

討論:

染色體數目:

全世界現生的有鱗目有 4765 種(Uetz 2005)，分別隸屬於十八科，可歸納為三個亞目分別為蜥蜴亞目、蛇亞目和蚓蜥亞目，又可分為鬣蜥下目(Iguania)、守宮下目(Gekkota)、石龍子下目(Scincomorpha)和蛇蜥下目(Anguimorpha)四個下目(Infraorder)其中有染色體資料者約占五分之一。(McDowell & Bogert 1954, Hoffstetter 1955, Romer 1956, Guibé 1970, Dowling & Duellman 1978, Estes 1983)，其中鬣蜥下目包含鬣蜥科(Iguanidae)、飛蜥科(Agamidae)與避役科(Chamaeleonidae) (Guibé 1970, Estes & Price 1973, Estes 1983)。比較此下目中核型資料發現，具有 $2N = 36$ ，12 條為中著絲點或亞中著絲點大染色體與 24 條小染色體， $NF = 48$ ，比例占最高，高達 23% (Ettore 1986)。就現有的飛蜥科核型資料，一般也是認為原始種類染色體數目為 $2N = 36$ (Gorman 1973, Paull et al. 1976, Moody & Hutterer 1978)，包含 12 條大染色體和 24 條小染色體，且沒有雌雄有別性的性染色體(Gorman 1973, Bull 1980)。但隨核型資料累積，有染色體 $2N > 36$ 者，例：*Agama sanguinolenta*、*Agama pallida*， $2N = 46$ 且皆為端著絲點染色體， $NF = 46$ ，Witten(1983)推測是因為原始核型發生多次雙臂染色體從中節處斷裂，造成染色體數目增加、雙臂染色體的減少和單臂染色體的增加。但關於飛蜥科中的攀蜥屬核型的

探討十分的缺乏，除台灣地區的五種攀蜥，就只有昆明龍蜥(*Japalura varcoae*) ($2N = 34$, $NF = 46$ ，具有六對雙臂的大染色體與十一對小染色體)一種資料與飛蜥科原始核型類似，都具有六對雙臂的大染色體，但小染色體卻比原始核型少了一對，因此不能確定飛蜥科中攀蜥屬的原始核型為何。

台灣地區飛蜥科攀蜥屬短肢攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 染色體數目 $2N = 36$ ，但僅具 10 條大染色體，有 26 條小染色體，因為無原始飛蜥科 G-顯帶核型資料，單就數目來看從原始核型演化到台灣地區 $2N = 36$ ，需經過一對雙臂染色體從中節處斷裂成兩條端著絲點染色體，且還需一對小染色體的缺失或與其他條染色體接合；但雖台灣產攀蜥有 $2N = 36$ 與飛蜥科原始核型相似，因台灣產攀蜥染色體數目還具有 $2N = 46$ 與 $2N = 40$ 種類，所以不能確定台灣地區攀蜥屬染色體的演化方向為 $2N = 36$ 經多次的斷裂成為 $2N = 46$ 或為 $2N = 46$ 經多次的接合 $2N = 36$ ，因此將配合生活的環境與外部形態上的特徵共同討論。

台灣產攀蜥核型:

台灣產飛蜥科蜥蜴的研究，先前 Ota(1989a, 1989b)和(Ota et al. 1998)曾將染色體的基本核型資料列為分類的依據之一，但只取得單一族群作為代表，並未建立其他不同族群的染色體資料。近年來有些學者(劉

1995, 向 1998)利用分生的方法探討台灣地區攀蜥的親緣關係，發現不同族群間之變異大，有別於先前學者(簡 1991)只利用形質分析的結果。由於台灣地區的攀蜥外形均很類似，不易區分，雖然分生法的結果發現同種間變異大，但無法得到確切分種的標準，而本研究利用染色體核型分析可輕易的找出隱藏種。由於不同種攀蜥的染色體會存在差異性存在，造成不同種間無法交配繁衍下一代，或是繁衍出的下一代因染色體形態上的差異，而無法在減數分裂時進行同源染色體的配對，無法產生具有生殖能力的配子；目前台灣地區攀蜥的染色體資料通常都只有雄蜥的資料，推測可能因為雄蜥具有領域性會有在樹上佔地盤的行為，使得採集較為容易，因此有較多樣本可供研究。蜥蜴的性別決定機制有三種類型:1. 溫度決定型，根據孵化的溫度決定性別；2. ZZ/ZW 型，雄蜥為 ZZ，雌蜥為 ZW；3. XY/XX 型，雄蜥為 XY 型，雌蜥為 XX 型等(Ezaz et al. 2005)。因此，若台灣地區的攀蜥屬蜥蜴性別決定機制為 ZZ/ZW 型，則在雄蜥的核型中無法發現性染色體，唯有雌蜥的核型才能看出形態有差異的一對性染色體；因此本研究進行時，適量的採集同種但不同族群的個體，且每種均有雌雄個體，以檢驗其性別決定機制的類型。

本研究共獲得了七種攀蜥的核型資料，其中證實短肢攀蜥、牧氏攀蜥與呂氏攀蜥的核型，並釐清黃口多稜攀蜥與斯氏攀蜥兩種的問題

核型，另外還發現的兩個未知種，攀蜥 sp. 1 與攀蜥 sp. 2 的核型。本研究獲得短肢攀蜥的染色體數目、染色體形態與 Ota (1989a) 結果類似，但 Ota 認為第 2 對為亞中著絲點(sm)染色體，而本研究的結果為中著絲點染色體($AR = 1.6; m$)，其臂比值($AR = 1.6$)相當接近亞中著絲點臂比值的臨界值($AR = 1.68 - 3.00$)可能與染色體收縮程度或測量誤差所造成。牧氏攀蜥的染色體數目與 Ota (1989b) 的結果相同，但在染色體的排列次序與類型不完全相同。Ota (1989b) 認為第 3, 4 和 6 對分別為端著絲點，亞中著絲點和亞端著絲點染色體，與本研究結果的亞中著絲點($AR = 1.68$)，亞端著絲點($AR = 4.23$)和亞中著絲點($AR = 1.68$)不同。Ota (1989b) 認為第 10 - 16 對為小型但雙臂染色體，使得 NF 值計算出來高達 70，在飛蜥科蜥蜴中並不常見有如此高的 NF 值。在本研究認為應是端著絲點染色體(t)，因這些染色體的相對長度都很小僅只有 1% - 2% 左右，短臂的有無易受染色體影像品質的影響，而造成判斷上的誤差。呂氏攀蜥的染色體數目、形態與 Ota et al. (1998) 發表結果類似，但 Ota 認為第 2 對染色體為偏中著絲點，與本研究結果的中著絲點($AR = 1.13$)不同。此外，Ota et al. (1998) 認為第 8 - 10 對為亞中著絲點染色體，但本研究認為應為端著絲點(t)，由於第 8 - 10 對染色體的相對長度都僅只有 2% 左右，對於著絲點的位置判斷不易，易造成判斷上的差異。

攀蜥 sp. 1 分布地點與斯氏攀蜥在南投的國姓、埔里重疊的現象，但攀蜥 sp. 1 分布範圍較窄，目前只在台中大肚、和平與南投埔里、霧社一帶有發現，而斯氏攀蜥則為全省中低海拔廣泛分布。兩者具有非常類似的核型，然而最顯著的不同是，攀蜥 sp. 1 的雌蜥具有一對性染色體(ZW 型)，而斯氏攀蜥則無。以 Wilcoxon sign rank test 檢驗斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 雄蜥核型的相對長度發現並無顯著差異存在($p > 0.05$)，但是兩者之 NORs 位置與 G-顯帶則有顯著的不同。攀蜥 sp. 1 的 NORs 位置出現於第 14 對染色體的長臂末端，而斯氏攀蜥的 NORs 則在第 18 對染色體的長臂末端；G-顯帶染色的結果，雖然第 1 對染色體都各出現三條 G-顯帶，但是第一條顯帶斯氏攀蜥出現在染色體長臂距中節 38% - 44% 臂長之間，而攀蜥 sp. 1 則位在染色體長臂 26% - 34% 臂長之間，因此第一條色帶攀蜥 sp. 1 比斯氏攀蜥靠近中節；第 3 對染色體也都各出現三條 G-顯帶，其第一條顯帶斯氏攀蜥在染色體長臂距中節 26% - 36% 臂長之間，而攀蜥 sp. 1 則在染色體長臂 31% - 39% 臂長之間，斯氏攀蜥第一條顯帶較寬且靠近中節；第 4 對染色體，斯氏攀蜥有二條 G-顯帶而攀蜥 sp. 1 則有三條；第 5、7、8 對都是具有兩條 G-顯帶；斯氏攀蜥第 9 與第 10 對染色體，僅具有一條 G-顯帶，但是攀蜥 sp. 1 上則都具有二條 G-顯帶。因此，根據染色體核型上的差異與性染色體的有無，本研究認為台中與南投一帶的攀蜥 sp. 1 為

一未被描述的新種，將在日後另外描述發表。

攀蜥 sp. 2，為本研究發現的另一新種攀蜥，其分布範圍在新竹尖石、苗栗南庄與台中和平一帶的中海拔山區，根據蜥蜴外形與分布地點攀蜥 sp. 2 曾被先前學者(向，1998)誤認為是短肢攀蜥。本研究發現雖然兩者的染色體數目均為 $2N = 36$ ，但攀蜥 sp. 2 僅具有 8 對大染色體與 Ota (1989a)的短肢攀蜥的 10 對不符。且兩者的 NORs 與 G-顯帶位置亦不同。短肢攀蜥的第 4 對染色體長短臂各具有二條 G-顯帶，而攀蜥 sp. 2 雖然在長臂上有二條色帶，但短臂上卻只有一條寬顯帶，另外短肢攀蜥的第 5 對染色體為中著絲點相對長度 10%，而攀蜥 sp. 2 相對長度只有 6%，雖有一極短的短臂，仍為端著絲點染色體，且相對長度只有 6%遠小於前者；二者的第 5 對染色體雖然各具有三條 G-顯帶，但各顯帶的位置差異極大，短肢攀蜥的長臂只有一條，位於距中節 57%臂長上，短臂上有兩條，分別在距中節 36%和 68%臂長上，而攀蜥 sp. 2 則是在長臂上有二條，位於距中節 33%和 58%臂長上，短臂上有一條，幾乎占滿整條短臂。此外，第 6 對染色體在短肢攀蜥，具一條 G-顯帶，而攀蜥 sp. 2 有二條 G-顯帶；第 7 對染色體二者各具一條 G-顯帶，但短肢攀蜥較靠近染色體長臂末端處，攀蜥 sp. 2 位於染色體長臂中間。雖然兩者外形相似，二者的核型與 G-顯帶有顯著的差異，本人認為攀蜥 sp. 2 也是一個未被描述的新種，將在日後另

外描述發表。

本研究還確立了黃口多稜攀蜥與斯氏攀蜥的核型。雖然斯氏攀蜥的核型很早就被報導 Nakamura (1935)報導，由於在 1991 年之前，台灣地區的黃口多稜攀蜥一直被誤植為斯氏攀蜥(Ota 1991)，且亦無存證標本可供檢視，因此無法確認是否為斯氏攀蜥的核型。此外，Ota (1991)發現台灣地區先前認定的斯氏攀蜥與琉球產的多稜攀蜥相近而重新命名為多稜攀蜥黃口亞種，但他在文獻中所引用的多稜攀蜥染色體核型資料為日本琉球產的多稜攀蜥(*Japalura polygonata polygonata*)(Makino & Momma 1949)而非台灣地區的黃口多稜攀蜥的染色體；因此本研究根據 Ota (1991)對於斯氏攀蜥與黃口多稜攀蜥的分類特徵，重新建立斯氏攀蜥與黃口多稜攀蜥核型資料。新建立之斯氏攀蜥與黃口多稜攀蜥核型皆為 $2N = 46$ 且均為端著絲點染色體都與先前報導疑似斯氏攀蜥核型的相同；但本研究的斯氏攀蜥與黃口多稜攀蜥染色體相對長度經 Wilcoxon rank sun test 雖無顯著差異($p > 0.05$)，但兩者之 NORs 位置與 G-顯帶均有顯著不同，由於 Nakamura (1935)未進行銀染色和 G-顯帶染色，其攀蜥種類仍無法確認。

C-顯帶染色:

C-顯帶染色主要染出染色體上的異染色質，異染色質的部分通常因為不含構造基因，其移動與改變並不會造成個體的死亡或傷害，

所以在染色體的演化過程中，常會伴隨著異染色質的重置 (rearrangement)(Ruiz et al. 1981)。因此藉由觀察異染色質的變化，可推測染色體可能的演化方向。染色體的 C-顯帶研究，被廣泛應用在爬蟲類、鳥類和哺乳類等脊椎動物的染色體研究上(江 2001，Veiga-Menoncello et al. 2003)。根據前人的研究爬蟲類的中節位置通常為異染色質所組成(Bertolotto et al. 1996, Veiga-Menoncello et al. 2003)，因此 C-顯帶染色常在中節位置染出較深的色帶。本研究在測試的玻片中，染色體中節處無法染出較深的 C-顯帶，推測可能因為染色體的形態不佳，影響了 C-顯帶染色；在實驗的過程中，本人也發現牧氏攀蜥的核型有多對大染色體的末端呈現極淺的 C-顯帶，而該處並未發現 G-顯帶，因此推測牧氏攀蜥的大染色體末端確實有 C-顯帶出現，但因呈色不明顯，因此不列入染色體演化的討論。

G-顯帶染色:

G-顯帶染色主要染出染色體上的常染色質區域，與 C-顯帶會有大致相反的現象。常染色質區域含有大量構造基因，因構造基因負責體內蛋白質的表現，與生物體的構造與調節有關，因此推想在染色的演化過程此區域不會有太大的變動發生，否則可能會造成生物體的異常，因此適合用來推測同源染色體的變化。

本研究發現 G-顯帶染色在斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 第 1 - 3 對染色體

上均有 3 條色帶，在這二種攀蜥各顯帶位置大致相同，推測這三對染色體上的 G-顯帶兩者為同源。第 4 - 10 對染色體的 G-顯帶數目與相對位置，斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 之差異較大，攀蜥 sp. 1 共具有十五條 G-顯帶而斯氏攀蜥則只有十二條 G-顯帶，推測此群染色體在演化的過程中曾經過的許多次的突變。兩者第 11 - 23 對染色體相對長度最小，大部分的染色體上 G-顯帶不明顯，斯氏攀蜥第 11 - 15 對染色體上各有一條色帶，攀蜥 sp. 1 則只有 11 - 14 對各有一條色帶。黃口多稜攀蜥的前三對染色體各具有 3 - 4 條 G-顯帶，其中的第 1 與第 2 對染色體較斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 分別在中節的位置各有一條 G-顯帶，但其餘三條 G-顯帶則三種攀蜥相似度高，推測也是同源的，可能是斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 位於中節位置的常染色質轉變成異染色質，使得靠近端著絲點色帶消失，或是黃口多稜攀蜥染色體有與其他對染色體發生互換，將原本具有的異染色質換成常染色質。至於第 3 對染色體雖然三種均具有三條 G-顯帶，但黃口多稜攀蜥的第三條色帶在較靠近端著絲點的位置，其他兩條色帶則與斯氏攀蜥、攀蜥 sp. 1 的第 3 對染色體上的第二條與第三條色帶相對位置相似(黃口多稜攀蜥: 44%、92%，斯氏攀蜥: 53%、72%，攀蜥 sp. 1: 54%、72%)，推測第 3 對染色體在靠近中節處片段曾有突變發生。一般而言，染色體的中節位置多為異染色質所組成，不會出現 G-顯帶，但在本研究中黃口多

稜攀蜥的第 1、2 與 3 對染色體的端著絲點卻有 G-顯帶色帶出現，推測應該與本種攀蜥染色體的伸展狀態不佳有關，由於染色體過度收縮，導致靠近中節附近的 G-顯帶被誤判斷為位於中節上。黃口多稜攀蜥的第 4 - 10 對染色體共具有十四條 G-顯帶，各染色體上分別有 1 - 3 條色帶，根據色帶位置與寬度發現三種攀蜥相異很大；而第 11 - 23 對染色體只有長度較大的第 11 - 17 對各出現一條色帶，比較第 11 對染色體上色帶位置，三者(黃口多稜攀蜥: 62%，斯氏攀蜥: 44%，攀蜥 sp. 1: 41%)中斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 相似，推測三者中斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 第 11 對染色體為同源；第 12 對染色體黃口多稜攀蜥與斯氏攀蜥 G-顯帶位置(黃口多稜攀蜥: 39%，斯氏攀蜥: 50%)都位於端著絲點附近，但多稜黃口攀蜥顯帶寬度是斯氏攀蜥的兩倍；第 13 對染色體黃口多稜攀蜥與斯氏攀蜥 G-顯帶位置(15% vs. 36%)雖然都位於端著絲點附近但差異略大；第 14、15 對染色體的 G-顯帶在黃口多稜攀蜥與斯氏攀蜥都僅有一條且都於染色體末端的地方。經過 G-顯帶之比較後，染色體數目 $2N = 46$ 這三種攀蜥，斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 的色帶在染色體上的分布較為相近且有較多同源染色體，兩者親緣關係較為接近。

台灣地區位於中海拔山區分布的四種攀蜥，短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2，其第 1 對與 2 對染色體均具有相同的 G-

顯帶數目，第 1 對染色體長臂上有三條，短臂上也有三條，長臂上 G-顯帶相對位置第一條 29% - 37%、第二條 50% - 58%、第三條 71% - 78%，短臂上第一條 26% - 38%、第二條 46% - 55%、第三條 66% - 74%，從 G-顯帶數目與在染色體上相對位置，推測這條染色體在四種攀蜥為同源；第 2 對染色體長臂上有三條，短臂上有二條，長臂上第一條 25% - 27%、第二條 44% - 46%、第三條 66% - 70%，短臂上第一條色帶位於 42% - 45%，第二條 64% - 69%，從染色體色帶數目與相對位置，推測這第 2 對染色體在四種攀蜥也是同源，因此具有這兩對同源染色體中海拔的四種攀蜥應較低海拔的三種攀蜥有較近的親緣關係；四種蜥蜴的第 3 對染色體，短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 第 3 對 G-顯帶較為相近，為長臂上二條、短臂上二條，長臂上第一條顯帶位於 41% - 42%、第二條位於 60% - 67%，短臂上第一條位於 40% - 43%，第二條位於 66% - 67%，染色體相對長度與 G-顯帶位置相似度高，推測這條染色體在短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 為同源，而呂氏攀蜥第 3 對染色體上有五條顯帶，長臂上有三條、短臂上有二條，長臂上的第二、三條位於 50%、71%與短肢和攀蜥 sp. 2 長臂上的色帶位置相似，但呂氏攀蜥長臂上還有一條在較靠近中節的位置，相對位置 25%，短臂上的兩條色帶分別位於 51%、77%與短肢和攀蜥 sp. 2 攀蜥短臂上色帶位置相似；第 4 對染色體上，顯帶數目與位置三者的差異性大，呂氏攀蜥長

臂上有二條，短臂上有三條，短肢攀蜥長臂與短臂上各有二條色帶，攀蜥 sp. 2 長臂上有二條，短臂上則只有一條，與其他兩種蜥蜴比較發現寬粗許多，若只比較三者第 4 對長臂上的色帶發現第一條相對位置 37% - 41%、第二條 63% - 68%，且染色體相對長度相近，推測三者的第 4 對染色體長臂具有同源性；第 5 對染色體雖然三者均具有三條色帶，但位置、寬度差異性大，加上染色體的相對長度差距大，此對染色體同源性小；短肢攀蜥的第 6 對染色體 G-顯帶與呂氏、攀蜥 sp. 2 的第 7 對染色體色帶相似，都只具一條色帶，其中短肢攀蜥(47%)與攀蜥 sp. 2 (43%)位置較靠近中節，呂氏攀蜥(60%)位置離中節較遠；呂氏攀蜥第 8 -10 對，短肢攀蜥第 7、8 對與攀蜥 sp. 2 第 8、9 對染色體都僅具一條色帶且此條色帶都位於十分靠近染色體末端的位置，相似度極高，但也可能是因為本研究的染色體伸展情狀不好，且此幾對染色體的相對長度又剛好較小，導致 G-顯帶效果不佳。中海拔分布攀蜥染色體數目 $2N = 36$ 這三種，短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 的色帶在染色體上的分布較為相近且有較多對同源染色體，推測兩者親緣關係較為接近。

分布於中海拔的牧氏攀蜥除第 1、2 對染色體相對長度、G-顯帶色帶相對位置與其他中海拔分布攀蜥相似外，第 3 - 9 對染色體色帶形式與相對長度均與其他攀蜥相差甚大，這一群染色體的長臂上普遍

都具有二條色帶，除第 9 對色體僅具一條，但這一條的相較其他對染色體上的色帶，寬度大(36%)，此群染色體的短臂都短於長臂 1/2 以上，僅有第 3、4、5 對染色體的短臂末端有一色帶，比較這三短臂的色帶形式、相對長度與其他種攀蜥小染色體，發現相似度大，因此推測牧氏攀蜥第二群染色體短臂可能與其他種攀蜥小染色體同源性高，但第 3-9 對染色體的短臂也有可能是由端著絲點染色體產生一包含中節的轉置而產生。

由於每種攀蜥在相對長度較大的染色體上均有明顯的 G-顯帶色帶，因此擬將 G-顯帶作為推測染色體演化之工具，詳述於本節後。

二次縊縮:

二次縊縮為染色體較脆弱的部分，常見染色體的臂上，並常伴隨著 NORs 的出現，但並非絕對。二次縊縮可能自然發生，也可因一些化學因子而誘發，如葉酸或胸腺嘧啶等，而染色體製作過程中一些低溫處理的步驟亦可能誘發二次縊縮的產生(Rudak & Gallan 1976, King 1980)，其功能不甚清楚(Jordan et al. 1990)，但其位置很容易發生染色體互換、斷裂、缺失等事件(Miller & Therman 2001)。目前沒有研究顯示秋水仙素會影響二次縊縮的產生，而前述的低溫處理可能會造成二次縊縮卻沒有 NORs 的情形(King 1980)。二次縊縮在染色體形態伸展良好的有絲分裂中期細胞中較清晰可見，但對於一些過度縮短

(condense)的染色體則不易發現(Bogart 1972, Schmid 1978)。本研究在所有已觀察的台灣產攀蜥屬蜥蜴的染色體臂上，並未發現明顯的二次縊縮。

核仁形成區(Nucleolar Organizer Region):

核仁形成區是染色體上可轉錄 18S、28S 及 5S 核糖體 RNA (r RNA) 的特殊區域，一般來說當該區域基因在細胞間期有活動時，在細胞分裂的中期會被銀粒子染出來(Schmid 1978)。由於在細胞分裂中期該區域的基因是不活化的，所以銀粒子染上的是一種位於核仁形成區(NORs)的特殊蛋白，而這種蛋白也會沈積在染色體中節的區域，所以時常可見到在染色體中節的區域有會有銀粒子出現，可能會造成銀粒子位置的誤判(Howell 1977)。NORs 常會固定出現某幾對特定的染色體上，為一標記染色體(marker chromosome) (Chen 2001)，如 Schmid (1982) 指出，每一種蛙類通常只有一對主要的 NORs，而且近緣種間的 NORs 也會出現在同一對染色體的同位置上，NORs 是同源(homology)的特徵，為親緣關係遠近的指標之一。

本研究以攀蜥屬染色體進行銀染色，結果顯示，台灣的攀蜥均只有一對 NORs，分別位於不同對染色體且相對長度 1% - 2%之間的染色體上。本研究中 2N = 46 的斯氏攀蜥、黃口多稜攀蜥與攀蜥 sp. 1 分別位於第 18、21 與 14 對染色體長臂的末端，推測三者在演化的歷程

中 NORs 位置曾發生多次的改變。2N = 40 的牧氏攀蜥 NORs 位於第 13 對染色體長臂的末端，與 2N = 46 三種攀蜥比較，因牧氏攀蜥第 1 和 2 對染色體長短臂相對長度與 2N = 46 核型中第 1、2、3 與 6 對染色體類似，推測染色體有接合或斷裂的現象發生，若將牧氏攀蜥的第 1 和 2 對染色體長短臂都各計為一對染色體，原本第 13 對排列位置將往後移至第 15 對染色體，而第 14 與 15 對染色體在排列位置上為顯著差異($p > 0.05$)與 NORs 位於第 14 對染色體的攀蜥 sp. 1 同源。2N = 36 的短肢攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2，NORs 位置分別位於第 18、13 與 17 對染色體長臂的末端，短肢攀蜥染色體排列第 17 與 18 對染色體無顯著差異($p > 0.05$)，呂氏攀蜥染色體排列第 13 - 17 對染色體無顯著差異($p > 0.05$)，三者 NORs 位置為同源，三者親緣關係相近；2N = 36 三種攀蜥具有多對雙臂染色體，若將雙臂染色體的長短臂都分別計數為一對染色體，再依相對長度重新排列，則短肢攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2，NORs 位置分別位於第 23、18 與 21 對染色體長臂的末端，將之與 2N = 46 的三種攀蜥相比，呂氏攀蜥與斯氏攀蜥都位於第 18 對染色體長臂末端，推測為同源；因呂氏攀蜥染色體排列第 18 - 22 對染色體無顯著差異($p > 0.05$)，所以呂氏攀蜥、攀蜥 sp. 2 與多稜黃口攀蜥三者 NORs 位置可視為位於同一對染色體上，由於 NORs 為核型重要的染色體標記(chromosome marker)三者攜帶 NORs 的染色體可視

為同源；而短肢攀蜥在先前以 $2N = 36$ 計數時，NORs 位置與呂氏攀蜥和攀蜥 sp. 2 同源，但長短臂分別以一計數時則有些許的差異(短肢攀蜥 NORs 位於第 23 對長臂末端，染色體排列第 22 與 23 對染色體無顯著差異($p > 0.05$)。)，推想短肢攀蜥在演化中 NORs 位置曾有改變，或是其他條染色體發生突變使有 NORs 位置的染色體排列位置上產生些許改變。

核型:

染色體核型的突變可能造成生物疾病的發生，甚至不孕的現象，因此生物為了適應特定的生活方式會降低突變的發生而保留相似的核型在族群中。由於染色體的特徵可能是同塑的(homoplasy)，探討物種親緣關係時，單用染色體資料是不足的(DeWeese 1976)。然而染色體並非完全不能提供任何訊息，因染色體中含有遺傳訊息，可藉由生殖行為代代相傳，因此在演化的各個支系(lineage)中，染色體會相傳下去(Bogart 1973)，因此同一支系核型相似度大；所以利用染色體核型來探討近緣種間的親緣關係時，核型愈相似，表示親緣關係愈相近(DeWeese 1976, Chen 2001)。台灣地區攀蜥為同一屬蜥蜴，向(1997)利用 12S rRNA 建構親緣關係樹發現牠們確實能位於同一演化支上，因此台灣的攀蜥為近緣種，因此本研究利用核型分析牠們間的親緣關係。分析親緣相近物種間的染色體特徵差異，會發現相近類群中染色

體存在著不同的型式(pattern)(Bogart 1973, Chen 2001, 陳 2005), 藉由典範核型(model karyotype)(Chen 2001, 陳 2005)的變化, 可推測近緣種間的親緣關係。

台灣產攀蜥屬蜥蜴有斯氏攀蜥、短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥、黃口多稜攀蜥、攀蜥 sp. 1 與攀蜥 sp. 2 七種。觀察這七種攀蜥染色體特徵的差異, 包含染色體的數目、染色體的相對長度、臂長比、NF 值、性染色體的有無以及 NORs 的位置等, 可將台灣的攀蜥分為二大群, 第一大群有斯氏攀蜥、黃口多稜攀蜥與攀蜥 sp. 1 三種, 都是分布於中低海拔山區 1500 公尺以下的種類, 染色體數目為 $2N = 46$, NF 值為 46 或 47, 除攀蜥 sp. 1 性染色體中 W 染色體, 其他都為端著絲點, 因此建立一 $2N = 46$ 典範核型(表五); 第二大群有牧氏攀蜥、短肢攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 四種, 均為分布中海拔(900 ~ 2200 公尺)的種類, 此群攀蜥具有多對大型的雙臂染色體, 且第 1 對與第 2 對染色體的相對長度和 G-顯帶相類, 染色體數目 $2N$ 介於 36 - 40 間, NF 值介於 44 - 56。

第一大群中, 依性染色體之有無, 分為兩小群。第一小群不具有性染色體, 包含斯氏攀蜥與黃口多稜攀蜥; 第二小群具有雌雄異型的性染色體, 僅包含攀蜥 sp. 1 一種。第一小群不具性染色體, NF 值為 46, 具有一對 NORs, 染色體的相對長度由大至小逐漸遞減, 無法清

楚定義出大染色體與小染色體。染色體相對長度第 1 - 3 對大於 8%，第 4 - 10 對介於 4% - 8%之間，第 11 - 23 對則小於 4%；將兩種攀蜥核型以 Wilcoxon sign rank test 檢測，無顯著差異($p > 0.05$)。第二小群具性染色體，NF = 46 與 47 兩種，具有一對 NORs，因雌蜥的性染色體具有一條中著絲點的 W 染色體、一條端著絲點的 Z 染色體，雄蜥二條 Z 染色體皆為端著絲點，雌蜥的 NF 值比雄蜥多 1，染色體的相對長度由大至小逐漸遞減，無法清楚定義出大染色體與小染色體。染色體相對長度第 1 - 3 對大於 8%，第 4 - 10 對介於 4% - 8%之間，第 11 - 22 對則小於 4%，第 23 對性染色體，Z 染色體的相對長度 3.7%，W 染色體為 10%。

第二大群可再分為二小群，第一小群包含短肢攀蜥、呂氏攀蜥和攀蜥 sp. 2 三種，建立 $2N = 36$ 典範核型(表六)，第二小群只有牧氏攀蜥一種，建立 $2N = 40$ 典範核型(表七)。第一小群中前五對染色體，除了攀蜥 sp. 2 的第 5 對染色體外均為雙臂染色體，屬於中或亞中著絲點染色體；染色體為 $2N = 36$ ，NF 值介於 44 - 46；具有一對 NORs；染色體的相對長度，第 1、2 對染色體長度大於 17%，第 3、4 對介於 12% - 14%，第 5 對介於 6% - 10%，第 6、7 對介於 2% - 5%，其餘第 8 到 18 對則介於 1% - 2%。其中第 5 對染色體的相對長度與 G-顯帶形式為這群染色體中相差較大，NORs 分別位於第 13、17 和 18 對染色

體長臂末端，經 Wilcoxon rank sum test 檢測，這幾對染色體排列無顯著差異($p > 0.05$)。第二群只有牧氏攀蜥一種，染色體數目為 $2N = 40$ ，具一對 NORs， $NF = 56$ ，染色體大致可以分為三組，第一組包含第 1 和 2 對染色體相對長度大於 17%、第二組包含第 3 - 9 對染色體相對長度介於 4.5% - 7% 間，第三組包含第 10 - 20 對染色體相對長度介於 1% - 2% 間，第一組與第二組染色體均為雙臂，除第 9 對為端著絲點染色體外，其餘各對為中著絲點、亞中著絲點或亞端著絲點染色體，NORs 位於第 13 對染色體上。

性別決定機制:

一般行有性生殖的動物大多具有一對雌雄有別的特殊染色體，稱之為“性染色體”，如哺乳動物的 XY 染色體，或是鳥類的 ZW 染色體。而爬蟲類的性別決定機制相較於其他動物是特別的，可分為“遺傳決定型”(GST: genotypic sex determination)與“發育溫度決定型”(TSD: temperature-dependent sex determination)(Ezaz et al. 2005)；遺傳決定型又可分為 XY 型、ZW 型或是多基因型性(e.g., $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ and $Z_1Z_1Z_2Z_2/Z_1Z_2W$)(Olmo 1986; Janzen & Paukstis 1991; Olmo & Signorino 2005)。有鱗目中已有染色體資料的蜥蜴大約只有 18% 有發現型態上不一樣的性染色體存在(Ezaz et al. 2005)。蜥蜴性染色體的起源可能來自於染色體的逢機重組: 中節的接合(centric fusions)、轉置、互換等(Olmo

1986)。在台灣產七種攀蜥的核型中，只有攀蜥 sp. 1 具有 ZW 型性染色體，雄蜥染色體數目為 $44 + ZZ$ ，雌蜥為 $44 + ZW$ ；其餘六種則未發現雌雄有別性染色體。Ezaz et al. (2005) 利用分生探針的方式與特殊染色，探討飛蜥科中 *Pogona vitticeps* 性染色體的決定機制。由於此種蜥蜴染色體，利用 Giemsa 染色，無法判別出有性染色體，但當利用 GTG-，C- and replication 顯帶染色，發現雄蜥與雌蜥在小染色體上呈現不一樣的色帶，其性別決定機制為 ZZ/ZW。本研究，除了攀蜥 sp. 1 有明顯的性染色體外，其餘種類在 Giemsa，G-顯帶染色和銀染色方面雌雄均沒有差異，但因無進一步利用分生探針去研究，所以無法明確判定台灣產攀蜥屬其他種類性別決定機制類型。

台灣產飛蜥科攀蜥屬染色體的演化

本研究以核型來探討台灣產攀蜥屬親緣關係，將台灣產攀蜥屬蜥蜴染色體相對長度(表二)，以 Euclidean Distance 軟體轉化為相異度矩陣(dissimilarity matrix)，如表四，並繪成樹型圖(Dendrogram)，如圖十一，可得各種攀蜥核型間相似度的關係。發現台灣攀蜥屬可先被分為兩個大群，斯氏攀蜥、黃口多稜攀蜥和攀蜥 sp. 1 為一群，其中斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 又在被分到這一群的同一小群中，有較相近的核型；而牧氏攀蜥、短肢攀蜥、呂氏攀蜥和攀蜥 sp. 2 為一群，其中牧氏攀蜥自為一群其他三者為一群，且呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 有較相近的核

型。Savage (1987)合併形態特徵，電泳分析以及核型資料，如染色體數目、型態等，建構物種親緣關係。當利用核型資料建構親緣關係相近的物種時，可利用標記染色體(marker chromosome)(Chen 2001, 陳 2005),如:性染色體、NORs 的對數與位置、染色體上染色顯帶(bandings)的位置。本研究利用實驗所得資料，包含染色體數目、型態、相對長度、NF 值、性染色體之有無、NORs 位置與 G-顯帶色帶位置等，建構台灣地區的攀蜥屬蜥蜴的親緣關係。

攀蜥屬蜥蜴核型除台灣地區外，僅昆明龍蜥(*J. varcoae*) 一種已有資料但並未進行特殊染色，無法建立標記染色體與台灣地區攀蜥共同探討同源染色體的變化，因此推測同源染色體演化將以台灣地區的攀蜥屬蜥蜴為主。若以染色體數目和形態上來看，昆明龍蜥 $2N = 34$ ，具六條雙臂大染色體與十一對小染色體，NF 值為 46，染色體數目與形態均與台灣地區的攀蜥不同，但 NF 值與台灣產的斯氏攀蜥、多稜黃口攀蜥、短肢攀蜥與呂氏攀蜥一樣，且昆明龍蜥頭骨構造具有一些較原始的特徵如:額骨較短、額骨中段較寬、頂骨顛緣明顯向上隆起和頷齒分化不甚明顯等(江與胡 1986)。因此，推測 NF 值為 46 應為攀蜥屬中較原始的核型特徵。

根據 NF 值為 46 為原始的核型特徵，建構台灣地區攀蜥屬蜥蜴染色體的演化，七種攀蜥染色體在演化歷程中可能經由雙臂染色體的斷

裂使數目增加，或是經由染色體的接合使數目減少，因此本研究提出兩個假說：

融合假說(Fusion hypothesis):

台灣地區攀蜥染色體是經由接合，使得染色體數目從 $2N = 46$ 、NF 值 46，經四對染色體的接合減少(表八)為 $2N = 42$ 、NF 值 46，再經六對染色體接合減少(表九)為 $2N = 36$ 、NF 值 46。

斷裂假說(Fission hypothesis):

台灣地區攀蜥染色體是經由斷裂，使得染色體數目從 $2N = 36$ 、NF 值 46，經由染色體從中節的斷裂增加(表十)為 $2N = 42$ 、NF 值 46 與 $2N = 46$ 、NF 值 46(表十一)。

關於融合假說染色體可能的演化歷程為，從 $2N = 46$ 、NF = 46 均為端著絲點染色體，經四對染色體接合成 $2N = 42$ 、NF = 46，具有兩對雙臂染色體與十九對端著絲點染色體，形成此過渡核型後，染色體演化朝兩方向進行，一方向朝 $2N = 40$ 、NF = 56，另一朝 $2N = 36$ 、NF = 46。

$2N$ 小於 46 的短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2，其第 1、2 對染色體相對長度、臂比值與 G-顯帶均相似，這兩對染色體應為此四種攀蜥之同源染色體，因此這四種攀蜥親緣關係較接近。斯氏攀蜥、黃口多稜攀蜥和攀蜥 sp.1 染色體 $2N = 46$ 、NF 值 46、均為端著

絲點染色體且相對長度相似，因此這三種攀蜥親緣關係相近，此類群染色體經融合後，產生第 1、2 對具雙臂染色體與其他分布中海拔蜥蜴類似的過渡核型 $2N = 42$ ，形成此核型是原始核型中的第 1 對 (11.11%) 與第 3 對 (8.66%) 染色體接合形成具有雙臂的第 1 對染色體 (18.49%)，原始核形中的第 2 對 (9.78%) 與第 6 對 (6.45%) 染色體接合形成具有雙臂的第 2 對 (15.65%) 染色體；接著比較分布於中海拔四種攀蜥核型相似度，將四種攀蜥再分為兩群：1. $2N = 40$ ：牧氏攀蜥；2. $2N = 36$ ：短肢攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2。 $2N = 36$ 這一群中除第 1、2 對染色體同源，第 3 對染色體長度、G-顯帶位置相似，雖短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 長臂上第一條色帶消失，但其他特徵皆相似，可能長臂第 1 條色帶中的常染色質經由突變使功能喪失，因此推測第 3 對染色體也來自同源，呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 第 7 對、短肢攀蜥第 6 對長度相似且都有一 G-顯帶在染色體臂中間位置，另外在兩對小染色體之末端皆有一 G-顯帶，這一群攀蜥中有七對同源性高的染色體，推想親緣關係較為相近。這一群中，短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 除前三對大染色體與二對小染色體同源外，短肢攀蜥的第 4 對從中節斷裂所形成兩對端著絲點染色體與攀蜥 sp. 2 第 5、6 對染色體相似，短肢攀蜥的第 4 對與攀蜥 sp. 2 第 5 和 6 對染色體同源，短肢攀蜥的第 5 對與攀蜥 sp. 2 的第 4 對染色體長短臂轉換，可能與染色體在異染色質部分有缺失或

複製，導致臂比值改變，但兩條染色體 G-顯帶相似，因此推測兩者同源；兩者 NORs 位置，短肢攀蜥在第 18 對，攀蜥 sp. 2 在第 17 對上，但短肢攀蜥第 17 對與第 18 對染色體在排列次序上沒有顯著差異($p > 0.05$)，所以短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 十八對染色體中有九對染色體具有同源性，兩者應該為 $2N = 36$ 攀蜥中親緣最相近種。

$2N = 42$ 、 $NF = 46$ 過渡核型轉變為牧氏攀蜥 $2N = 40$ 、 $NF = 56$ ，染色體數目減少但是 NF 卻增加了 10，表示多了 10 條臂，根據進化最簡約(maximum parsimony)原則， $2N = 42$ 過渡核型中第 4、5、6 與 9 對染色體在靠近端著絲點處產生包含中節的轉置(inversion)，形成牧氏攀蜥的第 6、7、8 與 9 對亞中或亞端著絲點的染色體，NF 值增加 8，過渡核型中第 7 與 12 對、8 與 13 對染色體產生端著絲點的相互接合，形成牧氏攀蜥中第 4 與第 5 對短臂末端有 G-顯帶的亞端與亞中著絲點染色體，過渡核型中第 10 對染色體若再經一次斷裂形成兩個小型染色體，NF 值再增加 2。

黃口多稜攀蜥與 $2N = 46$ 原始核型，染色體數目($2N$)、NF 值與型態一樣，僅 G-顯帶位置有些差別，從原始核型變為黃口多稜攀蜥僅有第 1 到 3 對與第 10 對有色帶的數目、位置改變，黃口多稜攀蜥保留大部分原始的核型特徵，而原始核型與 $2N = 42$ 過渡核型相似度大，因此黃口多稜攀蜥與分布於中海拔攀蜥親緣為近。比較斯氏攀蜥

與 $2N = 46$ 原始核型的 G-顯帶，則有第 4、7、8、9 和 10 對染色體發生改變；比較攀蜥 sp. 1 與 $2N = 46$ 原始核型的 G-顯帶，則有第 8、9、11、12、13、14、15 和 23 對染色體發生改變，因此斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 與中海拔攀蜥群親緣較遠。

斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1，兩者之第 1 - 3 與 6 對染色體形狀、相對長度和 G-顯帶均相似，顯然這四對染色體在二者為同源；斯氏攀蜥的第 8 對與攀蜥 sp. 1 第 9 對染色體之相對長度與 G-顯帶二者相似，應為同源染色體；除外，攀蜥 sp. 1 第 13、14 對與斯氏攀蜥第 12、13 對染色體之相對長度(2%)、末端均有一 G-顯帶，推測亦為同源染色體；因兩者具有多對同源性染色體，所以斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 為 $2N = 46$ 此類群中親緣較近種類。攀蜥 sp. 1 為台灣地區唯一具有型態上不成對的性染色體(ZZ/ZW)，飛蜥科蜥蜴大部份均不具型態上有差異的性染色體，因此無性染色體的斯氏攀蜥應為兩種中較原始種；比較攀蜥 sp. 1 性染色體中的 Z 染色體，發現 Z 染色體的相對長度與 G-顯帶位置與斯氏攀蜥中第 11 對染色體相似，因此推定攀蜥 sp. 1 性染色體中的 Z 染色體與斯氏攀蜥第 11 對染色體同源。關於 W 染色體的由來推測有兩種可能:其一為第 11 對染色體之其中一條經由複製後形成四條相同的染色體，然後兩兩末端相接合後，形成的兩條染色體再產生一次接合，可能還發生了一些異染色質的缺失，使得色帶的位置有

些許的改變，分別落在兩臂的末端與前端，而形成 W 染色體(圖十二)。另一可能為第 11 對染色體之其中一條的延長(addition)，再產生一次包含部分色帶到末端的轉置，形成的染色體經過一次的複製，產生在端點附近的缺失後，兩條染色體產生接合形成 W 染色體(圖十三)。這兩種可能性有待日後設計 DNA 探針方式去偵測某段 DNA 片段在 W 染色體上的分布狀況來証實。

關於斷裂假說，染色體在台灣產攀蜥中的演化歷程為，染色體由 $2N = 36$ 、 $NF = 46$ ，具有五對雙臂染色體與十三對端著絲點染色體，接著染色體朝由兩個方向進行演化，一為五對雙臂染色體均從著絲點處產生斷裂使 $2N = 46$ 、 $NF = 46$ ；二為經由三對染色體從著絲點的斷裂產生一過渡核型 $2N = 42$ 、 $NF = 46$ 具有二對雙臂染色體與十九對端著絲點染色體，之後在經由轉置與接合等途徑變為 $2N = 40$ 、 $NF = 56$ 之牧氏攀蜥核型。染色體由 $2N = 36$ 、 $NF = 46$ 轉變成 $2N = 46$ 、 $NF = 46$ 時，第 1 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 46$ 的第 1 與 3 對染色體，第 2 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 46$ 的第 2 與 6 對染色體，第 3 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 46$ 的第 4 與 5 對染色體，第 5 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 46$ 的第 9 與 10 對染色體，此核型與台灣產 $2N = 46$ 的斯氏攀蜥、攀蜥 sp. 1 和黃口多稜攀蜥，染色體相對長度相似，而 G-顯帶 $2N = 46$ 過渡核型中第 5、6、7、8、11、13

與 14 對和黃口多稜攀蜥的第 5、6、7、8、10、14 與 15 對染色體 G-顯帶相似，推測此七對為同源，也可因染色體上差異得知黃口多稜攀蜥是從 $2N = 46$ 過度核型又經過的多次染色體的變化而形成；G-顯帶 $2N = 46$ 過度核型與斯氏攀蜥中僅第 6、7、8、9 與 10 對發生改變，NORs 位置從第 22 對變為第 18 對，具十七對同源染色體； $2N = 46$ 過度核型和攀蜥 sp. 1 的第 4、9、11 與 23 對發生改變，NORs 位置從第 22 對變為第 14 對，具十八對同源染色體。比較同源染色體的多寡，斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 與從分布中海拔攀蜥推導而來的過度核型較為相似，因此斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 與分布於中海拔的攀蜥親源較近。

染色體由 $2N = 36$ 、 $NF = 46$ 轉變成 $2N = 42$ 、 $NF = 46$ 時，第 3 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 42$ 的第 3 與 4 對染色體，第 4 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 42$ 的第 5 與 6 對染色體，第 5 對染色體從中節產生斷裂形成 $2N = 42$ 的第 7 與 8 對染色體。之後 $2N = 42$ 過度核型經由多次的轉置與染色體接合產生牧氏攀蜥核型，其中 $2N = 42$ 過度核型中第 3、4、5 與 9 對染色體在靠近端著絲點產生一包含著絲點的轉置，形成牧氏攀蜥中的第 6、7、8 與 9 對染色體， NF 值也因而增加 8，之後第 7 與 10 對、第 8 與 11 對、第 6 與 12 對染色體接合形成牧氏攀蜥的第 4、3、5 對染色體，如此變化後 $2N = 38$ ，檢識 G-顯帶分布，發現第 7 與 10 對接合而成的第四對染色體，短臂應該

還發生了一次斷裂的事件，形成 $2N = 40$ 、NF 值 56 牧氏攀蜥核型。

$2N = 36$ 三種蜥蜴間的親緣關係如融合假說推論，短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 具有較多對的同源染色體，推測兩者具有較相近的親緣關係。

將推導出來的兩個假說與台灣產攀蜥的棲息環境和形態特徵相比較，台灣地區的攀蜥根據其地理的分布位置，可將之分成屬於中低海拔與中海拔，中低海拔的黃口多稜攀蜥在琉球群島有同種不同亞種的多稜攀蜥存在；向(2001)描述台灣地區黃口多稜攀蜥在棲息環境的選擇上較共域的斯氏攀蜥傾向於選擇植被遮蔽度高之樹林，本研究過程中亦發現黃口多稜攀蜥只分布於台灣北部，若同一地點兩者共域分布，則黃口多稜攀蜥分布於海拔較高的地點，例如：新竹的五指山、宜蘭的三星、大同與台北的烏來等地區。根據上述，本人認為黃口多稜攀蜥對低溫的耐受性較斯氏攀蜥為高。因此中低海拔分布的攀蜥中黃口多稜攀蜥對溫度的選擇與中海拔攀蜥差異性較小。

台灣地區的黃口多稜攀蜥在 Ota(1991)之前常被學者誤認為是斯氏攀蜥斯氏亞種(*Japalura swinhonis swinhonis*)(Van Denburgh 1912, Okada 1932, Okada 1937, Wang & Wang 1956, Wang 1962, Liu 1970)，Ota(1988)發表台灣地區斯氏攀蜥斯氏亞種類群具有染色體多型性，不同族群的蜥蜴染色體數目($2N$)為 46、40 和 36，經過詳細比較其外部形態特徵，因而重新確認短肢攀蜥(Ota 1988a)與隱藏種牧氏攀蜥(Ota

1988b)兩個位於中海拔的種類。外部型態上比較也可發現，黃口多稜攀蜥、短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 在其上唇鱗的上方會有一列面積顯著較大的鱗片，而斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 則無(陳和于 1986)；黃口多稜攀蜥、短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥與攀蜥 sp. 2 在背脊兩側有大型的背鱗排列成一、二列，而斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1 則無此特徵(Liang & Wang 1978)。

根據棲息環境與外型特徵，台灣地區的攀蜥可分為斯氏攀蜥群(*Japalura swinhonis* group)和多稜攀蜥群(*Japalura polygonata* group)兩群。斯氏攀蜥群包括斯氏攀蜥與攀蜥 sp. 1；多稜攀蜥群包括黃口多稜攀蜥、短肢攀蜥、牧氏攀蜥、呂氏攀蜥和攀蜥 sp. 2。核型建立的融合假說，黃口多稜攀蜥與分布中海拔有較近的親緣關係，因此台灣產攀蜥的棲息環境和形態特徵支持融合假說。

Schmid(1982)指出近緣種間的 NORs 通常會出現同一對染色體的另一位置上，融合假說中演色體雖歷經多次的接合但 NORs 位置大致上不變，且多稜攀蜥群 NORs 位置除牧氏攀蜥外位置無顯著差異($p > 0.05$)。且融合假說建構出的親緣關係樹型圖(十四)與向(1997)利用 12S rRNA 建構的親緣關係樹相似，因此台灣產攀蜥染色體演化推論中融合假說較為正確。

關於台灣地區的攀蜥的親緣關係，短肢攀蜥與攀蜥 sp. 2 親緣最

近，再來跟牠們較接近的是呂氏攀蜥，之後為牧氏攀蜥與牠們親緣較接近，這類群中最原始的為黃口多稜攀蜥。另一支斯氏攀蜥較為原始，具有雌雄異型性的染色體為較進化的類群。

劉(1995)以粒線體核酸 RFLP 分析斯氏攀蜥生物地理與親緣關係，發現台灣島內斯氏攀蜥的變異度高，且向(1997)也提台灣地區的斯氏攀蜥不同族群間核酸變異度(8%)與多稜攀蜥不同亞種間的變異相似(8%)，因此他推想有再分種或亞種的可能。由於以前並無同種不同族群的攀蜥染色體資料，雖然其他學者利用分生方法得出各族群間變異大時，無法判定是否有隱藏種存在。本研究利用染色體做同種不同族群間研究，發現斯氏攀蜥確實存在有隱藏種，攀蜥 sp. 1，分布範圍為台灣中部地區國姓、埔里、仁愛、和平與大肚一帶，其他台灣各地包含離島的蘭嶼、綠島都沒有這種蜥蜴存在，牠在國姓、埔里一帶與斯氏攀蜥有共域分布，比較兩者的 G-顯帶位置相似性大，推想可能新種的產生時間距離現在近，因此外部形態未發現有明顯的差異。向(1997)研究發現中海拔攀蜥各族群間變異高，在他的研究中短肢攀蜥可分為中北部群-雪山山脈沿線與中南部群-中央山脈沿線，本研究發現雪山山脈沿線-台中大雪山、苗栗加里山、新竹尖石鄉，所採集到的攀蜥並非短肢攀蜥，為一未紀錄的新種，攀蜥 sp. 2。中央山脈沿線-南投清境、宜蘭思源啞口一帶攀蜥，染色體資料與短肢攀蜥相同，

因此本研究證實短肢攀蜥已經因為地理上的隔離而有種化的情況發生。因牧氏攀蜥本研究只採集到“溪頭族群”因而無法了解是否有隱藏種存在。

中國大陸學者江與胡(1986)比較六種攀蜥屬蜥蜴，包括大陸產的長肢龍蜥(*J. andersoniana*)、草綠龍蜥(*J. flaviceps*)、麗紋龍蜥(*J. splendida*)、昆明龍蜥、雲南龍蜥(*J. yunnanensis*)與台灣產的斯文豪氏攀蜥之頭骨構造，發現產於雲貴高原一帶的昆明龍蜥及雲南龍蜥保留一些較原始的特徵，如：額骨較短、額骨中段較寬、頂骨顛緣明顯向上隆起、頷齒分化不甚明顯等，而台灣產的斯氏攀蜥亦保留有部分的原始特徵，如：頂骨顛緣明顯向上隆起。向(1997)利用粒線體 12s rRNA 分析台灣地區攀蜥屬蜥蜴時，以具有本屬較原始特徵的昆明龍蜥(江與胡 1986)與飛蜥科樹蜥屬(*Calotes*)蜥蜴為外群做出親緣關係樹圖，發現台灣地區攀蜥中的斯氏攀蜥確實為最古老的一群。本研究所得染色體在演化時的改變 $2N = 46$ 為最原始的群結果一致，之後漸漸減少為 $2N = 36$ 。向高氏利用粒線體 12S rRNA 做出來的親緣關係樹，黃口多稜攀蜥、呂氏攀蜥、牧氏攀蜥與短肢攀蜥為一群，斯氏攀蜥為台灣地區中跟外群較為接近的古老類群，與本研究所得的結果大致相同。