

分子生物学视野下南岛语人群的起源与扩散

沈曲

(福建理工大学人文学院, 福建福州 350118)

摘要: 南岛语人群的起源与扩散是国际学术界长期关注的重大前沿问题, 历经逾一个世纪的多学科探索, 其时空演化细节仍有待厘清。近年来, 随着高通量测序技术的迅速发展, 分子生物学已成为探索这一问题的核心手段。母系线粒体 DNA、父系 Y 染色体及全基因组(尤其是古基因组)的多角度研究共同表明: 南岛-壮侗同源, 他们的共同祖先人群起源于我国华南大陆; 长江流域稻作农业人群、华北沿海粟黍农业人群及华南本土采集-渔猎人群等多支来源, 共同参与塑造了这一祖先人群的遗传结构。在此基础上, 原南岛语人群主要经由中国台湾、菲律宾群岛, 沿南线及可能存在的北线等多路径向外扩散, 最终抵达远大洋洲, 扩散过程中亦受到多方向基因流的持续影响。然而, 受制于华南地区古代样本数量的不足, 南岛语祖先人群的精确定位尚难实现, 性别偏向性迁徙是否存在、早期海洋性扩散的时序细节等关键问题, 仍有待古基因组数据的进一步积累与深入研究。

关键词: 南岛语人群; 起源与扩散; 分子生物学

中图分类号: Q987

文献标志码: A

文章编号: 2097-3853(2026)02-0129-08

Origin and dispersal of Austronesian populations from a molecular biological perspective

SHEN Qu

(School of Humanities, Fujian University of Technology, Fuzhou 350118, China)

Abstract: The origin and dispersal of Austronesian represent a long-standing and significant frontier in international academia. Despite over a century of multidisciplinary exploration, the details of their spatio-temporal evolution remain to be fully elucidated. In recent years, with the rapid development of high-throughput sequencing technologies, molecular biology has emerged as a core methodology for addressing this issue. Comprehensive studies focusing on maternal mitochondrial DNA, paternal Y-chromosomes, and whole-genome analysis (especially paleogenomics) collectively confirm the “Austronesian and Tai-Kadai unity” in South China. The genetic structure of this ancestral gene pool was shaped by multiple streams of gene flow, notably from Yangtze River Basin rice farmers, North China millet farmers, and indigenous South China hunter-fishers. Subsequently, Austronesian-related ancestral population expanded outward via multiple pathways—including the southern route via Taiwan and the Philippine Archipelago, a potentially northern route, and other complex migration pathways—eventually reaching Remote Oceania. This dispersal process was continuously influenced by multidirectional gene flow. However, due to the scarcity of ancient samples from South China, the precise localization of the Austronesian-related ancestral population remains challenging. Critical issues, such as the existence of gender-biased migration and the chronological details of early maritime expansion, await further accumulation of paleogenomic data and more in-depth investigation.

Keywords: Austronesian; origin and dispersal; molecular biology

收稿日期: 2026-01-24

基金项目: 福建省中青年教育科研项目(科技类)重点项目(JZ250029); 福建理工大学社会科学研究项目(S900326004)

作者简介: 沈曲(1996—), 女, 安徽安庆人, 讲师, 博士, 研究方向: 人骨考古、古 DNA。

南岛语族(Austronesian),这个最初由语言共同体识别的族群,是世界上分布范围最广且主要分布于海岛的海洋人群。其分布范围跨越我国台湾、东南亚群岛以及大洋洲的三大群岛(美拉尼西亚、密克罗尼西亚、波利尼西亚),东抵复活节岛,西达非洲的马达加斯加岛,最南至新西兰。目前,南岛语人群涵盖 1 000 至 1 200 种语(方)言,总人口逾 4 亿。南岛语人群的起源与扩散,是国际学术界长久以来的前沿议题,语言学、考古学及民族学等多学科学者都曾提出假说,包括马来说、新几内亚说、台湾说及大陆起源说等,目前“大陆起源说”及与之衔接的“出台湾说”已成为国际主流共识。自分子生物学兴起以来,生物学证据在揭示南岛语人群演化历程中发挥了不可替代的作用。研究者从母系线粒体 DNA、父系 Y 染色体 DNA 及古基因组等维度,不断拓展并深化了相关研究视野,“透 DNA 见人”地揭示南岛语人群的大陆性起源与和海洋性扩散的具体图景。

一、基于母系线粒体 DNA 的南岛语人群溯源:从“波利尼西亚标记”到亮岛人古 DNA 实证

人类线粒体 DNA(mtDNA)是位于线粒体内的遗传物质,也是人类细胞中细胞核外唯一的 DNA 来源。^[1]线粒体 DNA 全长较短,约为 16 569 个碱基对,属于严格母系遗传^[2],所以它包含的母系遗传信息为研究人类群体历史的母系祖先提供了一个独特的视角。又由于 mtDNA 的拷贝数很高,可根据突变频率的不同将 mtDNA 分为编码区和控制区:编码区突变率较低,控制区突变率较高,其中高变区 I 和高变区 II(HVI/HVII)变异最为丰富,可用于追溯较晚近的母亲谱系。^[3-4]现代研究已广泛采用全线粒体基因组测序。

基于“农业-语言共扩散”理论,“出台湾说”将中国台湾视为南岛语人群迁徙的枢纽,并明确指出该人群及其农业文明的上游根源位于中国东南大陆^[5-6],但该模型仍需分子层面的直接证据来填补其遗传路径的空白。在线粒体 DNA 研究中,针对“波利尼西亚标记”(Polynesian motif)的溯源分析恰好弥补这一环。“波利尼西亚标记”(B4a1a1)及其子支系构成的演化支均属于 B4a1a 支系,在波利尼西亚人群 mtDNA 中占比高达 90% 以上。早期针对亚洲和大洋洲现代人群的研究显

示,该谱系的遗传多样性在台湾少数民族中最高,且其分布频率从台湾向南经菲律宾和印度尼西亚东部的走廊地带递增,支持原始波利尼西亚人群源于台湾并向大洋洲扩散的假说。^[7-12]作为“出台湾说”的关键跳板,菲律宾人群的线粒体 DNA 类型与台湾少数民族高度共享,且 B4a1a、E1a1a 和 M7c3c 等核心支系的多样性从台湾向南至苏拉威西岛呈现明显的下降趋势。^[13-14]这种涵盖“波利尼西亚标记”在内的祖先型和衍生型的地理分布梯度,有力地支持了南岛语人群自台湾向南扩散经菲律宾到达大洋洲的路径。后续研究继续对中国东南沿海、中国台湾、东南亚和大洋洲人群进一步分析,构建了更详细的系统发育树,验证了上述谱系作为南岛语及相关人群标志性遗传标记的可靠性。

在这个研究过程中,可见完整的波利尼西亚标记“东亚大陆溯源”证据链。研究显示,B4a 及其上游支系 B4a1 均起源于东亚大陆^[15-16],此后在台湾分化出具有奠基者效应的 B4a1a 支系。值得注意的是,虽然 B4a1a 及其子支在台湾广泛分布,但其下游分支 B4a1a1a 的特征性编码区突变(np 14 022)却在台湾样本中完全缺失,反而首次出现于菲律宾人群中^[13]。这意味着该关键突变(np 14 022)可能在人群经由菲律宾南下时产生,并随之扩散至远大洋洲,其影响范围甚至远及非洲东海岸。^[17]这一母系遗传链条在分子水平上印证了南岛语人群自中国东南沿海经由中国台湾、菲律宾,最终向远大洋洲逐级扩张的早期海洋性扩散模型。

连接台湾和大陆的关键一环则来自对亮岛古人线粒体 DNA 的研究,它直接架起了台湾与大陆东南沿海之间的遗传桥梁,明确指示了台湾南岛语人群的大陆起源。葛明轩等^[18]学者分析了距今 8 000 年前亮岛(位于中国大陆和台湾之间)古人(亮岛人 1 号)的完整线粒体 DNA 基因组序列,还研究了 8 个台湾高山族和 4 个其他台湾族群的 550 个线粒体 DNA 基因组序列,结果显示亮岛人携带的单倍群 E 为现存南岛语人群中最古老的遗传支系。该序列不仅是广泛分布于台湾少数民族(阿美族和泰雅族)的 E1、E2 单倍群的上游类型,亦是东亚大陆常见母系单倍群 M9 的下游分支,与我国南方人群存在紧密的遗传亲缘性。该研究将南岛语相关人群与我国的遗传联系追溯

至8 000年前,确立了亮岛人在大陆东南沿海与我国台湾南岛语人群间的关键桥梁地位,为南岛语人群起源于我国东南并经台湾扩散提供了直接的分子证据。此外,距今7 600年的亮岛人2号的单倍群R9也进一步佐证了我国东南沿海与台湾南岛语人群的紧密遗传联系。R9广泛分布于现台湾少数民族邵族和华南大陆的傣、苗、瑶族中,与现代华南壮侗语人群和南岛语人群具有紧密关联。这一发现进一步证实了包括台湾少数民族在内的华南土著人群的遗传同源性及其大陆起源性。

古代母系线粒体DNA研究的进展进一步证实了南岛语相关人群在时间维度上的母系遗传连续性。现代南岛语人群的母系遗传多样性较高,主要涵盖B4a1a、B4b、B5a、E、F1a、F3b、M7c和N9等单倍群。^[19-20]研究发现,距今3 200—1 500年前的台湾汉本和公馆遗址的古人线粒体DNA类型主要为E1a、B4a1a、F3b1和F4b^[21],这些谱系高度吻合现代台湾少数民族及东南亚岛屿人群的遗传特征。与此同时,针对东南亚(涵盖马来西亚、泰国、菲律宾、越南、印度尼西亚、老挝等国)距今8 000—200年前古人的研究显示,无论是早期的和平文化(Hòabinhian)狩猎采集者,还是晚期新石器至铁器时代的农业人群,其母系单倍群(如F1、G2b1a、N9、B5和M7)均与现代台湾南岛语人群表现出显著的遗传亲缘性,共同指向了其东亚大陆人群的深度关联。^[22]

除了“出台湾说”所描述的东线扩张,研究者还从线粒体DNA视角探索了南岛语人群扩散的“西线”可能,即从中国华南经中南半岛(越南)向东南亚群岛的传播路径。^[23-25]尽管西线路径中展现出独特的遗传图谱(如M71频率极高,而典型的南岛支系B4、E和F4在越南几乎缺失)暗示其并非南岛人群大规模扩张的主通道,但越南作为东南亚大陆早期遗传谱系的“遗留中心”,在人群交汇、融合及语言—文化互动中具有不可忽视的意义。

综上所述,线粒体DNA研究通过对“波利尼西亚标记”的溯源,清晰勾勒出南岛先民自东亚大陆经台湾向大洋洲逐级扩张的母系演化轨迹,并借助亮岛人等关键古DNA证据,实证了南岛语人群在8 000年尺度上的大陆源头与跨时空遗传连续性。

二、父系Y染色体视野下的南岛语人群祖源重构:多源起源与早期分化

Y染色体DNA约有5 900万个碱基对,是线粒体DNA长度的4 000倍。^[26]Y染色体可分为重组区和非重组区,其中非重组区(MSY)约23Mb,有效用于单倍群分析的区域约10—15Mb,以单倍体的形式遵循父系遗传,为研究人群的父系祖先提供重要视角。又由于文化因素影响,Y染色体DNA与家族和姓氏关系更加紧密,所以在研究父系社会的人群迁徙演变时Y染色体DNA的突变可以更好地反映其实际情况,因此Y染色体DNA是重建人群父系遗传关系、确定重要进化和人口事件年代的信息工具。

早期Y染色体研究的重要进展之一是重新审视了波利尼西亚人的起源路径。尽管考古学、语言学及线粒体DNA研究普遍支持“出台湾说”,但早期亦存在强调本土演化的“美拉尼西亚假说”。早期Y染色体研究对上述两种学说均提出了挑战,指出东南亚岛屿(ISEA)在扩散中发挥了关键的中转作用。^[27]这种遗传学证据的不一致性,实质上揭示了南岛先民在迁徙过程中复杂的性别偏移扩散(sex-biased dispersal)以及潜在的遗传漂变与瓶颈效应。后续研究进一步证实波利尼西亚人展现出亚洲来源的母系与美拉尼西亚来源的父系这一双重祖源特征^[28],这种性别偏向的基因流反映了南岛先民在向大洋洲扩张的过程中与在地人群的在地化融合。早期Y染色体研究的另一重大进展则聚焦于核心标记O1a-M119^[29];该支系在中国台湾少数民族及中国东南沿海人群中呈现高频分布,它首次从遗传学角度建立了南岛语人群与古代百越先民的内在联系,且这种共享的奠基者父系谱系O1a-M119为“南岛-壮侗一体”提供了坚实的生物学支撑。

尽管“大陆起源说”已逐渐获得国际学术界的广泛认可,但南岛语族的早期演化细节仍有待深入挖掘,尤其是其祖先人群在中国东南沿海地区的形成与分化过程尚不清晰。近年来,Y染色体高分辨率精细分析为破解这一谜题提供了关键线索。通过对单倍群O2a2b2-N6谱系树的精细解析,研究发现,南岛特有的亚支系O2a2b2a2b-B451与华北沿海样本存在深层遗传联系。

数据显示,华北东部沿海是该支系的扩散中心,而在福建观察到的异常高频分布,暗示其代表了南岛语先民与古代华北人群间的遗传互动,这在分子水平上解释了台湾大坌坑文化中粟作农业要素的来源。^[30-31]此外,台湾铁器时代古人样本中 O2a2b2-N6 的检出,进一步佐证了该谱系的持续演化。^[21]基于南岛语族各创始支系相似的最近共同祖先 (TMRCA) 分化时间,研究推测携带 B451 谱系的人群在南下过程中,与长江三角洲地区的 O1a-M119 人群发生了深度遗传混合。该混合人群随后继续南迁,于距今 6 000—5 000 年间抵达福建沿海,并与来自长江中游、携带 O1b1a1a-M95 支系的另一支南方人群交汇。上述多重源流最终整合形成了以 O1a-M119、O2a2b2-N6 和 O1b1a1a-M95 为核心奠基者谱系的“原南岛人”基因池。^[31-32]这一遗传重构结论与考古学界关于原南岛语人群由长江流域稻作农业人群迁至东南沿海并产生海岸适应的推论高度契合。^[6,33]近期大规模 Y 染色体研究也进一步证实,新石器时代的中国南方农业人群曾多次、多路径向南扩张,不仅塑造了东南亚及南岛语人群的父亲遗传格局,也勾勒出早期祖源成分在东南沿海动态汇聚的时空框架。^[34]

除重构早期祖先人群的融合场景外,Y 染色体精细分析还揭示了南岛语人群与汉族人群之间的密切联系,也为“南岛-壮侗同源”提供了强有力的遗传学支撑。^[5-6]如前文所述,Y 染色体单倍群 O1a-M119 是南岛和壮侗共享的奠基者父系^[29],近期研究通过重建 O1a-M119 的高分辨率系统发育树^[31,35],在更精细的时间框架下厘清了演化细节:其下游分支 M110、F819 和 YP4610 被鉴定为南岛语人群的奠基者支系,而 M110、K644、Z23482 及 O1a-SK1568 的部分未定分支则构成了壮侗语人群的父亲基础。这一分析在古 DNA 研究中得到了互证:亮岛人与昙石山人的主要父系谱系分别为 O1a-F819 和 O1a-M110^[36],其中,距今约 4.3 千年的昙石山个体是目前已知 O1a-M110 谱系中最古老的样本。昙石山文化(距今 5 500—4 000 年)的存续期与 O1a-M110 的关键分化期高度吻合。在此期间,该支系经历了显著的快速扩张并发生分化,衍生出的亚支分别定向分布于南岛语人群(如 B392、F23312、F26627)与壮侗语人群(如 Y134666、F15400)中。

遗传证据提示,壮侗语人群与南岛语人群的共同祖先可能追溯至距今 6 000—4 500 年前生活在中国东南沿海(福建地区)的新石器时代人群。该人群的一支迁徙至中国台湾,演化为南岛语人群的共同祖先,另一支则逐渐向中国西南部扩散,形成了现代壮侗语人群的父亲主体。这一结论与语言学关于壮侗语族与南岛语系存在亲缘关系的观察高度呼应。^[37-40]此外,携带 O1a-M119 亚谱系的古代人群在距今 4 500—2 000 年间也深入参与了华夏先民及现代汉族人群的形成过程。例如,O1a-SK1568 下属的 SK1569 和 SK1573 亚支在汉族人群中广泛分布,尤其见于我国南部及西南地区。^[35]综上所述,从父系起源来看,南岛-壮侗语人群与汉族人群存在深层的遗传联系,这亦能解释为何在南方汉语方言(如闽语、客家话)中保留了显著的古南岛语底层成分。^[41]

综上所述,父系遗传证据清晰重构了原南岛语人群在中国东南沿海可能的形成场景,并证实了南岛语与壮侗语人群在距今 6 000—4 500 年前的同源分化,确立了东南沿海作为南岛语族父系起源地与扩散枢纽的独特地位。

三、古基因组学实证:重构南岛语人群的多源融合史与复合扩散图景

人类拥有 22 对常染色体,约有 300 亿个碱基,300 万个单核苷酸多态性位点(SNP),携带丰富的遗传信息,可为群体遗传研究提供更丰富且精细的信息。每一对常染色体都既携带母亲也携带父亲的遗传信息,且在减数分裂的过程中会发生重组,将来自父系和来自母系的遗传信息进行混合。所以,常染色体 DNA 可帮助还原人群交流、混合等复杂的遗传形成过程,是研究人群混合、亲缘关系的重要工具。随着古基因组技术的快速发展,研究者得以对古人遗骸中提取的 DNA 进行全基因组测序与群体遗传分析,直接获取不同时间节点的人群遗传结构信息,从而以可量化的方式为相关争论提供新的约束条件。

随着国际学术界对南岛语人群东亚大陆起源说的逐步认同,多学科交叉研究的深入推进使这一演化脉络愈发清晰,古人全基因组研究更是发挥了不可替代的作用。如海峡两岸 8 000—1 500 年前多处遗址(如福建奇和洞遗址、昙石山遗址、溪头村遗址和台湾亮岛遗址、琐港遗址、汉本遗

址、公馆遗址)古人全基因组的发表^[21,36],显示PCA和 f_3 、 f_4 等结果一致,表明新石器时代至铁器时代的东南沿海与台湾的古人,与现代南岛语人群及华南壮侗语人群存在密切的遗传联系。这直接证明南岛语人群的大陆东南沿海起源,并有力支持了“南岛-壮侗同源”假说。此外,人群混合模型(admixture graph)分析($|Z| \leq 2.95$)显示,南岛语人群基因库中包含约25%来自华北粟黍农业人群的遗传贡献。^[21]这一发现不仅与考古学观察到的华北粟黍农业文化南下并在华南形成广泛的稻粟混作区高度吻合^[42],亦呼应了前文Y染色体O2-N6支系所揭示的华北沿海人群的南迁趋势,共同反映了新石器时代东亚大陆南北人群的频繁互动。同时,模型还识别出约20%的基因流源自旧石器时代向新石器时代过渡期的东南亚海岸线采集-渔猎人群(土著成分)^[21],表明早期农业人群在扩张过程中与华南土著人群发生了较为广泛的人群混合。

然而,中国东南沿海人群与长江流域人群对原南岛语人群的具体遗传贡献仍有待厘清。近期,有学者对7例新石器时代中期长江中下游古人全基因组数据进行深度解析^[43],发现长江流域稻作农业人群与新石器时代至现今的中国东南沿海地区以及南岛语人群展现出显著遗传亲缘性。这一发现将原南岛语人群的起源拓宽至更北的长江流域。值得关注的是, f_4 分析显示,相较于新石器时代晚期及更早阶段的东南沿海人群,现代台湾南岛语人群与长江流域农业人群的遗传联系更为紧密。基于qpAdm模型的定量模拟进一步揭示了这种深层的遗传塑造:阿美族的遗传构成可模拟为长江流域农业人群相关成分(64.9%)、铁器时代台湾汉本人相关成分(27.5%)和亮岛人成分(7.6%)的混合($p=0.0449$),泰雅族的基因组则表现为长江流域相关成分(55.9%)与台湾汉本人相关成分(44.1%)的混合($p=0.0219$)。此外,台湾汉本人亦可建立三源混合模型(3-way model),即由长江流域相关成分(45.5%)、东南沿海新石器时代晚期相关成分(48.1%)及亮岛人相关成分(6.5%)共同组成($p=0.0129$)。上述模型结果一致表明,来自长江流域的基因流是塑造了现代及古代台湾南岛语人群的基因库的关键成分。

在南岛语人群的扩散研究中,古DNA技术的

引入十分关键——它直接介入了持续数年的“快车模式”与“慢船修正模型”之争。“快车模式”(express train model)由Bellwood与Diamond于20世纪80至90年代提出^[44-45],认为南岛语人群从中国东南沿海起源后,在农业扩张的驱动下,经中国台湾、菲律宾快速向远大洋洲扩散,途中几乎未与巴布亚人群混合;“慢船修正模型”则强调扩散过程中存在显著的停留与人群融合。两个假说的核心争议在于:南岛语人群与巴布亚成分的混合发生在扩散途中还是之后。现代人群遗传数据无法回答这一时序问题,而古人全基因组研究则通过直接对历史不同时间截面的遗传结构进行采样,提供了关键证据。早期拉皮塔古人(瓦努阿图和汤加古人)全基因组证据显示,其巴布亚成分极低(qpAdm模型显示其比例分别为0~11%和0~17%,且 $p>0.05$),且与台湾现代南岛语人群(如阿美族、泰雅族)及菲律宾南岛语人群(如Kankanaey)有最近遗传亲缘关系。^[46]来自关岛的2200年前的古人DNA同样显示与我国台湾和菲律宾南岛语人群紧密的遗传联系且未发现巴布亚成分。^[47]这证明了南岛语人群扩散的复杂路径,即经中国台湾、菲律宾快速扩散的主干南线,以及经马里亚纳群岛延伸的可能北线。然而,后续研究在远大洋洲的其他古代样本中陆续检测到来源各异的巴布亚祖先成分,并识别出至少五条迁入密克罗尼西亚的迁徙路线^[48-49],从而将纯粹的“快车模式”修正为兼顾初始快速扩散与后续人群融合的复合图景。

值得注意的是,最新帕劳古基因组(距今2900—500年)的发表为南岛语人群的海洋性扩散增加了新视角。^[50]研究显示:古代个体遗传结构(60%东亚、40%巴布亚成分)与现代个体高度相似,具有极长的遗传连续性;不同于拉皮塔人群“定居后混合”模式,帕劳先民在定居前(距今3880—3429年)已完成混合,且其东亚谱系更接近东印度尼西亚而非早期拉皮塔、马里亚纳群岛人群。这重塑了远大洋洲定居史认知,证实了经东印尼的多元迁徙路径及早期的人群深度融合。

综上所述,古基因组研究表明,南岛先民是由长江流域农业人群、华北粟黍及南方土著等成分共同构成的遗传复合体。其演化历程兼具初期向远大洋洲快速扩张与后期在各枢纽地带发生复杂人群融合,构成了从大陆源头到远大洋洲的复合

迁徙图景。

四、结束语

南岛语人群的起源与扩散是国际学术界重点关注的问题,语言学、考古学、民族学等多学科都曾从不同角度对该问题进行探索,提出过新几内亚说、马来说、台湾说和大陆说等。而分子生物学以其独有优势,突破了语言学与考古学在时间深度和人群识别上的局限,通过遗传关系的直接刻画,直接实证,为南岛语人群从我国华南起源并向海洋扩散这一历史图景的重构提供了独立而有力的科学支撑。

在这一跨学科对话的背景下,分子生物学研究通过多层次的遗传学证据,由点及面地化解了长期以来的起源争议。线粒体 DNA 研究率先从母系角度切入,通过古今遗传连续性的对比,将南岛语人群的母系祖先追溯至我国华南沿海地区,为“大陆起源说”提供了第一批直接遗传学证据。Y 染色体研究则从父系角度加以印证,不仅重现了南岛语人群的奠基者父系支系、支持“南岛-壮侗同源”,还通过精细分析揭示了华北沿海人群与长江流域人群在南岛语人群形成过程中的重要遗传贡献,丰富了对其起源人群构成的认识。在此基础上,全基因组尤其是古基因组分析,不仅实证了南岛语人群的华南大陆起源,更将其源头进一步上溯至长江流

域,并清晰呈现了此后经中国台湾、菲律宾群岛、马里亚纳群岛以及包含东印度尼西亚在内的多元扩张路径,重构了涉及南北双线与复杂混合网络并存的远大洋洲早期定居图景。

尽管南岛语人群的起源与迁徙研究已取得突破性进展,但仍有诸多关键科学问题亟待解决。首先是大陆祖先人群的精准定位。受华南地区多雨气候及酸性土壤影响,古人遗骸保存状况欠佳,导致长江中下游及闽粤沿海新石器遗址的古基因组数据依然稀缺。虽然现有证据可将祖源追溯至长江流域,但由于采样密度不够,长江中下游稻作农业人群与南岛语人群确切的谱系关系仍需进一步厘清。其次是台湾岛内遗传多样性高的成因争议,即高多样性究竟是源于岛内的长期演化,还是由大陆先民多波次迁入叠加而成。在扩散模型方面,南岛语人群在远大洋洲的扩散中,南线、北线的时间序列关系及是否存在反向基因流、不同第一远大洋洲谱系起源的时空细节究竟如何等问题尚无定论。此外,更为精细的人群互动模式仍不清楚,包括南岛语人群父系与母系谱系在扩张过程中的性别偏移差异、与各岛屿在地人群的混合时序以及岛际迁徙路径的详细重建。未来研究需整合更多的地理分布广泛、时间序列完整的高质量古基因组与现代全基因组数据,以进一步解析南岛语人群复杂的起源与扩散历史。

参考文献:

- [1] ANDERSON S, BANKIER A T, BARRELL B G, et al. Sequence and organization of the human mitochondrial genome[J]. *Nature*, 1981, 290(5806):457-465.
- [2] GILES R E, BLANC H, CANN H M, et al. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1980, 77(11):6715-6719.
- [3] WALLACE D C, BROWN M D, LOTT M T. Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease[J]. *Gene*, 1999, 238(1):211-230.
- [4] FORSTER P, HARDING R, TORRONI A, et al. Origin and evolution of Native American mtDNA variation; a reappraisal [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1996, 59(4):935-945.
- [5] BELLWOOD P. *Prehistory of the Indo-Malaysian Archipelago*[M]. Honolulu:University of Hawaii Press, 1997.
- [6] BELLWOOD P. *First farmers: The origins of agricultural societies*[M]. Oxford:Blackwell Publishing, 2005.
- [7] MELTON T, PETERSON R, REDD A J, et al. Polynesian genetic affinities with Southeast Asian populations as identified by mtDNA analysis[J]. *American Journal of Human Genetics*, 1995, 57(2):403-414.
- [8] SYKES B, LEIBOFF A, LOW-BEER J, et al. The origins of the Polynesians: an interpretation from mitochondrial lineage analysis[J]. *American Journal of Human Genetics*, 1995, 57(6):1463-1475.
- [9] REDD A J, TAKEZAKI N, SHERRY S T, et al. Evolutionary history of the COII/tRNALys intergenic 9 base pair deletion in human mitochondrial DNAs from the Pacific[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1995, 12(4):604-615.
- [10] MELTON T, CLIFFORD S, MARTINSON J, et al. Genetic evidence for the proto-austro-Asian homeland in Asia; mtDNA

- and nuclear DNA variation in taiwanese aboriginal tribes[J]. *American Journal of Human Genetics*, 1998, 63(6):1807-1823.:
- [11] LUM J K, RICKARDS O, CHING C, et al. Polynesian mitochondrial DNAs reveal three deep maternal lineage clusters [J]. *Human Biology*, 1994, 66(4):567-590.
- [12] HERTZBERG M, MICKLESON K N, SERJEANTSON S W, et al. An Asian-specific 9-bp deletion of mitochondrial DNA is frequently found in Polynesians[J]. *American Journal of Human Genetics*, 1989, 44(4):504-510.
- [13] TABBADA K A, TREJAUT J, LOO J H, et al. Philippine mitochondrial DNA diversity:a populated viaduct between Taiwan and Indonesia? [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2010, 27(1):21-31.
- [14] DELFIN F, MIN-SHAN KO A, LI M K, et al. Complete mtDNA genomes of Filipino ethnolinguistic groups:a melting pot of recent and ancient lineages in the Asia-Pacific region[J]. *European Journal of Human Genetics*, 2014, 22(2):228-237.
- [15] SOARES P, RITO T, TREJAUT J, et al. Ancient voyaging and Polynesian origins[J]. *The American Journal of Human Genetics*, 2011, 88(2):239-247.
- [16] YAO Y G, WATKINS W, ZHANG Y P. Evolutionary history of the mtDNA 9-bp deletion in Chinese populations and its relevance to the peopling of east and southeast Asia[J]. *Human Genetics*, 2000, 107(5):504-512.
- [17] BRUCATO N, FERNANDES V, KUSUMA P, et al. Evidence of Austronesian genetic lineages in East Africa and South Arabia:complex dispersal from Madagascar and Southeast Asia[J]. *Genome Biology and Evolution*, 2019, 11(3):748-758.
- [18] KO A M, CHEN C Y, FU Q M, et al. Early austronesians:into and out of Taiwan[J]. *American Journal of Human Genetics*, 2014, 94(3):426-436.
- [19] SOARES P A, TREJAUT J A, RITO T, et al. Resolving the ancestry of Austronesian-speaking populations[J]. *Human Genetics*, 2016, 135(3):309-326.
- [20] KAYSER M, CHOI Y, VAN OVEN M, et al. The impact of the Austronesian expansion:evidence from mtDNA and Y chromosome diversity in the Admiralty Islands of Melanesia[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(7):1362-1374.
- [21] WANG C C, YEH H Y, POPOV A N, et al. Genomic insights into the formation of human populations in East Asia[J]. *Nature*, 2021, 591(7850):413-419.
- [22] MCCOLL H, RACIMO F, VINNER L, et al. The prehistoric peopling of Southeast Asia[J]. *Science*, 2018, 361(6397):88-92.
- [23] THAO D H, DINH T H, MITSUNAGA S, et al. Investigating demic versus cultural diffusion and sex bias in the spread of Austronesian languages in Vietnam[J]. *PLoS One*, 2024, 19(6):e0304964.
- [24] PISCHEDDA S, BARRAL-ARCA R, GÓMEZ-CARBALLA A, et al. Phylogeographic and genome-wide investigations of Vietnam ethnic groups reveal signatures of complex historical demographic movements [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7:12630.
- [25] DUONG N T, MACHOLDT E, TON N D, et al. Complete human mtDNA genome sequences from Vietnam and the phylogeography of Mainland Southeast Asia[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8:11651.
- [26] JIN L, SU B. Natives or immigrants:modern human origin in east Asia[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2000, 1(2):126-133.
- [27] SU B, JIN L, UNDERHILL P, et al. Polynesian origins:insights from the Y chromosome[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2000, 97(15):8225-8228.
- [28] KAYSER M, BRAUER S, CORDAUX R, et al. Melanesian and Asian origins of Polynesians:mtDNA and Y chromosome gradients across the Pacific[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2006, 23(11):2234-2244.
- [29] LI H, WEN B, CHEN S J, et al. Paternal genetic affinity between western Austronesians and Daic populations[J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2008, 8(1):146.
- [30] WEI L H, YAN S, TEO Y Y, et al. Phylogeography of Y-chromosome haplogroup O3a2b2-N6 reveals patrilineal traces of Austronesian populations on the eastern coastal regions of Asia[J]. *PLoS One*, 2017, 12(4):e0175080.
- [31] YU H X, ZHANG X P, BAI Y, et al. The formation of proto-austronesians:insights from a revised phylogeography of the paternal founder lineage[J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2023, 298(6):1301-1308.

- [32] SUN J, WEI L H, WANG L X, et al. Paternal gene pool of Malays in Southeast Asia and its applications for the early expansion of Austronesians[J]. *American Journal of Human Biology*, 2021, 33(3):e23486.
- [33] ZHANG C, HUNG H C. The emergence of agriculture in southern China[J]. *Antiquity*, 2010, 84(323):11-25.
- [34] WANG M G, LIU Y H, LUO L T, et al. Multiple southward migrations of Neolithic Chinese farmers into Southeast Asia revealed from large-scale Y-chromosome sequences[J]. *Science Advances*, 2026, 12(8):eady1597.
- [35] SUN J, LI Y X, MA P C, et al. Shared paternal ancestry of Han, Tai-Kadai-speaking, and Austronesian-speaking populations as revealed by the high resolution phylogeny of O1a-M119 and distribution of its sub-lineages within China[J]. *American Journal of Physical Anthropology*, 2021, 174(4):686-700.
- [36] YANG M A, FAN X C, SUN B, et al. Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China[J]. *Science*, 2020, 369(6501):282-288.
- [37] BENEDICT P K. Thai, kadai, and Indonesian: a new alignment in southeastern Asia[J]. *American Anthropologist*, 1942, 44(4):576-601.
- [38] 邓晓华. 从语言推论壮侗语族与南岛语系的史前文化关系: 谨以此文悼念恩师严学窘教授[J]. *语言研究*, 1992, 12(1):110-122.
- [39] 邓晓华, 王士元. 壮侗语族语言的数理分类及其时间深度[J]. *中国语文*, 2007(6):536-548.
- [40] 邓晓华, 邓晓玲. 论壮侗语和南岛语的发生学关系[J]. *语言研究*, 2011, 31(4):34-41.
- [41] 邓晓华. 南方汉语中的古南岛语成分[J]. *民族语文*, 1994(3):36-40.
- [42] 邓振华. 粟黍的起源与早期南传[N]. *中国社会科学报*, 2019-06-14(5).
- [43] XIONG J X, XU Y, CHEN G K, et al. The genomic history of East Asian Middle Neolithic millet- and rice-agricultural populations[J]. *Cell Genomics*, 2025, 5(10):100976.
- [44] DIAMOND J M. Express train to Polynesia[J]. *Nature*, 1988, 336(6197):307-308.
- [45] BELLWOOD P. The Austronesian dispersal and the origin of languages[J]. *Scientific American*, 1991, 265(1):88-93.
- [46] SKOGLUND P, POSTH C, SIRAK K, et al. Genomic insights into the peopling of the southwest Pacific[J]. *Nature*, 2016, 538(7626):510-513.
- [47] PUGACH I, HÜBNER A, HUNG H C, et al. Ancient DNA from Guam and the peopling of the Pacific[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2021, 118(1):e2022112118.
- [48] LIPSON M, SPRIGGS M, VALENTIN F, et al. Three phases of ancient migration shaped the ancestry of human populations in Vanuatu[J]. *Current Biology*, 2020, 30(24):4846-4856.e6.
- [49] LIU Y C, HUNTER-ANDERSON R, CHERONET O, et al. Ancient DNA reveals five streams of migration into Micronesia and matrilocality in early Pacific seafarers[J]. *Science*, 2022, 377(6601):72-79.
- [50] LIU Y C, EAKIN J, LISTO N J, et al. Papuan admixture predated the settlement of Palau[J]. *Cell*, 2026:S0092-8674(26)00176-5.

(责任编辑:王圆圆)