代表「台灣人」這種技術性問題。其實在台灣很早就有一批遺傳學家們在默默地從事台灣原住民的基因研究，雖然剛起步不久，但其分析結果對南島語族的起源提供了考古學、語言學家以及體質人類學家們不少另類的啟示。

目前國內外學界對於台灣南島民族的起源及擴散問題，有二派說法。其中一派主張台灣可能是所有南島民族的起源地，也就是說台灣原住民是所有南島民族最古老的祖先，他們在公元前4000年前，經由航海，自台灣逐步擴散至東南亞島嶼區及大洋洲，亦稱「起源地說」；另一派學者主張古南島民族起源於亞洲大陸（即中國東南方），自10,000

年前開始向外擴散，其中一部分分成數波擴散至台灣，這批人後來根留在台灣並成為目前台灣原住民各族的祖先，南島民族的另一部分曾經由東南亞擴散至島嶼東南亞及大洋洲，亦稱「擴散地說」。以下就根據已經發表的三組遺傳基因研究來討論台灣南島民族的起源。

一、ABO血型研究：

人類的ABO血型其基因座位於人類第9對染色體中，主要由A、B、O三種對偶基因型配對，並控制A、B、AB、O四種血型表現型。日本學者古畑種基於1939年對台灣的原住民做過大規模的血型普查，並繪製血型分布圖（圖1）。他發現台灣的漢人和賽夏族、平埔族群血型出現頻率相近。

沉寂了近三十多年，1985年陳光和教授僅對泰雅族太魯閣亞群ABO血型21個基因位點多態性遺傳分布，提出太魯閣亞群與菲律賓、泰國族群較近；而與南中國、越南族群距離較遠的觀點。

1990年代初期，日本學界對台灣原住民進行大規模的調查，取得台灣原住民九族共八百多支血液樣本，經由8組紅血球酵素多態性基因分析，結果顯示泰雅、布農、賽夏與阿美、卑南、魯凱、排灣族分成二大群，其中雅美族自成一外群（圖2）。同時利用九族的血清補體蛋白多態形分布之顯著差異，推測台灣原住民可能是在不同的年代，經由不同的路徑先後抵達台灣。

自1990至1996年，中央研究院民族學研究所許木柱所主持的「台灣與東南亞原住民的血緣暨文化類緣關係」大型整合計畫，林媽利教授等利用22種對偶基因型來調查台灣漢人、原住民族群間的

基因頻率分布，分析結果證明台灣漢人為同一血型類緣，另與客家、華北、華南人和平埔族巴則海族的關係密切；排灣、邵族與雅美族（現改稱達悟）為另一類群；泰雅、布農、賽夏為一群；阿美、卑南屬一群；而魯凱族則屬外群（圖3）。其中排灣與邵族、雅美族的近緣關係，以及魯凱為外群的結果似乎跌破所有專家的眼鏡，其他的類群和已知的民族語言群分類相吻合。

二、人類白血球抗原分析（Human Leukocyte Antigen：HLA）

針對台灣原住民的HLA，做有系統的大規模研究也始自1996年中央研究院民族學研究所由許木柱教授所主持的「東南亞土著的文化與血緣關係主題計畫」。陳叔偉等的研究結果顯示台灣原住民每一族群平均有一半以上帶有A24抗原，台灣漢人不及20%；與世界各地其他族群相比，只有巴布亞新幾內亞、爪哇、帝汶、紐西蘭毛利人和東北鄂倫春、美洲愛斯基摩人才擁有如此高的A24抗原頻率。在此值得注意的是，台灣原住民的HLA中，HLA-A抗原均集中在A24、A2、A11；HLA-B抗原則集中在B13、B48、B60。因而推測這可能與各族群間長期隔離，族內通婚有關。另外，他們進而指出這種台灣原住民類緣關係如此相近的原因是：第一、是同一祖先很早渡海來台，在台灣落地生根後先行分家；第二、原來的同一族群在他處先行分家後，在不同時間渡海來台，但來台時間相當早，後來也未再自台灣向外擴散；第三、各族群的來源不詳，但是來台之後因長期混血，所以類緣關係較近。依據其他的資料相佐證，其中以第一、第二可能性較高。台灣原住民的起源可能為單源，而且來台後落地生根，這項推論與澳洲考古學家貝爾伍德（Peter Bellwood）及美國語言學家白樂思（Robert Blust）的說法相吻合，但是對擴散的時間及路線卻與目前已知的台灣考古學資料有較大的出入。

三、mtDNA分析

mtDNA（粒線體DNA）是存在細胞質中的DNA，受精卵產生時，因只有卵子提供細胞質，所以人體的mtDNA完全傳自母方。在人體中mtDNA原本表現蛋白的區位極易發生突變，其速率是一般遺傳基因的5至10倍，產生的新多態型對遺

傳又沒有影響，能順利地傳到下一代，所以mtDNA時常被視為遺傳類緣指標之一。

美國賓州州立大學Melton教授於1995年在「美國人類遺傳學」期刊上發表了一篇利用mtDNA來分析大洋洲玻里尼西亞人與東南亞族群的血緣關係。他利用mtDNA的一段9個鹼基對缺失（9-bp deletion），分析發現台灣原住民九族中出現的頻率分別為阿美族22%，泰雅族20%，布農族19%，排灣族21%（圖4）。1998年Melton等又對上述四族做了DNA序列中Alu（這類基因片段約有300個鹼基對）嵌入（insertion）多態性分析，發現阿美族與菲律賓人相似之程度大於另外三族。因而推測菲律賓島上的族群可能是自阿美族分支出去的。另外，排灣族與菲律賓族群之間也出現同樣的現象。Melton等認為下列四種推論可解釋上述現象。第一、台灣原住民來自一共同祖先；第二、與亞洲其他族群呈現長期隔離；第三、台灣的原住民mtDNA可能是源自一個變異很大的基因庫，地點可能在中亞或是南亞；第四、由Alu嵌入的細部分析，推測其間可能有2000年沒有明顯的基因交流，族群間因而呈現了長期的隔離現象。



圖5.粒線體DNA分析台灣原住民族群親緣關係

自上述最近遺傳學的研究結果來看，台灣原住民的單源說和語言學及民族學的看法大致相同，但是對源自何時及何地，目前卻無共識。不過，遺傳學家提供了考古學家及體質人類學家不少具啟發性的資料，特別是mtDNA研究所分析出的台灣東部阿美族與菲律賓之間的親緣關係，似乎與語言學家所提出阿美族自成一組之分類，對台灣原住民的尋根研究現出了一道曙光。這些成果雖然令人欣喜，但是功勞大半屬於國外研究團隊的。最近由慈濟醫學暨人文社會學院提出一項整合性計畫來建立台灣南島民族生物資料庫。該計畫共分成五大子計畫，將分別從mtDNA及核DNA、衛星基因座、偽基因序列、台灣鐵器時代十三行遺址人骨DNA、其他台灣地區考古遺址出土及原住民人骨測量分析，希望在三年之內對台灣原住民的始源問題能有突破性的答案，大家不妨拭目以待。

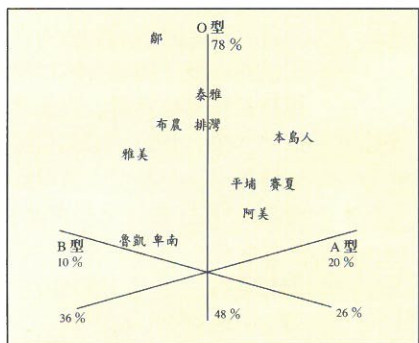


圖1.台灣各族群ABO血型分布（古畑種基，昭和14年）

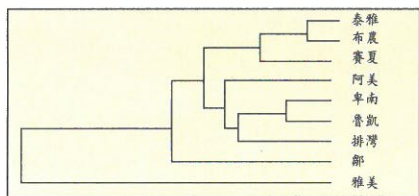


圖2.利用8組紅血球酵素基因頻率分析台灣原住民族間的親緣關係（Jin, 1992）

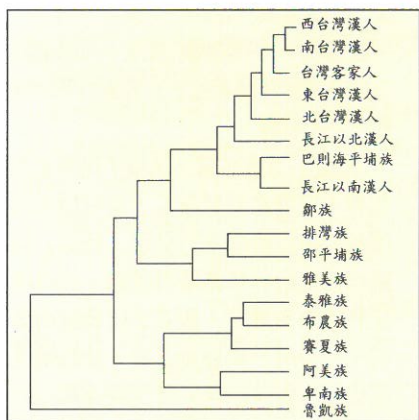


圖3.利用6組紅血球表面抗原的基因頻率分布分析台灣各族群的親緣關係（林媽利等，1996）

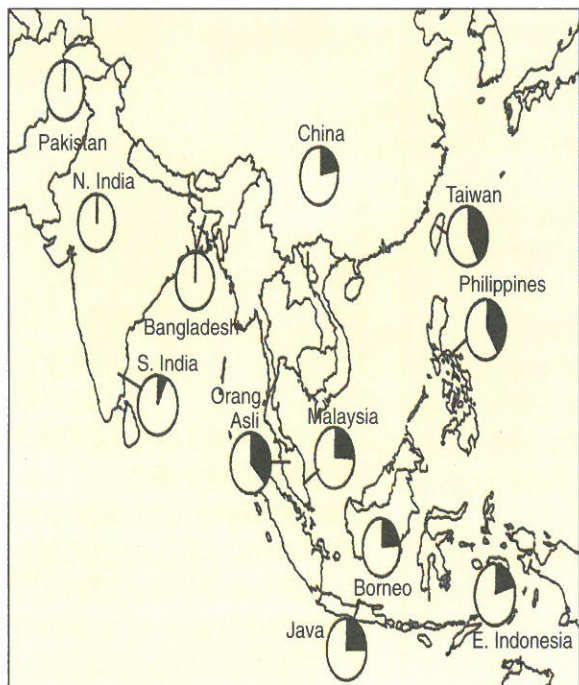


圖4.9個鹼基對缺失（9-bp deletion）在12個族群中的出現頻率（Melton, 1995）