

重庆武隆发现贵州臭蛙

刘京 程彦林 周军健 李仕泽*

茅台学院资源环境系 仁怀 564500

摘要: 2022年8月2日在重庆市武隆区(29°32'29" N, 107°53'15" E, 海拔697 m)采集到5号两栖动物个体, 经形态特征比较, 与贵州臭蛙(*Odorrana kweichowensis*)相似; 基于线粒体ND2基因构建臭蛙属部分物种系统发育树, 此次采集的臭蛙标本与贵州臭蛙聚为一支, 且具有高支持率(贝叶斯法/最大似然法: 1.00/100); 基于Kimura双参数模型估算本次采集的臭蛙标本与贵州金沙贵州臭蛙模式产地标本间的遗传距离为0.03%, 远小于臭蛙属物种间的遗传距离(6.56% ~ 24.38%)。综合形态特征和分子系统发育比较, 确定此次采集到的臭蛙标本为无尾目(Anura)蛙科(Ranidae)臭蛙属的贵州臭蛙, 系重庆市两栖动物分布新记录种。

关键词: 贵州臭蛙; 分布新记录种; 重庆

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2024) 05-766-08

Odorrana kweichowensis Found in Wulong, Chongqing, China

LIU Jing CHENG Yan-Lin ZHOU Jun-Jian LI Shi-Ze*

Department of Resources and Environment, Moutai Institute, Renhuai 564500, China

Abstract: During the amphibian survey in Wulong District, Chongqing City, five specimens were collected on 2 August, 2022 (29°32'29" N, 107°53'15" E, altitude 697 m) (Fig. 1). Compared the specimens with other species of the genus *Odorrana* by morphological and molecular evidences (Table 1), the specimens were identified as *Odorrana kweichowensis*, which is the new record of Chongqing, China. Morphologically, the specimens collected from Wulong appeared to be similar with *O. kweichowensis* (Fig. 2), the snout vent length of the males and females collected from Wulong were longer than that of the topotype (Table 2); molecularly, we constructed phylogenetic trees using Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) methods based on ND2 gene and calculated the genetic distances between species of the genus *Odorrana* using Kimura 2-parameter model in MEGA v6.0. The BI and ML trees based on ND2 gene presented almost consistent topology, showing that the five specimens from Chongqing were clustered with *O. kweichowensis* with high support (1.00/100) (Fig. 3). The genetic distance between the specimens from Chongqing and *O.*

基金项目 国家自然科学基金项目 (No. 31960099, 32260136), 贵州省基础研究项目 (黔科合基础-ZK (2022) 一般 540), 贵州省林业科技项目 (黔林科合 (2020) 13 号), 茅台学院高层次人才科研启动项目 (mygccrc (2022) 055, 067 号);

* 通讯作者, E-mail: 976722439@qq.com;

第一作者介绍 刘京, 男, 副教授; 研究方向: 两栖动物生物多样性保护; E-mail: 124969483@qq.com.

收稿日期: 2023-08-29, 修回日期: 2023-12-29 DOI: 10.13859/j.cjz.202423165

kweichowensis from type locality was 0.03%, much lower than that between *Odorrana* species, ranging from 5.56% to 24.38% (Table 3). The new record of *O. kweichowensis* in Chongqing would promote taxonomic and phylogeographic studies on this species.

Key words: *Odorrana kweichowensis*; New record; Chongqing

臭蛙属 (*Odorrana*) 物种广泛分布于东亚和东南亚地区, 东至日本, 西至印度东北部, 南至马来半岛和苏门答腊岛, 北至中国山西、陕西一带, 目前该属已报道 64 种 (费梁等 2012, Frost 2023)。其中, 中国记录分布 41 种 (中国两栖类 2023), 重庆市记录分布 9 种, 分别为大绿臭蛙 (*O. graminea*)、合江臭蛙 (*O. hejiangensis*)、宜昌臭蛙 (*O. ichangensis*)、光雾臭蛙 (*O. kuangwuensis*)、南江臭蛙 (*O. nanjiangensis*)、绿臭蛙 (*O. margaretae*)、花臭蛙 (*O. schmackeri*)、务川臭蛙 (*O. wuchuanensis*) 和宜章臭蛙 (*O. yizhangensis*)。绿臭蛙和大绿

臭蛙广泛分布于重庆各地; 合江臭蛙分布于重庆西南部的江津、南川等地; 南江臭蛙分布于重庆东北部的城口、开州等地; 宜昌臭蛙分布于重庆东北部、东部及西南部等地; 花臭蛙分布于重庆东部黔江、酉阳、巫山、奉节等地; 宜章臭蛙分布于重庆南川; 务川臭蛙分布范围较窄, 仅分布于彭水; 光雾臭蛙仅记录分布于重庆城口大巴山 (费梁等 2012, 罗键等 2012, 易建华等 2013, 朱艳军等 2015, Shen et al. 2020, 马琦等 2023, 中国两栖类 2023)。

2022 年 8 月, 在重庆市武隆区 (29°32'29" N, 107°53'15" E, 海拔 697 m, 图 1) 采集到臭蛙

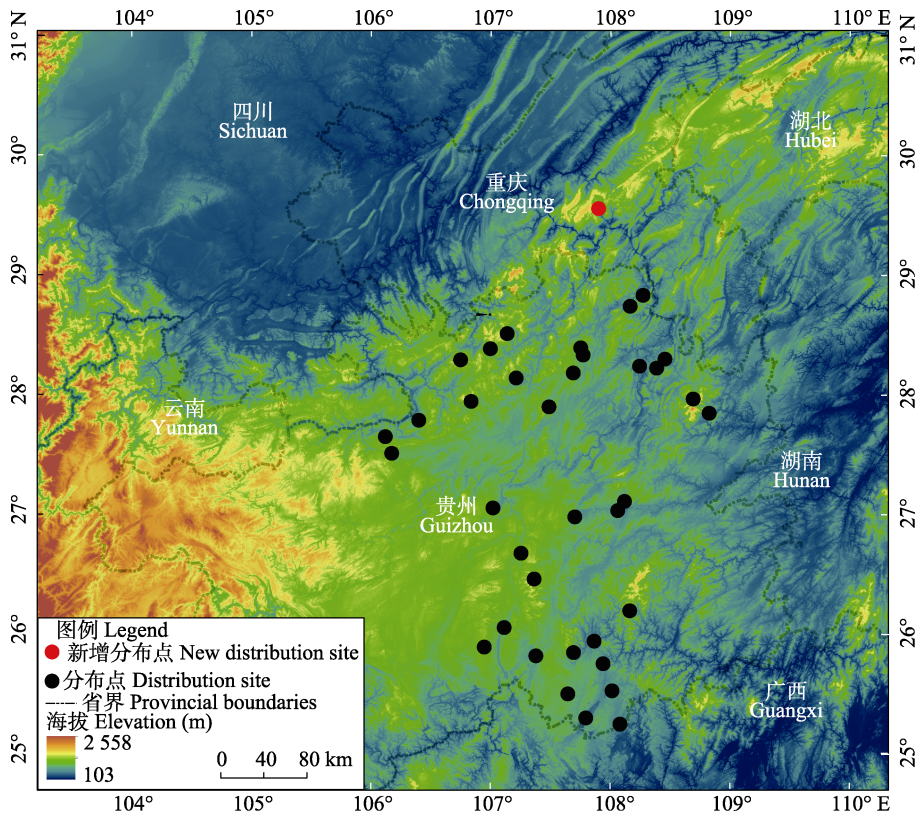


图 1 贵州臭蛙分布图

Fig. 1 The distribution localities of *Odorrana kweichowensis*

属成体标本 5 号 (4♂, 标本号 WL20220802001 ~ WL20220802003 和 WL20220802005; 1♀, WL20220802010), 经形态特征比较和系统发育分析 (Li et al. 2018), 鉴定为贵州臭蛙 (*O. kweichowensis*), 为重庆市两栖动物分布新记录种。本文对其形态特征及生态习性进行描述, 为臭蛙属物种的系统学和谱系地理学研究提供新信息。

1 材料与方法

1.1 材料

5 号标本取肌肉组织保存于 95%乙醇中, 标本浸泡于 10%福尔马林溶液中, 保存于茅台学院生物学标本室。

1.2 形态鉴定与测量

使用游标卡尺 (无锡锡工量具有限公司, 量程 200 mm, 精度 0.01 mm) 测量 5 号标本头体长、头长、头宽等 17 项形态指标, 依据《中国两栖动物检索及图鉴》(费梁等 2005) 进行形态指标测量和形态特征描述, 结合贵州臭蛙

原始文献 (Li et al. 2018) 进行形态鉴定。

1.3 分子鉴定

以高盐法提取保存于乙醇中肌肉组织的 DNA。参照李永民 (2015) 线粒体基因组引物序列扩增线粒体 *ND2* 基因部分片段并测序。引物为 Gln-LND2 5'-CCC TTT GCA CTT CCT TTA TGC-3'和 Ala-HND2 5'-GGC CTG AGT TGC ATT CAT G-3'。PCR 反应扩增体系为 25 μl, 其中包括 2.5 μl 10 × Ex *Taq* buffer, 2 μl dNTP (2.5 mmol/L), 0.25 μl *Taq* 酶 (106 U/L), 上下游引物各 1 μl (100 nmol/L), DNA 模板 1 μl (100 nmol/L), 最后加入 17.25 μl 灭菌的超纯水补足至终体积 25 μl。PCR 扩增反应程序为: 95 °C 预变性 5 min; 95 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 75 s, 共 35 个循环; 72 °C 延伸 5 min。扩增产物用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测其大小和纯度, 大小符合要求的产物 (735 bp) 交上海生工生物公司进行双向测序。所得序列上传到 GenBank, 序列号为 OR997768 ~ OR997772 (表 1)。

表 1 样品信息和 GenBank 登录号

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

物种 Species	标本号 Voucher number	采集地 Locality	ND2 基因 GenBank 登录号 ND2 gene GenBank accession number
本研究标本 Specimen of this study	WL20220802001 WL20220802002 WL20220802003 WL20220802005 WL20220802010	中国重庆武隆 Wulong, Chongqing, China	OR997768 OR997769 OR997770 OR997771 OR997772
贵州臭蛙 <i>Odorrana kweichowensis</i>	CIBJS20150803008	中国贵州金沙 Jinsha, Guizhou, China	MH193605
贵州臭蛙 <i>O. kweichowensis</i>	CIBJS20171014001	中国贵州金沙 Jinsha, Guizhou, China	MH193606
合江臭蛙 <i>O. hejiangensis</i>	GZNU20170723009	中国贵州赤水 Chishui, Guizhou, China	OL978343
黄冈臭蛙 <i>O. huanggangensis</i>	CIBLS20140818005	中国贵州雷山 Leishan, Guizhou, China	MH193612
景东臭蛙 <i>O. jingdongensis</i>	ROM 38605	越南老街 Lao Cai, Vietnam	EU861585
荔波臭蛙 <i>O. liboensis</i>	GZNU20180608007	中国贵州荔波 Libo, Guizhou, China	MW481361
龙胜臭蛙 <i>O. lungshengensis</i>	CIBLS20140616006	中国贵州雷山 Leishan, Guizhou, China	MH193608
花臭蛙 <i>O. schmackeri</i>	CIB20130531	中国湖南八大公山 Mt. Badagong, Hunan, China	MH193609
凹耳臭蛙 <i>O. tormota</i>	No.AM04005	中国安徽黄山 Huangshan, Anhui, China	DQ835616
务川臭蛙 <i>O. wuchuanensis</i>	GZNU20180608018	中国贵州荔波 Libo, Guizhou, China	MH481364
宜章臭蛙 <i>O. yizhangensis</i>	CIBHN201108149	中国广东乳源 Ruyuan, Guangdong, China	MH193615
棕点湍蛙 <i>Amolops loloensis</i>	SM-ZDTW-01	中国四川石棉 Shimian, Sichuan, China	NC029250
华南湍蛙 <i>A. ricketti</i>	AM13988	中国江西武功山 Mt. Wugong, Jiangxi, China	NC023949
威宁趾沟蛙 <i>Pesudorana weiningensis</i>	SCUM0405171	中国贵州威宁 Weining, Guizhou, China	KX269432

在 GenBank 中下载臭蛙属部分物种和蛙科部分相近物种的线粒体 *ND2* 基因序列 (表 1), 结合本次采集标本所测序列, 进行分子系统发育分析。以棕点湍蛙 (*Amolops loloensis*)、华南湍蛙 (*A. ricketti*) 和威宁趾沟蛙 (*Pesudorana weiningensis*) 为外群 (Luo et al. 2021)。所有序列在软件 Clustal X v1.8 (Thompson et al. 1997) 中进行比对, 采用贝叶斯法 (Bayesian-inference, BI) 和最大似然法 (maximum likelihood, ML) 重建系统发育关系。构建系统发育树前, 利用软件 jModeltest v2 (Posada 2008) 基于赤池信息准则 (Akaike information criterion, AIC) 标准选择最适核苷酸替代模型。最大似然法 (ML) 系统发育树在软件 PhyML v 3.0 (Guindon et al. 2010) 中完成, 并进行 1 000 次 bootstrap 重抽样分析, 检验各节点置信度。MrBayes 3.2.4 (Ronquist et al. 2003) 软件被用来进行贝叶斯分析, 以随机树为起始树, 在默认热值条件下同时运行 4 条马尔可夫链, 运行

1×10^7 代。每隔 1 000 代抽样 1 次, 舍弃 25% 的老化树, 使用 Figtree 软件查看结果并获得系统树的支系结构和各支系的后验概率。最后用 MEGA v6.0 (Tamura et al. 2013) 中的 Kimura 双参数模型计算表 1 中所列臭蛙属物种间的遗传距离。

2 结果

2.1 形态描述

本次采集的标本 5 号, 4 号雄性体型较小, 头体长 37.59 ~ 46.45 mm, 成体雌性 1 号, 头体长 87.73 mm, 其他部位量度见表 2。头部扁平, 头长略大于头宽, 吻端钝圆, 吻长大于眼径, 鼻间距大于眼间距, 鼓膜大且明显, 呈圆形, 上颌齿发育良好, 下颌无齿, 舌后端有深缺刻, 犁骨棱和犁骨齿明显。前臂中等粗壮, 手指较长, 指关节下瘤较发达, 指基下瘤明显, 指端膨大成扁平吸盘, 具腹侧沟, 指长顺序为 $3 > 4 > 1 > 2$, 掌突 3 个, 外侧 2 个不明显; 后

表 2 重庆武隆贵州臭蛙成体标本形态量度 (单位: mm)

Table 2 Morphometric measurements on adult *Odorrana kweichowensis* from Wulong, Chongqing (Unit: mm)

	雄性 Male (n = 4)		雌性 Female (n = 1)
	范围 Range	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	测量值 Measurements
头体长 Snout-vent length	37.59 - 46.45	42.34 ± 3.97	87.73
头长 Head length	13.46 - 16.44	15.33 ± 1.38	28.63
头宽 Head width	12.65 - 14.91	14.08 ± 1.07	29.67
吻长 Snout length	5.32 - 6.73	6.20 ± 0.63	12.66
鼻间距 Internasal space	4.56 - 5.33	4.96 ± 0.35	9.30
眼径 Diameter of eye	3.63 - 5.17	4.67 ± 0.70	8.60
眼间距 Interorbital space	3.46 - 4.45	3.91 ± 0.41	7.48
上眼睑宽 Width of upper eyelid	2.77 - 4.97	3.94 ± 0.97	6.36
鼓膜径 Diameter of tympanum	2.53 - 4.15	3.61 ± 0.75	4.75
前臂及手长 Length of lower arm	18.43 - 23.82	21.39 ± 2.31	41.04
前臂宽 Width of lower arm	2.32 - 3.86	3.16 ± 0.66	6.05
后肢长 Hindlimb length	67.27 - 78.86	74.71 ± 5.14	152.74
股长 Thigh length	19.62 - 23.31	21.33 ± 1.65	46.77
胫长 Tibia length	21.85 - 26.03	24.34 ± 1.86	48.79
胫宽 Tibia width	4.00 - 5.37	4.53 ± 0.61	9.66
跗足长 Length of foot and tarsus	30.74 - 35.62	33.70 ± 2.11	68.00
足长 Foot length	19.21 - 21.19	20.48 ± 0.91	41.49

肢长而发达，后肢长为头体长 1.6~1.9 倍，左右跟部重叠，跗跖关节贴体前伸达吻端，趾长顺序为 4 > 5 > 3 > 2 > 1，趾端有腹侧沟，趾间全蹼，蹼达趾端，趾关节下瘤发达，内趾突椭圆形，无外趾突。背面多为鲜绿色网纹，中间有棕黑色斑块，延伸到腿部，形成不规则条带，无背侧褶；体侧黄绿色，有褐色斑，背面皮肤自吻端至肛部布满疣粒；体腹面皮肤光滑，微黄白色，股后下方及肛两侧为肉红色，前

臂和大腿内侧为灰白色。雄性第一指内侧从基部到关节下瘤有灰褐色婚垫，较粗大，婚垫褪色为白色，雄性有一对咽侧下外声囊。本次采集臭蛙标本生活照及手脚形态特征见图 2。

比较此次所采集的臭蛙属标本和臭蛙属其他物种的形态鉴定特征，发现本次采集的标本形态特征与贵州臭蛙模式产地贵州金沙标本 (Li et al. 2018) 相符。

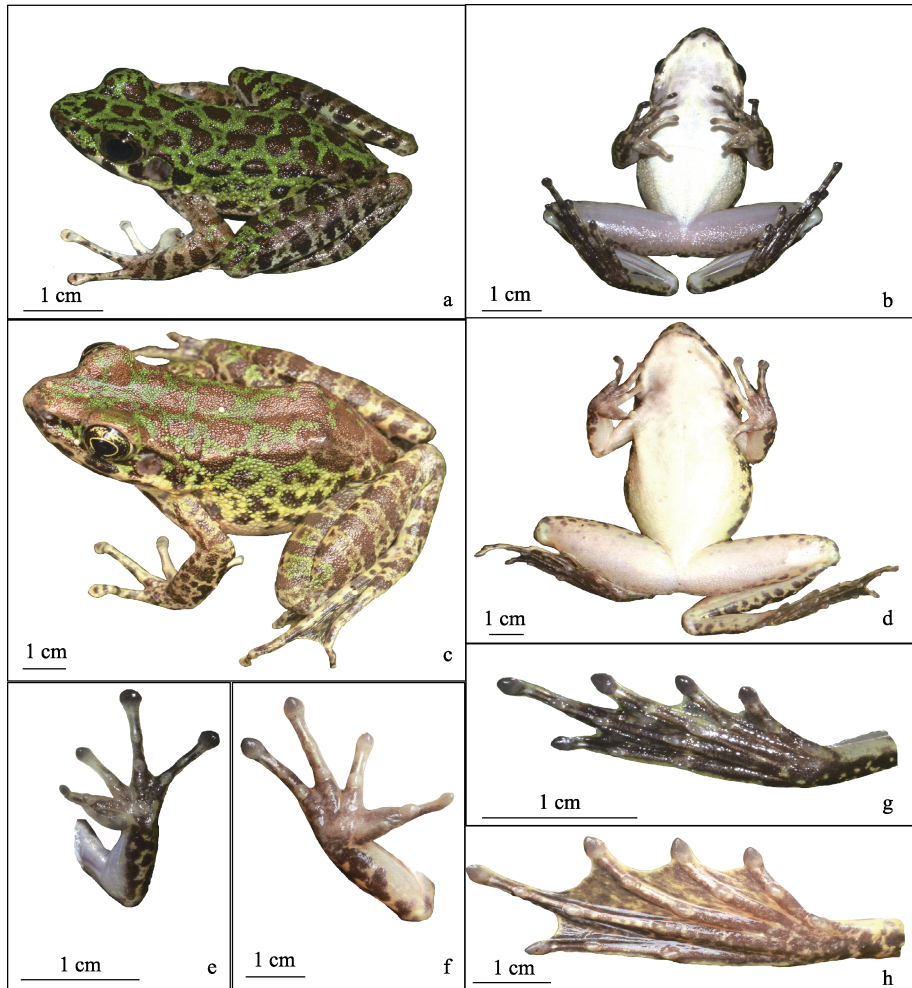


图 2 贵州臭蛙形态学特征 (重庆武隆)

Fig. 2 Morphological characters of *Odorrana Kweichowensis* (Wulong, Chongqing)

- a. 侧面观 (♂); b. 腹面观 (♂); c. 侧面观 (♀); d. 腹面观 (♀); e. 手腹面观 (♂); f. 手腹面观 (♀); g. 脚腹面观 (♂); h. 脚腹面观 (♀)。
- a. Lateral view (♂); b. Ventral view (♂); c. Lateral view (♀); d. Ventral view (♀); e. Ventral view of hand (♂); f. Ventral view of hand (♀); g. Ventral view of foot (♂); h. Ventral view of foot (♀).

2.2 系统发育关系和遗传距离

PCR 扩增获得的臭蛙属线粒体 *ND2* 基因片段长度为 735 bp。序列中 T、C、A、G 含量分别是 27.6%、31.8%、30.8%、9.8%，A + T 的含量远高于 G + C 的含量。本文所用最适核苷酸替代模型为 GTR + G + I。

基于贝叶斯法和最大似然法构建系统发育树得到了相同的拓扑结构（图 3），采自重庆武隆的臭蛙标本与贵州臭蛙模式产地（贵州金沙）的标本聚为一支，支持率为 1.00/100（贝叶斯法/最大似然法）。基于 Kimura 双参数模型估算本

研究中所采用的臭蛙属部分物种间的遗传距离为 6.56% ~ 24.38%，平均遗传距离为 15.59%，本研究在重庆武隆所采集臭蛙标本与贵州臭蛙模式产地标本间的遗传距离为 0.03%（表 3），远小于臭蛙属物种间的遗传距离。

综合形态比较与分子系统学分析结果，鉴定采集于重庆武隆土地乡的臭蛙标本为贵州臭蛙，为重庆市两栖动物分布新记录种。

2.3 生境描述

本研究中贵州臭蛙标本发现于重庆市武隆区土地乡海拔 697 m 左右的溪沟中，该溪

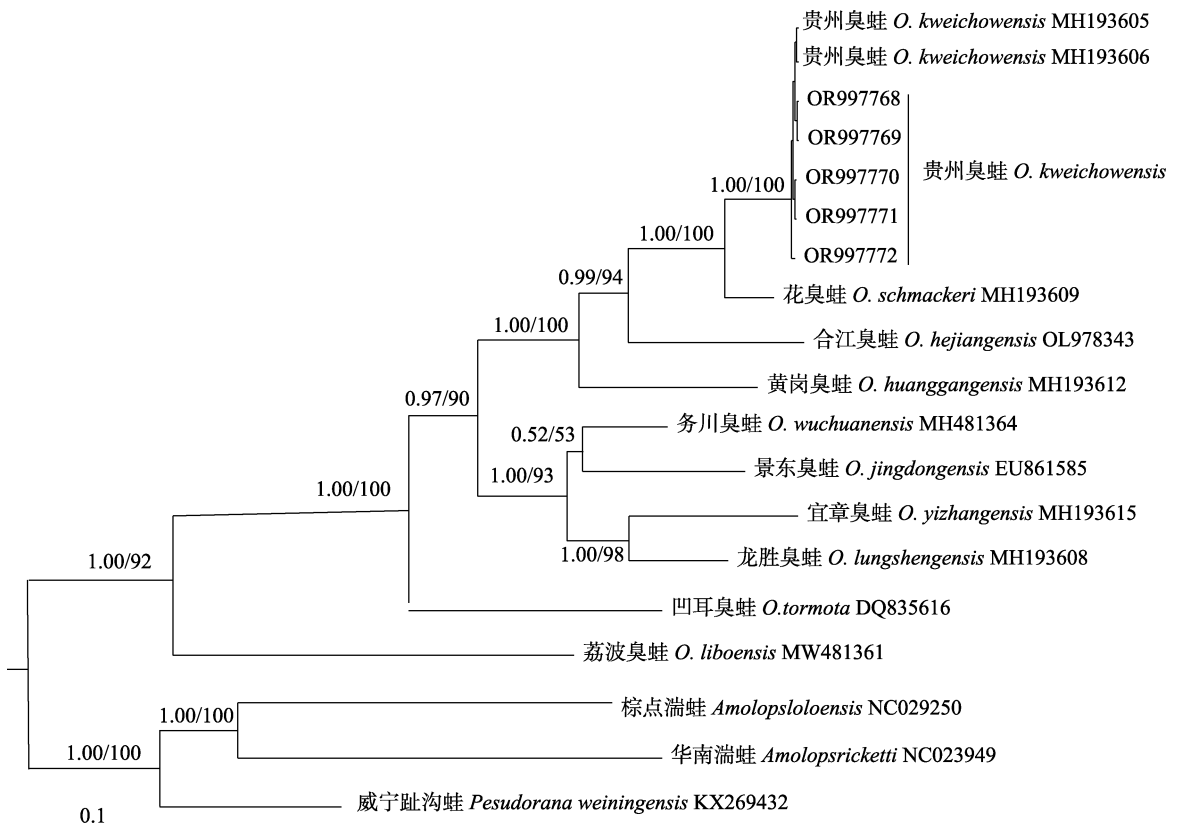


图 3 基于 *ND2* 基因 735 bp 序列构建的臭蛙属部分物种贝叶斯树

Fig. 3 Bayesian inference tree of *Odorrana* based on *ND2* gene sequences (735 bp)

图中枝上的数字代表贝叶斯法支持率/最大似然法支持率。OR997768 ~ OR997772 为本研究中重庆武隆采集的臭蛙样品编号，其余物种序列信息见表 1。比例尺为系统发育树枝长，表示物种分化差异度。

Numbers beside nodes indicate Bayesian posterior probabilities/ultrafast bootstrap support for maximum likelihood analyses. Sequences of OR997768 - OR997772 were from Wulong of Chongqing, and the information of other species sequences were shown in Table 1. The scale is the branch length of Bayesian inference tree, indicating the diversity of species differentiation.

表 3 基于 *ND2* 基因序列 (735 bp) 估算的臭蛙属物种间 Kimura 双参数遗传距离
Table 3 Genetic distance of Kimura-2-parameter model based on *ND2* gene sequences (735 bp) of some *Odorrana* species

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 贵州臭蛙 <i>O. kweichowensis</i>										
2 贵州臭蛙 <i>O. kweichowensis</i>	0.000 3									
3 花臭蛙 <i>O. schmackeri</i>	0.065 6	0.065 3								
4 合江臭蛙 <i>O. hejiangensis</i>	0.143 1	0.142 9	0.141 5							
5 黄冈臭蛙 <i>O. huanggangensis</i>	0.152 7	0.152 4	0.144 2	0.161 9						
6 务川臭蛙 <i>O. wuchuanensis</i>	0.181 2	0.181 0	0.181 0	0.186 4	0.178 2					
7 景东臭蛙 <i>O. jingdongensis</i>	0.185 3	0.185 0	0.193 2	0.194 6	0.204 1	0.136 1				
8 龙胜臭蛙 <i>O. lungshengensis</i>	0.188 0	0.187 8	0.191 8	0.201 4	0.191 8	0.129 3	0.149 7			
9 凹耳臭蛙 <i>O. tormota</i>	0.197 6	0.197 3	0.200 0	0.198 6	0.195 9	0.191 8	0.205 4	0.204 1		
10 宜章臭蛙 <i>O. yizhangensis</i>	0.201 6	0.201 4	0.191 8	0.202 7	0.187 8	0.146 9	0.151 0	0.137 4	0.216 3	
11 荔波臭蛙 <i>O. liboensis</i>	0.243 8	0.243 5	0.247 6	0.231 3	0.238 1	0.216 3	0.242 2	0.250 3	0.234 0	0.250 3

1. 重庆武隆的贵州臭蛙; 2. 贵州金沙的贵州臭蛙。

1. *O. kweichowensis* form Wulong of Chongqing; 2. *O. kweichowensis* form Jinsha of Guizhou.

沟水流自喀斯特洞穴，流速缓慢，周围植被类型主要是阔叶林及灌木丛。贵州臭蛙多在石板或碎石块上，与其同域分布的两栖动物有宜昌臭蛙、绿臭蛙、崇安湍蛙 (*Amolops chunganensis*)、斑腿泛树蛙 (*Polypedates megacephalus*)、红点齿蟾 (*Oreolalax rhodostigmatus*) 和峨眉髭蟾 (*Leptobrachium boringii*)。

3 讨论

臭蛙属物种在中国分布广泛，大多数物种间形态较为相似，因此在野外很难对其进行鉴定 (费梁等 2012)。近年来，随着分子生物学的发展，采用形态比较结合分子系统学分析对物种进行鉴定的方法已广泛应用。

本文通过从 GenBank 下载已有报道的臭蛙属物种及其近缘种的线粒体 *ND2* 基因序列，构建系统发育树，计算遗传距离，发现本次从重庆武隆采集的标本和重庆市有记载分布的合江臭蛙、黄冈臭蛙、花臭蛙、务川臭蛙及宜章臭蛙的遗传距离分别为 14.31%、15.27%、6.56%、18.12% 和 20.16%，平均遗传距离为 6.0%，和贵

州臭蛙模式产地标本的遗传距离仅为 0.03%，远小于与臭蛙属其他物种的遗传距离。

在形态上，采自重庆武隆的臭蛙属标本与重庆市记录的 9 种臭蛙属物种存在明显差异。本次采集的标本雄性头体长在 37.59 ~ 46.45 mm 之间，体型较小，其头体长与大绿臭蛙 (48 mm 左右)、合江臭蛙 (47.3 mm 左右)、宜昌臭蛙 (42.9 mm 左右)、花臭蛙 (44 mm 左右)、宜章臭蛙 (51 mm 左右) 相近，远小于绿臭蛙 (81 mm 左右) 和务川臭蛙 (71 mm 以上) 等重庆市分布的臭蛙属其他物种雄性个体；无背侧褶，明显区别于大绿臭蛙；吻端钝圆，与宜章臭蛙近似，区别于合江臭蛙、花臭蛙和宜昌臭蛙的吻端钝尖或略尖；趾关节下瘤明显，区别于宜章臭蛙趾关节下瘤不明显；无雄性线，区别于花臭蛙 (背部雄性线显或略显)、宜昌臭蛙和宜章臭蛙 (背侧有粉红色雄性线) (费梁等 2012, Li et al. 2018, 中国两栖类 2023)。

本次采集的臭蛙属标本与贵州臭蛙模式产地标本形态上存在一些差异，胫跗关节贴体前伸达吻端，异于模式产地标本的达鼻眼之间；体型比模式产地标本偏大，雄性头体长 37.59 ~

46.45 mm, 模式产地标本为 36.2 ~ 43.3 mm, 雌性头体长为 87.7 mm, 大于模式产地雌性头体长 62.4 ~ 81.1 mm; 掌突 3 个, 异于模式产地标本掌突 2 个, 关节下瘤明显, 异于模式产地标本指关节下瘤不明显(费梁等 2005, 2012, 中国两栖类 2022)。由于本次采集的标本数量有限, 上述差异是否为适应不同环境而导致的形态变异, 有待进一步采集标本进行论证。

贵州臭蛙为中国特有种, 此前报道在我国分布于贵州省金沙、仁怀、贵定、三都和荔波等地, 栖息于喀斯特地貌溪流中或溪流附近, 植被以常绿阔叶林或灌木丛为主, 本次重庆武隆区采集地的生境与已记录地区一致, 说明贵州臭蛙对生境选择偏向于喀斯特地貌或高山峡谷的溪沟附近(Li et al. 2018, Jiang et al. 2022)。此前记录贵州臭蛙的分布最北端为贵州省务川县(Jiang et al. 2022), 此次在重庆市武隆区发现贵州臭蛙, 不仅丰富了其分布信息, 还拓宽了对该物种分布纬度的认知。

参 考 文 献

- Frost D R. 2023. Amphibian Species of the World Version 6.0, an Online Reference: Names Assigned to Genus *Odorrana*. New York, USA: American Museum of Natural History. [DB/OL]. [2023-08-20]. <https://amphibiansoftheworld.amnh.org/Amphibia/Anura/Ranidae/Odorrana>.
- 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.
- Jiang Y, Yan S S, Luo T, et al. 2022. Large mountains make small barriers: species composition and spatial dynamics history of the *Odorrana schmackeri* complex in the Karst area of Guizhou, China. *Diversity and Distributions*, 28(12): 2648–2664.
- Li S Z, Xu N, Lv J C, et al. 2018. A new species of the odorous frog genus *Odorrana* (*Amphibia*, *Anura*, *Ranidae*) from southwestern China. *PeerJ*, 6: e5695.
- Luo T, Wang S W, Xiao N, et al. 2021. A new species of odorous frog genus *Odorrana* (*Anura*, *Ranidae*) from southern Guizhou Province, China. *Asian Herpetological Research*, 12(4): 381–398.
- Posada D. 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1253–1256.
- Ronquist F, Huelsenbeck J P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12): 1572–1574.
- Shen H J, Zhu Y J, Li Z, et al. 2020. Reevaluation of the holotype of *Odorrana schmackeri* Boettger, 1892 (*Amphibia*: *Anura*: *Ranidae*) and characterization of one cryptic species in *O. schmackeri sensu lato* through integrative approaches. *Asian Herpetological Research*, 11(4): 297–311.
- 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.
- 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, 6–8, 119–121.
- 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, 344–349.
- 李永民. 2015. 基于线粒体基因组的中国蛙科系统关系及花臭蛙的系统地理学研究. 芜湖: 安徽师范大学博士学位论文, 1–90.
- 罗键, 刘颖梅, 高红英, 等. 2012. 重庆市两栖爬行动物分类分布名录. *西南师范大学学报: 自然科学版*, 37(4): 130–139.
- 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.
- 易建华, 甘小平, 黄自豪, 等. 2013. 重庆市发现光雾臭蛙和南江臭蛙. *动物学杂志*, 48(1): 125–128.
- 中国两栖类. 2023. “中国两栖类”信息系统. 中国. 云南省. 昆明市: 中国科学院昆明动物研究所. [DB/OL]. [2023-08-20]. <http://www.amphibiachina.org/>.
- 朱艳军, 陈卓, 常利明, 等. 2015. 重庆市发现宜章臭蛙. *动物学杂志*, 50(6): 969–973.