

文・圖／何傳坤、閻玲達

## 前言

台灣梅花鹿（*Cervus nippon taiouanus*）過去遍布整個中低海拔的平原與丘陵地區，但是現在已幾乎絕跡。由於與人類生活地區相近，因此過去一直與原住民的生活習習相關，是原住民主要的生活習習對象。鹿的貢獻極多，鹿肉是當時人的主要肉類來源、鹿皮則被做成衣服，但是還不致於破壞生態的平衡。荷蘭人據台後，大量收集鹿皮、鹿角等商品，漢人來台後這種情形變本加厲，成為原住民交換外來品的籌碼。除了作為交換的商品，原住民亦獵鹿來向漢人納餉。

梅花鹿由於其經濟效益而大量被捕獵，再加上漢人大量遷台後，平原地區的快速開發，破壞梅花鹿的生活環境，以致於野生梅花鹿數量遽減。根據文獻記載，最後一隻野生梅花鹿於民國58年被發現以後，野外就再也沒有台灣梅花鹿的蹤跡，只出現在動物園與民間養殖場。

現存的台灣梅花鹿多數為民間養殖，但可供研究的樣本僅百餘隻，不足以表現其遺傳結構。由於其經濟效益下滑，數量也可能在急遽減少中。墾丁、台北市立動物園的鹿群為單一來源，更大量減少了梅花鹿應有的多樣性。這樣的問題也許可以藉由考古遺址出土的鹿骨與鹿牙標本來解決，除了可以彌補現代樣本多樣性不足的缺憾，也可以經由不同地區考古遺址出土的標本來建立地區性的遺傳譜系，並了解台灣過去幾百年來先民擴散與動物的互動狀況。

## 台灣梅花鹿粒線體DNA研究

在1992年，台灣師大王穎首度對台灣梅花鹿進行粒線體DNA的研究後，2002年又擴大樣本範圍，他們針對目前台灣的幾個主要梅花鹿復育及養殖場的鹿群進行採樣，數量總計111隻，另還有10個鹿皮、鹿角等民族學收藏樣本。遺傳指標為粒線體的細胞色素b基因（cytochrome b），共850bp的片段。現生樣本成功定序72個，其結果顯示，在這72個樣本的850bp序列中，僅有5個變異點，5個單倍型。墾丁的56個成功定序的樣本中，有53個為同一個單倍型，與台北市立動物園的所有樣本完全相同，其餘三個為不同的單倍型，但僅有1~2個變異點。綠島成功定序的幾個樣本，都屬於同一個單倍型，與墾丁樣本均不相同，但僅有1個變異點的差異。因此整體而言，現生的台灣梅花鹿群在母系血

# 梅花鹿粒線體DNA研究及遺傳關係 台灣與東亞



台灣梅花鹿幼鹿



台灣梅花鹿

緣上有高度的相關性。墾丁大多數的樣本與台北市立動物園鹿群為同一母系血緣，綠島的單倍型不同，但僅有1個位點的變異，遺傳差異極小，亦可視為有非常晚近的共同母系祖先。

## 台灣梅花鹿與東亞梅花鹿群遺傳關係研究

梅花鹿不僅曾廣布於台灣島，過去亞洲大陸也有牠們的足跡。主要分布在亞洲東部，從西伯利亞的烏蘇里江至越南北部，並包括日本及朝鮮半島，也由於大量獵捕及棲息地減少而瀕臨絕種。根據研究，亞洲大陸過去曾有6個梅花鹿亞種，分別為四川亞種（*C. n. sichuanicus*）、華南亞種（*C. n. kopschi*）、東北亞種（*C. n. hortulorum*）、山西亞種（*C. n. grassianus*）、華北亞種（*C. n. mandarinus*）及台灣亞種（*C. n. taiouanus*）。其中山西亞種、華北亞種、台灣亞種的野生群已滅絕，其他幾個亞種雖有發現野生

群，但數量也極少。亞洲另有日本種群，根據遺傳學研究，日本梅花鹿主要分為二大支系，一為北部支系（北海道和本州北部大部分地區），另為南部支系（本州南部一部分、九州及其周圍島嶼），並在本州中部形成結合區。

呂曉平等人（2006）曾以亞洲大陸4個種群（東北、四川、華南及台灣）的樣本進行粒線體DNA研究，結果顯示，這幾個種群間有顯著的遺傳差距，但比較特別的是，遺傳距離與地理分布沒有顯著的關係。在單倍型的分布上面，東北種群的單倍型最多，17個樣本共有4個不同的單倍型；四川種群的16個樣本同屬於1個單倍型；華南種群的7個樣本中也有6個是同一個單倍型；而台灣的6個樣本則分屬2個單倍型。其中，東北、華南及台灣種群分別擁有不同單倍型，而四川種群的單倍型則與東北的其中一型相同，因此可推斷東北與四川種群在過去可能有過接觸。呂曉平等人再將這4個種群與日本種群比較，結果顯示亞洲大陸4個種群合為一支系，且與日本南方種群較為接近。

由本篇研究的結果看來，亞洲大陸幾個種群與日本種群比較起來，彼此間關係較密切。日本北部種群與其他種群的關係最遠，且多樣性最低，顯示曾經有過數量瓶頸或者是始祖效應所造成的基因漂變。東北種群的單倍型多樣性最高，且大陸種群與日本南方種群較為接近，意味著亞洲東北

部可能是梅花鹿起源地。以過去的化石記錄來看，梅花鹿的祖先主要分部在東北地區，然後再向西、向南及向北擴張，這項研究似乎與化石記錄的假設符合。而台灣種群在整個梅花鹿譜系中，其2個單倍型自成一群，親緣關係則與東北、四川種群較為接近。

## 梅花鹿DNA研究的未來

在上述的研究中均呈現梅花鹿群的樣本多樣性不足，究其緣由即是因為過去廣大的野生鹿群已幾乎完全絕跡，僅生存在小範圍的環境中，種群數量也相當稀少。而復育鹿群血統來源一致，民間雖然有相當數量的養殖鹿群，但是有與其他鹿種混血的可能，亦不利於遺傳學研究。因此，本文建議日後相關研究可充份利用考古遺址出土之古代樣本，此舉將可彌補樣本多樣性的不足，對於梅花鹿的遺傳結構才能有更深入的了解。王穎等在2000年的研究中也收集數個古代樣本，採自國立台灣博物館的梅花鹿標本組織與民間收藏之鹿皮與鹿角，但是未成功地擴增與定序。以台灣的氣候條件，細胞的保存狀況通常不甚理想，因此日後實驗樣本應以現生及古代鹿牙為主。由於牙齒有琺瑯質的保護，牙髓腔內的細胞最容易被保存下來，較不易受到水解與氧化的破壞，因此完整的牙齒較適合進行古代DNA研究。

台灣考古遺址出土的獸骨中，鹿的數量相當可觀。從最早的更新世晚期左鎮化石群中即已鑑定出台灣梅花鹿的遺骨，到了新石器時代及鐵器時代的遺址，鹿科動物遺骨出土情形相當頻繁，各區域的考古遺址中都有發現。雖然目前已鑑定為梅花鹿的數量不多，但未鑑定出的鹿科動物中，梅花鹿必定佔有不少的比例。以台中市的惠來遺址、台中縣的鹿寮與南勢坑遺址為例，出土梅花鹿、野豬、山羊、鼠類、魚類、貝類等獸骨，其中南勢坑遺址出土可辨認種類之獸骨中，鹿即佔了80%。因此利用考古遺址出土的梅花鹿遺骨進行古代DNA研究，可以彌補現生鹿群樣本的不足，了解梅花鹿在過於捕獵與環境開發而瀕臨絕種前的基因多樣性，以及梅花鹿與南島語族的祖先是否共同渡海移居台灣。

台中市惠來遺址出土之鹿下顎