

# 重庆武隆发现绥阳掌突蟾

马琦<sup>①②</sup> 李怡<sup>③</sup> 黄静<sup>②</sup> 万里鹏<sup>②</sup> 王志坚<sup>②\*</sup>

① 重庆自然博物馆 重庆 400715; ② 西南大学生命科学学院, 三峡库区生态环境与生物资源省部共建

国家重点实验室培育基地 重庆 400715; ③ 重庆市武隆区国有白马山林场 重庆 408500

**摘要:** 2022年8月在重庆市武隆区白马山自然保护区调查采集到2号两栖动物标本,经形态特征比较,与绥阳掌突蟾(*Leptobranchella suiyangensis*)相似。基于线粒体16S rRNA基因构建掌突蟾属部分物种系统发育树,结果显示,此次采集的掌突蟾标本与绥阳掌突蟾聚为一支,具有较高的支持率(贝叶斯法/最大似然超快速引导支持分析值0.98/99); Kimura双参数模型计算本次采集的掌突蟾标本与贵州绥阳的绥阳掌突蟾模式产地标本间的遗传距离为1.2%,小于掌突蟾属物种间的遗传距离(1.5%~29.1%)。综合形态特征和分子系统发育比较,确定此次采集到的掌突蟾标本为无尾目(Anura)角蟾科(Megophryidae)掌突蟾属的绥阳掌突蟾,且系重庆市两栖动物分布新记录种。

**关键词:** 掌突蟾属; 武隆区; 白马山

**中图分类号:** Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2023)06-961-08

## *Leptobranchella suiyangensis* Found in Wulong, Chongqing, China

MA Qi<sup>①②</sup> LI Yi<sup>③</sup> HUANG Jing<sup>②</sup> WAN Li-Peng<sup>②</sup> WANG Zhi-Jian<sup>②\*</sup>

① Chongqing Museum of Natural History, Chongqing 400715;

② State Key Laboratory Breeding Base of Eco-Environment and Bio-Resource of the Three Gorges Area, School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715;

③ Chongqing Wulong County of State-owned Baima Mountain Forest Farm, Chongqing 408500, China

**Abstract:** In August 2022, two specimens of amphibia were collected from the Baima Mountain Nature Reserve in Wulong District, Chongqing (Fig. 1 and 2). Through a comprehensive examination of morphological features, it has been identified as *Leptobranchella suiyangensis*. A molecular phylogenetic analysis was conducted by comparing the 16S rRNA gene sequences of several *Leptobranchella* species from GenBank with those obtained from the specimens collected in this study. *Oreolalax rhodostigmatus* and *Leptobranchium tengchongense* were selected as outgroups (Table 1). The phylogenetic tree was constructed using Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) methods. Additionally, the genetic distance between the *Leptobranchella* species listed in Table 1 was determined using Kimura's two-parameter model.

**基金项目** 重庆市国家重点保护陆生野生动物补充调查项目 (No. sxxycq-2021-086);

\* 通讯作者, E-mail: wangzj1969@126.com;

**第一作者介绍** 马琦, 男, 副研究馆员; 研究方向: 动物学; E-mail: maqiswu@126.com.

收稿日期: 2023-04-24, 修回日期: 2023-07-15 DOI: 10.13859/j.cjz.202323078

The *Leptobranchella* specimen collected from the Baima Mountain Nature Reserve in Wulong District, Chongqing grouped clustered with *L. suiyangensis*, with a high support rate of 0.98/99 (BI/ML) (Fig. 3). The genetic distance between *L. suiyangensis* and the type specimen was found to be 1.2% (Table 3), indicating genetic differentiation between the populations from the two locations. The *L. suiyangensis* discovered in Wulong, Chongqing exhibited a slightly smaller size (23.0 - 23.4 mm) compared to the type specimen with a minimum body length of 28.7 mm (specimen number: GZNU20180606007), and displayed a brownish-yellow dorsal coloration. Based on the combined morphological comparison and phylogenetic analysis, the collected *Leptobranchella* specimens were identified as *L. suiyangensis*, representing a novel amphibian distribution record in Chongqing. The study helps to improve our understanding of the species' distribution patterns and morphological characteristics, and to develop effective strategies for its long-term conservation and management.

**Key words:** *Leptobranchella*; Wulong District; Baima Mountain

掌突蟾属 (*Leptobranchella*) 隶属于无尾目 (Anura) 角蟾科 (Megophryidae), 广泛分布于从中国南部至印度东北部和缅甸, 延伸至印度支那大陆、马来半岛和婆罗洲岛 (Frost 2023)。随着更多的野外工作和调查的开展和更多隐存种的发现, 具有广泛分布的物种, 如峨山掌突蟾 (*L. oshanensis*), 可能是物种复合体 (Shi et al. 2023)。掌突蟾属包含 100 个物种 (Frost 2023), 目前中国已知分布该属 39 种, 其中重庆市报道分布有 3 种, 即峨山掌突蟾、贵师掌突蟾 (*L. yunyangensis*) 和缙云掌突蟾 (*L. jinyunensis*) (费梁等 2009, Luo et al. 2022, Shi et al. 2023, 中国两栖类 2023)。绥阳掌突蟾 (*L. suiyangensis*) 模式产地为贵州省绥阳县火秋坝自然保护区, 为中国特有种, 目前仅发现分布于贵州省绥阳县 (Luo et al. 2020, 沈拓等 2022)。

作者于 2022 年 8 月在重庆市武隆区白马山自然保护区 (29°17' N, 107°38' E) (图 1), 采集到 2 号成体掌突蟾标本, 经形态学和分子系统学比较分析, 鉴定为绥阳掌突蟾, 为重庆市两栖纲分布新记录物种。

## 1 材料与方法

2 号标本取肌肉组织 (样品号见表 1), 保存在无水乙醇中。标本用福尔马林固定后, 浸泡于 75% 乙醇溶液中, 标本存放于西南大学生

命科学学院生物学标本室 (标本号: SWU0001384 和 SWU0001430)。

### 1.1 形态鉴定与测量

使用温州三和量具仪器有限公司生产的型号为三和 5121-200 的电子数显游标卡尺 (精度 0.1 mm, 量程 200 mm) 测量标本形态指标。依据《中国两栖动物及其分布彩色图鉴》(费梁等 2012), 进行形态鉴定。

### 1.2 分子数据及系统发育树构建

使用天根生化科技 (北京) 有限公司的 DNA 提取试剂盒 DP304 提取样本 DNA, 基于引物 16Sar 和 16Sbr (Simon et al. 1994), 通过聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 技术扩增样本的线粒体 16S rRNA 基因片段。PCR 扩增条件和步骤参照 Luo 等 (2020)。扩增产物送到生工生物工程 (上海) 股份有限公司进行测序, 并将测序所得序列上传至 GenBank (表 1)。

基于 Shi 等 (2023) 的研究, 从 GenBank 下载峨山掌突蟾物种复合体的 16S rRNA 基因序列, 结合本次采集标本所测序列, 进行分子系统发育分析。外群选取红点齿蟾 (*Oreolalax rhodostigmatus*) 和腾冲拟髭蟾 (*Leptobranchium tengchongense*) (Cheng et al. 2021), 物种及序列信息见表 1。Clustal X v1.8 软件中 (Thompson et al. 1997) 对序列进行比对。采用贝叶斯法 (Bayesian inference, BI) 和最大似然法

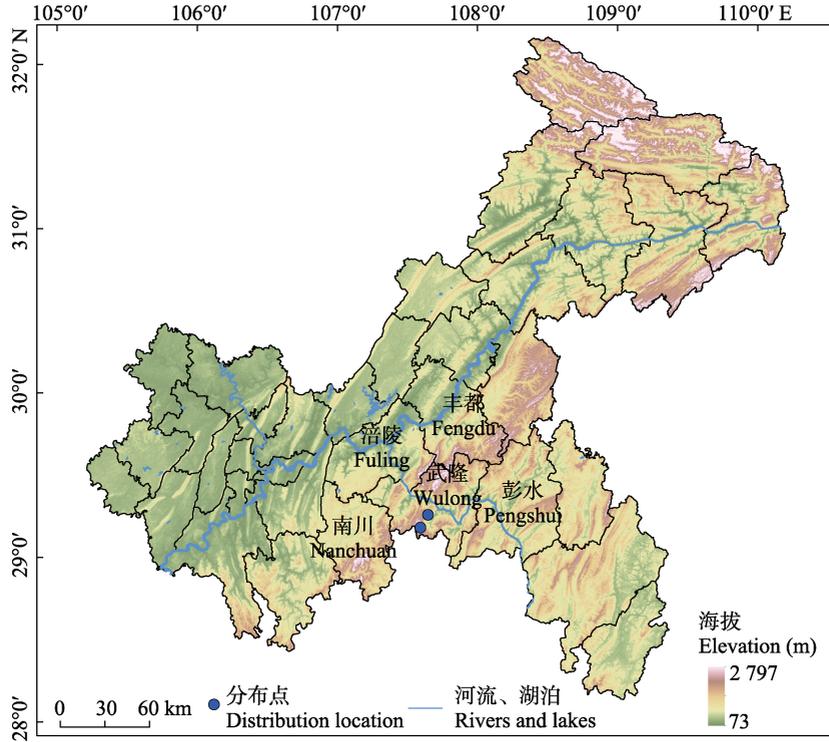


图 1 绥阳掌突蟾在重庆的分布

Fig. 1 Distributed localities of *Leptobrachella suiyangensis* in Chongqing

表 1 样品信息和 GenBank 登录号

Table 1 Samples used in this study and GenBank accession numbers for sequences

物种 Species	地点 Locality	凭证编号 Voucher number	GenBank 号 GenBank number
本文标本 Specimen of this study	重庆武隆 Wulong, Chongqing, China	SWU0001384	OQ977957
	重庆武隆 Wulong, Chongqing, China	SWU0001430	OQ977958
毕节掌突蟾 <i>Leptobrachella bijie</i>	贵州毕节 Bijie, Guizhou, China	CIB 119069	OQ024808
赤水掌突蟾 <i>L. chishuiensis</i>	贵州赤水 Chishui, Guizhou, China	CIB 119082	MT117055
紫腹掌突蟾 <i>L. purpuraventra</i>	贵州毕节 Bijie, Guizhou, China	CIB 119075	OQ024814
高山掌突蟾 <i>L. alpina</i>	云南黄草岭 Huangcaoling, Yunnan, China	KIZ046816	MH055866
雪山掌突蟾 <i>L. niveimontis</i>	云南大雪山 Daxueshan, Yunnan, China	KIZ015743	MH055877
草地掌突蟾 <i>L. graminicola</i>	越南老街 Lao Cai, Vietnam	VNMN 010904	MZ224651
布氏掌突蟾 <i>L. bourreti</i>	越南老街 Lao Cai, Vietnam	AMS R 177673	KR018124
墨氏掌突蟾 <i>L. murphyi</i>	泰国清迈 Chiang Mai, Thailand	KIZ034039	MZ710519
拂晓掌突蟾 <i>L. eos</i>	老挝丰沙里 Phongsaly, Laos	MNHN: 2004.0278	JN848450
紫棕掌突蟾 <i>L. purpurus</i>	云南盈江 Yingjiang, Yunnan, China	SYS a006530	MG520354
金沙掌突蟾 <i>L. jinshaensis</i>	贵州金沙 Jinsha, Guizhou, China	CIB 119077	OQ024816
绥阳掌突蟾 <i>L. suiyangensis</i>	贵州绥阳 Suiyang, Guizhou, China	GZNU 20180606002	MK829648
峨山掌突蟾 <i>L. oshanensis</i>	四川峨眉山 Emeishan, Sichuan, China	CIBEMS20190421SSG1-9	MT957039
水城掌突蟾 <i>L. dorsospina</i>	贵州水城 Shuicheng, Guizhou, China	SYS a004974	MW046197
武陵掌突蟾 <i>L. wulingensis</i>	湖南张家界 Zhangjiajie, Hunan, China	CSUFT 177	MT530315

续表 1

物种 Species	地点 Locality	凭证编号 Voucher number	GenBank 号 GenBank number
叶氏掌突蟾 <i>L. yae</i>	四川峨眉山 Emeishan, Sichuan, China	KIZ025778	KX811928
贵师掌突蟾 <i>L. yunyangensis</i>	重庆云阳 Yunyang, Chongqing, China	GZNU20210629001	OL800366
缙云掌突蟾 <i>L. jinyunensis</i>	重庆北碚 Beibei, Chongqing, China	CIB 119058	OQ024797
红点齿蟾 <i>Oreolalax rhodostigmatus</i>	贵州大方 Dafang, Guizhou, China	CIB ZYCA746	EF397248
腾冲拟髭蟾 <i>Leptobrachium tengchongense</i>	云南腾冲 Tengchong, Yunnan, China	SYS a004603	KX066876

(maximum likelihood, ML) 构建系统发育树。软件 jModeltest v2 (David 2008) 计算最适核苷酸替代模型, 本文计算的最佳模型是 GTR + I + G。IQ-TREE (Nguyen et al. 2015) 软件进行 2 000 次超快速自举 (Minh et al. 2013, Hoang et al. 2018), 直到最小相关系数达到 0.99, 构建最大似然法 (ML) 系统发育树。MrBayes 3.2.1 软件 (Ronquist et al. 2012) 进行贝叶斯分析, 共运算 1 000 万代, 每 500 代进行一次采样, 舍弃 25% 的样本比例。MEGA v6.0 (Tamura et al. 2013) 中的 Kimura 双参数模型计算表 1 中所

列掌突蟾属物种间的遗传距离。

## 2 结果

### 2.1 形态描述

体型小, SWU0001384 和 SWU0001430 体长分别为 23.0 mm 和 23.4 mm, 其他部位的量度见表 2。头长略大于头宽, 头长与头宽的比值范围为 1.03 ~ 1.25; 吻端钝圆, 突出于下唇; 吻棱明显; 颊部几垂直, 略内凹; 鼻孔近吻端, 鼻吻距和鼻眼距的比值范围为 0.64 ~ 0.79; 背部两眼间处较平; 眼间距略大于上眼睑宽,

表 2 重庆市武隆区绥阳掌突蟾成体量度

Table 2 Measurements of specimens of *Leptobrachella suiyangensis* from Wulong, Chongqing, China

测量指标 Measurement item	SWU0001384 (♂)		SWU0001430 (♂)	
	测量值 Value (mm)	比例 Ratio (%)	测量值 Value (mm)	比例 Ratio (%)
体长 Snout vent length	23.0		23.4	
头长 Head length	10.1	43.9	8.2	35.0
头宽 Head width	8.1	35.1	7.9	33.9
吻长 Snout length	3.8	16.5	4.1	17.4
鼻间距 Internasal distance	2.3	10.1	2.7	11.6
眼间距 Interorbital distance	2.9	12.8	2.6	11.2
鼻吻距 Nostril-snout distance	1.8	7.7	1.8	7.7
鼻眼距 Nostril-eye distance	2.8	11.9	2.3	9.7
上眼睑宽 Upper eyelid width	2.5	10.9	2.4	10.3
眼径 Horizontal diameter of eye	3.4	14.8	4.0	17.0
鼓膜径 Diameter of tympanum	1.6	7.0	1.7	7.2
前臂及手长 Forearm and hand length	11.6	50.3	10.4	44.5
手长 Hand length	6.3	27.3	6.5	27.9
前臂宽 Maximum width of forearm	1.4	6.0	1.7	7.2
后肢长 Hind limb length	33.5	145.5	33.0	141.0
股长 Thigh length	11.1	48.0	12.3	52.8
胫长 Tibia length	12.3	53.4	12.5	53.6
跗足长 Length of tarsus and foot	16.7	72.6	14.6	62.3
足长 Foot length	11.5	50.0	8.5	36.5

比例是每一个测量值占体长的百分比。The ratio is the percentage of each measurement to snout vent length.

眼间距和上眼睑宽的比值范围为 1.10 ~ 1.17；鼻间距和上眼睑宽几相等，两者的比值范围为 0.92 ~ 1.13；瞳孔纵置；鼓膜圆且清晰，鼓膜径小于眼径，鼓膜径与眼径的比值范围为 0.43 ~ 0.48；鼓上棱清晰，从眼后延伸至腋腺上方，鼓上棱可见少量不明显的突起；无犁骨齿；声囊孔长裂形，近嘴角；舌头后端有一个浅的小缺口。

指端圆润，膨大成球状；相对指长顺序由大到小为 3、4、2、1，无婚垫，无指关节下瘤；内掌突大而圆，外掌突小于内掌突；指间无蹼，指侧无缘膜。趾端和指端类似，相对趾长顺序由大到小为 IV、III、V、II、I。指、趾的顺序以从内到外的方式进行描述，即最靠近身体的指或趾为第 1 指或第 1 趾，其他依次排列。无趾关节下瘤；内蹼突明显，椭圆形，无外蹼突；趾基部有蹼迹，趾侧缘膜窄。胫长约为体长的一半，胫长和体长的比值范围为 0.53 ~ 0.54；后肢细长，贴体前伸时胫跗关节位置可达眼前角。

背部皮肤粗糙，散布细小圆形颗粒，部分颗粒排列在一起，形成短的纵向褶皱；腹部皮肤光滑；胸腺米白色，呈椭圆形；股腺乳白色，圆形，股腺与股胫关节距离比泄殖腔的距离近；腹侧腺呈白色，历历可辨，部分连成一条不完整的线。

生活时背部皮肤棕黄色；两眼间有一个倒三角棕黑色标记，鼻孔至两眼间有棕黑色略凸的“Y”形标记，背部两腋间有棕黑色“W”形标记，皮肤隆起略呈棱状；颊部鼓膜处有一个黑点，鼓上棱下缘黑色，鼓膜缘相对于颊部皮肤明显抬高；身体和四肢背部有黑褐色痣粒；上唇前缘有黑褐色或浅褐色纵纹；四肢背面有横向深棕色条纹；肘部和上臂颜色橙红色，无横条纹；腹股沟至腋窝侧面有大小不一的黑色或棕黑色斑点；身体腹面吻端至颌关节处颜色灰白色，散布不规则的棕褐色斑纹，胸部淡紫色，腹部银灰色，四肢腹面深灰色，下肢腹面散布白色小斑点（图 2）。



图 2 重庆武隆的绥阳掌突蟾

Fig. 2 Views of *Leptobrachella suiyangensis* from Wulong, Chongqing

a. 侧面观；b. 腹面观；c. 背面观；d. 手腹面观；e. 足腹面观。

a. Lateral view; b. Ventral view; c. Dorsal view; d. Ventral view of hand; e. Ventral view of foot.

### 2.2 分子系统发育关系与遗传距离

PCR 扩增获得绥阳掌突蟾线粒体 16S rRNA 序列 2 条, SWU0001384 和 SWU0001430 序列长度分别为 481 bp 和 482 bp。通过掌突蟾属部分物种的序列比较 (表 1), 共 152 个碱基变异位点, 106 个简约信息位点。采用贝叶斯法和最大似然法得到的系统发育树拓扑结构相似, 仅以贝叶斯树为例 (图 3)。采自重庆武隆的掌突蟾标本与绥阳掌突蟾副模标本 (标本号: GZNU20180606002) 聚为一支, 支持率为 0.98/99 (贝叶斯法/最大似然法)。基于 16S rRNA 的 Kimura 双参数模型估算本研究重庆武隆所采的掌突蟾与绥阳掌突蟾模式标本间的遗传距离为 1.2%, 表明两地种群存在遗传分化 (表 3)。

### 2.3 生境描述

本次绥阳掌突蟾发现于重庆市武隆区白马山自然保护区, 海拔 1 167 ~ 1 681 m, 该蟾多生活在水质清澈, 水流速度较慢的流溪或河岸旁, 或蹲在森林茂盛的山间溪流旁的土地上, 夜间身体颜色和土壤颜色相近。同域分布的两栖动物还有小弧斑姬蛙 (*Microhyla heymonsi*) 及布氏泛树蛙 (*Polypedates braueri*)。

## 3 讨论

由于角蟾科 (Megophryidae) 大多数物种的形态特征类似, 且存在同域分布的物种, 其分类和物种多样性研究受到挑战 (Hou et al. 2018, Wang et al. 2018, Chen et al. 2019)。生

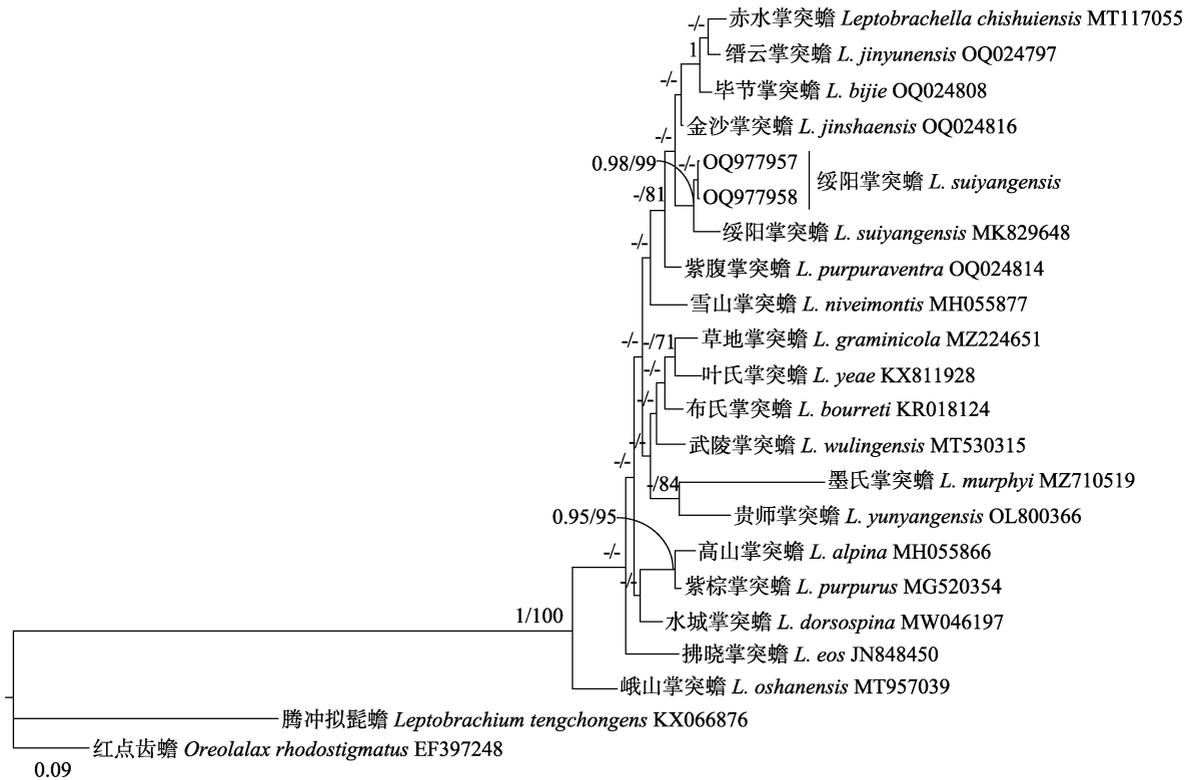


图 3 基于线粒体 16S rRNA 基因的部分序列构建的掌突蟾属贝叶斯树

Fig. 3 Bayesian inference tree of *Leptobrachella* derived from 16S rRNA sequences

各支上斜线前数字表示贝叶斯后验概率 (保留大于 0.95 的值), 斜线后的数字为经过 2 000 次重复的超快速引导最大似然支持值 (保留大于 70 的值), 比例尺表示每个位点的核苷酸替换数为 0.09。

Numbers before slashes indicate Bayesian posterior probabilities (displayed > 0.95), and numbers after slashes are ultrafast bootstrap support for maximum likelihood (2 000 replicates) analyses (displayed > 70). The scale bar represents 0.09 nucleotide substitutions per site.

表 3 基于 16S rRNA 序列的掌突蟾属部分物种间的遗传距离 (%)

Table 3 Genetic distances between some species of *Leptobrachella* based on 16S rRNA sequences

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
1 绥阳掌突蟾 <i>L. suiyangensis</i>																					
2 绥阳掌突蟾 <i>L. suiyangensis</i>	0.0																				
3 绥阳掌突蟾 <i>L. suiyangensis</i>	1.2	1.2																			
4 毕节掌突蟾 <i>L. bijie</i>	3.3	3.3	4.6																		
5 赤水掌突蟾 <i>L. chishuiensis</i>	3.8	3.8	4.6	2.0																	
6 紫腹掌突蟾 <i>L. purpuraventra</i>	2.8	2.8	3.5	3.5	3.0																
7 高山掌突蟾 <i>L. alpina</i>	4.6	4.6	4.3	4.8	4.3	4.3															
8 雪山掌突蟾 <i>L. niveimontis</i>	4.5	4.5	5.3	5.4	5.9	5.3	4.8														
9 草地掌突蟾 <i>L. graminicola</i>	4.0	4.0	4.3	5.4	5.1	3.8	4.3	4.5													
10 布氏掌突蟾 <i>L. bourreti</i>	4.0	4.0	4.3	5.1	4.8	3.3	3.8	4.3	2.2												
11 墨氏掌突蟾 <i>L. murphyi</i>	9.4	9.4	9.7	11.5	11.4	9.4	10.0	10.3	8.9	8.9											
12 拂晓掌突蟾 <i>L. eos</i>	5.1	5.1	5.9	7.0	7.0	5.1	5.4	4.0	4.0	3.8	10.9										
13 紫棕掌突蟾 <i>L. purpurus</i>	4.1	4.1	4.3	5.1	5.4	4.3	1.7	4.5	4.3	3.8	10.0	3.8									
14 金沙掌突蟾 <i>L. jinshaensis</i>	1.5	1.5	2.8	2.2	2.7	2.2	4.3	3.5	3.5	3.3	10.9	4.6	3.8								
15 峨山掌突蟾 <i>L. oshanensis</i>	6.4	6.4	7.2	8.4	7.8	6.1	7.2	5.6	6.4	6.7	9.1	6.7	6.4								
16 水城掌突蟾 <i>L. dorsospina</i>	3.5	3.5	4.3	4.8	5.3	3.3	4.6	4.5	3.0	3.0	10.3	3.8	4.0	3.0	6.4						
17 武陵掌突蟾 <i>L. wulingensis</i>	4.6	4.6	4.8	5.9	5.3	4.3	4.5	5.6	3.0	2.7	9.4	4.3	4.6	4.0	6.9	3.0					
18 叶氏掌突蟾 <i>L. yeei</i>	3.8	3.8	4.5	5.6	5.6	4.5	5.1	5.3	2.7	3.5	10.0	4.8	5.1	3.8	5.6	3.8	3.8				
19 贵师掌突蟾 <i>L. yunyangensis</i>	5.3	5.3	6.1	6.7	6.7	5.6	5.9	4.5	5.6	5.3	8.3	5.9	5.9	5.3	5.8	5.6	6.1	5.6			
20 缙云掌突蟾 <i>L. jinyunensis</i>	3.5	3.5	4.8	2.0	2.2	3.8	5.6	5.1	5.4	5.1	11.8	6.2	5.1	2.5	8.1	5.1	5.6	5.6	7.0		
21 红点齿蟾 <i>Oreolalax rhodostigmatus</i>	24.5	24.5	24.8	23.0	23.3	22.7	22.3	23.3	24.1	23.4	25.8	23.3	22.0	23.3	23.2	23.0	22.4	22.3	23.6	24.1	
22 腾冲拟拟蟾 <i>Leptobrachium tengchongense</i>	27.2	27.2	28.0	26.8	27.6	26.1	26.0	26.7	27.1	27.1	29.1	27.2	26.1	27.2	27.8	26.8	27.9	26.0	27.4	26.9	14.1

1, 2. 重庆武隆的绥阳掌突蟾; 3. 贵州绥阳的绥阳掌突蟾。

1, 2. *L. suiyangensis* from Wulong, Chongqing; 3. *L. suiyangensis* from Suiyang, Guizhou.

物系统学在掌突蟾属的物种界定和分类方面发挥了重要的作用(Lyu et al 2021, Qi et al 2021)。

重庆武隆的绥阳掌突蟾和绥阳掌突蟾模式标本相比, 体型略小(体长 23.0 和 23.4 mm), 小于模式产地标本的最小体长 28.7 mm (标本编号: GZNU20180606007); 生活时背部皮肤棕黄色, 区别于模式标本的紫褐色。相似之处在于, 背部皮肤粗糙; 鼓膜上方的鼓上棱下缘黑色; 眼睛之间有一个深棕色的“Y”形图案, 与腋窝之间的深棕色“W”形斑相连; 外侧腺体明显, 形成一条点状线; 腋上腺、股腺和胸腺明显可见。

基于形态分析和线粒体 16S rRNA 基因的

系统发育分析表明, 重庆武隆发现的掌突蟾物种为绥阳掌突蟾。Kimura 双参数模型比较绥阳掌突蟾重庆武隆种群和模式产地种群的遗传距离为 1.2 %, 表明两地种群存在遗传分化, 低迁移率和有限的基因流动可能是促进种群分化的主要原因(Li et al. 2015)。绥阳掌突蟾目前仅在模式产地贵州省绥阳县有记载(Luo et al. 2020), 贵州绥阳和重庆武隆在动物地理区划上均属于华中区(张荣祖 2011), 绥阳掌突蟾在重庆的发现, 将对该物种地理分布直线距离的认知北移 95 ~ 105 km。绥阳县地处大娄山脉中段, 重庆武隆区白马山自然保护区为大娄山余脉, 同时, 武隆区位于武陵山和大娄山的结合

处, 绥阳掌突蟾是否在武陵山地重庆其他地区有分布, 有待进一步调查考证。

**致谢** 感谢中国科学院成都生物研究所王斌、石胜超在论文撰写过程中提供建设性建议。

## 参 考 文 献

- Chen W C, Liao X W, Zhou S C, et al. 2019. A new species of *Leptobranchella* (Anura: Megophryidae) from southern Guangxi, China. *Zootaxa*, 4563(1): 67–82.
- Cheng Y L, Shi S C, Li J, et al. 2021. A new species of the Asian leaf litter toad genus *Leptobranchella* Smith, 1925 (Anura, Megophryidae) from northwest Guizhou Province, China. *ZooKeys*, 1021: 81–107.
- David P. 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1253–1256.
- Frost D R. 2023. Amphibian Species of the World: An Online Reference. Version 6.1. New York, USA: American Museum of Natural History. [EB/OL]. [2023-03-30]. <https://amphibiansoftheworld.amnh.org/>.
- Hoang D T, Chernomor O, von Haeseler A, et al. 2018. UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular Biology and Evolution*, 35(2): 518–522.
- Hou Y, Zhang M F, Hu F, et al. 2018. A new species of the genus *Leptolalax* (Anura, Megophryidae) from Hunan, China. *Zootaxa*, 4444(3): 247–266.
- Li J, Zhao M, Wei S C, et al. 2015. Geologic events coupled with Pleistocene climatic oscillations drove genetic variation of Omei treefrog (*Rhacophorus omeimontis*) in southern China. *BMC Evolutionary Biology*, 15(1): 1–13.
- Luo T, Wang W F, Peng D, et al. 2022. A new species of the Asian Leaf Litter Toad genus *Leptobranchella* (Amphibia, Anura, Megophryidae) from Chongqing City, Southwest China. *Asian Herpetological Research*, 13(2): 75–95.
- Luo T, Xiao N, Gao K, et al. 2020. A new species of *Leptobranchella* (Anura, Megophryidae) from Guizhou Province, China. *ZooKeys*, 923: 115–140.
- Lyu Z T, Zeng Z C, Wang J, et al. 2021. Four new species of Panophrys (Anura, Megophryidae) from eastern China, with discussion on the recognition of Panophrys as a distinct genus. *Zootaxa*, 4927(1): 9–40.
- Minh B Q, Nguyen M A, von Haeseler A, 2013. Ultrafast approximation for phylogenetic bootstrap. *Molecular Biology and Evolution*, 30(5): 1188–1195.
- Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, et al. 2015. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268–274.
- Qi S, Lyu Z T, Wang J, et al. 2021. Three new species of the genus *Boulenophrys* (Anura, Megophryidae) from southern China. *Zootaxa*, 5072(5): 401–438.
- 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.
- Shi S C, Shen T, Wang X, et al. 2023. Multiple data sources reveal a new Asian Leaf Litter Toad of *Leptobranchella* Smith, 1925 (Anura, Megophryidae) from Southwestern China. *Asian Herpetological Research*, 14(1): 65–94.
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, et al. 1994. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 87(6): 651–701.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12): 2725–2729.
- Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. 1997. The Clustal\_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25(24): 4876–4882.
- Wang J, Yang J H, Li Y, et al. 2018. Morphology and molecular genetics reveal two new *Leptobranchella* species in southern China (Anura, Megophryidae). *ZooKeys*, 776(1): 105–137.
- 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.
- 费梁, 叶昌媛, 江建平. 2012. 中国两栖动物及其分布彩色图鉴. 成都: 四川科学技术出版社, 1–619.
- 沈拓, 李仕泽, 刘京, 等. 2022. 贵州高原 6 种掌突蟾形态特征差异分析. *动物学杂志*, 57(1): 49–68.
- 张荣祖. 2011. 中国动物地理. 北京: 科学出版社, 1–330.
- 中国两栖类. 2023. “中国两栖类”信息系统. 中国, 云南省, 昆明: 中国科学院昆明动物研究所. [EB/OL]. [2023-03-30]. <http://www.amphibiachina.org/>.