

台灣中部鐵器時代惠來遺址出土梅花鹿 DNA 研究

摘要

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。在台灣考古遺址出土的獸骨中，鹿的數量相當可觀，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。以台灣中部考古遺址中尤以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，並與中國大陸地區鹿骨 DNA 研究成果比對，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。

台灣中部鐵器時代惠來遺址出土梅花鹿 DNA 研究

一、目的

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（陳光祖，2000）。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、山羌、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%（何傳坤、劉克竑，2005）。因此利用考古遺址出土的梅花鹿遺骨進行古代 DNA 研究，並與中國大陸地區鹿骨 DNA 研究成果比對，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。

二、過程

為了執行本計畫，本報告人特別參訪北京中國科學院古脊椎動物與古人類研究所所藏古代及現生梅花鹿獸骨及其 DNA 的基因排序圖，以俾與東亞以及台灣與台中惠來遺址出土的鹿骨古代 DNA 研究比對並探討對鹿群之間的遺傳關係。

三、心得及建議

（一）台灣梅花鹿與東亞梅花鹿群遺傳研究心得

梅花鹿不僅曾廣佈於台灣島，過去亞洲大陸也有牠們的足跡。主要分佈在亞洲東部，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，亞洲大陸過去曾有六個梅花鹿亞種，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）曾以亞洲大陸四個種群（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，遺傳距離與地理分佈沒有顯著的關係。在單倍型的分佈上面，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。呂曉平等人再將這四個種群與日本種群比較，結果顯示亞洲大陸四個種群合為一支系，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，其二個單倍型自成一群，親緣關係則與東北、四川種群較為接近。

（二）台灣梅花鹿粒線體 DNA 研究

在 1992 年，王穎首度對台灣梅花鹿進行粒線體 DNA 的研究後，2002 年又樣本範圍擴大，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。

（三）梅花鹿 DNA 研究的建議

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。王穎等於 2000 年的研究中也有收集數個古代樣本，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。

參考書目

王穎

2002 台灣梅花鹿遺傳基因分析之研究。內政部營建署墾丁國家公園管理處。

呂曉平、魏輔文；李明、楊光、劉海

2006 中國梅花鹿(*Cervus nippon*)遺傳多樣性及與日本梅花鹿間的系統關係。科學通報 2006 Vol. 51 (3): 292-298。

陳光祖

2000 試論台灣各時代的哺乳動物群及其相關問題－台灣地區動物考古研究的

基礎資料之一（上篇），中央研究院歷史語言研究所集刊，第71本，第1分，頁129-198。

何傳坤、劉克竑

2005 鹿寮遺址標本圖鑑。國立自然科學博物館人類學組編印。