

云南省发现藏南角蟾及其蝌蚪描述

石胜超^{①②} 王斌^① 朱文博^{①②} 付磊^① 江温^③ 李东晖^④ 江建平^{①*}

① 中国科学院成都生物研究所 成都 610041; ② 中国科学院大学 北京 100049;

③ 高黎贡山国家级自然保护区管理局贡山分局 贡山 673500;

④ 高黎贡山国家级自然保护区管理局怒江分局 泸水 673199

摘要: 2019年9月开展第二次青藏高原科学考察时,在云南省贡山县独龙江乡采集到一系列角蟾属标本。基于线粒体16S rRNA及COI基因序列的分子系统学分析和形态特征比较结果将其鉴定为藏南角蟾(*Megophrys periosa*),为云南省分布新记录种。本文还首次描述了该物种的蝌蚪形态特征。

关键词: 分布新记录; 云南省; 角蟾属; 分类; 蝌蚪

中图分类号: Q959 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263 (2020) 06-730-11

Megophrys periosa (Mahony, Kamei, Teeling, and Biju 2018) Was First Recorded in Yunnan Province, China with Description of Its Tadpole

SHI Sheng-Chao^{①②} WANG Bin^① ZHU Wen-Bo^{①②} FU Lei^①
JIANG Wen^③ LI Dong-Hui^④ JIANG Jian-Ping^{①*}

① *Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041;* ② *University of Chinese Academy of Science, Beijing 100049;* ③ *Gongshan Bureau, Gaoligongshan National Nature Reserve, Gongshan 673500;*

④ *Nujiang Bureau, Gaoligongshan National Nature Reserve, Lushui 673199, China*

Abstract: During a field survey in the Second Tibetan Plateau Scientific Expedition, we collected one adult female, one male juvenile, and six tadpoles of *Megophrys major* (Megophryidae) group from Dulongjiang Town, Gongshan County, Yunnan Province, China. A DNA sequences data set combined partial 16S rRNA and COI genes of *M. major* group were analyzed (Table 1). Results show that these specimens cluster into the same lineage with *M. periosa* (Fig. 2), and uncorrected pairwise distance of 16S rRNA gene with types of *M. periosa* range from 0.004 - 0.006. Furthermore, morphological comparisons confirmed that these specimens were *M. periosa*, which is a new record for Yunnan Province, China. In addition, we describe the tadpole of this species. For tadpoles in Gosser stage 34, body elongated, body length 37% of total length; head slightly narrower than body; oral disk large, width 1.2 times of body width, opening upfront on anterior of head; 4

基金项目 第二次青藏高原综合科学考察研究项目 (No. 2019QZKK04020202) ;

* 通讯作者, E-mail: jiangjp@cib.ac.cn;

第一作者介绍 石胜超, 男, 博士研究生; 研究方向: 两栖动物系统学; E-mail: biomen@foxmail.com.

收稿日期: 2020-04-23, 修回日期: 2020-08-31 DOI: 10.13859/j.cjz.202006006

rows of elongated papillae scattered on upper and lower lips, radial arranged, papillae shorter on upper lips; keratodonts absent; nares closer to pupils than tip of snout; eyes round, dorsolaterally positioned; internarial distance smaller than interpupillary distance; spiracular tube not protruding beyond body wall, positioned 57% of the distance between tip of the snout and trunk-tail junction; anal tube short, positioned under central lower tail fin base; tail well developed; tail muscle height 82% of body height, width 48% of body width; upper tail fin arise at second tail myomere; tip of tail bluntly point. Coloration mostly dull, no distinct patterns present on body in most tadpoles; tail grey brown, with small or large spots scattered mostly on tail muscle, fins and skin of ventral body semitransparent; iris copper.

Key words: New distribution record; Yunnan Province, China; *Megophrys*; Taxonomy; Tadpole

角蟾属(*Megophrys*)隶属于无尾目(*Anura*)角蟾科(*Megophryidae*), 广泛分布于东南亚、南亚和东亚地区, 该属目前已知 106 种(Frost 2020)。尽管该属的分类地位及其物种组成长期存在争议(田婉淑等 1983, Dubois 1987, Lathrop 1997, Rao et al. 1997, Dubois et al. 1998, 江建平等 2003, Delorme et al. 2006, 费梁等 2009, Chen et al. 2016, Fei et al. 2016, Mahony et al. 2017, Liu et al. 2018), 但目前对广义角蟾属(*Megophrys sensu lato*)为一单系基本没有争议。

高黎贡山位于云南省的西部, 该区域蕴含了丰富的两栖爬行动物多样性(杨大同等 2008)。2019 年 9 月, 在云南省贡山县独龙江乡开展青藏高原第二次综合科考时采集到 1 只角蟾成体、1 只幼体及 6 只蝌蚪。基于分子系统学和形态鉴定分析结果, 该批标本应为藏南角蟾(*M. periosa* Mahony, Kamei, Teeling, and Biju 2018), 此为云南省分布新记录种。该物种的蝌蚪形态特征在本文得到首次描述。

1 材料与方法

1.1 标本

2019 年 9 月 25 和 26 日, 在云南省怒江傈僳族自治州贡山县采集到 8 号角蟾标本: 1 号雌性成体(CIBYN201909254)、1 号雄性幼体(CIBYN201909235), 以及 6 号蝌蚪(CIBYN201909158 ~ CIBYN201909160, CIBYN201909163 ~ CIBYN201909165)(表 1,

图 1)。标本保存于中国科学院成都生物研究所。

1.2 分子系统学分析

使用核酸提取试剂盒(EasyPure Genomic DNA kit EE101-01)按照说明书提取前述 8 号样本的总 DNA, 然后分别依照江建平等(2003)及 Che 等(2011)扩增 16S rRNA 及 COI 基因片段。扩增产物交由擎科生物(成都)有限公司测序, 所得序列经核查后上传到 GenBank(序列号见表 1)。

自 GenBank 下载 15 种角蟾的 16S rRNA 及 COI 序列(表 1), 与本文新测得的序列一同用 Bioedit7.0(Hall 1999)进行比对, 并进行人工核查, 删除插入或缺失区。采用 Partitionfinder 2.1.1(Lanfear et al. 2012)基于贝叶斯信息准则(Bayesian Information Criterion, BIC)选择最优核苷酸替代模型。16S rRNA 最佳模型为 SYM + I + G, COI 密码子第一、二、三位点最佳模型分别为 SYM + I + G、F81 + I、HKY + I。串联两个基因序列形成一个数据集并用于后续有关分析。用 PhyML v. 3.0(Guindon et al. 2010)及 MrBayes v. 3.2(Ronquist et al. 2012)分别基于最大似然法(maximum likelihood method, ML)及贝叶斯推论(Bayesian inference, BI)重构系统发育树。在最大似然法分析中, 执行 10 000 次自举重抽样, 所获自展值等于或大于 0.95 的作强支持率。在贝叶斯分析中, 以随机树为起始树, 以一个冷链和三个热链的马尔可夫蒙特卡洛(Markov Chain

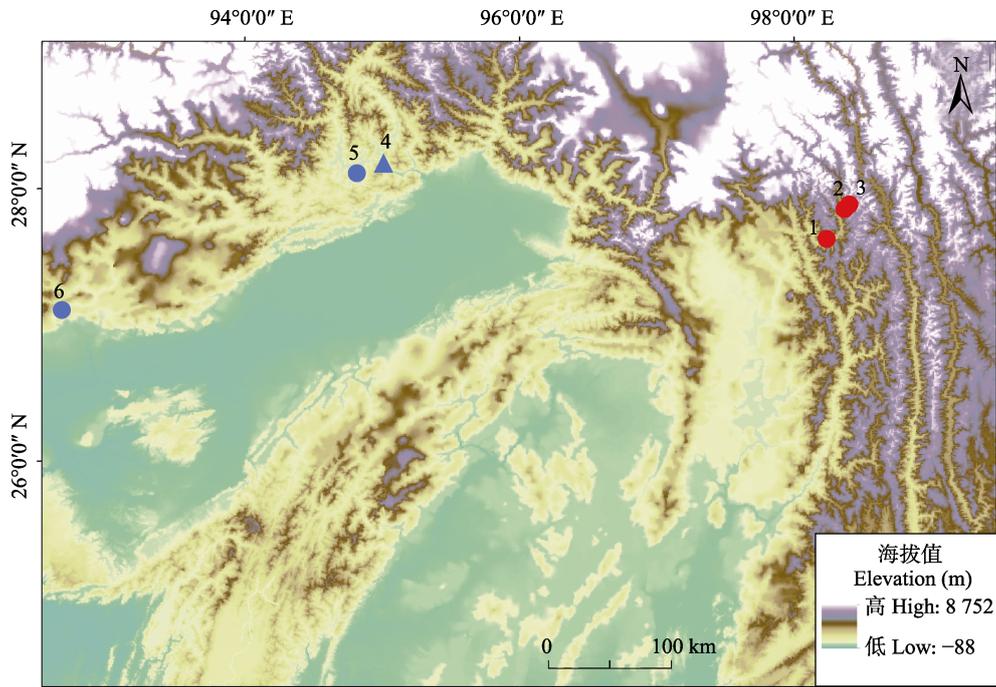


图 1 藏南角蟾新分布点

Fig. 1 New distributional localities of *Megophrys periosa*

红色圆形表示藏南角蟾新分布点，蓝色三角形表示正模标本产地，蓝色圆形表示其他模式标本产地。分布点 1 ~ 3. 云南省贡山县；4、5. 西藏自治区墨脱县；6. 西藏自治区错那县。分布点经纬度详见表 1。

Red circles represent new distributional localities of *Megophrys periosa*, blue triangle represent the locality of the holotype of *M. periosa*, blue circle represents other types of *M. periosa*. Localities 1 - 3. Gongshan, Yunnan, China; 4 and 5. Medog, Tibet, China; 6. Cona, Tibet, China. Detailed coordinate of these localities presented in Table 1.

Monte Carlo, MCMC) 方法运行; 4 条链同时运行 2×10^7 代, 每 1 000 代执行抽样, 最初的 25% 代作为老化样本 (burn-in) 舍弃, 后 75% 代被用于计算一个一致树, 将贝叶斯后验概率 (Bayesian posterior probability, BPP) 等于或大于 0.95 列作强支持率。用 MEGA7 (Kumar et al. 2016) 中未修正距离模型 (uncorrected p-distance) 计算物种间的遗传距离。

1.3 形态测量

参考费梁等 (2009) 和 Mahony (2011) 的方法测量了成体的 25 项量度指标: 头体长 (snout-vent length, SVL)、头宽 (head width, HW)、头长 (head length, HL)、吻长 (snout length, SL)、鼻间距 (internasal space, IN)、

鼻吻距 (nostril-snout length, SN)、鼻眼距 (eye-snout length, EN)、眼径 (eye length, EL)、眼间距 (inter upper eyelid width, IUE)、上眼睑宽 (upper eyelid width, UEW)、眼前角间距 (internal front of eyes, IFE)、眼后角间距 (internal back of eyes, IBE)、鼓膜径 (largest tympanum diameter, TYD)、鼓膜与眼间距 (tympanum-eye distance, TYE)、前臂长 (forearm length, FAL)、手长 (hand length, HAL)、第一指长 (Finger I length, FIL)、第二指长 (Finger II length, FIIL)、第三指长 (Finger III length, FIIL)、第四指长 (Finger IV length, FIVL)、股长 (thigh length, TL)、胫长 (shank length, SHL)、跗足长 (tarsal-foot length,

表 1 用于本研究的 16S rRNA 及 COI 基因序列信息

Table 1 Information for 16S rRNA and COI gene sequences used in this study

样品号 Sample No.	物种 Species	标本号 Voucher ID	产地 Locality	GenBank 登录号 GenBank accession numbers		来源 Reference
				16S rRNA	COI	
1	藏南角蟾 <i>Megophrys periosa</i>	CIBYN201909160	中国云南省贡山县 (分布点 1) Gongshan, Yunnan, China 27°40'44" N, 98°16'18" E, 1 461 m (location 1)	MT225581	MT226434	本文 This paper
2	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909163		MT225582	MT226435	
3	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909165	中国云南省贡山县 (分布点 2) Gongshan, Yunnan, China 27°54'1" N, 98°24'5" E, 2 236 m (location 2)	MT225584	MT226437	
4	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909235	中国云南省贡山县 (分布点 1) Gongshan, Yunnan, China 27°40'44" N, 98°16'18" E, 1 461 m (location 1)	MT225577	MT226430	
5	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909158		MT225579	MT226432	
6	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909164	中国云南省贡山县 (分布点 3) Gongshan, Yunnan, China 27°53'11" N, 98°20'41" E, 1 600 m (location 3)	MT225583	MT226436	
7	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909254	中国云南省贡山县 (分布点 1) Gongshan, Yunnan, China 27°40'44" N, 98°16'18" E, 1 461 m (location 1)	MT225578	MT226431	
8	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	CIBYN201909159		MT225580	MT226433	
9	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	BNHS 6055 [SDBDU 2009.793]	中国西藏自治区墨脱县 (分布点 4) Medog, Tibet, China 28°12'34" N, 94°59'10" E, 450 m (location 4)	MH647522	MH647529	Mahony et al. 2018
10	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	BNHS 6061 [SDBDU 2009.1243]	中国西藏自治区错那县 (分布点 6) Cona, Tibet, China 27°6'4" N, 92°31'39" E, 1 110 m (location 6)	KY022309	MH647528	Mahony et al. 2017, 2018
11	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	SDBDU 2009.1190	中国西藏自治区墨脱县 (分布点 5) Medog, Tibet, China 28°9'35" N, 94°47'19" E, 260 m (location 5)	MH647523		Mahony et al. 2018
12	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	BNHS 6056 [SDBDU 2009.1285]	中国西藏自治区错那县 (分布点 6) Cona, Tibet, China 27°6'4" N, 92°31'39" E, 1 110 m (location 6)	MH647524		
13	藏南角蟾 <i>M. periosa</i>	BNHS 6057 [SDBDU 2009.794]	中国西藏自治区墨脱县 (分布点 4) Medog, Tibet, China 28°12'34" N, 94°59'10" E, 450 m (location 4)	MH647525		
14	喜山角蟾 <i>M. himalayana</i>	BNHS 6050 [SDBDU 2009.1227]	中国西藏自治区错那县贡久里 Binjiuli, Cona, Tibet, China	MH647526		

续表 1

样品号 Sample No.	物种 Species	标本号 Voucher ID	产地 Locality	GenBank 登录号 GenBank accession numbers		来源 Reference
				16S rRNA	COI	
15	墨脱角蟾 <i>M. medogensis</i>	KIZ06621	中国西藏背崩 Beibeng, Xizang, China	KX811767	KX812082	Chen et al. 2016
16	壮角蟾 <i>M. robusta</i>	SDBDU 2011.1057	印度西孟加拉邦大吉岭 Darjeeling, West Bengal, India	KY022314		Mahony et al. 2017
17	张氏角蟾 <i>M. zhangii</i>	KIZ014278	中国西藏樟木 Zhangmu, Xizang, China	KX811765	KX812084	Chen et al. 2016
18	山角蟾 <i>M. monticola</i>	SDBDU 2011.1047	印度西孟加拉邦大吉岭县 Darjeeling dist, West Bengal, India	KY022312		Mahony et al. 2018
19	腺角蟾 <i>M. glandulosa</i>	SYSa003795	中国云南景东 Jingdong County, Yunnan, China	MH406760	MH406219	Liu et al. 2018
20	黄斑角蟾 <i>M. flavipunctata</i>	SDBDU 2009.297	印度梅加拉亚邦东卡西山 East Khasi Hills, Meghalaya, India	KY022307	MH647536	Mahony et al. 2018
21	山隐角蟾 <i>M. oreocrypta</i>	SDBDU 2009.1104	印度梅加拉亚邦西加罗丘陵县 West Garo Hills dist, Meghalaya, India	KY022306		Mahony et al. 2017
22	大角蟾 <i>M. major</i>	SDBDU 2007.229	印度那加兰邦科希马县 Kohima dist, Nagaland, India	MH647514		Mahony et al. 2018
23	台地角蟾 <i>M. oropediton</i>	SDBDU 2009.299	印度梅加拉亚邦东卡西山 East Khasi Hills, Meghalaya, India	KY022317		Mahony et al. 2017
24	山谷角蟾 <i>M. anceae</i>	SDBDU 2009.727	印度东北部 Northeast India	KY022318		Mahony et al. 2017
25	大头角蟾 <i>M. megacephala</i>	ZSI A 11213	印度梅加拉亚邦东卡西山 East Khasi Hills, northern Meghalaya, India	KY022315		Mahony et al. 2017
26	凹顶角蟾 <i>M. cf. parva</i>	KIZ048507	中国云南铜壁关自然保护区 Tongbiguan Nature Reserve, Yunnan, China	KX811796	KX812071	Chen et al. 2016
27	细角蟾 <i>M. vegrandis</i>	SDBDU 2009.1272/ZSI A 11605	中国西藏自治区错那县贾明 Jiaming, Cona, Tibet, China	KY022305		Mahony et al. 2017
28	大围角蟾 <i>M. dawveimontis</i>	KIZ048997	中国云南大围山 Dawei Shan, Yunnan, China	KX811867	KX812125	Chen et al. 2016

TFOL)、足长 (foot length, FOL) 和内蹠突长 (length of the inner metatarsal tubercle, IMT)。依照费梁等 (2009) 的方法测量了蝌蚪的 9 项量度指标 (表 2)。

2 结果

2.1 分子系统关系和遗传距离

最大似然法 (ML) 与贝叶斯推论 (BI) 构建的系统发育树结构是一致 (图 2)。云南省贡山县独龙江乡的 8 号样本共同聚为 1 支, 然后与藏南角蟾模式标本聚为 1 大支, 并有高的支持率, 最大似然法的自展值 (ML bootstrap support) 达 96, 贝叶斯后验概率 (BPP) 达 100%。

此外, 云南省贡山县独龙江的样本与藏南角蟾模式标本 16S rRNA 基因的遗传距离为 0.004 ~ 0.006, 云南独龙江种群的内部遗传距离为 0.000 ~ 0.007, 这两者均远小于所分析角蟾属物种间的遗传距离 (0.019 ~ 0.089)。这提示独龙江的样本与模式产地藏南角蟾为同一物种。

2.2 形态比较

据藏南角蟾原始描述 (Mahony et al.

2018), 其鉴别特征主要有: 体大, 雄性头体长 71.3 ~ 93.8 mm ($n = 12$), 雌性 112 mm ($n = 1$); 雄性成体腹部后部皮肤缺乏黑色颗粒; 上唇缘条纹不呈明显的白色或奶白色 (Mahony et al. 2017 提供的图片中, 有的个体具黄白色斑, 见该文中的图 23A); 体侧疣粒常具黑斑; 趾尖不膨大; 雄性成体的眼径与吻长的比值为 46.6% ~ 91.5%, 平均为 $84.3\% \pm 4.2\%$ 。

经过解剖观察, 本次采集的标本 CIBYN201909254 (头体长 SVL 67.7 mm) 腹内有直径约为 1 mm 的不成熟卵, 表明该个体应为雌性成体; 但是, 该标本体型小于藏南角蟾副模雌性 (头体长 SVL 112 mm), 这可能是发育程度不足所导致。标本 CIBYN201909235 (头体长 SVL 29.2 mm) 为雄性幼体, 其尽管不是成体, 不能与藏南角蟾的全部鉴别特征相比较, 但其具有的一些特征合藏南角蟾的原始描述, 包括上唇缘条纹不呈奶白色、体侧疣粒具黑斑、趾尖不膨大、具有犁骨棱和犁骨齿、趾侧缘膜窄、虹膜呈古铜色 (图 3)。因此, 将这些标本鉴定为藏南角蟾。

表 2 云南省贡山县独龙江乡藏南角蟾蝌蚪的形态特征量度值 (单位: mm)

Table 2 Morphological measurements of tadpoles of *Megophrys periosa* from Dulongjiang, Gongshan, Yunnan, China

	Gosner 34 时期 Gosner stage 34				Gosner 27 时期 Gosner stage 27			
	CIBYN 201909164	CIBYN 201909165	CIBYN 201909163	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	CIBYN 201909158	CIBYN 201909159	CIBYN 201909160	平均值 ± 标准差 Mean ± SD
体长 Body length, BL	13.8	12.1	12.5	12.8 ± 0.9	8.4	9.5	8.8	8.9 ± 0.1
体高 Body height, BH	5.6	5.2	5.3	5.4 ± 0.2	3.0	3.0	2.8	2.9 ± 0.1
体宽 Body width, BW	6.2	6.3	5.8	6.1 ± 0.2	3.5	3.2	4.0	3.6 ± 0.4
瞳间距 Interpupilar distance, PP	4.3	4.1	2.8	3.7 ± 0.8	2.6	2.5	2.7	2.6 ± 0.1
吻至出水孔间距 Snout-spiracle distance, SS	7.8	7.7	7.4	7.6 ± 0.2	5.1	5.6	5.4	5.4 ± 0.3
口漏斗宽 Oral disc width, ODW	7.6	8.3	8.3	8.0 ± 0.4	6.0	5.5	6.2	5.9 ± 0.3
尾长 Tail length, TL	37.6	30.6	35.4	34.5 ± 3.6	20.6	22.5	21.4	21.5 ± 0.2
尾肌宽 Tail muscle width, TMW	3.0	3.1	3.0	3.0 ± 0.0	1.7	1.6	1.4	1.6 ± 0.1
尾肌高 Tail muscle width, TMH	4.6	4.2	4.0	4.3 ± 0.3	2.4	2.7	2.6	2.6 ± 0.2

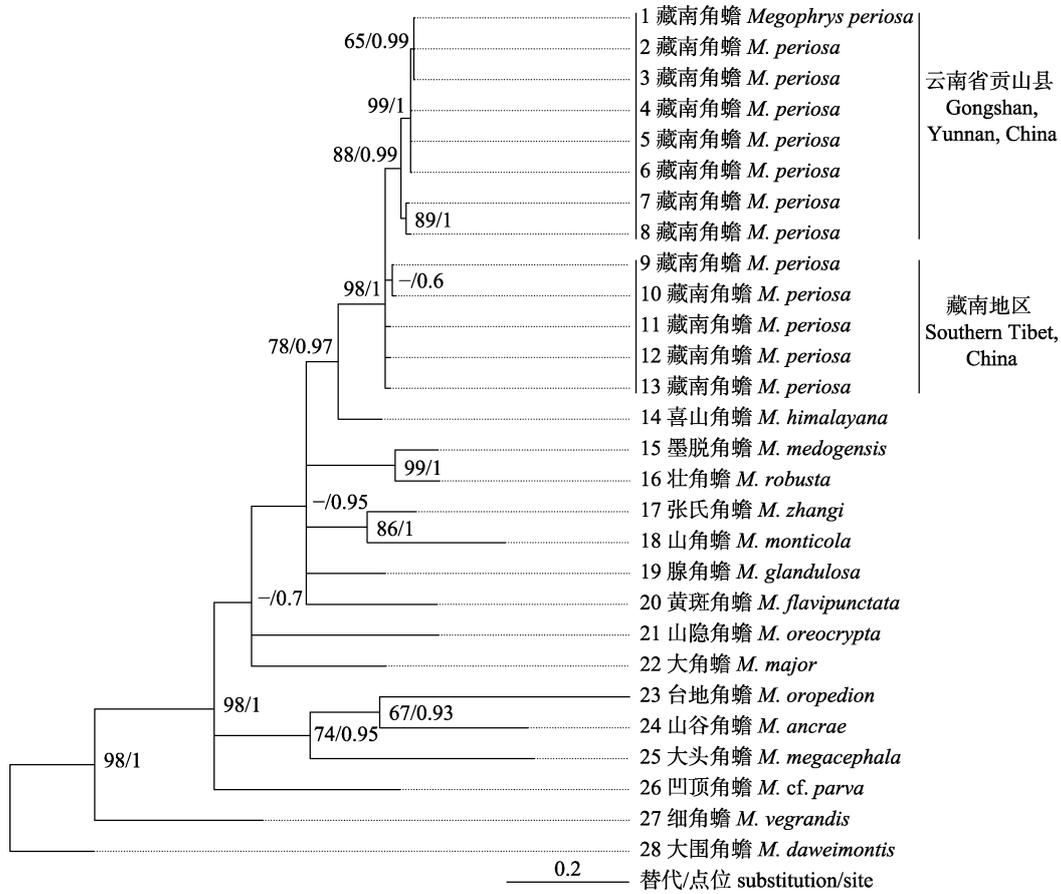


图 2 基于线粒体 16S rRNA 及 COI 基因联合序列构建的系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree based on sequences combined by 16S rRNA and COI mitochondrial gene

该系统发育树通过使用最大似然法 (ML) 及贝叶斯推论 (BI) 构建, 每个节点旁的数字为最大似然法的自展值 (ML bootstrap support) / 贝叶斯后验概率 (BPP)。本文所分析样本的基因序列号见表 1。

The phylogenetic tree was constructed using maximum likelihood method (ML) and Bayesian Inference (BI). The figures besides on each major node were ML bootstrap support/BPP. GenBank No. of samples analyzed in this work seeing in Table 1.

2.3 形态描述

2.3.1 形态描述 (图 3a ~ g) 依据雌性成体标本 CIBYN201909254 的描述如下。

该角蟾体型较大 (头体长 SVL 67.7 mm), 头宽 (HW 26.8 mm) 大于头长 (HL 23.8 mm), 吻端钝圆, 上颌略突出于下颌, 无突出皮褶; 颊部略凹陷; 吻棱明显 (吻长 SL 8.5 mm); 眼前角间距 (IFE 12.4 mm) 小于头宽的一半, 眼后角间距较大 (IBE 19.8 mm); 鼓膜卵圆形, 长径斜向上方, 鼓膜径 (TYD 3.6 mm) 略小于

眼径 (EL 7.7 mm) 的一半, 鼓膜与眼间距 (TYE 5.1 mm) 小于鼓膜径的两倍, 鼓膜上部约 1/5 与颞褶融合; 瞳孔垂直; 鼻孔相较于吻端更靠近眼, 鼻吻距 (SN 4.8 mm) 大于鼻眼距 (EN 3.6 mm), 鼻间距 (IN 8.1 mm) 明显大于上眼睑宽 (UEW 6.2 mm), 略大于眼间距 (IUE 7.2 mm); 犁骨棱强壮, 末端具数枚犁骨齿; 上颌齿明显; 舌后端具明显缺刻, 舌背面散布细小颗粒状突起。

前肢较细, 相比于上臂不明显增大, 前臂



图3 云南省贡山县独龙江乡藏南角蟾及其生境

Fig. 3 *Megophrys periosa* from Dulongjiang Town, Gongshan County, Yunnan Province, China and its habitat

a ~ g. 雌性成体 CIBYN201909254, 头体长 67.7 mm; h, i. 雄性幼蛙 CIBYN201909235, 头体长 29.2 mm; j, k. Gosner 34 期蝌蚪 CIBYN201909164; l, m. Gosner 27 期蝌蚪 CIBYN201909158; n. 独龙江两岸的热带雨林。

a - g. Adult female CIBYN201909254, SVL 67.7 mm; h, i. Juvenile male CIBYN201909235, SVL 29.2 mm; j, k. Tadpole CIBYN201909164 at Gosner stage 34; l, m. Tadpole CIBYN201909158 at Gosner stage 27; n. Tropical forests along Dulongjiang River.

长(FAL 16.8 mm)略小于手长(LAL 17.7 mm);指细长,无缘膜,指序 II < I = III < IV,指间无蹼,指基下瘤和关节下瘤缺失;内外掌突仅略微突出;指端仅略微膨大,端部不扩展成小吸盘。后肢较长,后肢贴体前伸略微超过吻端;左右跟部重叠,股长(TL 36.5 mm)略小于胫长(SHL 39.9 mm),略大于足长(FOL 34.7 mm)而远小于跗足长(TFOL 54.9 mm);趾细长,略侧扁,趾侧缘膜窄;趾端略扁,无膨大;趾基部具蹼迹,内蹼突不明显,内蹼突长(IMT 3.2 mm),趾基下瘤及关节下瘤缺失。

头、体及四肢背部皮肤较为光滑,散布稀疏小疣,体侧疣粒较为明显;鼓环隆起;上眼睑外缘具一略微的隆起;颞褶在鼓膜前的部分较窄,鼓膜后的部分向后逐渐增厚,在口角后方呈水滴状;头背部两眼之间具三角形细肤棱,体背两侧从颞褶后部上方至鼠蹊部具细的皮肤棱,体背中间具“>-<”形细肤棱;股腺明显,位于股背部中间;腋腺较小,紧邻腋窝;泄殖孔附近散布较小的腺状颗粒。

生活时,背部颜色黄褐色为主。头部背面两眼之间具三角形空心褐色斑,镶有浅黄色边;头侧深褐色,上唇缘从鼻孔至口角的条纹呈浅棕黄色,眼后角至鼓膜下方就一黄白色条纹分支。虹膜古铜色。四肢背面与体背颜色一致,后肢背面及前臂后侧具数个不规则深褐色斑。腹面较背部色浅,咽喉部皮肤紫褐色,在两侧具褐色纵向条纹,条纹镶嵌浅色黄白色边;咽喉种间具浅黄白色大理石斑。胸部皮肤渐变为黄白色为主,具斑驳的褐色不规则大斑及浅棕色小色斑。腹部黄白色为主,两侧具大块不规则褐色斑。四肢腹面略带紫红色,手腹面与咽喉颜色接近,呈紫红色;股部前侧具数个不规则褐色大斑。股腺呈黄白色;腋腺呈奶白色。标本保存在 75%乙醇中 3 个月后,体色较生活时变淡,斑纹形状与生活时一致。

雄性幼体 CIBYN201909235 的描述如下。

形态特征与雌性成体类似(图 3h~i),但

后肢更为细长,后肢贴体前伸超过吻端。形态量度如下:头体长(SVL)29.2 mm、头宽(HW)10.3 mm、头长(HL)9.9 mm、眼前角间距(IFE)5.4 mm、眼后角间距(IBE)8.6 mm、眼径(EL)3.9 mm、鼓膜径(TYD)1.3 mm、鼓膜眼间距(TYE)2.2 mm、吻长(SL)4.0 mm、鼻眼距(EN)1.8 mm、鼻吻距(SN)2.3 mm、眼间距(IUE)3.2 mm、鼻间距(IN)3.8 mm、上眼睑宽(UEW)2.5 mm、前臂长(FAL)5.8 mm、手长(HAL)7.6 mm、股长(TL)14.1 mm、胫长(SHL)16.0 mm、足长(FOL)13.1 mm、跗足长(TFOL)21.1 mm、内蹼突(IMT)不可辨。

2.3.2 蝌蚪形态描述(表 2, 图 3j~m) 蝌蚪描述依据标本 CIBYN201909164, 34 期(Gosner, 1960)。

体较长,全长 51.4 mm,头体长为尾长的 37%。头部略窄,体较宽略扁;口呈漏斗状,宽度为体宽的 1.2 倍,开口朝向上前方。口漏斗内侧具棒状乳突,呈向外辐射状排列,上、下唇内侧乳突具 4 排;上唇内侧乳突较短,呈椭圆形;上下唇交汇处乳突稀疏。角质化唇齿缺失。鼻距瞳孔较吻端更近。眼呈圆形,背侧位;鼻间距小于瞳间距。出水孔管不突出于体壁,位于身体左侧下半部,吻端距出水孔距离为头体长的 57%。肛管较短,位于下尾鳍基部,肛孔位于管末端中央。尾发达,尾长占全长 73%;上尾鳍前部低厚,起于第二肌节;尾肌高为体高的 82%;尾肌宽为体宽的 48%,尾尖钝尖。

蝌蚪头体部无斑纹,尾肌及上下尾鳍具细碎点斑。生活时,头体部背面和侧面呈灰褐色,尾鳍灰褐色,半透明。蝌蚪腹面呈略透明的灰褐色。虹膜古铜色。在 75%乙醇中保存 3 个月后,蝌蚪身体颜色加深,尾鳍呈淡乳白色。

蝌蚪的体色及斑纹存在明显的种内变异,部分蝌蚪头体部侧面具明显色斑,尾肌具明显的黑色大点斑(图 3l)。

2.4 生态信息

藏南角蟾在西藏自治区墨脱县南部和错那县南部的分布海拔从 260 m 至 1 110 m，栖息于原始林或次生林中的山溪（宽度 1 ~ 15 m），繁殖季节可能在 7 月下旬至 8 月上旬（Mahony et al. 2017）。在云南省贡山县独龙江采集的藏南角蟾栖息在热带雨林（图 3n）至亚热带常绿阔叶林下的小、中型山溪（宽度 1 ~ 5 m），海拔 1 461 m 至 2 236 m。在 2019 年 9 月 25 和 26 日的调查中所采集蝌蚪时期包含 27 至 34，且调查中没有听到角蟾成体的繁殖鸣叫，推测其繁殖期在 9 月之前。

致谢 感谢高黎贡山保护区管理局怒江分局王邓桥、贡山分局李迎春、羊苏华等同志以及贡山县独龙江乡钦郎当村居民为考察提供帮助。

参 考 文 献

- Che J, Chen H, Yang J, et al. 2011. Universal COI primers for DNA barcoding amphibians. *Molecular Ecology Resources*, 12(2): 247–258.
- Chen J M, Zhou W W, Poyarkov N A, et al. 2016. A novel multilocus phylogenetic estimation reveals unrecognized diversity in Asian horned toads, genus *Megophrys sensu lato* (Anura: Megophryidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 106: 28–43.
- Delorme M, Dubois A, Grosjean S, et al. 2006. Une nouvelle ergotaxinomie des Megophryidae (Amphibia, Anura). *Alytes*, 24: 6–21.
- Dubois A, Ohler A. 1998. A new species of *Leptobrachium* (Vibrissaphora) from northern Vietnam, with a review of the taxonomy of the genus *Leptobrachium* (Pelobatidae, Megophryinae). *Dumerilia*, 4: 1–32.
- Dubois A. 1987 "1986". *Miscellanea taxinomica batrachologica* (I). *Alytes*, 5: 7–95.
- Fei L, Ye C Y. 2016. *Amphibians of China, Volume 1*. Beijing: Science Press, 1–863.
- Frost D R. 2020. *Amphibian Species of the World: an Online Reference*. Version 6.0. [DB/OL]. [2020-08-26]. <http://research.amnh.org/vz/herpetology/amphibia/>
- Gosner K L. 1960. A simplified table for staging anuran embryos and larvae with notes on identification. *Herpetologica*, 16(3): 183–190.
- Guindon S, Dufayard J F, Lefort V, et al. 2010. New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic Biology*, 59(3): 307–321.
- Hall T A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41: 95–98.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Lanfear R, Calcott B, Ho S Y W, et al. 2012. Partitionfinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 29(6): 1695–1701.
- Lathrop A. 1997. Taxonomic review of the Megophryid frogs (Anura: Pelobatoidea). *Asiatic Herpetological Research*, 7: 68–79.
- Liu Z, Chen G, Zhu T, et al. 2018. Prevalence of cryptic species in morphologically uniform taxa - Fast speciation and evolutionary radiation in Asian frogs. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127: 723–731.
- Mahony S, Foley N M, Biju S D, et al. 2017. Evolutionary history of the Asian Horned Frogs (Megophryinae): Integrative approaches to timetree dating in the absence of a fossil record. *Molecular Biology and Evolution*, 34: 744–771.
- Mahony S, Kamei R G, Teeling E C, et al. 2018. Cryptic diversity within the *Megophrys major* species group (Amphibia: Megophryidae) of the Asian Horned Frogs: Phylogenetic perspectives and a taxonomic revision of South Asian taxa, with descriptions of four new species. *Zootaxa*, 4523: 1–96.
- Mahony S, Sengupta S, Kamei R G, et al. 2011. A new low altitude species of *Megophrys* Kuhl and van Hasselt (Amphibia: Megophryidae), from Assam, Northeast India. *Zootaxa*. 3059: 36–46.
- Rao D, Yang D T. 1997. The karyotypes of Megophryinae (Pelobatinae) with a discussion on their classification and phylogenetic relationships. *Asiatic Herpetological Research*, 7:

- 93–102.
- Ronquist F, Teslenko M, Mark P V D, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- 费梁, 胡淑琴, 叶昌媛, 等. 2009. 中国动物志: 两栖纲 (中卷) 无尾目. 北京: 科学出版社, 1–957.
- 江建平, 袁富蓉, 谢锋, 等. 2003. 基于线粒体 12S 和 16S rRNA 基因部分序列的角蟾亚科部分属种的系统发育关系. *动物学研究*, 24(4): 241–248.
- 田婉淑, 胡其雄. 1983. 我国角蟾的分类研究, 兼记二新属. *两栖爬行动物学报*, 2(2): 41–48.
- 杨大同, 饶定齐. 2008. 云南两栖爬行动物. 昆明: 云南科技出版社, 1–409.