

前言

攀蜥屬(*Japalura*)隸屬於爬蟲綱(Reptilia)、有鱗目(Squamata)、飛蜥科(Agamidae)。主要分布於東亞島弧的台灣、琉球群島，以及越南、尼泊爾、中國大陸西部和南部(不包括沿海省份)、印度北方(Ota 1991b, Welch 1994)。台灣以及琉球群島為攀蜥屬分布的最東端，但此區的攀蜥外形差異大，同種間因分布的區域不同，存在著地理上的差異，以及雌雄二型性，因此其分類一直有相當大的爭議。

台灣攀蜥屬蜥蜴之紀錄，最早是由 Günther (1864)發表的斯文豪氏攀蜥(*Japalura swinhonis* Günther, 1864)。之後 Stejneger (1898)於蘭嶼發現另一新種，命名為箕作氏攀蜥(*Japalura mitsukurii* Stejneger, 1898)。但是 VanDenbugh(1912)認為兩者外型上極為相似於是將兩種合併，成為斯氏攀蜥的兩個亞種 *J. swinhonis swinhonis* (Günther 1864)和 *J. swinhonis mitsukurii* (VanDenbugh 1912)。之後，學者沿用此說法長達 70 多年之久。(雖然陳兼善(1969)在台灣脊椎動物誌第一次增訂本時，曾附和 Stejneger (1898)的意見將之分為兩種，但作者未說明理由。)Gressitt (1932)在霧社捕獲 5 隻後肢較短的攀蜥，命名為短肢攀蜥(*Japalura brevipes* Gressitt, 1932)，但由於 Okada(1937)認為牠們是斯氏攀蜥的雌性個體，短肢攀蜥遂未受後人的注意。Liang & Wang (1976)測量脊鱗高度、寬度及背脊鱗片排列分式，認為埔里附近山區的標本為一新亞

種，命名為台灣攀蜥(*Japalura swinhonis formosensis* Liang and Wang, 1976)，使台灣島的斯氏攀蜥增加為三亞種，其地理分布為：斯氏攀蜥亞種(*J. s. swinhonis*)，分布於台灣北部及中部高山；箕作氏亞種(*J. s. mitsukurii*)，分布於蘭嶼、綠島、台灣東部及西南部；台灣亞種(*J. s. formosensis*)，分布於台灣中部、西部至台南一帶。

Lou and Lin (1983)利用生化電泳分析和外部形質測量，對台灣地區斯氏攀蜥三亞種進行分類探討，雖然三亞種間蛋白質電泳距離均未達分種標準，但其結果支持將斯氏攀蜥分為三亞種(Lou and Lin 1983)。但陳與于(1986)在台灣脊椎動物誌第二次增訂版中，將斯氏攀蜥箕作氏亞種(*J. s. mitsukurii*)和斯氏攀蜥台灣亞種(*J. s. formosensis*)的分類地位分別改隸於箕作氏攀蜥(*J. mitsukurii*)的兩亞種，成為箕作氏攀蜥南台亞種(*J. m. mitsukurii*)與箕作氏攀蜥台灣亞種(*J. m. formosensis*)，但未提及原因。

Ota (1989b)經由染色體核型和外部形態比較，重新認定 Gressitt (1937)在南投山區所發現的短肢攀蜥(*Japalura brevipes*)為有效種。同年，Ota 在溪頭採集到一種新的攀蜥，根據染色體核型和其外部形態，確認其為一新種，命名為牧氏攀蜥(*Japalura makii* Ota, 1989a)。

林和鄭(1990)在台灣蜥蜴誌中，將台灣產攀蜥屬分為四種：1. 箕作氏攀蜥(*J. mitsukurii*)，其下分為兩亞種：南台亞種及台灣亞種；2. 斯氏

攀蜥(*J. swinhonis*)；3.短肢攀蜥(*J. brevipes*)；4.牧氏攀蜥(*J. makii*)。簡(1991)以外部形態探討台灣攀蜥屬之分類，同意林和鄭(1990)之分類。近年 Ota (1988, 1991a)檢視在台灣各地區及琉球群島所採集的攀蜥屬標本，發現各種間外形差異小；且斯氏攀蜥箕作氏亞種(*J. s. mitsukurii*)和台灣亞種(*J. s. formosensis*)有共域分布，而將兩亞種合併成一種斯氏攀蜥(*Japalura swinhonis*)。而產於北部山區之前被認定是斯氏攀蜥者則為一尙未被命名之新種，經由與琉球群島所產攀蜥比對後，發現牠無論在核型與外部型態上均與琉球群島的多稜攀蜥相近，而將之命名為黃口多稜攀蜥(*Japalura polygonata xanthostoma*) (Ota 1991a)。之後，Ota et al. (1998)又在宜蘭太平山區發現一外部形態和之前有差異之攀蜥，經染色體核型分析比對，確認為一新種呂氏攀蜥(*Japalura luei* Ota et al., 1998)。至此台灣產攀蜥屬(Genus *Japalura*)蜥蜴共有四種及一亞種，分別為斯氏攀蜥(*J. swinhonis*)、短肢攀蜥(*J. brevipes*)、牧氏攀蜥(*J. makii*)、呂氏攀蜥(*J. luei*)和黃口多稜攀蜥(*J. polygonata xanthostoma*)。

劉(1995)以粒線體核酸 RFLP 分析斯氏攀蜥生物地理與親緣關係，發現斯氏攀蜥大致可分為東、西兩個族群，推測地理的阻隔為主要的原因。在他的研究中發現，斯氏攀蜥族群內的核酸差異可高達 0.118，已達許多物種分種的範圍，例: *Galotia* 屬各種間核酸平均差異 0.0602 (Thrope et al. 1994)，又如 *Gopheras* 屬的種間平均差異只有 0.045

(Lamb et al. 1989)，所以台灣島內的斯氏攀蜥是否皆為同種是值得進一步研究探討。

向(1997)利用 12S rRNA 基因片段探討台灣五種攀蜥的親緣關係，其結果顯示五種攀蜥確實能被歸成五個群。但分布於中高海拔的短肢攀蜥(*J. brevipes*)、牧氏攀蜥(*J. makii*)和全省中低海拔廣布之斯氏攀蜥(*J. swinhonis*)其族群間核酸變異大(>10%)，推測可能有再被分種或亞種之可能性。

"核型"(karyotype)是由前蘇聯學者 Lewski 等，於 20 世紀初提出，它是指每種生物染色體的數目、大小和型態特徵的總稱。染色體的分析，不但有助於了解生物的遺傳組成、遺傳變異規律和發育機制，而且對於種間雜交及物種多倍體化之探討是為良好的工具。還可用來了解動物性別的決定機制、物種間演化關係、族群種化等，是一有重要參考價值的工具。

染色體核型的資料，如染色體的型態、數目等已廣泛應用在探討動、植物間各類群的親緣關係，染色體的斷裂(fission)、接合(fusion)、倒置(inversion)、缺失(deletion)、增加(addition)、轉換(transformation)和易位(translocation)等則常被用來解釋近緣種間染色體的形態變異(Chen 2001)。例如染色體的斷裂或接合，會改變染色體的數目；染色體的倒置、缺失、增加、轉換和易位等，會影響銀染色、C-顯帶染色

及 G-顯帶染色等特殊色帶的位置。因此可以藉由比對近緣種間的染色體核型及標記染色體(marker chromosome)(Chen 2001)，如:染色體上特殊染色的色帶(banding)、性染色體等，來追蹤同源染色體間可能的變化，推測染色體的演化方向並建構物種親緣關係的假說。

目前染色體色帶製作技術非常多，最常被用到的為銀染色(Ag - NORs stain)、C-顯帶染色(C - banding)及G-顯帶染色(G-banding)。銀染色主要是染細胞間期活動的NORs，其常會固定出現在某幾對特定的染色體上，各物種間的NORs數目及所在的位置均會有所不同。NORs為轉錄18S、28S 及5S核糖體RNA (rRNA)的特殊區域，而只有當基因活動時，NORs才會被染出來(Miller et al. 1978)。近緣種間的NORs常會出現在同一對染色體的同位置上，是親緣關係遠近的指標之一(Schmid 1982)。

C-顯帶染色主要是染異染色質(heterochromatin)，可將異染色質在染色體上的分布呈現出來。許多遺傳學家發現，異染色質區域的基因非常少，可由染色體的重置(rearrangement)增加或減少異染色質的區域，而達到基因調控的目的(Pardue & Hennig 1990)。C-顯帶在染色體的演化過程中，扮演著相當重要的角色，染色體可因異染色質增加或減少而改變相對長度，或可因真染色質(euchromatin)轉換為異染色質而形成寬大的C-顯帶，且不影響整條染色體的相對長度(King 1980,

Odierna et al. 1985, King et al. 1990)。在種化的過程當中，位於NORs附近的異染色質，會誘導rRNA位置的斷裂及移動；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，所以在染色體演化過程中，常伴隨著異染色質的重置(rearrangement) (Ruiz et al. 1981)。

G-顯帶染色主要是染真染色質(euchromatin)，可將真染色質在染色體上的分布呈現出來。真染色質區域常具有許多有功能的構造基因 (Rooney & Czepulkowski 1992)，因此在生物的演化上是屬於較保守、不易改變的區域。其在染色體上的相對位置常會因為異染色質位置、大小的改變而改變。但真染色質上染色體上位置較為保守，因此適合用來推測同源染色體上演化時的改變。

Macgregor (1993)提到在演化的過程中，染色體核型會發生改變，例如人類與猿猴、猩猩兩物種間的染色體核型有很高相似性，人類的第 21 及 22 對染色體相當於猿猴的第 22 及 23 對染色體，人類的第 6 對染色體與猿猴的第 5 對染色體相似。而由 hybrid cell 的技術發現，具有相同 G-顯帶(G - banding)核型的物種，染色體通常也會在相同的位置帶有相同的基因，因此核型可作為建構近緣種間親緣關係假說的工具。有關飛蜥科(Agamidae)的研究，以往學者大部分研究著重於種類的鑑定、行為表現的研究，直至最近有些學者利用粒線體 DNA 來

探討其親緣關係，但關於染色體演化方面的研究仍嫌不足，目前已知有染色體核型的資料的僅只有 10%。就現有的飛蜥科核型資料而言，一般認為原始核型的染色體數目為 $2N = 36$ (Gorman 1973, Paull et al. 1976, Moody & Hutterer 1978)，包含 12 條大染色體(macrochromosomes) 和 24 條小染色體(microchromosomes)，雌雄具有相同核型，以及沒有雌雄有別的性染色體(Gorman 1973, Bull 1980)。隨著染色體核型資料的累積，發現有許多種類染色體的數目大於 $2N = 36$ ，且具有大量的 acrocentric macrochromosomes (Sokolovsky 1974, 1975)，被認為是從飛蜥科(Agamidae)的原始核型經由多次的斷裂(Robertsonian fission)後，染色體數目增加所造成的(Witten 1983)。反之，染色體數目少於 36 者，如昆明龍蜥(*J. varcoae*)具六對雙臂大染色體與十一對小染色體，可能是小染色體產生接合，使染色體數目減少。台灣產攀蜥屬蜥蜴之染色體核型研究，僅止於染色體數目的計數及形態的描述(Ota 1989a, 1989b)和 (Ota et al. 1998) 並未對每種攀蜥做詳盡的核型分析，且做採樣地點相當的少，每一種僅以一個族群的染色體資料來代表該種，且缺乏雌蜥蜴的核型資料，無法了解是否有性染色體以及其性別決定機制。在野外的觀察中發現，同種之不同族群攀蜥存在有外型上的差異，以及同種各族群間的分子生物學分面的變異大於其他脊椎動物(劉 1995，向 1997)，有必要對台灣地區攀蜥的染色體更進一步的深入研究。

因此，本研究擬利用細胞遺傳學核型資料的分析，探討台灣產攀蜥屬蜥蜴之親緣關係，以及探討台灣地區的攀蜥是否仍有隱藏種的存在。