

广东省 8 种两栖爬行动物新记录

宋晗铭^① 王昊天^① 林泽花^② 郑寿松^② 周志恩^②
龚粤宁^③ 刘志发^③ 李友余^④ 齐硕^④ 王英永^{①*}

① 中山大学生命科学院/生态学院 广州 510275; ② 广东省连南大鲵省级自然保护区管理处 清远 513300;

③ 广东南岭国家级自然保护区管理局 韶关 512727; ④ 广东云开山国家级自然保护区管理局 信宜 525343

摘要: 2018 至 2023 年, 对广东省一些热点区域开展了比较系统的野外调查, 共采集到 100 余个地点的 1 210 号两栖爬行动物标本。进行形态特征比较和分子鉴定后, 确认 8 个物种系广东省分布新记录种, 分别为吴氏肥螈 (*Pachytriton wuguanfui*, 采集于连南大鲵保护区)、强婚刺铃蟾 (*Bombina fortinuptialis*, 采集于信宜大雾岭)、湘南角蟾 (*Boulenophrys xianganensis*, 采集于连南大鲵保护区)、务川臭蛙 (*Odorrana wuchuanensis*, 采集于阳山江英镇林场)、湘琴蛙 (*Nidirana xianguica*, 采集于连州大东山)、北部湾棱皮树蛙 (*Theلودerma corticale*, 采集于乳源南岭)、南蹠趾壁虎 (*Gekko palmatus*, 采集于肇庆鼎湖山) 和福建钝头蛇 (*Pareas stanleyi*, 采集于乳源南岭)。这些新记录物种的发现, 进一步丰富了广东省的两栖爬行动物多样性, 同时也表明对广东省两栖爬行动物区系的调查和保护工作尚待进一步加强。

关键词: 分类学; 动物区系; 两栖纲; 爬行纲

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2024) 05-658-29

Eight New Records of Amphibians and Reptiles in Guangdong Province, China

SONG Han-Ming^① WANG Hao-Tian^① LIN Ze-Hua^② ZHENG Shou-Song^② ZHOU Zhi-En^②
GONG Yue-Ning^③ LIU Zhi-Fa^③ LI You-Yu^④ QI Shuo^④ WANG Ying-Yong^{①*}

① School of Life Sciences / School of Ecology, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275;

② Administration of Guangdong Liannan Giant Salamander Provincial Natural Reserve, Qingyuan 513300;

③ Administration of Guangdong Nanling National Nature Reserve, Shaoguan 512727;

④ Administration of Guangdong Yunkaishan National Nature Reserve, Xinyi 525343, China

Abstract: [Objectives] Guangdong Province, located in southern China and the subtropical and tropical zone of East Asia, has a highly diverse fauna of amphibians and reptiles, which attracted a number of research efforts consistently. However, some previous studies were imperfect in quality, and an overall and detailed

基金项目 广东省动物志编制项目 (No. Guangdong-202115), 2023 年清远喀斯特山地植物园前期调查和珍稀濒危植物物种调查监测保护 (国家重点野生动植物保护) 项目 (No. HT-99982024-0030), 南岭国家公园脊椎动物补充调查项目 (No. GZQS2023004LYCZ);

* 通讯作者, E-mail: wangyy@mail.sysu.edu.cn;

第一作者介绍 宋晗铭, 男, 博士研究生; 研究方向: 两栖爬行动物学; E-mail: songhm5@mail2.sysu.edu.cn.

收稿日期: 2024-01-11, 修回日期: 2024-03-29 DOI: 10.13859/j.cjz.202424014

report of the herpetofauna in Guangdong is still absent. Therefore, researchers from School of Life Sciences / School of Ecology, Sun Yat-sen University (Code: SYS), conducted a series of field investigations in numerous localities in Guangdong recently, and obtained many amphibian and reptile specimens. Morphological examinations and molecular phylogenetic analyses on these specimens were employed, to determine if there were newly recorded species in Guangdong among them. **[Methods]** From 2018 to 2023, a total of 810 amphibian and 391 reptile specimens from Guangdong were collected and deposited in SYS. Morphological characters of these specimens were examined and measured in digital vernier caliper (Deli DL91200 Stainless Hardened, 0 to 200 mm, being accurate to 0.1 mm) to primarily identify the species, then Bayesian inference trees were constructed using MEGA 11, jModeltest, and MrBayes 3.2.4, and uncorrected *p*-distance were calculated using MEGA 11, based on mitochondrial 16S rRNA, *COI*, *ND2*, and *Cyt b* genes, to confirm the species delimitation. **[Results]** We confirmed eight species as new records of amphibians and reptiles in Guangdong (Fig. 1), including *Pachytriton wuguanfui* (collected in Giant Salamander Provincial Natural Reserve, Liannan, Guangdong), *Bombina fortinuptialis* (collected in Mt. Dawuling, Xinyi, Guangdong), *Boulenophrys xiangnanensis* (collected in Giant Salamander Provincial Natural Reserve, Liannan, Guangdong), *Odorrana wuchuanensis* (collected in Jiangying Town Forest Station, Yangshan, Guangdong), *Nidirana xiangica* (collected in Mt. Dadongshan, Lianzhou, Guangdong), *Theloderma corticale* (collected in Mt. Nanling, Ruyuan, Guangdong), *Gekko palmatus* (collected in Mt. Dinghushan, Zhaoqing, Guangdong), and *Pareas stanleyi* (collected in Mt. Nanling, Ruyuan, Guangdong). Morphological characters of these newly collected specimens in Guangdong were described and measured (Table 1 - 4), and their phylogenetic relationships were also analyzed (Appendix 1 - 16). **[Conclusion]** The amphibian and reptile fauna of Guangdong was preliminarily made clear, but due to the imbalanced and inadequate herpetological research in Guangdong previously, especially in western, northwestern, and northeastern regions, the diversity of amphibians and reptiles in this province is still underestimated. In summary, the herpetofauna of Guangdong needs further investigations and conservations in the future.

Key words: Taxonomy; Fauna; Amphibia; Reptilia

广东省位于我国大陆最南端，北回归线沿封开-从化-南澳一线贯穿全省。全省地跨热带、南亚热带和中亚热带气候带（张宏达 1964，谭瑞伟等 1986，朱华 2018），属东亚季风气候，降水丰沛，雨热同期；省内地形多样，有南岭、莲花山脉、云开山脉等主要山脉和珠江、韩江等大型河流。广东省的自然地理特征十分有利于生物多样性的形成和维持，孕育了极其丰富的两栖爬行动物类群（黎振昌等 2011，张荣祖 2011）。

广东省是中国两栖爬行动物研究肇始之地，1765 年林奈的学生 P. Osbeck 基于采自广州市黄埔古港的标本命名和描述了虎纹蛙

[*Hoplobatrachus chinensis* (Osbeck, 1765)]，这是以采集于中国的标本为模式标本命名的第一个两栖动物物种，至今已近 260 年。一直以来，广东省的两栖爬行动物多样性调查多集中于广东省中部和北部，即珠江三角洲至粤北南岭山地的一些热点区域，而作为广东省两翼的粤东地区和粤西地区的调查一直偏少，调查的覆盖度严重偏低。2010 年以来，以采集于广东的标本命名发表的两栖爬行动物新种达 49 种，省级新记录种逾 10 种（Wang et al. 2010，杨剑焕等 2011，Wang et al. 2014，Zhu et al. 2014，Wang et al. 2017a, b, 2019a, b，龚世平等 2020，Qi et al. 2020a, b, Lin et al. 2022a，谢首冕等

2022, Yeung et al. 2022, Zhu et al. 2022, 水坤春等 2023, Song et al. 2023, Wang et al. 2024, 中国两栖类 2024), 表明了广东省两栖爬行动物多样性本底仍被严重低估, 全省两栖爬行动物调查仍有较大空缺。

为进一步厘清广东省两栖爬行动物的多样性及其分布格局, 并完成好《广东动物志》的编制工作, 2018 至 2023 年, 中山大学生命科学学院和生态学院的研究人员在广东省多地开展了两栖爬行动物快速补充调查。通过对调查采集的标本进行研究鉴定, 共确认 8 个物种系广东省的新分布记录, 现分别报道如下。

1 材料与方法

1.1 实验材料

在野外采集动物活体并详细拍照后麻醉处死, 剪取部分肌肉或肝组织作为分子实验样品, 保存于 $-40\text{ }^{\circ}\text{C}$, 标本整姿后以 4% 甲醛固定 12 h, 最后转入 75% 乙醇长期保存。本研究新采集的所有标本均保存于中山大学 (Sun Yat-sen University, 馆代码: SYS)。

1.2 形态特征的比较与测量

两栖动物的形态描述和量度基本参考费梁等 (2005), 蛙类蹼式的书写规则依据 Savage 等 (1997), 蝌蚪分期参考 Gosner (1960); 爬行动物的形态描述和量度基本参考赵尔宓等 (1998, 1999) 和赵尔宓 (2006)。形态测量使用电子游标卡尺 (得力 DL91200 Stainless Hardened 电子卡尺, 量程 $0\sim 200\text{ mm}$, 精确度 0.1 mm)。

1.3 分子系统发育关系分析

使用天根生化科技 (北京) 有限公司的 TIANamp Genomic DNA Kit 试剂盒提取组织样品的总 DNA 后, 利用 PCR 扩增下列 4 个线粒体基因片段: 核糖体大亚基 RNA 基因 (ribosomal large subunit RNA gene, 16S rRNA)、细胞色素 C 氧化酶亚基 I 基因 (cytochrome C oxidase subunit 1 gene, COI)、NADH 脱氢酶亚基 2 基因 (NADH dehydrogenase subunit 2 gene,

ND2) 和细胞色素 *b* 基因 (cytochrome *b* gene, Cyt *b*)。16S rRNA 和 COI 的引物、反应体系和条件参考 Song 等 (2023), ND2 的引物、反应体系和条件参考 Wang 等 (2024), Cyt *b* 的引物、反应体系和条件参考 Lyu 等 (2021a)。PCR 产物由武汉天一辉远生物科技有限公司测序。

从 GenBank 下载相关序列, 与本研究新测得的序列一同进行分子系统发育分析。将各属的序列分别用 MEGA 11 软件对齐、修整、拼接成超矩阵后, 用 jModeltest 软件选择最适核苷酸替代模型, 为 GTR + I + G, 然后用 MrBayes 软件构建贝叶斯 (Bayesian inference) 树, 并用 MEGA 11 软件计算基于各基因的遗传距离 (未校正的 *p* 距离)。处理序列和建树的参数参考 Song 等 (2023)。

2 结果

2.1 吴氏肥螈 *Pachytriton wuguanfui* Yuan, Zhang, and Che, 2016

凭证标本 SYS a009147 ~ SYS a009151, 1 雄、1 雌及 3 亚成体。采集地: 广东省连南瑶族自治县大峒省级自然保护区 ($24^{\circ}24'29''\text{ N}$, $112^{\circ}10'47''\text{ E}$, 海拔 $1\ 200\text{ m}$), 采集日期: 2023 年 8 月 17 日, 采集人: 齐硕、王昊天、郑寿松、唐慧城和王英永。

鉴别特征 (1) 背部通体棕黑色, 无黄色或黑色斑点; (2) 指、趾背面橘黄色; (3) 肋沟不显著; (4) “ \wedge ”形犁骨齿分开较大。

标本形态描述 体型肥壮, 雄螈全长 130.9 mm , 雌螈全长 137.8 mm , 其他量度见表 1。头扁平, 头长大于头宽; 吻端截平, 鼻孔小, 极近吻端; 眼小, 背视不甚明显; 口角具发达上唇褶, 耳后腺明显突出; 枕部棱脊呈“V”形, 略突出; 犁骨齿“ \wedge ”形, 后端分开较大; 皮肤光滑, 背脊正中部位不隆起而略成浅纵沟, 肋沟细而不明显; 四肢较短, 前肢略短于后肢, 前后肢贴体相对时, 指与趾端不相遇; 指趾无蹼, 均具缘膜; 指序: $\text{I} < \text{IV} < \text{II} < \text{III}$, 趾序: $\text{I} < \text{V} < \text{II} < \text{IV} < \text{III}$;

表 1 吴氏肥螈形态量度

Table 1 Measurements of *Pachytriton wuguanfui*

	标本号 Voucher number				
	SYS a009147	SYS a009148	SYS a009149	SYS a009150	SYS a009151
性别 Sex	亚成体 Subadult	亚成体 Subadult	♂	♀	亚成体 Subadult
全长 Total length (mm)	97.3	117.8	130.9	137.8	114.7
体长 Snout-vent length (mm)	53.6	63.4	69.6	71.3	60.5
头长 Head length (mm)	15.2	18.0	18.9	19.9	17.7
头宽 Head width (mm)	11.2	13.4	14.7	14.1	11.8
吻长 Snout length (mm)	5.1	4.9	6.4	5.7	5.2
鼻间距 Internasal distance (mm)	3.3	3.9	4.3	4.3	3.5
眼间距 Interorbital distance (mm)	4.1	4.4	5.4	5.3	4.5
眼径 Eye diameter (mm)	1.9	2.4	2.2	2.3	2.1
腋胯距 Distance between axilla and groin (mm)	25.5	30.1	35.0	35.2	28.3
尾长 Tail length (mm)	43.7	53.8	61.3	66.5	54.1
尾高 Tail height (mm)	5.7	6.8	9.4	9.8	7.1
前肢长 Forelimb length (mm)	12.6	13.2	13.3	14.5	12.8
后肢长 Hindlimb length (mm)	14.1	14.1	14.4	16.1	13.8

尾长, 前端粗圆, 后端侧扁, 末端钝圆; 尾背鳍褶贯穿全尾; 雄螈肛部显著隆起, 肛孔纵长。生活时 (图 1a) 通体棕黑色无斑 (SYS a009150 ♀, 背部有少量橘黄色斑点), 指、趾背面橘黄色; 颌部、腹部颜色较浅, 具橘黄色、不规则斑块, 泄殖腔及尾腹面橘黄色。

分子系统发育关系 基于 *ND2* 和 *Cyt b* 基因序列构建的肥螈属的贝叶斯树 (附录 1, 2) 显示, 广东连南的肥螈标本与湖南和广西的吴氏肥螈标本以高支持率 (贝叶斯后验概率为 1.00) 聚为一支。基于 *ND2* 序列, 广东连南的肥螈标本与吴氏肥螈地模标本间的遗传距离为 3.11% ~ 3.50%, 与肥螈属内其他物种间的遗传距离为 6.38% ~ 15.69%; 基于 *Cyt b* 序列, 广东连南的肥螈标本与吴氏肥螈地模标本间的遗传距离均为 1.43%, 与肥螈属内其他物种间的遗传距离为 5.14% ~ 9.47%。

生境描述 栖息于海拔 1 200 m 周围是常绿阔叶林的山溪中, 小溪坡度陡峭, 散布碎石, 水流湍急。该种白天躲于石缝中, 夜间活动。

地理分布 中国特有种, 分布于广西贺州姑婆山、湖南道县茶花坪 (Yuan et al. 2016) 和

广东连南大陂自然保护区。

2.2 强婚刺铃蟾 *Bombina fortinuptialis* Hu and Wu, 1978

凭证标本 SYS a007408, 1 雄。采集地: 广东省信宜市大雾岭 (22°17'20" N, 111°13'07" E, 海拔 1 500 m), 采集日期: 2018 年 8 月 21 日, 采集人: 吕植桐、王健、曾昭弛和陈鸿辉。

鉴别特征 (1) 体型较大; (2) 内掌突发达, 大而突出; (3) 趾间微蹼; (4) 背面散布大小不一的瘰粒和疣粒, 但四肢背面无大瘰粒; (5) 腹面橘红色斑块大而稀少; (6) 成年雄性前肢内侧、内掌突和内侧 3 指具大而稀疏的婚刺, 胸部具分散的由疣粒和小刺组成的刺团。

标本形态描述 雄性, 体型较大, 体长 52.7 mm, 其他量度数据见表 2。头长小于头宽, 松果体不可见; 吻略超出下唇; 吻棱、颌棱不明显, 颊部平坦; 瞳孔近圆形; 无鼓膜; 无颞褶; 鼻间距约等于眼间距; 具内鼻孔、犁骨齿; 舌游离端无缺刻。前肢短粗; 指序: I < II < IV < III; 无指吸盘; 指间具蹼迹, 各指均具



图 1 广东省 8 个两栖爬行动物新记录种

Fig. 1 Eight new records of amphibians and reptiles in Guangdong, China

a. 吴氏肥螈 (SYS a009150, ♀); b. 强婚刺铃蟾 (SYS a007408, ♂); c. 湘南角蟾 (SYS a009158, ♂); d. 务川臭蛙 (SYS a009109, ♂); e. 湘琴蛙 (SYS a009069, ♂); f. 北部湾棱皮树蛙 (SYS a009112, ♂); g. 南蹼趾壁虎 (SYS r002804, ♂); h. 福建钝头蛇 (SYS r002828, ♂)。

a. *Pachytriton wuguanfui* (SYS a009150, ♀); b. *Bombina fortinuptialis* (SYS a007408, ♂); c. *Boulenophrys xiangananensis* (SYS a009158, ♂); d. *Odorrana wuchuanensis* (SYS a009109, ♂); e. *Nidirana xiangica* (SYS a009069, ♂); f. *Theloderma corticale* (SYS a009112, ♂); g. *Gekko palmatus* (SYS r002804, ♂); h. *Pareas stanleyi* (SYS r002828, ♂)。

表 2 广东省无尾目两栖动物新记录种量度

Table 2 Measurements of new records of Anura in Guangdong, China

	物种 Species							
	强婚刺铃蟾 <i>Bombina fortinuptialis</i>	湘南角蟾 <i>Boulenophrys xiangnanensis</i>	务川臭蛙 <i>Odorrana wuchuanensis</i>			湘琴蛙 <i>Nidirana xiangica</i>		北部湾棱皮树蛙 <i>Theلودerma corticale</i>
标本号 Voucher number	SYS a007408	SYS a009158	SYS a009109	SYS a009110	SYS a009111	SYS a009069	SYS a009077	SYS a009112
性别 Sex	♂	♂	♂	♀	亚成体 Subadult	♂	♂	♂
体长 Snout-vent length (mm)	52.7	40.9	64.7	85.3	42.8	50.7	50.1	67.9
头长 Head length (mm)	17.9	14.6	26.2	30.9	17.1	20.0	20.3	29.7
头宽 Head width (mm)	20.0	14.2	21.7	27.2	13.7	17.9	16.9	26.1
吻长 Snout length (mm)	8.0	4.6	11.8	13.3	7.8	8.1	8.3	11.3
鼻间距 Internasal distance (mm)	3.5	4.2	7.4	9.0	4.9	5.8	5.6	5.2
眼间距 Interorbital distance (mm)	3.5	3.7	5.8	7.5	4.3	5.0	4.8	7.7
眼径 Eye diameter (mm)	4.7	5.1	8.0	9.6	5.5	6.5	5.9	6.0
鼓膜径 Tympanum diameter (mm)	—	2.6	5.8	6.5	3.5	6.2	4.6	5.7
手长 Hand length (mm)	12.6	10.5	19.8	23.8	11.7	13.9	14.0	19.8
前臂长 Radioulna length (mm)	11.9	8.3	14.8	16.1	9.0	9.8	10.1	14.1
跗足长 Tarsus and foot length (mm)	27.7	28.8	49.7	62.1	31.8	41.4	40.4	45.5
胫长 Tibia length (mm)	21.0	20.2	36.0	42.4	23.9	28.2	27.7	33.0

— 鼓膜不显。— Tympanum invisible.

缘膜；第III、IV指具不明显的指关节下瘤；无指基下瘤；内掌突大而突出，外掌突不明显；前肢内侧、内掌突和内侧3指具大而稀疏的锥状婚刺。后肢较短，胫跗关节刚过肩部，左右跟部相距较远；趾序：I < II < V < III < IV；无趾吸盘；趾间微蹼，各趾均具缘膜；第III、IV趾具不明显的趾关节下瘤；内蹼突小而圆，无外蹼突和跖褶。背部皮肤非常粗糙，包括四肢在内的通体背面散布大小不一的瘰粒和疣粒；眼后各具一个似耳后腺的大瘰粒；无背侧褶；肋部相对光滑。咽胸部具分散的由疣粒和小刺组成的刺团；腹面其余部分的皮肤相对光滑，具少数疣粒。生活时（图 1b）头体背面和肋部褐色，大瘰粒附近具不规则的黑色斑点；虹膜褐色；唇缘具黑色纵纹。四肢背面与体背同色，均具黑色横纹；婚刺黑色。腹面深褐色；下颌具不规则的黑色斑纹；咽胸部刺团和腹面疣粒色浅，刺团上的小刺黑色；四肢腹面具几块醒目的橘红色大斑。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 和 COI 基因序列构建的铃蟾属的贝叶斯树（附录 3, 4）显示，广东信宜的铃蟾标本与模式产地广西金秀的强婚刺铃蟾标本以高支持率（贝叶斯后验概率为 1.00）聚为一支，并与利川铃蟾（*B. lichuanensis*）、微蹼铃蟾（*B. microdeladigitora*）关系较近。基于 16S rRNA 基因序列，广东信宜的铃蟾标本与强婚刺铃蟾地模标本间的遗传距离为 0.20%，与铃蟾属内其他物种间的遗传距离为 0.89%~7.14%；基于 COI 序列，广东信宜的铃蟾标本与强婚刺铃蟾地模标本间的遗传距离均为 1.37%，与铃蟾属内其他物种间的遗传距离为 3.12%~20.59%。

生境描述 海拔 1 000 m 以上的山区林间。成体以陆栖为主，繁殖时可进入静水水域。

地理分布 中国特有种，分布于广西东北部和广东西部。

讨论 强婚刺铃蟾此前仅记录于广西东部（费梁等 2009，莫运明等 2014），我们基于

形态和分子证据, 确认了采自广东信宜大雾岭的铃蟾标本也属于强婚刺铃蟾, 系该种最南端的分布记录。大雾岭位于广东省西部, 与此前记录有强婚刺铃蟾的广西大瑶山等地有一定距离, 暗示强婚刺铃蟾在两广交界地区可能仍有其他分布点, 未来应加大对这一区域的调查研究。

强婚刺铃蟾的分类地位存在争议。基于形态相似性, 刘万兆等 (1994) 认为强婚刺铃蟾应为微蹼铃蟾的亚种, 而费梁等 (2009) 不同意这一观点, 仍承认强婚刺铃蟾的种级地位; 分子系统发育结果则显示, 强婚刺铃蟾、微蹼铃蟾和利川铃蟾间的系统位置尚不明确 (Yu et al. 2007, Zheng et al. 2009, Pyron et al. 2011, Pabijan et al. 2013)。鉴于强婚刺铃蟾与微蹼铃蟾在繁殖形态上存在明显差异, 且具不同的地理分布模式 (费梁等 2009), 我们暂时认可强婚刺铃蟾为有效物种, 其与微蹼铃蟾间的遗传分化和在铃蟾属内的系统位置都有待将来的研究进一步阐明。

2.3 湘南角蟾 *Boulenophrys xiangnanensis* (Lyu, Zeng, and Wang, 2020)

凭证标本 SYS a009158、SYS a009164、SYS a009165, 1 雄及 2 蝌蚪。采集地: 广东省连南瑶族自治县大峒省级自然保护区 (24°24'29" N, 112°10'47" E, 海拔 1 200 m), 采集日期: 2023 年 8 月 17 日, 采集人: 齐硕、王昊天、郑寿松、唐慧城和王英永。

鉴别特征 (1) 雄性体长 33.3 ~ 42.1 mm, 雌性体长 44.4 mm; (2) 舌后端无缺刻; (3) 犁骨棱弱, 不具犁骨齿; (4) 上眼睑外缘具小的角状疣粒, 颞褶细而明显, 向后腹部弯曲至肩上; (5) 后肢细长, 后肢垂直于体轴时跟部恰相遇, 后肢贴体前伸时胫跗关节达鼓眼之间; (6) 趾基部具不发达的蹼, 趾侧缘膜较宽; (7) 背面皮肤黄褐色, 眼间具深色三角形斑, 背中央具镶浅色边缘的深色“X”形斑, 四肢背面具深褐色横斑, 喉部和前胸灰色偏红, 腹部具大的白色和猩红色斑点, 腹侧具 2 条平行

的黑色带纹; (8) 成年雄性具咽侧下声囊, 不具婚垫和婚刺。

标本形态描述 体型中等, 成年雄性体长 40.9 mm, 其他量度数据见表 2。头长大于头宽, 松果体不可见; 吻端钝圆, 吻棱明显; 颊部平坦; 瞳孔菱形; 眼间距小于鼻间距; 鼓膜明显, 鼓膜径约为眼径的一半; 犁骨棱弱, 无犁骨齿; 舌游离端无缺刻。前肢短; 指序: $I < II < IV < III$; 无指吸盘; 指间无蹼, 第 II、III、IV 指内外侧具缘膜; 指关节下瘤明显; 内掌突大, 椭圆形, 外掌突小, 圆形。后肢较长, 胫跗关节达眼, 左右跟部刚相遇; 趾序: $I < II < V < III < IV$; 无趾吸盘; 趾间仅蹼迹; 具不明显的趾关节下瘤; 内蹼突椭圆形, 无外蹼突; 无跗褶。背部皮肤相对光滑; 头体、四肢背面偶具小而突起的疣粒; 上眼睑具微小的附属物; 颞褶细而明显; 背侧各具一条断续的皮肤棱。腹面光滑, 略具小疣。生活时 (图 1c) 背面黄褐色, 头背具深色三角斑, 体背具镶浅色边的“X”形深色斑, 四肢背面具深色横纹; 腹面褐色, 咽胸部具深色大斑块, 腹部中央具白色不规则花纹, 腹侧具 2 条平行的黑色带纹, 股腹面猩红色。

蝌蚪: 25 期 (SYS a009164) 和 27 期 (SYS a009165) 蝌蚪体长分别为 8.4 和 8.5 mm, 尾长分别为 20.4 mm 和 18.1 mm (尾尖损毁)。体长卵圆形; 口位于头前方端部, 漏斗状唇宽大, 唇内壁有细小而密集的棒状唇突; 眼大, 位于头两侧; 出水孔小, 位于体左侧; 肛管孔位于下尾鳍基部的中央。尾肌发达; 上、下尾鳍在尾前端低厚, 在尾中部达到最高, 向尾末端逐渐变窄; 尾末端尖。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 和 COI 基因序列构建的布角蟾属的贝叶斯树 (附录 5, 6) 显示, 广东连南的布角蟾标本与湖南和广西的湘南角蟾标本聚为一支, 并与英德角蟾 (*B. yingdeensis*) 关系最近。基于 16S rRNA 基因序列, 广东连南的布角蟾标本与湘南角蟾地模标本间的遗传距离均为 0.27%, 与布角蟾

属内其他物种间的遗传距离为 1.37%~6.03%；基于 *COI* 序列，广东连南的布角蟾标本与湘南角蟾地模标本间的遗传距离均为 2.90%，与布角蟾属内其他物种间的遗传距离为 3.80%~15.58%。

生境描述 海拔 900~1 400 m 湿润的亚热带常绿阔叶林，常见于缓流的山溪附近。

地理分布 中国特有种，分布于湖南西南部、广西东北部和广东西北部。

2.4 务川臭蛙 *Odorrana wuchuanensis* (Xu, 1983)

凭证标本 SYS a009109~SYS a009111, 1 雄、1 雌及 1 亚成体。采集地：广东省阳山县江英镇林场 (24°35'06" N, 112°53'07" E, 海拔 580 m)，采集人：齐硕和王昊天。

鉴别特征 (1) 体型大；(2) 无背侧褶；(3) 背部后侧、背侧、腹侧、颞部、颊部、颌关节、上下唇、上眼睑以及四肢背面均具白色锥状角质刺；(4) 背面及侧面上半部分呈绿色，具形状不规则的深褐色斑块，侧面下半部分黄色，腹面污白色，具大量深褐色斑块，或交织成网状斑纹；(5) 雄性无声囊；(6) 雄性繁殖期第 I 指基部具婚垫，婚垫上着生灰色颗粒状婚刺。

标本形态描述 体型大，成年雄性体长 64.7 mm，成年雌性体长 85.3 mm，其他量度数据见表 2。头长大于头宽，松果体可见；吻端钝圆，突出于下唇；吻棱、颌棱明显；颊部凹陷；瞳孔椭圆形，横置；眼间距小于鼻间距；鼓膜大而清晰，鼓膜径约为眼径的 $\frac{2}{3}$ ；颞褶不明显；具犁骨棱和犁骨齿；舌游离端具缺刻。前肢较粗壮；指序：I < II < IV < III；具指吸盘；指间无蹼，第 II、III、IV 指内外侧具缘膜；具指关节下瘤，各指数量分别为 1、1、2、2；第 II、III、IV 指基部具指基下瘤；内掌突长椭圆形，外掌突 2 个，椭圆形，靠内侧者显著大于外侧者。后肢相对粗壮，胫跗关节达吻端，左右跟部重叠；趾序：I < II < III < V < IV；具趾吸盘；趾间全蹼；趾关节下瘤

显著，数量分别为 1、1、2、3、2；内趾突椭圆形，外趾突不显著；无跖褶。背部皮肤光滑；背部后侧、背侧、腹侧、颞部、颊部、颌关节、上下唇、上眼睑以及四肢背面具小疣粒，疣粒顶端均具白色锥状角质刺；无背侧褶；头体腹面光滑。生活时 (图 1d) 头体背面及体侧面上半部分呈绿色，具形状不规则的深褐色斑块，斑块内部杂以细小红褐色及黄色碎斑，体侧面下半部分黄色；体表角质刺白色或黄色；四肢背面绿色，具深褐色横纹，横纹内部杂以细小红褐色及黄色碎斑；唇部黄色，上下唇缘具深色纵斑；鼓膜深褐色；腹面污白色，具大量深褐色斑块，或交织成网状斑纹；虹膜金黄色，具深褐色网纹。第二性征：雌性体型大于雄性，体侧略粗糙，具扁平大疣；雄性无声囊，繁殖期第 I 指基部具婚垫，婚垫上着生灰色颗粒状婚刺。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 基因序列构建的臭蛙属的贝叶斯树 (附录 7, 8) 显示，广东阳山的臭蛙标本与贵州务川、湖北建始和重庆彭水的务川臭蛙标本以高支持率 (贝叶斯后验概率为 1.00) 聚为一支，并与穆氏臭蛙 (*O. mutschmanni*) 互为姐妹群关系。基于 16S rRNA 基因序列，广东阳山的臭蛙标本与务川臭蛙地模标本间的遗传距离均为 0.00%，与臭蛙属内其他物种间的遗传距离为 2.92%~7.02%。

生境描述 海拔 625~1 000 m 的溶洞或其他石灰岩岩体。标本采集于一处多孔洞的石灰岩岩体，洞口直径约 15 cm。

地理分布 中国特有种，分布于贵州、重庆、湖北、广西和广东。

讨论 务川臭蛙专一性地栖息于喀斯特生境中 (Huang et al. 2019)。该种最早发现于贵州务川，近年来在湖北、广西、重庆等地不断有其新记录被报道 (伍律等 1983, 刘健昕等 2009, 刘祖尧等 2014, 费梁 2020, 马琦等 2023)，证明我国南方面积广阔、发育良好的喀斯特地貌为该种的生存、繁衍和扩散提供了绝

佳的条件。但另一方面,这种高度的环境依赖性也使得务川臭蛙极易受栖息地丧失的威胁,需要特别的保护关注,目前其已被列为国家二级重点保护野生动物。本研究在广东北部的喀斯特地区首次记录到了务川臭蛙的分布,将其分布范围向南和向东分别扩展了近 100 km 和 300 km,暗示贵湘粤桂四省、自治区交界处可能仍存在尚未被发现的务川臭蛙种群,它们的受胁状况和保护方案亟待以后的研究进一步评估。

通过检视务川臭蛙的标本,我们注意到广东阳山标本与地模标本间存在一定的形态差异,主要在于前者体背的深褐色斑块数量更多、面积更大。未来的研究需关注不同种群间形态差异的形成原因及生物学意义。

2.5 湘琴蛙 *Nidirana xiangica* Lyu and Wang, 2020

凭证标本 SYS a009069、SYS a009077, 2 雄。采集地:广东省连州市大东山(24°57'17" N, 112°42'37" E, 海拔 660 m), 采集时间:2023 年 4 月 18 日, 采集人:齐硕和朱永亨。

鉴别特征 (1) 各指、趾末端均具腹侧沟; (2) 指序 II < I < IV < III; (3) 趾间 $\frac{1}{3}$ 蹼, 蹼式: I $\frac{1}{2}$ - 1 II 0 + - 1 $\frac{1}{2}$ III 1 - 2 - IV 1 $\frac{1}{2}$ - 0 + V; (4) 雄性体背皮肤粗糙, 具密集疣粒, 体背、背侧褶、体侧、四肢背面、颊部和包括鼓膜在内的颞部具白色角质细刺; (5) 雄性具一对咽侧下声囊; (6) 繁殖期雄性第 I 指基部具单一婚垫, 其上着生细密的颗粒状婚刺; (7) 繁殖期雄性不具筑巢行为。

标本形态描述 体型较大, 成年雄性体长 50.1 和 50.7 mm, 其他量度数据见表 2。头顶平坦, 头长大于头宽, 松果体可见; 吻端突出于下唇; 吻棱、颌棱明显, 颊部略凹陷; 颌腺显著; 眼中等大小, 瞳孔椭圆形; 鼓膜大而清晰; 无颞褶; 眼间距小于鼻间距; 具犁骨棱和犁骨齿; 舌游离端具缺刻; 具一对咽侧下声囊。前肢较粗壮; 指序: II < I < IV < III; 具指吸盘, 各指均具腹侧沟; 指间无蹼, 各指均

具缘膜; 指关节下瘤显著, 数量分别为 1、1、2、2; 各指基部均具指基下瘤; 掌突 3 个, 显著; 第 I 指基部具婚垫, 着生细密的颗粒状婚刺。后肢相对粗壮, 胫跗关节达鼻孔至吻端之间, 左右跟部重叠; 趾序: I < II < III < V < IV; 趾吸盘长而尖, 各趾均具腹侧沟; 趾间 $\frac{1}{3}$ 蹼, 蹼式: I $\frac{1}{2}$ - 1 II 0 + - 1 $\frac{1}{2}$ III 1 - 2 - IV 1 $\frac{1}{2}$ - 0 + V; 各趾均具缘膜; 趾关节下瘤显著, 数量分别为 1、1、2、3、2; 内蹼突椭圆形, 外蹼突圆; 有跗褶。背部皮肤相对粗糙; 后背部及后肢密被锥状角质刺, 头部及体背具稀疏的角质刺; 背侧褶末端断续, 具稀疏角质刺; 体侧较粗糙, 具小疣及稀疏角质刺, 部分成年雄性前肢后方具一大而平滑、浅褐色的肩腺。头体腹面光滑; 腿后侧及肛周围具多数小疣。生活时(图 1e)背部棕色, 具断续的黄色背中线; 体表角质刺白色; 体侧上部灰褐色, 下部浅黄色, 具少数黑色圆斑。前肢浅褐色, 具黑色斑纹; 后肢深褐色, 具黑色横纹。颊部及颞部深褐色至黑色, 鼓膜浅褐色; 虹膜上 $\frac{1}{3}$ 浅褐色、下 $\frac{1}{3}$ 红棕色。体腹面乳白色, 咽部浅褐色。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 和 COI 基因序列构建的琴蛙属的贝叶斯树(附录 9, 10)显示, 广东连州的琴蛙标本与湖南、广西和江西的湘琴蛙标本以高支持率(贝叶斯后验概率为 1.00)聚为一支, 并与桂北琴蛙(*N. guibeiensis*)和雷山琴蛙(*N. leishanensis*)关系最近。基于 16S rRNA 基因序列, 广东连州的琴蛙标本与湘琴蛙地模标本间的遗传距离均为 0.19%, 与琴蛙属内其他物种间的遗传距离为 1.34% ~ 6.11%; 基于 COI 序列, 广东连州的琴蛙标本与湘琴蛙地模标本间的遗传距离均为 0.36%, 与琴蛙属内其他物种间的遗传距离为 2.67% ~ 14.23%。

生境描述 海拔 800 ~ 1 200 m 丘陵山区的天然或人工湖泊、水塘、水稻田等静水水域。

地理分布 中国特有种, 分布于江西西部、湖南东部和南部、广东北部和广西东北部。

2.6 北部湾棱皮树蛙 *Theloderma corticale* (Boulenger, 1903)

凭证标本 SYS a009112, 1 雄。采集地：广东省乳源瑶族自治县南岭 (24°50'55" N, 112°57'07" E, 海拔 1 070 m), 采集时间：2022 年 9 月 3 日, 采集人：张韬。

鉴别特征 (1) 体型大, 体长 48~75 mm; (2) 全身背面满布明显隆起的大小疣粒; (3) 前臂、跖、蹠外侧至指、趾端有向外突出的锯齿状疣; (4) 指、趾吸盘背面绿色至黄绿色; (5) 生活时背面鲜绿色和深绿色, 有的疣粒为深橘红色, 整个腹面有深浅相间的细云斑。

标本形态描述 雄性, 体型大, 体长 67.9 mm, 其他量度数据见表 2。头长大于头宽, 松果体不可见; 吻上方有两个突出的大疣; 具吻棱、颌棱, 颊部向外侧倾斜; 眼中等大小, 瞳孔近圆形; 鼓膜大而明显; 颞褶不显; 鼻间距小于眼间距; 具内鼻孔和犁骨齿; 舌游离端具缺刻。前肢较长; 指序: I < II < IV < III; 指吸盘宽大; 指间具蹼迹, 各指均具缘膜; 指关节下瘤明显, 数量分别为 1、1、2、2; 各指均具指基下瘤; 内、外掌突均明显; 第 I 指内侧具婚垫, 无婚刺。后肢细长, 胫跗关节达眼, 左右跟部重叠; 趾序: I < II < III < V < IV; 趾吸盘宽大; 趾间 $\frac{1}{2}$ 蹼, 蹼式: I 0 - $\frac{1}{2}$ II 0 - 1 - III 0 - 1 + IV 1 - 0 V; I、V 趾外侧具缘膜; 趾关节下瘤近圆形, 显著, 数量分别为 1、1、2、3、2; 内蹠突大, 外蹠突不显; 无跖褶。头体、四肢背面皮肤极粗糙, 满布大小不一的疣粒, 大疣粒多左右对称排列; 无背侧褶; 肋部均为小疣粒和痣粒。整个腹面较为粗糙, 满布疣粒和痣粒; 前肢和跖部外侧腹面具少数大疣。生活时 (图 1f) 头体背面鲜绿色, 具不规则的浅绿色斑纹, 疣粒多为红褐色; 虹膜黄绿色, 具密集黑色细纹; 肋部浅黄绿色, 夹杂深色斑纹。四肢背面色斑同体背。整个腹面为乳白色至浅黄色与深褐色交织成的细云斑。婚垫浅粉色至灰色。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 基因

序列构建的棱皮树蛙属的贝叶斯树 (附录 11, 12) 显示, 广东乳源的棱皮树蛙标本与越南、中国广西金秀和海南白沙的北部湾棱皮树蛙标本以高支持率 (贝叶斯后验概率为 1.00) 聚为一支, 并与双色棱皮树蛙 (*T. bicolor*) 和河江棱皮树蛙 (*T. khoii*) 关系最近。基于 16S rRNA 基因序列, 广东乳源的棱皮树蛙标本与其他北部湾棱皮树蛙标本间的遗传距离为 0.00%~1.09%, 与棱皮树蛙属内其他物种间的遗传距离为 3.28%~13.66%。

生境描述 海拔 1 350 m 的山区中林木繁茂、阴暗潮湿处, 白天隐匿在常年有积水的落叶层下。

地理分布 国内分布于广西、广东、海南, 国外分布于越南和老挝。

2.7 南蹠趾壁虎 *Gekko palmatus* Boulenger, 1907

凭证标本 SYS r002797、SYS r002804, 1 雄及 1 雌。采集地：广东省肇庆市鼎湖山 (23°10'34" N, 112°32'18" E, 海拔 199 m), 采集时间：2023 年 7 月 15 日, 采集人：宋晗铭、徐廷程、黄名海和朱永亨。

鉴别特征 (1) 体型较大; (2) 吻鳞接鼻孔; (3) 鼻间鳞 0~2 枚, 若存在鼻间鳞则明显小于上鼻鳞; (3) 体背有疣鳞; (4) 环体一周鳞 132~149 列; (5) 雄性肛前孔 24~27 个。

标本形态描述 雌性头体长 73.3 mm, 雄性头体长 64.8 mm, 其他量度数据见表 3。头扁平, 头长大于头宽; 吻鳞长方形, 无缺刻; 吻鳞接鼻孔, 鼻孔由吻鳞、第一上唇鳞、上鼻鳞和 2 枚后鼻鳞围成; 鼻间鳞 1 枚, 明显小于上鼻鳞; 眶间鳞 29 或 30; 颞鳞近三角形, 后颞鳞两枚, 几乎等大; 上唇鳞 13 枚, 下唇鳞 10 枚。体背被光滑粒鳞, 吻背稍大; 自枕部至尾部背面粒鳞间散有扁圆形疣鳞, 体中部疣鳞约 9 或 10 列; 体腹面鳞片覆瓦状, 腹鳞 43 和 44; 环体一周鳞 130 和 134 枚; 四肢背面被粒鳞; 指、趾间具蹼, 蹼可达指、趾的 $\frac{1}{2}$; 指、趾下攀瓣不对分, 第 I 指下瓣 10 和 12, 第 IV

表 3 南蹠趾壁虎形态量度和鳞被

Table 3 Measurements and scalations of *Gekko palmatus*

	物种 Species	
	南蹠趾壁虎 <i>Gekko palmatus</i>	
标本号 Voucher number	SYS r002797	SYS r002804
性别 Sex	♀	♂
体长 Snout-vent length (mm)	73.3	64.8
尾长 Tail length (mm)	83.0	51.4*
腋胯距 Distance between axilla and groin (mm)	32.4	29.7
头长 Head length (mm)	18.2	17.4
头宽 Head width (mm)	14.8	13.8
上唇鳞 Supralabials	13/13	13/13
下唇鳞 Infralabials	10/10	10/10
体背疣鳞 Dorsal tubercle rows at midbody	10	9
环体一周鳞 Scale rows at midbody	134	130
第一指下瓣 Subdigital lamellae under first finger	11/10	12/12
第四指下瓣 Subdigital lamellae under fourth finger	14/14	13/13
第一趾下瓣 Subdigital lamellae under first toe	10/11	12/12
第四趾下瓣 Subdigital lamellae under fourth toe	12/12	14/16
肛前孔和股孔 Precloacal pores	—	25
肛疣 Postcloacal tubercles	1/1	1/1

. 再生尾; /. 左侧/右侧; —. 无肛前孔和股孔。. Regenerated tail; /. Left/right; —. Precloacal pores absent.

指下瓣 13 和 14, 第 I 趾下瓣 10 和 12, 第 IV 趾下瓣 12 和 16; 肛疣一对, 雄性具连续肛前孔 25 个。生活时 (图 1g), 体背面淡黄褐色; 颈部至尾部形成 5 或 6 个深色斑纹, 四肢背部亦散有褐色纹。腹面乳白色, 有小黑点遍布其上。

分子系统发育关系 基于 16S rRNA 和 ND2 基因序列构建的壁虎属的贝叶斯树 (附录 13, 14) 显示, 广东肇庆的壁虎标本与中国广西那坡、龙州以及越南谅山、北江的南蹠趾壁虎标本以高支持率 (贝叶斯后验概率为 1.00) 聚为一支。基于 16S rRNA 基因序列, 广东肇庆的壁虎标本与其他南蹠趾壁虎标本间的遗传距离为 0.00% ~ 0.60%, 与壁虎属内其他物种间的遗传距离为 2.42% ~ 17.46%; 基于 ND2 序列, 广东肇庆的壁虎标本与其他南蹠趾壁虎标本间的遗传距离为 0.75% ~ 1.13%, 与壁虎属内其他物种间的遗传距离为 6.46% ~ 30.05%。

生境描述 栖息于人工建筑的墙壁上, 海

拔约 200 m。

地理分布 国内分布于广西那坡、龙州 (弄岗国家级自然保护区) 和广东肇庆 (鼎湖山国家级自然保护区), 国外分布于越南。

讨论 Lyu 等 (2021a) 曾使用采自广西的南蹠趾壁虎标本, 是国内的首次记录。Wang 等 (2024) 首次报道了在广东省鼎湖山发现该种, 但并未详细描述, 本文基于同一系列标本进行详细描述。

赵尔宓等 (1993) 曾将本种 *G. palmatus* 译为半蹠壁虎, 而将 *G. subpalmatus* 译为蹠趾壁虎。蹠趾壁虎在我国浙江有分布, 因此其中文名一直广为使用。但 “*palmatus*” 和 “*subpalmatus*” 均是指其趾部有蹠, 且二者的趾蹠均可达趾长的一半, 因此我们认为半蹠壁虎这个译名并不能很好地反应本种的特征, 故根据二者的分布范围建议重新拟定中文名为 “南蹠趾壁虎”。

2.8 福建钝头蛇 *Pareas stanleyi* (Boulenger, 1914)

凭证标本 SYS r002828, 1 雄。采集地：广东省乳源瑶族自治县南岭 (24°57'02" N, 112°59'30" E, 海拔 1 370 m), 采集时间：2023 年 9 月 3 日, 采集人：张韬。

鉴别特征 (1) 前额鳞入眶, 无眶前鳞, 颊鳞入眶甚多; (2) 背鳞 5~7 行以上, 具微棱。

标本形态描述 雄性, 全长 333 (260 + 73) mm。头长 10.3 mm, 头宽 7.4 mm; 吻鳞宽大于高; 鼻间鳞短于额前鳞, 前额鳞后外侧入眶; 额鳞六边形, 短于顶鳞; 无眶前鳞, 颊鳞 1 枚, 向后入眶甚多; 眶下鳞、眶后鳞各 1 枚, 上唇鳞不入眶, 8 枚; 下唇鳞 7 枚, 前 3 枚切前颌片; 颌片 3 对镶嵌排列, 无颌沟, 前颌片与颞鳞相切; 颞鳞 1 + 2 枚; 背鳞通身 15 行, 除两侧最外一行外均具微棱; 腹鳞光滑无棱 151 枚, 肛鳞完整, 尾下鳞成对, 52/52 + 1 枚。广东标本前颞鳞愈合为一大枚, 不同于其他地区的 2 枚前颞鳞。生活时 (图 1h), 背面棕黄色, 头背自鼻鳞至颈部有 1 大黑斑块, 在颈后裂为 2 纵线纹, 体背有不连续的黑色斑点和斑块。

分子系统发育关系 基于 *Cyt b* 基因序列构建的钝头蛇属的贝叶斯树 (附录 15, 16) 显示, 广东乳源的钝头蛇标本与广西和贵州的福建钝头蛇标本以高支持率 (贝叶斯后验概率为 1.00) 聚为一支。基于 *Cyt b* 序列, 广东乳源的钝头蛇标本与其他福建钝头蛇标本间的遗传距离为 1.43%~1.63%, 与钝头蛇属内其他物种间的遗传距离为 16.82%~23.95%。

生境描述 采集于海拔 880 m 的落叶阔叶林与道路交界的土坡上。

地理分布 中国特有种, 分布于福建、湖南、贵州、江西、四川、浙江和广东。

3 讨论

与其他脊椎动物类群相比, 两栖爬行动物的迁移能力较弱、对环境条件的要求更为严苛,

因而限制了它们的大规模扩散, 并演化出较高的多样性和特有性 (Zhao et al. 1993)。本文中 8 个新记录物种的发现, 连同近年来发表的大量两栖爬行动物新种、新记录 (杨剑焕等 2011, 龚世平等 2020, Lyu et al. 2021b, Qi et al. 2021, Zeng et al. 2021, Lin et al. 2022a, b, Lyu et al. 2022, Wang et al. 2022a, b, 谢首冕等 2022, Yeung et al. 2022, Zhu et al. 2022, Lyu et al. 2023, Qi et al. 2023, 水坤春等 2023, Song et al. 2023), 表明地跨多个温度带、在动物地理分区上并存华中区和华南区特征的广东省具备孕育较高两栖爬行动物多样性的优越自然条件; 也反映出此前对于广东省两栖爬行动物的调查还不够全面, 尤其是珠江口以西、西江以南的广大粤西南地区, 粤西北的萌渚岭、九嶷山、大东山至秤架地区, 粤东的罗浮山脉地区尚处调查空白, 或已有调查的强度不足。未来仍需在上述区域开展更多更深入的野外工作, 进一步关注广东省两栖爬行动物的多样性和保护需求。

致谢 王健、曾昭驰、吕植桐、陈鸿辉、朱永亨、黄名海、张韬、徐廷程、张学聪和陈根润在野外工作中给予了支持和帮助, 两位匿名审稿专家为本文修改提出了宝贵意见, 在此谨致谢忱。

参 考 文 献

- Gosner K L. 1960. A simplified table for staging anuran embryos and larvae with notes on identification. *Herpetologica*, 16(3): 183-190.
- Huang Y J, Zhao W, Ding L, et al. 2019. Habitat selection and genetic structure of the endangered frog species *Odorrana wuchuanensis* (*Anura*: *Ranidae*). *Zoological Science*, 36(5): 402-409.
- Lin S S, Li Y H, Lu Y H, et al. 2022a. A new species of the genus *Leptobranchella* (*Anura*, *Megophryidae*) from northwestern Guangdong Province, China. *Herpetozoa*, 35: 165-178.
- Lin S S, Li Y H, Su H L, et al. 2022b. Discovery of a new limestone Karst-restricted odorous frog from northern Guangdong, China (*Anura*, *Ranidae*, *Odorrana*). *ZooKeys*, 1120: 47-66.
- Lyu Z T, Lin C Y, Ren J L, et al. 2021a. Review of the *Gekko* (*Japonigekko*) *subpalmatus* complex (Squamata, *Sauria*,

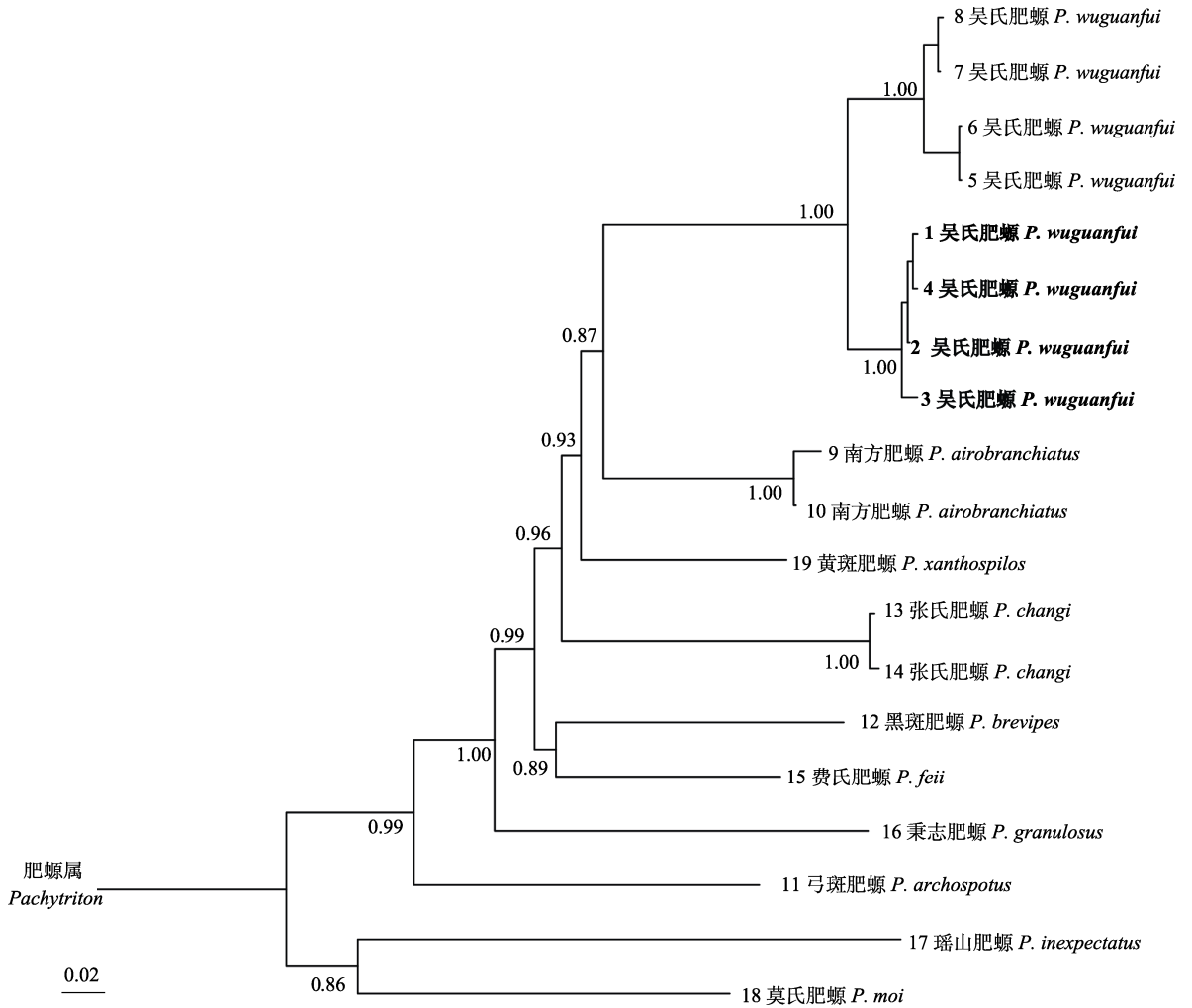
- Gekkonidae), with description of a new species from China. *Zootaxa*, 4951(2): 236–258.
- Lyu Z T, Qi S, Zhang S Y, et al. 2023. Two new species of fire-bellied newts (Caudata, Salamandridae, *Cynops*) from southeastern China. *Asian Herpetological Research*, 14(1): 41–53.
- Lyu Z T, Wang J, Zeng Z C, et al. 2021b. A new species of the genus *Tylototriton* (Caudata, Salamandridae) from Guangdong, Southern China, with discussion on the subgenera and species groups within the genus. *Vertebrate Zoology*, 71: 697–710.
- Lyu Z T, Wang J, Zeng Z C, et al. 2022. Taxonomic clarifications on the floating frogs (*Anura*: Dicroglossidae: *Occhiozyga* sensu lato) in southeastern China. *Vertebrate Zoology*, 72: 495–512.
- Osbeck P. 1765. Reise nach Ostindien und China. Nebst O. Toreens Reise nach Suratte und C. G. Ekebergs nachricht von der Landwirtschaft der Chinesen. Aus dem Schwedischen Übersetzt von J. G. Georgi. Rostock: J. C. Koppe.
- Pabijan M, Wandycz A, Hofman S, et al. 2013. Complete mitochondrial genomes resolve phylogenetic relationships within *Bombina* (*Anura*: Bombinatoridae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69(1): 63–74.
- Pyron R A, Wiens J J. 2011. A large-scale phylogeny of *Amphibia* including over 2800 species, and a revised classification of extant frogs, salamanders, and caecilians. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61(2): 543–583.
- Qi S, Grismer L L, Lyu Z T, et al. 2020a. A definition of the *Goniurosaurus yingdeensis* group (Squamata, Eublepharidae) with the description of a new species. *ZooKeys*, 986: 127–155.
- Qi S, Lyu Z T, Song H M, et al. 2023. A new species of stream-living toad (*Anura*: Bufonidae: *Bufo*) from Guangdong, China. *Vertebrate Zoology*, 73: 677–689.
- 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.
- Qi S, Wang J, Grismer L L, et al. 2020b. The stoar hobbit of Guangdong: *Goniurosaurus gollum* sp. nov., a cave-dwelling leopard gecko (Squamata, Eublepharidae) from South China. *ZooKeys*, 991: 137–153.
- Savage J M, Heyer W R. 1997. Digital webbing formulae for anurans: a refinement. *Herpetological Review*, 28(3): 131.
- Song H M, Zhang S Y, Qi S, et al. 2023. Redefinition of the *Odorrana versabilis* group, with a new species from China (*Anura*, Ranidae, *Odorrana*). *Asian Herpetological Research*, 14(4): 283–299.
- Wang H T, Qi S, Zhou D Y, et al. 2024. Description of a new Karst-adapted species of the subgenus Japonigekko (Squamata: Gekkonidae: *Gekko*) from Guangxi, Southern China. *Vertebrate Zoology*, 74: 121–132.
- Wang J, Li Y, Zeng Z C, et al. 2019b. A new species of the genus *Achalinus* from southwestern Guangdong Province, China (Squamata: Xenodermatidae). *Zootaxa*, 4674(4): 471–481.
- Wang J, Lyu Z T, Yang C Y, et al. 2019a. A new species of the genus *Takydromus* (Squamata, Lacertidae) from southwestern Guangdong, China. *ZooKeys*, 871: 119–139.
- Wang J, Qi S, Dai K Y, et al. 2022b. A new *Leptobranchella* species (*Anura*, Megophryidae) from South China, with comments on the taxonomic status of *L. chishuiensis* and *L. purpurus*. *Zoosystematics and Evolution*, 98(1): 165–180.
- Wang J, Zeng Z C, Lyu Z T, et al. 2022a. Description of three new *Boulenophrys* species from eastern Guangdong, China, emphasizing the urgency of ecological conservation in this region (*Anura*, Megophryidae). *Zootaxa*, 5099(1): 91–119.
- Wang Y Y, Gong S P, Liu P, et al. 2017b. A new species of the genus *Takydromus* (Squamata: Lacertidae) from Tianjingshan Forestry Station, northern Guangdong, China. *Zootaxa*, 4338(3): 441–458.
- Wang Y Y, Guo Q, Liu Z Y, et al. 2017a. Revisions of two poorly known species of *Opisthotropis* Günther, 1872 (Squamata: Colubridae: Natricinae) with description of a new species from China. *Zootaxa*, 4247(4): 391–412.
- Wang Y Y, Jin M J, Li Y L, et al. 2014. Description of a new species of *Goniurosaurus* (Squamata: Eublepharidae) from the Guangdong Province, China, based on molecular and morphological data. *Herpetologica*, 70(3): 309–322.
- Wang Y Y, Yang J H, Cui R F. 2010. A new species of *Goniurosaurus* (Squamata: Eublepharidae) from Yingde, Guangdong Province, China. *Herpetologica*, 66(2): 229–240.
- Yeung H Y, Lau M W N, Yang J H. 2022. A new species of *Calamaria* (Squamata: Colubridae) from Guangdong Province, Southern China. *Vertebrate Zoology*, 72: 433–444.

- Yu G H, Yang J X, Zhang M W, et al. 2007. Phylogenetic and systematic study of the genus *Bombina* (*Amphibia: Anura: Bombinatoridae*): new insights from molecular data. *Journal of Herpetology*, 41(3): 365–377.
- Yuan Z Y, Zhang B L, Che J. 2016. A new species of the genus *Pachytriton* (Caudata: Salamandridae) from Hunan and Guangxi, southeastern China. *Zootaxa*, 4085(2): 219–232.
- Zeng Z C, Wang J, Lyu Z T, et al. 2021. A new species of Torrent frog (*Anura, Ranidae, Amolops*) from the Coastal Hills of Southeastern China. *Zootaxa*, 5004(1): 151–166.
- Zhao E M, Alder K. 1993. *Herpetology of China*. Oxford: Society for the Study of Amphibians and Reptiles.
- Zheng Y C, Fu J Z, Li S Q. 2009. Toward understanding the distribution of Laurasian frogs: a test of Savage's biogeographical hypothesis using the genus *Bombina*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 52(1): 70–83.
- Zhu G X, Wang Y Y, Takeuchi H, et al. 2014. A new species of the genus *Rhabdophis* Fitzinger, 1843 (Squamata: Colubridae) from Guangdong Province, Southern China. *Zootaxa*, 3765(5): 469–480.
- Zhu X Y, Wu S Y, Liu Y J, et al. 2022. *Goniurosaurus wangshu* sp. nov., a new species of Tiger Gecko from Guangdong, China (Squamata: Eublepharidae). *Zootaxa*, 5188(6): 544–558.
- 费梁. 2020. 中国两栖动物图鉴 (野外版). 郑州: 河南科学技术出版社.
- 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.
- 费梁, 叶昌媛, 黄永昭, 等. 2005. 中国两栖动物检索及图解. 成都: 四川科学技术出版社.
- 龚世平, 吴智宏. 2020. 车八岭两栖爬行动物彩色图鉴. 广州: 广东科技出版社.
- 黎振昌, 肖智, 刘少容. 2011. 广东两栖动物和爬行动物. 广州: 广东科技出版社.
- 刘健昕, 张志勇, 张著平, 等. 2009. 极度濒危的洞栖蛙类——务川臭蛙的生境和现状初报. *生物学通报*, 44(5): 14–16, 63.
- 刘万兆, 杨大同. 1994. 中国铃蟾属的分类和系统发育. *动物学研究*, 15(增刊 1): 131–141.
- 刘祖尧, 王英永. 2014. 务川臭蛙分布区域扩大及其濒危等级再评估. *动物学杂志*, 49(5): 766–771.
- 马琦, 黄静, 万里鹏, 等. 2023. 重庆彭水发现务川臭蛙. *动物学杂志*, 58(4): 622–629.
- 莫运明, 韦振逸, 陈伟才. 2014. 广西两栖动物彩色图鉴. 南宁: 广西科学技术出版社.
- 水坤春, 张思雨, 刘志发, 等. 2023. 广东南岭国家级自然保护区张树蛙属物种分类厘定兼记 2 个省级新记录. *四川动物*, 42(1): 75–84.
- 谭瑞伟, 张声焱. 1986. 南亚热带北界广东中段分界的探讨. *热带地理*, 6(3): 193–200.
- 伍律, 溟润华, 董谦, 等. 1983. 贵州两栖类新纪录及蛙属一新种. *动物学报*, 29(1): 66–70.
- 谢首冕, 钟志强, 李艺, 等. 2022. 广东海丰国际重要湿地生物资源调查及生态系统服务价值评估. *林业与环境科学*, 38(1): 43–50.
- 杨剑焕, 李韵, 张天度, 等. 2011. 3 种广东省两栖爬行动物新纪录. *动物学杂志*, 46(1): 124–127.
- 张宏达. 1964. 关于热带与亚热带的分界问题. *植物生态学与地植物学丛刊*, 2(1): 139–140.
- 张荣祖. 2011. 中国动物地理. 北京: 科学出版社.
- 赵尔宓. 2006. 中国蛇类. 合肥: 安徽科学技术出版社.
- 赵尔宓, 黄美华, 宗愉, 等. 1998. 中国动物志 爬行纲 第三卷 有鳞目 蛇亚目. 北京: 科学出版社.
- 赵尔宓, 江跃明, 黄庆云, 等. 1993. 拉汉英两栖爬行动物名称. 北京: 科学出版社.
- 赵尔宓, 赵肯堂, 周开亚, 等. 1999. 中国动物志 爬行纲 第二卷 有鳞目 蜥蜴亚目. 北京: 科学出版社.
- 中国两栖类. 2024. “中国两栖类”信息系统. 中国, 云南, 昆明: 中国科学院昆明动物研究所. [DB/OL]. [2024-01-10] <http://www.amphibiachina.org/>.
- 朱华. 2018. 中国热带生物地理北界的建议. *植物科学学报*, 36(6): 893–898.

附录 1 本研究使用的肥螈属样品及其 *ND2* 和 *Cyt b* 基因序列的 GenBank 登录号Appendix 1 *Pachytriton* samples used in this study and GenBank accession numbers of their *ND2* and *Cyt b* gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	<i>ND2</i>	<i>Cyt b</i>
1	吴氏肥螈 <i>Pachytriton wuguanfui</i>	中国广东连南 Liannan, Guangdong, China	SYS a009148	PP447926	PP447922
2			SYS a009149	PP447927	PP447923
3			SYS a009150	PP479928	PP447924
4			SYS a009151	PP479929	PP447925
5		中国湖南道县 Daoxian, Hunan, China	KIZ021705	KU375014	KU374985
6			KIZ021707	KU375016	KU374987
7		中国广西贺州 Hezhou, Guangxi, China	KIZ08756	KU375012	KU374983
8			KIZ08761	KU375013	KU374984
9	南方肥螈 <i>P. airobranchiatus</i>	中国广东惠东 Huidong, Guangdong, China	SWUFYZY0213	MG732933	MG732931
10			SWUFYZY0301	MG732934	MG732932
11	弓斑肥螈 <i>P. archospotus</i>	中国湖南桂东 Guidong, Hunan, China	CIB95953	GQ303628	GQ303665
12	黑斑肥螈 <i>P. brevipes</i>	中国福建武夷山 Wuyishan, Fujian, China	CIB88221	GQ303615	GQ303652
13	张氏肥螈 <i>P. changi</i>	中国 China	KUHE 39763	/	AB638709
14			KUHE 39832	/	AB638711
15	费氏肥螈 <i>P. feii</i>	中国安徽黄山 Huangshan, Anhui, China	CIB 95914	JX907847	JX907945
16	秉志肥螈 <i>P. granulosus</i>	中国浙江宁海 Ninghai, Zhejiang, China	CIB88143	GQ303610	GQ303647
17	瑶山肥螈 <i>P. inexpectatus</i>	中国广西金秀 Jinxiu, Guangxi, China	CIB88165	GQ303602	GQ303639
18	莫氏肥螈 <i>P. moi</i>	中国广西猫儿山 Maoershan, Guangxi, China	KIZ07767	KU375032	KU375003
19	黄斑肥螈 <i>P. xanthopilos</i>	中国广西贺州 Hezhou, Guangxi, China	24851	KT152531	KT152393

“/”表示未获取基因信息。“/” means gene data is not obtained.



附录 2 基于 ND2 和 Cyt b 基因序列构建的肥螈属贝叶斯系统发育树

Appendix 2 Bayesian inference tree for *Pachytriton* constructed based on ND2 and Cyt b gene sequences

节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 1 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示系统发育树枝长。

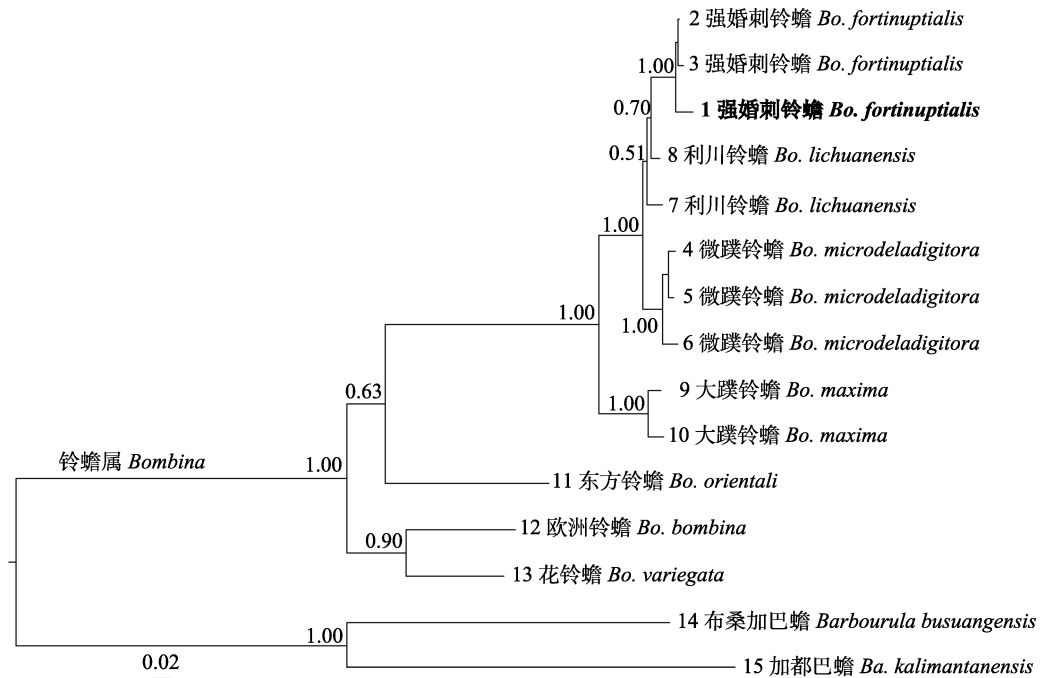
Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 1, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.

附录 3 本研究使用的铃蟾属样品及其 16S rRNA 和 COI 基因序列的 GenBank 登录号

Appendix 3 *Bombina* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA and COI gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA	COI
1	强婚刺铃蟾	中国广东大雾岭 Dawuling, Guangdong, China	SYS a007408	PP388287	PP388296
2	<i>Bombina fortinuptialis</i>	中国广西金秀 Jinxiu, Guangxi, China	IZCASH30050	EU531333	EU531128
3			IZCASH30051	/	EU531129
4	微蹼铃蟾	中国云南无量山 Wuliangshan, Yunnan, China	IZCASH30100	EU531352	EU531198
5	<i>Bo. microdeladigitora</i>	中国云南哀牢山 Ailaoshan, Yunnan, China	IZCASH30096	EU531350	EU531193
6		越南 Vietnam	ROM38061	EU531338	EU531153
7	利川铃蟾 <i>Bo. lichuanensis</i>	中国四川马边 Mabian, Sichuan, China	IZCASH30065	EU531341	EU531161
8		中国湖北利川 Lichuan, Hubei, China	IZCASH30053	EU531334	EU531131
9	大蹼铃蟾 <i>Bo. maxima</i>	中国四川美姑 Meigu, Sichuan, China	IZCASH30067	EU531342	EU531163
10		中国四川昭觉 Zhaojue, Sichuan, China	CIBXM1429	EU531339	EU531156
11	东方铃蟾 <i>Bo. orientali</i>	中国山东昆嵛山 Kunyushan, Shandong, China	IZCASH30049	EU531332	EU531127
12	欧洲铃蟾 <i>Bo. bombina</i>	德国 Germany	UGJPB10936	EU531340	EU531159
13	花铃蟾 <i>Bo. variegata</i>	保加利亚 Bulgaria	JU-1	EU531354	EU531202
14	布桑加巴蟾 <i>Barbourula busuangensis</i>	菲律宾 Philippines	KU 308965	HM769265	/
15	加都巴蟾 <i>Ba. kalimantensis</i>	印度尼西亚 Indonesia	RMBR 1117	HM769263	HM778122

“/” 表示未获取基因信息。“/” means gene data is not obtained.



附录 4 基于 16S rRNA 和 COI 基因序列构建的铃蟾属贝叶斯系统发育树

Appendix 4 Bayesian inference tree for *Bombina* constructed based on 16S rRNA and COI gene sequences

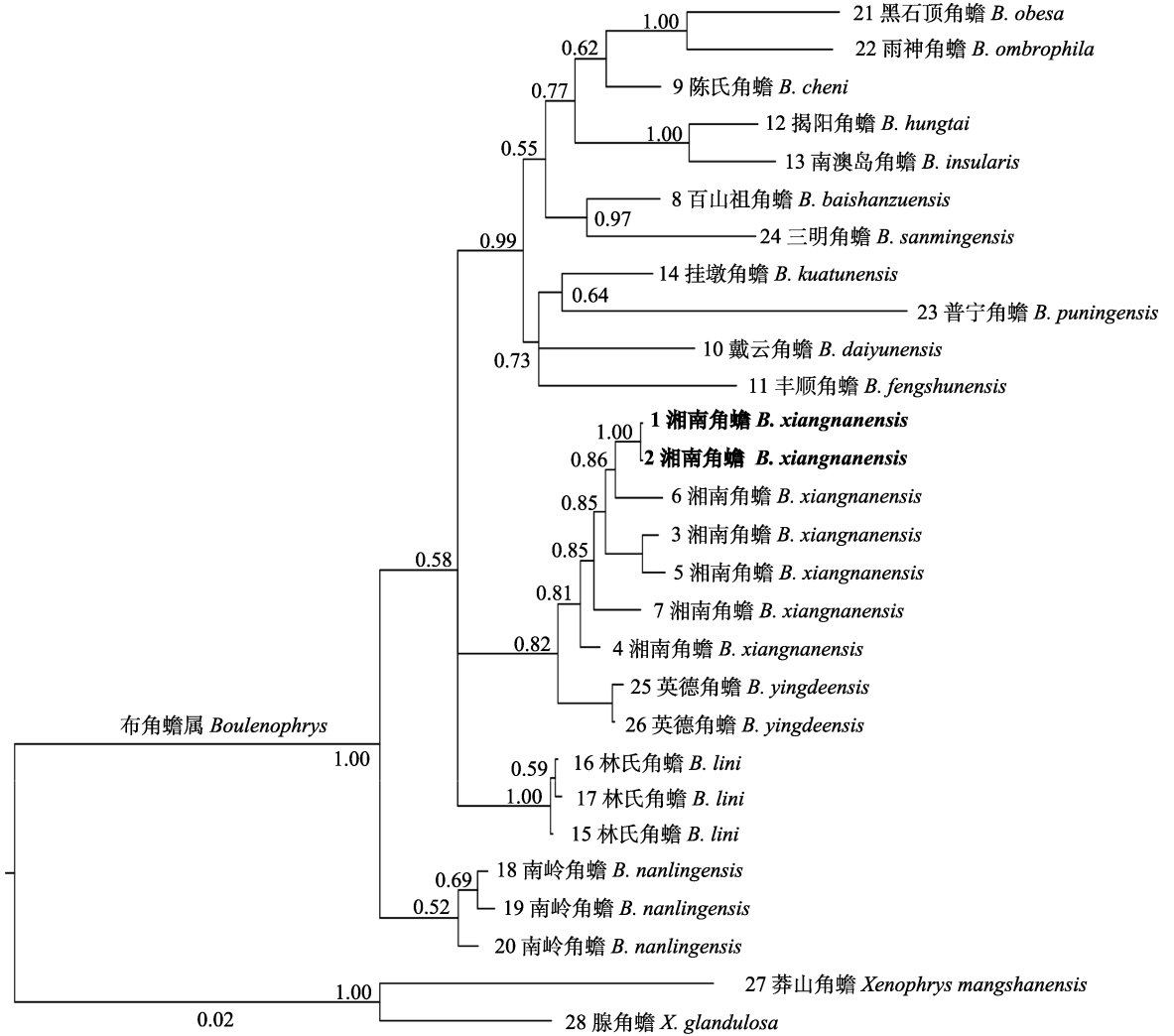
节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 3 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示发育树枝长。

Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 3, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.

附录 5 本研究使用的布角蟾属样品及其 16S rRNA 和 COI 基因序列的 GenBank 登录号

Appendix 5 *Boulenophrys* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA and COI gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA	COI
1	湘南角蟾 <i>Boulenophrys xianganensis</i>	中国广东连南 Liannan, Guangdong, China	SYS a009158	PP474535	PP475429
2			SYS a009164	PP388294	PP388299
3		中国广西灌阳 Guanyang, Guangxi, China,	SYS a005078	MH406874	MH406336
4		中国广西贺州 Hezhou, Guangxi, China	SYS a005062	MH406872	MH406334
5		中国广西灵川 Lingchuan, Guangxi, China	SYS a008504	OQ180985	OQ180873
6		中国湖南双牌 Shuangpai, Hunan, China	SYS a002874	MH406713	MH406165
7		中国湖南蓝山 Lanshan, Hunan, China	SYS a002870	OQ180957	OQ180845
8	百山祖角蟾 <i>B. baishanzuensis</i>	中国浙江庆元 Qingyuan, Zhejiang, China	CIB QY20200719002	MW001151	MT998292
9	陈氏角蟾 <i>B. cheni</i>	中国江西井冈山 Mt. Jinggang, Jiangxi, China	SYS 004050	MF667873	MH406241
10	戴云角蟾 <i>B. daiyunensis</i>	中国福建德化 Dehua, Fujian, China	SYS a001733	MH406643	MH406079
11	丰顺角蟾 <i>B. fengshunensis</i>	中国广东丰顺 Fengshun, Guangdong, China	SYS a004724	MH406848	MH406310
12	揭阳角蟾 <i>B. hungtai</i>	中国广东揭东 Jiedong, Guangdong, China	SYS a008576	OL635597	OL634864
13	南澳岛角蟾 <i>B. insularis</i>	中国广东南澳 Nan'ao, Guangdong, China	SYS a002168	MH406662	MH406102
14	挂墩角蟾 <i>B. kuatunensis</i>	中国江西武夷山 Mt. Wuyi, Jiangxi, China	SYS a008408	OQ180983	OQ180871
15	林氏角蟾 <i>B. lini</i>	中国湖南八面山 Mt. Bamian, Hunan, China	SYS a004408	MH406818	MH406280
16		中国江西井冈山 Mt. Jinggang, Jiangxi, China	KIZ07053	KX811842	KX812110
17			SYS a002382	KJ560414	MH406136
18	南岭角蟾 <i>B. nanlingensis</i>	中国广东乳源 Ruyuan, Guangdong, China	SYS a001962	MH406645	MH406081
19			SYS a008823	OQ180987	OQ180875
20		中国江西齐云山 Mt. Qiyun, Jiangxi, China	SYS a002357	MH406687	MH406133
21	黑石顶角蟾 <i>B. obesa</i>	中国广东封开 Fengkai, Guangdong, China	SYS a002275	KJ579123	MH406125
22	雨神角蟾 <i>B. ombrophila</i>	中国福建武夷山 Mt. Wuyi, Fujian, China	CIB WY18082308	MW001159	MT998300
23	普宁角蟾 <i>B. puningensis</i>	中国广东普宁 Puning, Guangdong, China	SYS a005770	OL635585	OL634853
24	三明角蟾 <i>B. sanmingensis</i>	中国福建上杭 Shanghang, Fujian, China	SYS a004109	MW367040	MW365490
25	英德角蟾 <i>B. yingdeensis</i>	中国广东英德 Yingde, Guangdong, China	SYS a004721	MH406846	MH406308
26			SYS a005447	MH406898	MH406360
27	莽山角蟾 <i>Xenophrys mangshanensis</i>	中国广东怀集 Huaiji, Guangdong, China	SYS a002177	MH406666	MH406106
28	腺角蟾 <i>X. glandulosa</i>	中国云南高黎贡山 Mt. Gaoligong, Yunnan, China	SYS a003757	MH406754	MH406213



附录 6 基于 16S rRNA 和 COI 基因序列构建的布角蟾属贝叶斯系统发育树

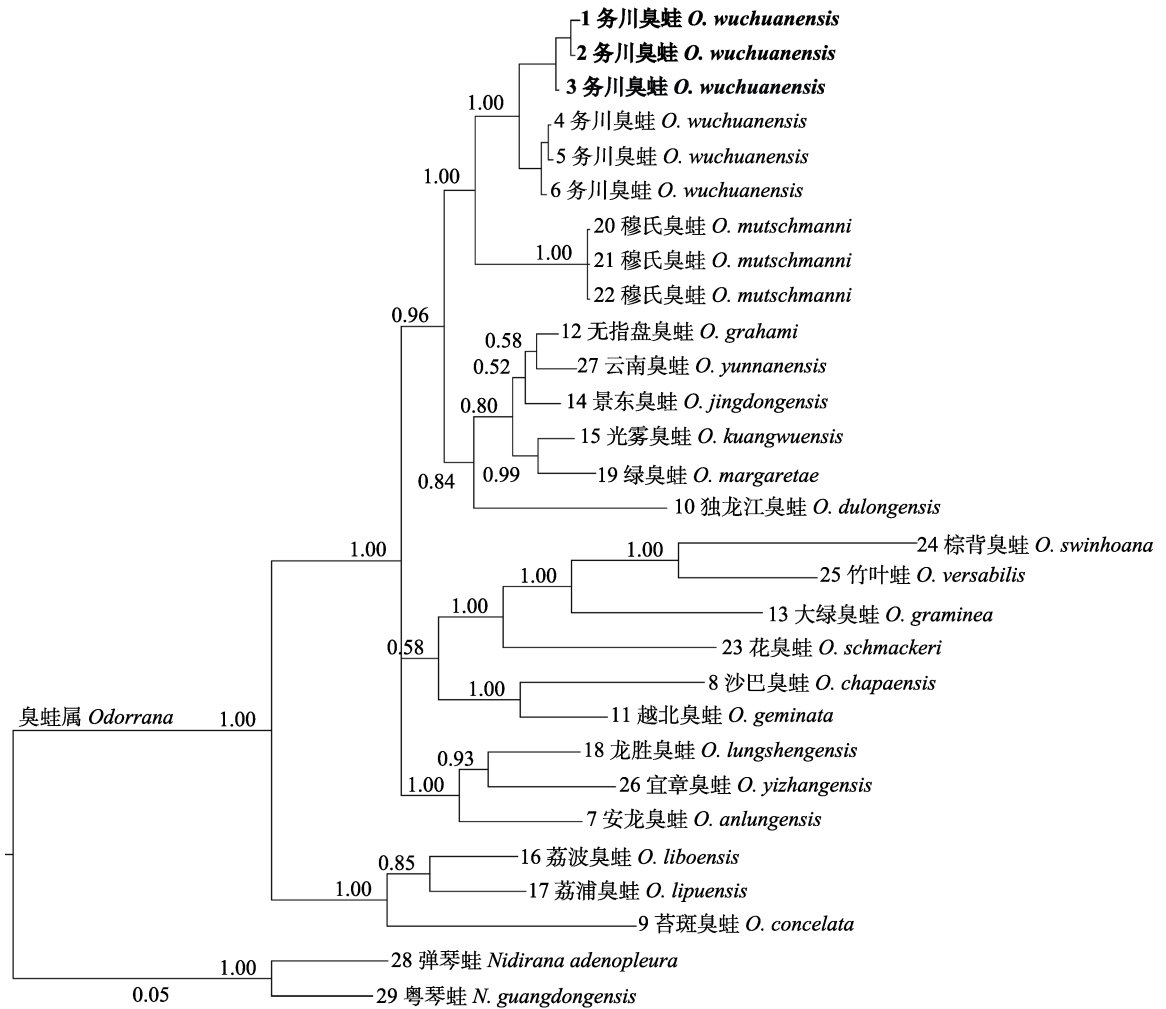
Appendix 6 Bayesian inference tree for *Boulenophrys* constructed based on 16S rRNA and COI gene sequences

节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 5 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示发育树枝长。

Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 5, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.

附录 7 本研究使用的臭蛙属样品及其 16S rRNA 基因序列的 GenBank 登录号
 Appendix 7 *Odorrana* samples used in this study and GenBank accession numbers of their
 16S rRNA gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA
1	务川臭蛙 <i>Odorrana wuchuanensis</i>	中国广东阳山 Yangshan, Guangdong, China	SYS a009109	PP388290
2			SYS a009110	PP388291
3			SYS a009111	PP388292
4		中国贵州务川 Wuchuan, Guizhou, China	HNNU 019 L	KF185043
5		中国湖北建始 Jianshi, Hubei, China	SYS a002321	KT315393
6		中国重庆彭水 Pengshui, Chongqing, China	SWU 0001480	OQ073766
7	安龙臭蛙 <i>O. anlungensis</i>	中国贵州安龙 Anlong, Guizhou, China	HNNU 10081109	KF185049
8	沙巴臭蛙 <i>O. chapaensis</i>	越南莱州 Lai Chau, Vietnam	AMNH A161439	DQ283372
9	苔斑臭蛙 <i>O. concelata</i>	中国广东阳山 Yangshan, Guangdong, China	GEP a055	OP137172
10	独龙江臭蛙 <i>O. dulongensis</i>	中国云南贡山 Gongshan, Yunnan, China	KIZ 035029	MW128104
11	越北臭蛙 <i>O. geminata</i>	越南合江 Ha Giang, Vietnam	AMNH 163782	EU861546
12	无指盘臭蛙 <i>O. grahami</i>	中国云南昆明 Kunming, Yunnan, China	HNNU 100811016	KF185051
13	大绿臭蛙 <i>O. graminea</i>	中国海南五指山 Mt. Wuzhi, Hainan, China	HNNU 0606123	KF185038
14	景东臭蛙 <i>O. jingdongensis</i>	中国云南景东 Jingdong, Yunnan, China	20070711017	KF185050
15	光雾臭蛙 <i>O. kuangwuensis</i>	中国四川南江 Nanjiang, Sichuan, China	HNNU 090811185	KF185034
16	荔波臭蛙 <i>O. liboensis</i>	中国贵州茂兰 Maolan, Guizhou, China	GZNU 20180608007	MW481350
17	荔浦臭蛙 <i>O. lipuensis</i>	中国广西荔浦 Lipu, Guangxi, China	NHMG 1303018	MH665676
18	龙胜臭蛙 <i>O. lungshengensis</i>	中国广西龙胜 Longsheng, Guangxi, China	HNNU 70028	KF185054
19	绿臭蛙 <i>O. margaretae</i>	中国四川峨眉山 Mt. Emei, Sichuan, China	HNNU 20050032	KF185035
20	穆氏臭蛙 <i>O. mutschmanni</i>	越南高平 Cao Bang, Vietnam	IEBR 3723	KU356765
21			IEBR 3725	KU356768
22			IEBR 3727	KU356766
23	花臭蛙 <i>O. schmackeri</i>	中国湖北宜昌 Yichang, Hubei, China	HNNU 090811349	KF185047
24	棕背臭蛙 <i>O. swinhoana</i>	中国台湾南投 Nantou, Taiwan, China	HNNU TW9	KF185046
25	竹叶蛙 <i>O. versabilis</i>	中国广西花坪 Huaping, Guangxi, China	SYS a005117	OR658958
26	宜章臭蛙 <i>O. yizhangensis</i>	中国湖南宜章 Yizhang, Hunan, China	HNNU 10081075	KF185048
27	云南臭蛙 <i>O. yunnanensis</i>	中国云南陇川 Longchuan, Yunnan, China	HNNU 001 YN	KF185057
28	弹琴蛙 <i>Nidirana adenopleura</i>	中国福建牙梳山 Mt. Yashu, Fujian, China	SYS a005891	MF807841
29	粤琴蛙 <i>N. guangdongensis</i>	中国广东英德 Yingde, Guangdong, China	SYS a005767	MN946406



附录 8 基于 16S rRNA 基因序列构建的臭蛙属贝叶斯系统发育树

Appendix 8 Bayesian inference tree for *Odorrana* constructed based on 16S rRNA gene sequences

节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 7 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示发育树枝长。

Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 7, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.

附录 9 本研究使用的琴蛙属样品及其 16S rRNA 和 COI 基因序列的 GenBank 登录号

Appendix 9 *Nidirana* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA and COI gene sequences

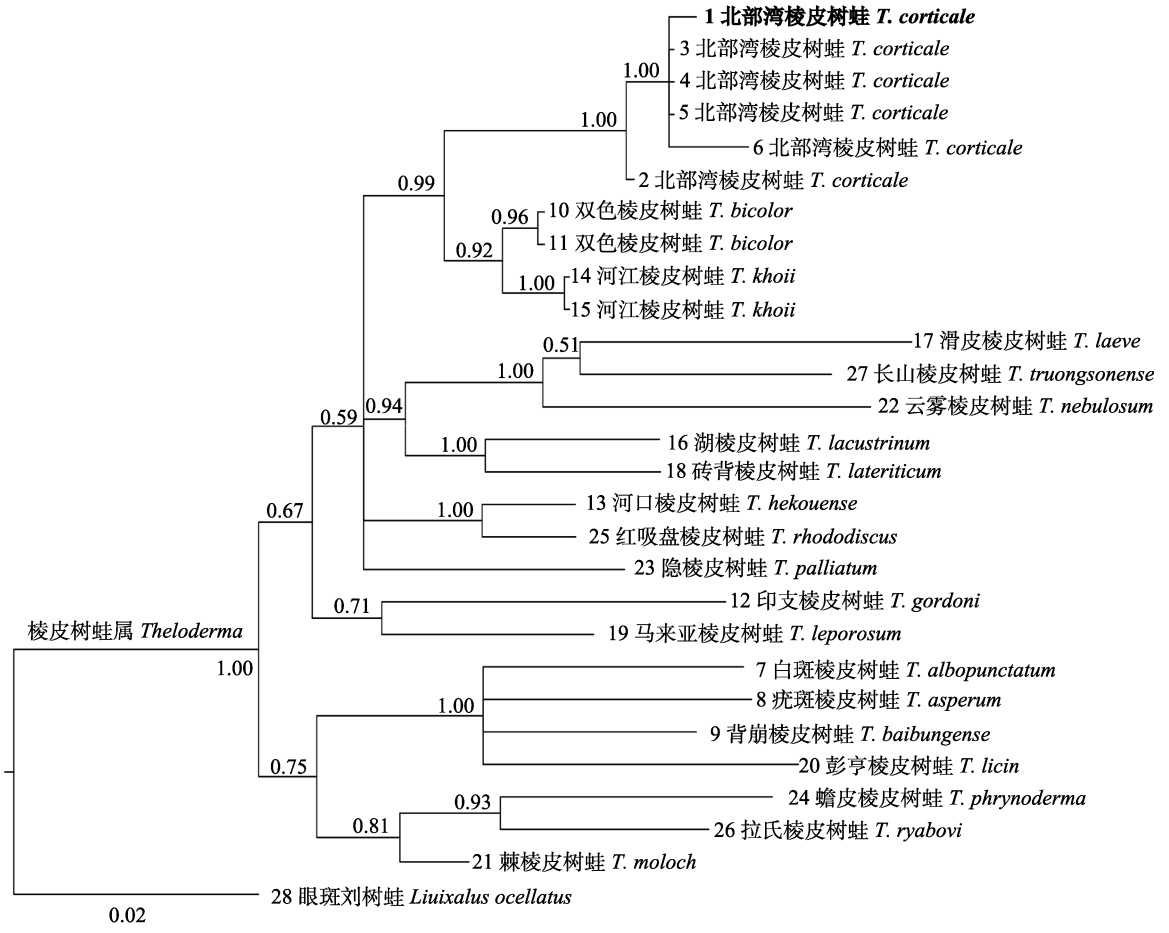
编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA	COI
1	湘琴蛙 <i>Nidirana xiangica</i>	中国广东连州 Lianzhou, Guangdong, China	SYS a009069	PP388288	PP388297
2			SYS a009077	PP388289	PP388298
3		中国湖南大围山 Mt. Dawei, Hunan, China	SYS a006491	MN946433	MN945189
4		中国湖南阳明山 Mt. Yangming, Hunan, China	SYS a007269	MN946436	MN945192
5		中国广西都庞岭 Dupangling, Guangxi, China	SYS a006563	ON391886	ON381875
6		中国江西武功山 Mt. Wugong, Jiangxi, China	SYS a002590	MN946441	MN945197
7	弹琴蛙 <i>N. adenopleura</i>	中国台湾台中 Taizhong, Taiwan, China	SYS a007362	ON391781	ON381772
8	沙巴琴蛙 <i>N. chapaensis</i>	中国云南西畴 Xichou, Yunnan, China	SYS a008303	ON391883	ON619576
9	重庆琴蛙 <i>N. chongqingensis</i>	中国重庆黔江 Qianjiang, Chongqing, China	SWU 0001408	OQ846777	OQ843905
10	仙琴蛙 <i>N. daunchina</i>	中国四川峨眉山 Mt. Emei, Sichuan, China	SYS a004594	MF807822	MF807861
11	粤琴蛙 <i>N. guangdongensis</i>	中国广东英德 Yingde, Guangdong, China	SYS a005995	MN946408	MN945164
12	广西琴蛙 <i>N. guangxiensis</i>	中国广西大明山 Mt. Daming, Guangxi, China	SYS a008553	MZ677222	MZ678729
13	桂北琴蛙 <i>N. guibeiensis</i>	中国广西资源 Ziyuan, Guangxi, China	NNU 00769	ON985177	ON968959
14	海南琴蛙 <i>N. hainanensis</i>	中国海南吊罗山 Mt. Diaoluo, Hainan, China	SYS a003741	MF807821	MF807860
15	雷山琴蛙 <i>N. leishanensis</i>	中国湖南舜皇山 Mt. Shunhuang, Hunan, China	SYS a007256	ON391815	ON381806
16	林琴蛙 <i>N. lini</i>	中国云南江城 Jiangcheng, Yunnan, China	SYS a003967	MF807818	MF807857
17	孟闻琴蛙 <i>N. mangveni</i>	中国浙江遂昌 Suichang, Zhejiang, China	SYS a008037	ON391843	ON381834
18	南昆山琴蛙 <i>N. nankunensis</i>	中国广东南昆山 Mt. Nankun, Guangdong, China	SYS a004905	ON391866	ON381857
19	滇西琴蛙 <i>N. occidentalis</i>	中国云南高黎贡山 Mt. Gaoligong, Yunnan, China	SYS a003775	MF807816	MF807855
20	琉球琴蛙 <i>N. okinavana</i>	日本冲绳 Okinawa, Japan	SYS a007606	ON391819	ON381810
21	滇蛙 <i>N. pleuraden</i>	中国贵州威宁 Weining, Guizhou, China	SYS a006598	ON391804	ON381795
22	十万大山琴蛙 <i>N. shiwandashanensis</i>	中国广西上思 Shangsi, Guangxi, China	NNU 00605	OK383411	OK377265
23	瑶琴蛙 <i>N. yaoica</i>	中国广西大瑶山 Mt. Dayao, Guangxi, China	SYS a007011	MK882272	MK895037
24	叶氏琴蛙 <i>N. yeeae</i>	中国贵州桐梓 Tongzi, Guizhou, China	SYS a008266	ON391890	ON381879
25	琉球拇棘蛙 <i>Babina holsti</i>	日本冲绳 Okinawa, Japan	N/A	NC022870	NC022870
26	奄美拇棘蛙 <i>B. subaspera</i>	日本鹿儿岛 Kagoshima, Japan	N/A	NC022871	NC022871

N/A 表示标本号未给出。N/A indicates the voucher is not provided.

附录 11 本研究使用的棱皮树蛙属样品及其 16S rRNA 基因序列的 GenBank 登录号

Appendix 11 *Theلودerma* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA
1	北部湾棱皮树蛙 <i>Theلودerma corticale</i>	中国广东南岭 Nanling, Guangdong, China	SYS a009112	PP388293
2		越南宣光 Tuyen Quang, Vietnam	VNMN J2892	KJ802916
3		越南永福 Vinh Phuc, Vietnam	AMNH A161499	DQ283050
4		中国广西大瑶山 Mt. Dayao, Guangxi, China	DYS2	KY495636
5		越南永福 Vinh Phuc, Vietnam	IEBR E193.15	JX046476
6		中国海南鹦哥岭 Yinggeling, Hainan, China	YGL1	KY495637
7	白斑棱皮树蛙 <i>T. albopunctatum</i>	中国广西大瑶山 Mt. Dayao, Guangxi, China	KIZ 060821217	EF564522
8	疣斑棱皮树蛙 <i>T. asperum</i>	马来西亚 Malaysia	ZRC I.1. 9321	GQ204725
9	背崩棱皮树蛙 <i>T. baibungense</i>	中国西藏墨脱 Medog, Xizang, China	YPX37270	KU243080
10	双色棱皮树蛙 <i>T. bicolor</i>	越南老街 Lao Cai, Vietnam	VNMN 3536	KJ802915
11		越南宁平 Ninh Binh, Vietnam	bicolor-2	KT461923
12	印支棱皮树蛙 <i>T. gordonii</i>	中国云南景洪 Jinghong, Yunnan, China	SYNU607001	MF467910
13	河口棱皮树蛙 <i>T. hekouense</i>	中国云南河口 Hekou, Yunnan, China	HXPBKJS	KY495640
14	河江棱皮树蛙 <i>T. khoii</i>	越南河江 Ha Giang, Vietnam	VNMN:012757	LC641701
15			VNMN 012758	LC641702
16	湖棱皮树蛙 <i>T. lacustrinum</i>	老挝 Laos	NCSM 84682	KX095245
17	滑皮棱皮树蛙 <i>T. laeve</i>	越南林同 Lam Dong, Vietnam	ZMMU NAP-01644	KT461907
18	砖背棱皮树蛙 <i>T. lateriticum</i>	越南 Vietnam	IEBR:3745	LC641703
19	马来亚棱皮树蛙 <i>T. leporosum</i>	马来西亚 Malaysia	KUHE 52581	AB847128
20	彭亨棱皮树蛙 <i>T. licin</i>	泰国 Thailand	KUHE 19426	LC012859
21	棘棱皮树蛙 <i>T. moloch</i>	中国西藏墨脱 Medog, Xizang, China	YPX31941	KU243081
22	云雾棱皮树蛙 <i>T. nebulosum</i>	越南 Vietnam	VNMN ROM 39588	LC012845
23	隐棱皮树蛙 <i>T. palliatum</i>	越南得乐 Dak Lak, Vietnam	ZMMU NAP-02756	KT461930
24	蟾棱皮树蛙 <i>T. phrynoderma</i>	缅甸德林达依 Tanintharyi, Myanmar	CAS 243920	KJ128282
25	红吸盘棱皮树蛙 <i>T. rhododiscus</i>	中国广西大瑶山 Mt. Dayao, Guangxi, China	SCUM 061192L	EU215530
26	拉氏棱皮树蛙 <i>T. ryabovi</i>	越南昆嵩 Kon Tum, Vietnam	ryabovi-1	KT461914
27	长山棱皮树蛙 <i>T. truongsongense</i>	越南庆和 Khanh Hoa, Vietnam	ZMMU ABV-00319	KT461924
28	眼斑刘树蛙 <i>Liuixalus ocellatus</i>	中国海南五指山 Mt. Wuzhi, Hainan, China	KIZ 061209YP	EU215526



附录 12 基于 16S rRNA 基因序列构建的棱皮树蛙属贝叶斯系统发育树

Appendix 12 Bayesian inference tree for *Theلودerma* constructed based on 16S rRNA gene sequences

节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 11 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示发育树枝长。

Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 11, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.

附录 13 本研究使用的壁虎属样品及其 16S rRNA 和 ND2 基因序列的 GenBank 登录号

Appendix 13 *Gekko* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA and ND2 gene sequences

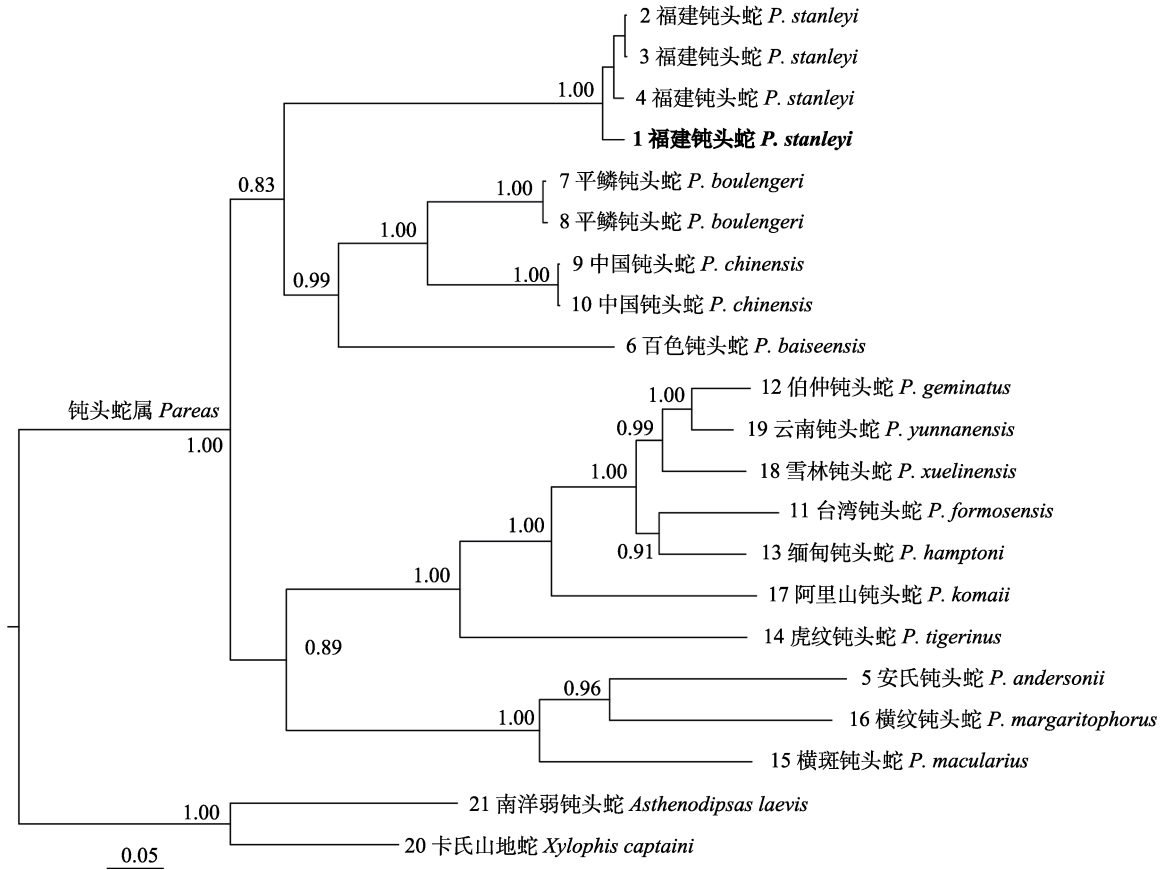
编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	16S rRNA	ND2
1	南蹠趾壁虎 <i>Gekko palmatus</i>	中国广东鼎湖山 Mt. Dinghu, Guangdong, China	SYS r002797	OR903156	OR902179
2			SYS r002804	OR903157	OR902180
3		越南谅山 Lang Son, Vietnam	IEBR 2474	KC710234	/
4			IEBR 3620	KC710238	/
5		越南北江 Bac Giang, Vietnam	IEBR A.0807	KC710233	/
6		中国广西龙州 Longzhou, Guangxi, China	SYS r001192	MW451639	OR902181
7		中国广西那坡 Napo, Guangxi, China	SYS r001185	MW451637	OR902182
8	鹰氏壁虎 <i>G. adleri</i>	越南高平 Cao Bang, Vietnam	IEBR A.2012.24	KC700623	/
9		中国广西靖西 Jingxi, Guangxi, China	SYS r001400	MW451654	OR902178
10	耳疣壁虎 <i>G. auriverrucosus</i>	中国山西运城 Yuncheng, Shanxi, China	NNUZ.20050716.004	/	JN019062
11	中国壁虎 <i>G. chinensis</i>	中国香港 Hong Kong, China	SYS r001211	MW451644	OR902183
12	成都壁虎 <i>G. cib</i>	中国四川合江 Hejiang, Sichuan, China	SYS r001489	MW451655	OR902165
13	铅山壁虎 <i>G. hokouensis</i>	中国江西梅岭 Mt. Meiling, Jiangxi, China	SYS r001311	MW451648	OR902172
14	多疣壁虎 <i>G. japonicus</i>	中国福建武夷山 Mt. Wuyi, Fujian, China	SYS r000672	MW451628	OR902176
15	金江壁虎 <i>G. jinjiangensis</i>	中国云南德钦 Deqin, Yunnan, China	CIB5334220115	/	MT449431
16	广西壁虎 <i>G. kwangsiensis</i>	中国广西武鸣 Wuming, Guangxi, China	SYS r001194	MW451641	OR902174
17	梅氏壁虎 <i>G. melli</i>	中国广东东源 Dongyuan, Guangdong, China	SYS r001742	MW451661	OR902169
18	百色壁虎 <i>G. paucituberculatus</i>	中国广西百色 Baise, Guangxi, China	SYS r002806	OR903154	OR902163
19	粗疣壁虎 <i>G. scabridus</i>	中国四川盐边 Yanbian, Sichuan, China	CIBYN201909199	/	MT449429
20	海南壁虎 <i>G. similignum</i>	中国海南五指山 Mt. Wuzhi, Hainan, China	SYS r001597	MW451658	OR902185
21	蹠趾壁虎 <i>G. subpalmatus</i>	中国浙江奉化 Fenghua, Zhejiang, China	SYS r001762	MW451662	OR902167
22	无蹠趾壁虎 <i>G. swinhonis</i>	中国河北遵化 Zunhua, Hebei, China	SYS r001814	MW451666	OR902171
23	大壁虎 <i>G. gecko</i>	中国广西南宁 Nanning, Guangxi, China	N/A	AY282753	AY282753
24	黑疣大壁虎 <i>G. reevesii</i>	中国广东银瓶山 Mt. Yinping, Guangdong, China	SYS r000796	MW451630	OR902187

“/”表示未获取基因信息, N/A表示标本号未给出。

“/” means gene data is not obtained, N/A indicates the voucher is not provided.

附录 15 本研究使用的钝头蛇属样品及其 *Cyt b* 基因序列的 GenBank 登录号Appendix 15 *Pareas* samples used in this study and GenBank accession numbers of their *Cyt b* gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	<i>Cyt b</i>
1	福建钝头蛇 <i>Pareas stanleyi</i>	中国广东南岭 Nanling, Guangdong, China	SYS r002828	PP447921
2		中国广西桂林 Guilin, Guangxi, China	HM 2007-S001	JN230704
3		中国广西 Guangxi, China	GP 229	MK135086
4		中国贵州雷山 Leishan, Guizhou, China	YBU 12094	MK135087
5	安氏钝头蛇 <i>P. andersonii</i>	缅甸克钦 Kachin, Myanmar	CAS235359	MT968772
6	百色钝头蛇 <i>P. baiseensis</i>	中国广西百色 Baise, Guangxi, China	HSR22185	OQ054328
7	平鳞钝头蛇 <i>P. boulengeri</i>	中国湖北建南 Jiannan, Hubei, China	KIZ 09966	JF827678
8		中国贵州江口 Jiangkou, Guizhou, China	GP 2923	MK135090
9	中国钝头蛇 <i>P. chinensis</i>	中国四川天全 Tianquan, Sichuan, China	CIB 010140	JF827691
10		中国四川洪雅 Hongya, Sichuan, China	GP 2383	MK135089
11	台湾钝头蛇 <i>P. formosensis</i>	中国台湾南投 Nantou, Taiwan, China	NMNS 05637	MW287060
12	伯仲钝头蛇 <i>P. geminatus</i>	中国云南江城 Jiangcheng, Yunnan, China	CIB 118021	MW287068
13	缅甸钝头蛇 <i>P. hamptoni</i>	缅甸克钦 Kachin, Myanmar	YPX 18219	MK135077
14	阿里山钝头蛇 <i>P. komaii</i>	中国台湾台东 Taitung, Taiwan, China	HC 000669	JF827687
15	横斑钝头蛇 <i>P. macularius</i>	缅甸实皆 Sagaing, Myanmar	ZMMU R-16629	MT968771
16	横纹钝头蛇 <i>P. margaritophorus</i>	中国广西苍梧 Cangwu, Guangxi, China	YBU 16061	MK135097
17	虎纹钝头蛇 <i>P. tigerinus</i>	中国云南勐海 Menghai, Yunnan, China	KIZ 20210703	OP752143
18	雪林钝头蛇 <i>P. xuelinensis</i>	中国云南澜沧 Lancang, Yunnan, China	KIZ-XL1	MW436709
19	云南钝头蛇 <i>P. yunnanensis</i>	中国云南大理 Dali, Yunnan, China	KIZ 2022033	OP752146
20	卡氏山地蛇 <i>Xylophis captaini</i>	印度 India	BNHS 3376	MK340914
21	南洋弱钝头蛇 <i>Asthenodipsas laevis</i>	马来西亚槟城 Penang, Malaysia	FMNH 241296	KX660468



附录 16 基于 *Cyt b* 基因序列构建的钝头蛇属贝叶斯系统发育树

Appendix 16 Bayesian inference tree for *Pareas* constructed based on *Cyt b* gene sequences

节点处的数字代表贝叶斯后验概率，分支末端的样品编号与附录 15 对应，加粗文字对应广东样品，标尺表示发育树枝长。

Decimals near nodes indicate Bayesian posterior probabilities, numbers at the tips of branches are corresponding to the IDs in the Appendix 15, samples from Guangdong are in bold, and scale bar indicates the length of branches in this tree.