

古DNA及渡渡鳥的自然史研究

文／姚秋如·圖／黃姿菁、汪仁傑

摘要

古 DNA 泛指由老舊生物標本中所萃取之 DNA，這些 DNA 可能萃取自生物的骨骼、毛皮、木乃伊、魚鱗或各類古舊的植物標本等。老舊生物標本的來源大多來自於博物館和考古遺址，保存年代從數十年、數百年甚至十萬年。經由古 DNA 資訊，人們可針對分類議題，如對模式標本或已滅絕物種（如猛獁象、穴熊或尼安德塔人等）進行演化或是族群遺傳研究，或是針對現生珍稀物種的古舊標本採樣以減低對活體生物的騷擾，進而分析其族群遺傳多樣性。然而古 DNA 因為損壞嚴重，因此比一般 DNA 更難以取得及進行後續分析，其三大難題包括：易汙染、古 DNA 斷裂與古 DNA 損壞，若能克服或減低前述難題，古 DNA 訊息可協助人們發現滅絕或珍稀物種的自然史奧秘。本文將以在 17 世紀滅絕的渡渡鳥研究為例，敘述科學家利用古 DNA，了解渡渡鳥與其他鳥類間的親緣關係，並透過 DNA 訊息與地質史研究資訊，解讀這群不會飛的鳥類在地球上的短暫演化歷程。

關鍵詞：古 DNA、渡渡鳥、演化、地理親緣

古 DNA：定義、來源及年代

古 DNA 泛指由老舊生物標本中萃取之 DNA，這些 DNA 可能萃取自動物的牙齒、骨骼、鳥獸毛皮、自然風化木乃伊、魚鱗或各類古舊的植物標本等。這些生物標本大多來自於博物館和考古遺址，保存年代從數十年、數百年甚至十萬年 (Lindahl 1993)。

爲什麼要萃取古 DNA?

對於生物及演化課題有興趣的人，古 DNA 無疑是非常珍貴的材料，藉此，人們可針對分類議題，如對模式標本或已滅絕物種（如猛獁象、穴熊或尼安德塔人等）進行 DNA 萃取，以從事演化或是族群遺傳研究。此外，應用於現生稀有物種的保育生物研究上，也可針對其相關的老舊自然史典藏品進行採樣研究，不僅可減少對現生珍稀物種採樣的騷擾，也可比對牠們在人類急遽開發前後之族群遺傳多樣性差異。

古 DNA 的難題

應用古 DNA 前需要先了解其特性及限制。古 DNA 因爲損壞嚴重，因此比一般 DNA 更難以取得及進行後續分析(如 PCR、定序及相關分子實驗)。古 DNA 損壞問題有三大面向：第一是易汙染；第二是古 DNA 斷裂，能增幅的長度縮短；第三是古 DNA 損壞、導致判讀序列時，發現假性突變等。標本的保存方法與歷經時間決定了古 DNA 的質與量，而其中保存方法是更爲重要的因子，若保存環境具穩定的溫度、低溫（如永凍層）、乾燥（如沙漠），DNA 的品質就會好很多 (reviewed in Pääbo et al., 2004)。抽取古 DNA 的方法異於慣常的萃取方法 (Rohland & Hofreiter, 2007)，且其後續的 PCR 或其他實驗方式亦另有講究 (Stiller et al., 2006; Shapiro, 2008)。由於古 DNA 易被汙染的特性，每次實驗需有合宜的控制組(negative and positive controls)以瞭解實驗的過程是否有外來 DNA 的汙染。針對古 DNA 的三大難題，萃取古 DNA 時必須克服外在 DNA 的汙染、減少古 DNA 再次損壞與斷裂、儘量去除 PCR 或後續實驗之抑制物。其萃取過程將會有「增加 DNA 釋放」(DNA release)與「減低 DNA 損壞」(DNA degradation)的兩難(trade-off)。然而，經過適當的萃取過程而取得珍貴的自然史標本的古 DNA 之後，再經過後續分子實驗與資料分析，即能幫助我們了解珍稀或是已經滅絕物種的演化與生態奧秘。下面我們要講述的，就是科學家由博物館的渡渡鳥標本取得古 DNA 後，探討已滅絕的渡渡鳥的自然史歷程。

古 DNA 解讀渡渡鳥身世之謎

模里西斯渡渡鳥(*Raphus cucullatus*)，又被稱爲愚鳩，是僅產於印度洋模里西斯島上的一種不會飛的鳥類(圖1)。根據文獻記載，模里西斯島原來並無其他可能威脅渡渡鳥生存的大型動物或競爭者，也因此，渡渡鳥對於其他物種並無戒心，且不迴避人類之靠近。牠們在16世紀被葡萄牙水手發現之後，由於人類的大肆捕獵、對環境開發及引進外來動物等多重影響之下，數量大幅減少，導致在不

到200年的時間內，約在17世紀後期便絕滅了。



圖 1. 兩種渡渡鳥在 17 世紀滅絕，人們僅能由文獻或圖像來想像牠們的模樣。(黃姿菁製)

由於渡渡鳥已消失，以往人們僅能憑藉少數的文獻記載及過去所典藏的標本或殘留骨骸，想像牠們以往生活在地球上的生態習性。近年來藉由分子遺傳標誌的開發及實驗技術的精進，科學家採集了博物館典藏的渡渡鳥標本之部分組織，萃取其中的 DNA 及後續讀取粒線體 DNA 序列，並且與其他鳥類的遺傳資訊比對分析後發現，模里西斯渡渡鳥和亦已滅絕的羅德里斯渡渡鳥 (*Pezophaps solitaria*，是羅德里斯島的特有物種) 是血緣最相近的姐妹種，而且與鳩類 (圖 2、3) 一樣同屬鳩形目 (Columbiformes)。圖 4 是 Shapiro 等人 (2002) 所發表的渡渡鳥與其他鳥類的粒線體 DNA 序列的親緣關係圖，讓我們一窺渡渡鳥的演化奧秘。此外，他們也藉由上述鳥類的 DNA 資料，進行地理分布和親緣關係的分析，推測出模里西斯渡渡鳥與羅德里斯渡渡鳥的祖先是起源於東南亞，而後再拓展到非洲馬達加斯加島以東的馬斯克林群島 (Mascarene Islands)。再根據化石紀錄定年資料來計算分子時鐘，科學家也推論出兩種渡渡鳥的共同祖先約在始新世 (Eocene) 的中晚期 (約 42.6 百萬年前) 先與尼可巴鳩類群的祖先分道揚鑣 (種類分化)；隨後約在 25.6 百萬年前，渡渡鳥與羅德里斯渡渡鳥再從其共同祖先種分化成不同的兩個物種。對於這兩種島嶼特有鳥類的種化過程，或許有人會認為是因為牠們的共同祖先分別遷居到模里西斯島和羅德里斯島，經過一段隔離時間後，再演化出兩個不同物種。然而根據島嶼地質史研究，模里西斯島與羅德里斯

這兩個火山島嶼，分別是在 6.8 百萬年及 1.5 百萬年前才形成，遠遠晚於這兩種鳥的分化時間，也就駁斥了上述的「島嶼棲地的地理隔離導致兩種渡渡鳥分化」的假說。那麼這兩種被描述為「不會飛」的鳥，是如何分別到達模里西斯島和羅德里斯島，而且定居下來不再向島外擴展呢？或許前述的研究結果可以讓我們再思考、推敲他們在地球上短暫的演化歷程。



圖 2. 渡渡鳥骨骼典藏標本，提供了古 DNA 來源，科學家可以從中實驗分析以解讀渡渡鳥的演化奧秘。（汪仁傑攝）



圖 3. 冠鳩是僅次於尼可巴鳩，與兩種渡渡鳥親緣關係最近的鳩鴿類。（汪仁傑攝）



圖 4. 臺灣常見的金背鳩，也是渡渡鳥的親戚。(汪仁傑攝)

近年科學家採集博物館所蒐藏兩種渡渡鳥標本的組織，萃取其中的DNA後，讀取粒線體DNA序列，發現模里西斯渡渡鳥和亦已滅絕的羅德里斯渡渡鳥(*Pezophaps solitaria*，是羅德里斯島的特有物種)是姊妹種，而且與鳩鴿類同屬鴿形目(Columbiformes)。



圖 5. 經由古 DNA 解密，人們發現渡渡鳥與鴿形目鳥類的親緣關係最近。(黃姿菁製)