

喜山鼠耳蝠在广东省分布确认及其与宽吻蝠属的分类学探讨

秦嘉豪^{①②} 何向阳^② 黄泽双^② 朱俊宇^{①②}

颜奥然^② 邱源^② 赵华斌^{①*} 张礼标^{②*}

① 武汉大学生命科学学院 武汉 430072;

② 广东省科学院动物研究所, 广东省动物保护与资源利用重点实验室 广州 510260

摘要: 于2018年7月在广州市从化区英豪学校和2019年5月在广东石门台国家级自然保护区横石塘保护站林道附近各捕获1只蝙蝠, 均为雌性, 标本号分别为20180444和20190291。从形态上来看, 体型均较小, 前臂长分别为35.60 mm和34.55 mm; 毛被柔软而厚, 背侧毛根为黑色, 毛尖为深棕色至棕褐色; 腹侧颜色略淡, 根部为黑色, 尖端为浅黄色; 耳小而窄, 耳屏长、窄、直; 翼膜为黑褐色, 无绒毛覆盖, 附于第一趾基; 后足较短, 不足胫长的一半。结合头骨特征, 本次广东捕获的标本与原为喜山鼠耳蝠 (*Myotis muricola*) 现归为宽吻蝠属 (*Submyotodon*) 的3个物种, 即宽吻鼠耳蝠 (*S. latirostris*)、川西宽吻鼠耳蝠 (*S. moupinensis*) 和喜马拉雅宽吻鼠耳蝠 (*S. caliginosus*) 均不同。基于COI和Cyt b基因序列, 同时结合本研究组于2016年在广西和云南捕获的2只被鉴定为喜山鼠耳蝠标本, 进行系统发育分析发现, 上述样本与宽吻蝠属物种遗传距离较远, 广东标本与广西、云南以及NCBI数据库中的喜山鼠耳蝠聚为支持率均为100的一支, 证实本研究于广东采集的2只蝙蝠均为喜山鼠耳蝠。标本现保存于广东省科学院动物研究所。本文还对喜山鼠耳蝠和宽吻蝠属物种的分类差异和地理分布差异进行了初步探讨。

关键词: 喜山鼠耳蝠; 宽吻蝠属; 翼手目; 广东省; 分布确认

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 03-436-15

Distribution Confirmation of *Myotis muricola* in Guangdong Province and Its Taxonomic Discussion With *Submyotodon* Bats

QIN Jia-Hao^{①②} HE Xiang-Yang^② HUANG Ze-Shuang^② ZHU Jun-Yu^{①②}

YAN Ao-Ran^② QIU Yuan^② ZHAO Hua-Bin^{①*} ZHANG Li-Biao^{②*}

① College of Life Sciences, Wuhan University, Wuhan 430072; ② Guangdong Key Laboratory of Animal Conservation and

Resource Utilization, Institute of Zoology, Guangdong Academy of Sciences, Guangzhou 510260, China

基金项目 科技部基础专项 (No. 2021FY100303, 2022FY100502), 广东省动物志编制项目 (No. 202115), 广州国家实验室专项项目 (No. GZNL2023A01001);

* 通讯作者, E-mail: huabinzhao@whu.edu.cn, zhanglb@giz.gd.cn;

第一作者介绍 秦嘉豪, 男, 硕士研究生; 研究方向: 动物遗传与进化; E-mail: 2336765189@qq.com.

收稿日期: 2024-08-04, 修回日期: 2025-01-02 DOI: 10.13859/j.cjz.202524181 CSTR: 32109.14.cjz.24181

Abstract: Two bats were captured (specimen numbers 20180444 and 20190291 respectively) in Guangzhou City and Guangdong Shimentai National Nature Reserve in Guangdong Province in July 2018 and May 2019, respectively. The morphological and skull characteristics of these two bats were measured by using electronic digital calipers and compared with morphological data of *Myotis* species from other studies. The *Cyt b* and *COI* gene sequences of these two bats were sequenced. Then, the *Cyt b* and *COI* gene sequences of some *Myotis* species were downloaded from the NCBI database, and a maximum likelihood phylogenetic tree was constructed using multiple programs in PhyloSuite. Genetic distances based on the *Cyt b* gene of 25 bats and *COI* gene of 15 bats were calculated using the Kimura 2-parameter model. Subsequently, phylogenetic trees of multiple species (*Myotis* and *Submyotodon* bats) based on *Cyt b* and *COI* sequences were then constructed. The main morphological characteristics of the two bats are small body size, with forearm lengths of 35.60 mm and 34.55 mm, respectively. Pelage is soft and thick. Dorsal hairs black basally with buff brown tips. The abdominal hair is slightly lighter than the back hairs. The base hair color is black, and the hair tip is buff (Fig. 1a). The ear is small and narrow, and the tragus is long and straight (Fig. 1b). The wing membrane is black-brown, without any fuzzy covering. The hind-foot length is short, less than half of the tibia length (Table 2). Combined with the skull measurements, they are different from the bats currently named as *S. latirostris*, *S. moupinensis*, and *S. caliginosus*, all of which were previously considered subspecies of *M. muricola*. For molecular evidence, the *Cyt b* and *COI* gene sequences of two bats were amplified by PCR. Based on the results of the phylogenetic analysis, the two captured bats are well clustered with *M. muricola* from the database. The genetic distances of *Cyt b* and *COI* gene are between 1.1% - 2.1% and 0.9% - 2.9%, respectively (Appendices 1 and 2). It is found that two bats have a relatively large genetic distance from *Submyotodon* (Figs. 2 and 3). Based on the phylogenetic analysis of multiple bat species (Fig. 4), the issues between *M. muricola* and *Submyotodon* of the classification differences in morphology and phylogenomics, as well as the geographical distribution differences among related species were raised (Fig. 5). In summary, two newly collected bats were identified as *M. muricola*. We have expanded our understanding of the geographical distribution of this species. The specimens are kept in the Institute of Zoology, Guangdong Academy of Sciences at present.

Key words: *Myotis muricola*; *Submyotodon*; Chiroptera; Guangdong Province; Distribution confirmation

鼠耳蝠 (*Myotis*) 是蝙蝠科 (Vespertilionidae) 中种类最多的类群之一, 全世界共有 100 余种, 中国分布有 27 种, 其中, 广东分布有 10 种。喜山鼠耳蝠 (*M. muricola*) 在国内主要分布于贵州、四川、西藏、云南、湖南、台湾和广西, 国外分布于阿富汗、巴布亚新几内亚、马来西亚、尼泊尔、印度、印度尼西亚、越南、不丹、缅甸和巴基斯坦 (Bates et al. 1997, Wilson et al. 2019, 魏辅文等 2022)。而有关广东省的喜山鼠耳蝠报道, 仅限于张语之等 (2021) 对广东石门台国家级自然保护区蝙蝠多样性调查时捕

捉了 1 只喜山鼠耳蝠, 以及 Liu 等 (2023) 在进行中国鼠耳蝠分类学研究中于广东捕捉了 2 只喜山鼠耳蝠, 但是这两项研究均未详细报道喜山鼠耳蝠外形及头骨特征, 且最新分布名录未收入喜山鼠耳蝠在广东省的分布记录 (魏辅文等 2022)。

2018 年 7 月在广州市从化区英豪学校捕获 1 只小型雌性鼠耳蝠类蝙蝠, 2019 年 5 月在广东英德石门台国家级自然保护区横石塘保护站林道附近再次捕获 1 只雌性同种蝙蝠。根据外形与头骨特征, 结合之前在广西和云南采集到

的 2 只被鉴定为喜山鼠耳蝠标本的 *Cyt b* 基因序列, 及 NCBI 数据库中喜山鼠耳蝠的 *Cyt b* 和 *COI* 基因序列进行了分子系统发育分析, 鉴定广东采集的 2 只蝙蝠均为喜山鼠耳蝠。此次发现拓宽了对喜山鼠耳蝠在国内分布范围的认知, 为今后我国蝙蝠多样性和保护生物学研究提供了新数据。

1 研究方法

1.1 标本采集

2018 年 7 月在广州市从化区英豪学校 (113°34'52" E, 23°33'12" N, 海拔 38 m) 利用鸟网捕获 1 只鼠耳蝠(♀, 标本号 20180444), 2019 年 5 月在广东英德石门台国家级自然保护区横石塘保护站林道附近 (113°10'56" E, 24°14'29" N, 海拔 188 m) 用手抄网捕获 1 只鼠耳蝠(♀, 标本号 20190291)。拍摄外形特征、测量前臂长并采集肌肉组织用于后续分子鉴定, 随后用 75%乙醇溶液将样本制成浸制标本, 保存于广东省科学院动物研究所。

1.2 外形和头骨特征测量

参考杨奇森等 (2005, 2007) 和潘清华等 (2007) 的哺乳动物测量标准, 使用电子数显卡尺 (桂林市迪吉特电子有限公司, 量程 15.00 mm, 精度 0.01 mm) 测量标本外形和头骨特征数据。外形测量指标包含头体长、前臂长、尾长、耳长、胫长和后足长。头骨测量指标包括颅全长、颅基长、颅高、颅宽、颧宽、眶间宽、上犬齿横宽、臼齿横宽、上齿列长、下齿列长以及下颌长和下颌宽。

1.3 基于 *Cyt b* 及 *COI* 基因序列的系统发育分析

采集标本的肌肉组织保存于无水乙醇当中, 利用 DNA 提取试剂盒 (Ezup 柱式动物基因组 DNA 抽提试剂盒, 上海生物工程股份有限公司) 提取总 DNA。之后使用引物 *Cyt b*-F (5'-TAG AAT ATC AGC TTT GGG TG-3') 与 *Cyt b*-R (5'-AAA TCA CCG TTG TAC TTC AAC-3') 扩增 *Cyt b* 基因片段 (1 140 bp); 使用引物 *COI*-F (5'-CCT ACT CRG CCA TTT

TAC CTA TG-3') 与 *COI*-R (5'-ATC TCT GGG TGT CCA AAG AAT CA-3') 扩增 *COI* 基因片段 (750 bp)。PCR 反应的条件设置为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 1 min, 50 °C 退火 40 s, 72 °C 延伸 1 min, 循环 25 次; 94 °C 变性 1 min, 54 °C 退火 40 s, 72 °C 延伸 1 min, 循环 35 次; 72 °C 延伸 10 min, 10 °C 冷却。之后利用 1%琼脂糖凝胶对 PCR 产物进行电泳检测, 将扩增成功的 PCR 产物送至上海生物工程股份有限公司进行测序。随后使用 Lasergene 软件 (<https://www.dnastar.com/software/lasergene/>) 中的 EditSeq 和 SeqMan 对测序所得的序列进行手动校正。

校正后的序列在美国国家生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information, NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 数据库中序列进行 blastn 比对 (期望阈值: 0.05), 确认相似度较高的蝙蝠物种分类单元为喜山鼠耳蝠。在 NCBI 的 GenBank 数据库中下载了 6 条喜山鼠耳蝠 *Cyt b* 序列, 其中, 2 条来自 Liu 等 (2023) 在中国广东省捕捉的 2 只喜山鼠耳蝠样本, 2 条来自越南, 老挝和马来西亚各 1 条, 4 条宽吻蝠属 (*Submyotodon*) 以及 9 条鼠耳蝠属其他物种的 *Cyt b* 序列, 选取大蹄蝠 (*Hipposideros armiger*) 和大耳菊头蝠 (*Rhinolophus episcopus*) 的 *Cyt b* 序列作为外群 (表 1), 并将本课题组于 2016 年 5 月在我国广西宁明县明江镇峙利村 (♂, 标本号 20160593) 以及 2016 年 6 月在云南勐海县打洛镇曼掌村 (♀, 标本号 20160602) 捕获的喜山鼠耳蝠的 *Cyt b* 序列共同建树。同时, 下载了 2 条喜山鼠耳蝠 (越南和马来西亚各 1 条)、3 条宽吻蝠属以及 7 条鼠耳蝠属其他物种的 *COI* 序列, 选取大蹄蝠的 *COI* 序列作为外群 (表 1) 建树。应用 PhyloSuite 系统发育分析平台 (<http://phylosuite.jushengwu.com>) 中整合的系统发育分析软件 MAFFT (Katoh et al. 2013)、MACSE (Ranwez et al. 2018)、Gblocks (Talavera et al. 2007)、ModelFinder (Kalyaanamoorthy et

al. 2017) 及 IQ-TREE (Nguyen et al. 2015) 分别构建了 Cyt *b* 基因和 COI 基因序列最大似然进化树。最后利用 MEGA 7.0 软件基于 K2P (Kimura 2-parameter) 模型进行遗传距离分析 (Tamura et al. 2011), 方差估计法选用 Bootstrap method, 重复 1 000 次。

之后, 在 NCBI 数据库中下载测序质量较高 (Cyt *b* 基因片段长度不低于 1 000 bp, COI 基因片段长度不低于 600 bp) 的蝙蝠科鼠耳蝠属物种 Cyt *b* 和 COI 基因序列。得到 100 个鼠耳蝠物种每种各一条 Cyt *b* 基因序列, 结合上述 4 条宽吻蝠属、8 条喜山鼠耳蝠和本研究的 2 条 Cyt *b* 基因序列; 得到 76 个鼠耳蝠物种每种各一条 COI 基因序列, 结合上述 3 条宽吻蝠属、2 条喜山鼠耳蝠和本研究的 2 条 COI 基因序列,

利用上述相同的系统发育分析方法构建了基于 Cyt *b* 和 COI 基因的鼠耳蝠物种部分线粒体基因的最大似然系统发育树。在全球生物多样性信息机构 (Global Biodiversity Information Facility, GBIF) 查阅了相关物种的全球地理分布信息。

2 结果

2.1 外部形态特征

本研究于广东采集的 2 只鼠耳蝠, 体型较小, 毛被柔软而厚。背部毛基为黑色, 毛尖为深棕色至棕褐色; 腹部毛色略淡, 基部为黑色, 尖端为浅黄色。吻部和眼部大部分裸露, 但上唇的上部具毛 (图 1a)。耳小而窄, 耳屏长、窄且直 (图 1b), 长度基本上是耳长的一半,

表 1 构建 Cyt *b* 和 COI 基因系统进化树的蝙蝠物种信息

Table 1 List of Cyt *b* and COI genes used to reconstruct the phylogeny of bats

物种 Species	GenBank 登录号 GenBank accession number	
	Cyt <i>b</i>	COI
西南鼠耳蝠 <i>Myotis altarium</i>	EF553530 (中国广东 Guangdong, China)	JF443976 (中国贵州 Guizhou, China)
狭耳鼠耳蝠 <i>M. blythii</i>	AM284170 (中国浙江 Zhejiang, China)	MT407289 (葡萄牙 Portugal)
中华鼠耳蝠 <i>M. chinensis</i>	AB106588 (中国广东 Guangdong, China)	HM541078 (缅甸 Myanmar)
大卫鼠耳蝠 <i>M. davidii</i>	KF312516 (中国广西 Guangxi, China)	
毛腿鼠耳蝠 <i>M. fimbriatus</i>		MW054930 (中国 China)
金黄鼠耳蝠 <i>M. formosus</i>	EF555233 (中国江西 Jiangxi, China)	NC_015828 (韩国 South Korea)
长指鼠耳蝠 <i>M. longipes</i>	KF312512 (中国重庆 Chongqing, China)	MN339186 (印度 India)
喜山鼠耳蝠 <i>M. muricola</i>	KF312509 (老挝 Laos), KT213444 (马来西亚 Malaysia), MH137365、AY665144(越南 Vietnam), OR096834、OR096835 (中国广东 Guangdong, China)	HM914936 (越南 Vietnam)
大足鼠耳蝠 <i>M. pilosus</i>	AB106608 (中国广东 Guangdong, China)	HM541134 (老挝 Laos)
渡濑氏鼠耳蝠 <i>M. rufoniger</i>	EF555235 (中国吉林 Jilin, China)	
高颅鼠耳蝠 <i>M. siligorensis</i>	FJ215679 (中国广东 Guangdong, China)	
喜马拉雅宽吻鼠耳蝠 <i>Submyotodon caliginosus</i>	MW054885 (印度 India)	MW054885 (印度 India)
宽吻鼠耳蝠 <i>S. latirostris</i>	KP187906 (中国台湾 Taiwan, China)	MW054923 (中国台湾 Taiwan, China)
川西宽吻鼠耳蝠 <i>S. moupinensis</i>	MW054895 (中国云南 Yunnan, China)	MW054932 (中国 China)
宽吻蝠属未定种 <i>S. sp.</i>	KF312535 (中国 China)	
大耳菊头蝠 <i>Rhinolophus episcopus</i>	EU075212 (中国江西 Jiangxi, China)	
大蹄蝠 <i>Hipposideros armiger</i>	JX849197 (中国福建 Fujian, China)	JF443883 (越南 Vietnam)

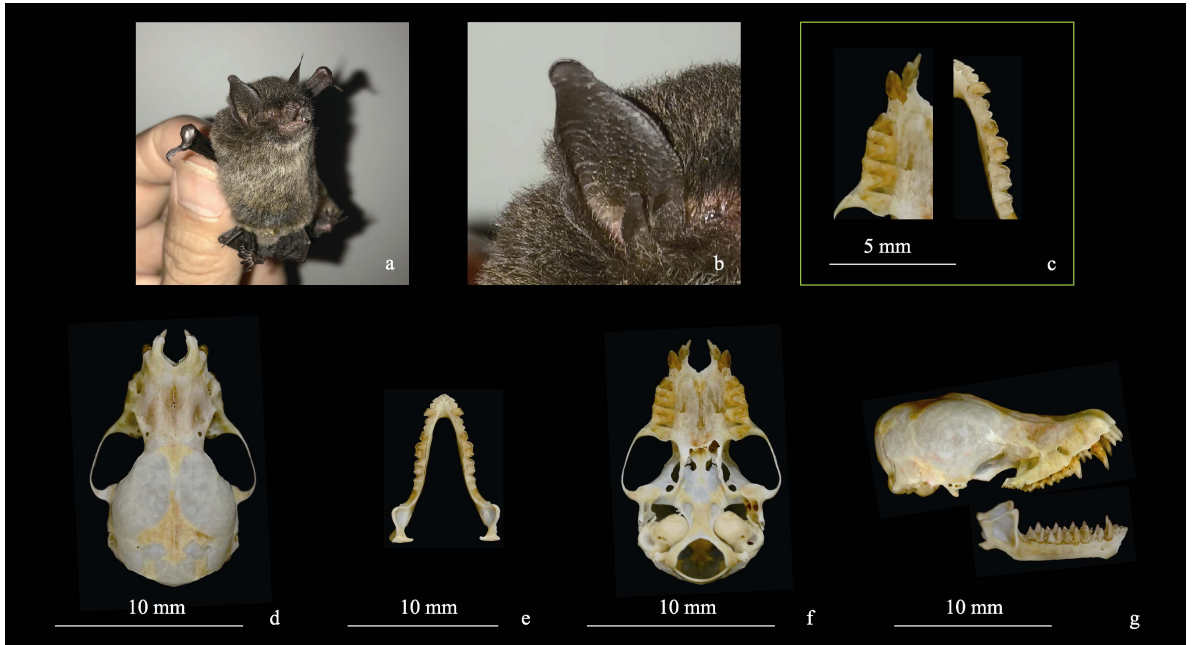


图 1 喜山鼠耳蝠外形及头骨特征 (180444, ♀)

Fig. 1 External and skull characteristics of *Myotis muricola* (180444, ♀)

a. 头部正面观; b. 耳屏; c. 上下颌牙齿形态; d. 颅骨背面; e. 下颌骨正面观; f. 颅骨腹面观; g. 颅骨和下颌骨侧面观。

a. Head frontal view; b. Tragus; c. Morphology of upper and lower teeth; d. Dorsal view of skull; e. Frontal view of mandible; f. Ventral view of skull; g. Lateral view of skull and mandible.

耳尖呈钝圆状。后足较短，不足胫长的一半。翼膜为黑褐色，无绒毛覆盖，附于第一趾基。

2.2 头骨形态特征

头骨细弱，脑颅轮廓呈光滑球状。吻突后部有凹陷且吻部较为扁平，吻部在鼻腔后部边界和额部间的中线处有轻微的凹陷。矢状嵴不明显，仅见与后侧的人字嵴交汇，枕缘也较为薄弱。颧弓短而纤细 (图 1d)，颧宽大于脑颅宽 (表 2)。

齿式为 2.1.3.3/3.1.3.3 = 38，两上门齿紧贴，且第二上门齿 I^3 比第一上门齿 I^2 略短，上门齿未分叶。上犬齿 C^1 比第三前臼齿 P^4 稍高，两齿间稍有间隙。上颌第一前臼齿 P^2 和第二前臼齿 P^3 均较小， P^3 的齿冠面积是 P^2 的 $1/2 \sim 2/3$ 。上颌第一臼齿 M^1 和第二臼齿 M^2 有比较发达的齿尖和脊，第三臼齿 M^3 相对较小，齿冠面积约为 M^2 的 $2/3$ 。下颌的第三门齿 I_3 较下颌第一

门齿 I_1 、第二门齿 I_2 更加粗壮。下颌第二前臼齿 P_3 被挤压至齿列线内侧，面积约为第一前臼齿 P_2 的 $2/3$ (图 1c, e~g)。

2.3 系统发育分析

利用本研究 2 只标本的 *Cyt b* 序列，结合表 1 中在 NCBI 数据库下载的蝙蝠 *Cyt b* 序列构建了系统进化树 (图 2)。广东采集的 2 只标本的 *Cyt b* 序列与数据库内 4 条喜山鼠耳蝠的 *Cyt b* 序列、以及本研究组分别于广西和云南采集的 2 只喜山鼠耳蝠标本 *Cyt b* 序列聚为高支持度 (支持率为 100) 的一支。此外，利用扩增得到的 2 只新采集标本的 *COI* 序列与表 1 中在 NCBI 数据库中下载的蝙蝠 *COI* 序列构建的系统进化树也显示，2 只产自广东的标本与数据库内的 2 条喜山鼠耳蝠 *COI* 序列聚为高支持度 (支持率为 100) 的一支 (图 3)。

基于 *Cyt b* 和 *COI* 基因，针对多种鼠耳蝠

表 2 喜山鼠耳蝠、川西宽吻鼠耳蝠、宽吻鼠耳蝠以及喜马拉雅宽吻鼠耳蝠外形及头骨特征比较 (平均值 ± 标准差, 单位: mm)
Table 2 Comparison of external and skull measurements of *Myotis muricola*, *Submyotodon moupinensis*, *S. latirostris* and *S. caliginosus* (Mean ± SD, unit: mm)

外部量度 External measurements	本研究 This study				喜山鼠耳蝠 <i>M. muricola</i> 印度 India Chakravarty et al. 2020	川西宽吻鼠耳蝠 <i>S. moupinensis</i> 中国云南 Yunnan, China Allen 1938	宽吻鼠耳蝠 <i>S. latirostris</i> 中国台湾 Taiwan, China Ruedi et al. 2015	喜马拉雅宽吻鼠耳蝠 <i>S. caliginosus</i> 印度、巴基斯坦和尼泊尔 India, Pakistan and Nepal Bates et al. 1997
	中国广东 Guangdong, China ♀ 20180444	中国广东 Guangdong, China ♀ 20190291	中国广西 Guangxi, China ♂ 20160593	中国云南 Yunnan, China ♀ 20160602				
头体长 Head and body length, HBL	39.12	39.41	37.96	37.38	35.90 - 37.90 (n = 2)	40.00	37.30 ± 1.50 (n = 19)	43.80 ± 2.10 (n = 11)
前臂长 Forearm length, FA	35.60	34.55	35.53	35.27	32.00 (n = 1)	33.00	33.80 ± 0.90 (n = 20)	33.70 ± 1.70 (n = 18)
尾长 Tail length, TL	35.25	33.38	32.57	36.42	10.10 - 12.80 (n = 2)	38.00	36.30 ± 2.30 (n = 19)	32.90 ± 4.40 (n = 12)
耳长 Ear length, E	9.78	9.66	9.95	10.03	15.30 - 15.30 (n = 2)	12.00	12.20 ± 1.40 (n = 16)	9.90 ± 2.60 (n = 14)
胫长 Tibia length, TIB	16.95	14.34	14.75	14.94	5.10 - 6.60 (n = 2)	7.50	13.60 ± 0.60 (n = 19)	13.30 ± 1.40 (n = 14)
后足长 Hind-foot length, HF	7.90	6.62	6.29	5.80			6.30 ± 0.60 (n = 19)	5.10 ± 0.90 (n = 11)
头骨量度 Skull measurements								
颅全长 Greatest length of skull, GLS	13.59	13.77	13.93	13.67		13.00	13.20 ± 0.20 (n = 19)	13.30 ± 0.30 (n = 18)
颊基长 Condyllo-basal length, CBL	13.21	13.41	13.65	13.25		11.00	12.30 ± 0.30 (n = 19)	
颅高 Braincase height, BCH	6.14	6.16	6.21	6.19				
颅宽 Braincase width, BCW	6.99	7.18	7.11	7.20			6.20 ± 0.20 (n = 19)	6.20 ± 0.10 (n = 21)
颞宽 Zygomatic width, ZB	8.63	9.17	9.28	8.45		8.00	7.60 ± 0.30 (n = 17)	7.80 ± 0.40 (n = 8)
眶间宽 East interorbital width, IOB	3.92	4.13	4.35	4.19			3.40 ± 0.10 (n = 19)	3.30 ± 0.10 (n = 21)
上犬齿横宽 Breadth of upper canine, C ¹ -C ¹	3.55	3.64	3.73	3.65			3.00 ± 0.10 (n = 19)	3.10 ± 0.20 (n = 20)
白齿横宽 Breadth of M ³ -M ³ , M ³ - M ³	3.02	3.15	3.24	3.20		5.20	5.20 ± 0.10 (n = 19)	5.20 ± 0.20 (n = 19)
上齿列长 Length of upper tooth row I ¹ -M ³ , I ¹ -M ³	5.02	5.43	5.45	5.30		6.00	6.20 ± 0.20 (n = 19)	
下齿列长 Length of lower tooth row I ₁ -M ₃ , I ₁ -M ₃	5.44	5.62	5.76	5.51		6.00	6.50 ± 0.10 (n = 19)	9.50 ± 0.30 (n = 18)
下颌长 Mandibular length, ML	10.00	10.40	9.96	10.09				
下颌宽 Mandibular width, MW	3.31	3.49	3.40	3.46				

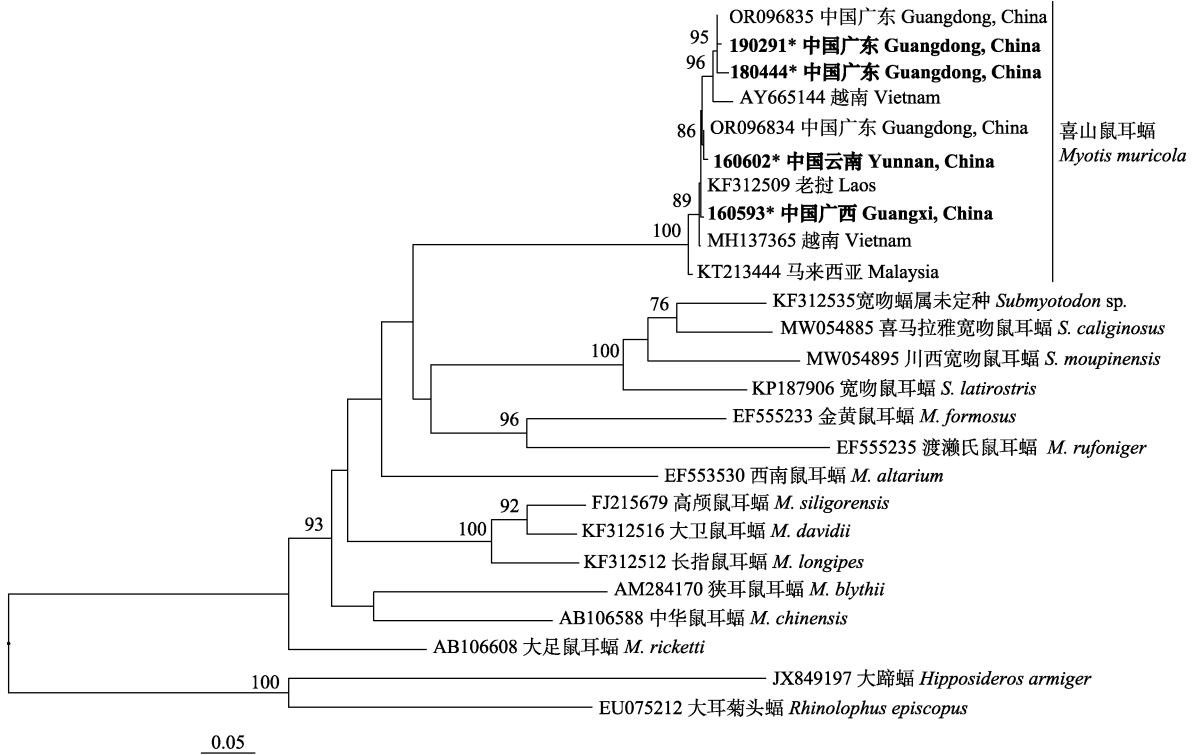


图 2 基于 Cyt b 序列构建的鼠耳蝠属部分近缘物种的最大似然系统发育关系

Fig. 2 Maximum likelihood phylogenetic relationships of some close *Myotis* species based on Cyt b sequences

星号 (*) 和粗体字标记的个体是本研究发现的喜山鼠耳蝠；物种名前的序号为相应个体在 NCBI 的 Cyt b 序列号；各支上的数值代表节点支持率（数值大于 75 的予以展示）；标尺为遗传距离。

The individuals marked with asterisks and boldfaced word are the *M. muricola* found in this study; the serial number before the species name is the accession number of Cyt b sequences of the corresponding individual in NCBI; the values on the tree represent the support rate of the node (only values greater than 75 are shown); the scale shows the genetic distance.

物种部分线粒体基因序列的系统发育分析结果显示，喜山鼠耳蝠与小黑鼠耳蝠 (*M. ater*) 遗传距离较近 (图 4)；宽吻蝠属与加州鼠耳蝠 (*M. californicus*) Cyt b 基因遗传距离较近 (图 4a)，而与阿尔凯特鼠耳蝠 (*M. alcathoe*) COI 基因遗传距离较近 (图 4b)。

2.4 种内及种间遗传距离

利用 K2P 模型计算本研究样本的 Cyt b 和 COI 序列与 NCBI 数据库中的鼠耳蝠序列种内及种间遗传距离。基于 Cyt b 序列，本研究样本序列与数据库以及云南、广西捕捉的喜山鼠耳蝠样本的遗传距离介于 0.1% ~ 2.1%，与 4 种宽吻蝠的遗传距离介于 18.9% ~ 21.4%，与其

他种类鼠耳蝠的遗传距离介于 17.6% ~ 21.4%；基于 COI 序列，本研究样本序列与数据库中的喜山鼠耳蝠遗传距离介于 0.9% ~ 2.9%，与 3 种宽吻蝠的遗传距离介于 18.9% ~ 21.5%，与其他种类鼠耳蝠的遗传距离介于 15.0% ~ 22.5% (附录 1, 2)。

3 讨论

喜山鼠耳蝠模式产地在尼泊尔，其分类地位一直存在争议，部分学者认为这个广泛分布的物种可能是复合种 (Smith 等 2009, Ruedi et al. 2013)。Simmons (2005) 认为，全世界的喜山鼠耳蝠共有 7 个亚种，Smith 等 (2009)

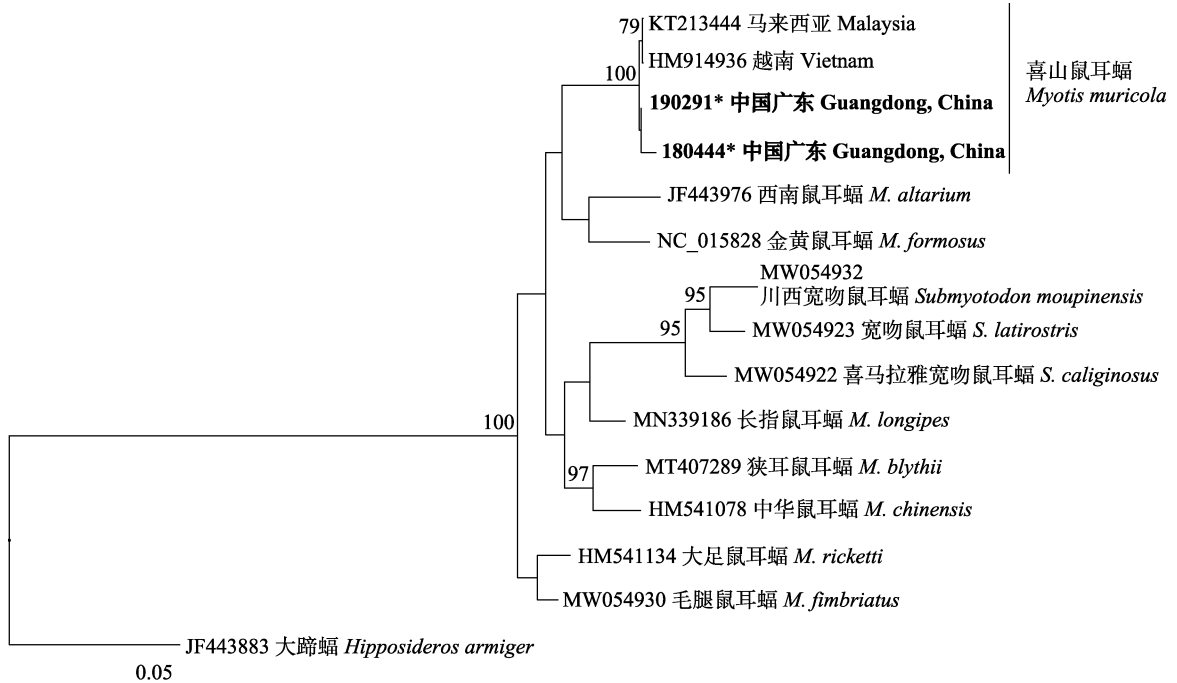


图 3 基于 COI 序列构建的鼠耳蝠部分近缘物种的最大似然系统发育关系

Fig. 3 Maximum likelihood phylogenetic relationships of some close *Myotis* species based on COI sequences

星号 (*) 和粗体字标记的个体是本研究发现的喜山鼠耳蝠；物种名前的序号为相应个体在 NCBI 的 COI 序列号；各支上的数值代表节点支持率（数值大于 75 的予以展示）；标尺为遗传距离。

The individuals marked with asterisks and boldfaced word are the *M. muricola* found in this study; the serial number before the species name is the accession number of COI sequences of the corresponding individual in NCBI; the values on the tree represent the support rate of the node (only values greater than 75 are shown); the scale shows the genetic distance.

表示其中 3 个亚种在中国分布，分别是 *caliginosus* 亚种 (*M. m. caliginosus*)、*latirostris* 亚种 (*M. m. latirostris*) 和 *moupinensis* 亚种 (*M. m. moupinensis*)。王应祥 (2003) 列出了西藏和云南的亚种 *M. m. blanfordi* 和 *M. m. orii*，但实际上分别是 *M. m. caliginosus* 和 *M. m. latirostris* 的同亚种异名 (Hill 1983, Simmons 2005, Smith 等 2009)。而魏辅文等 (2022) 认为，喜山鼠耳蝠在全世界有 3 个亚种，其中 2 亚种 (*M. m. caliginosus* 和 *M. m. moupinensis*) 在中国有分布，而把 *M. m. latirostris* 列为另一属——宽吻蝠属的宽吻鼠耳蝠 (*S. latirostris*)。

事实上，围绕宽吻蝠属和喜山鼠耳蝠的分类观点也在随着研究的过程不断地修订和变动。宽吻蝠属最早是欧洲中新世沉积物中发现

的化石种类，其模式物种为 *S. petersbuchensis* (Ziegler 2003)。在形态学特征上，宽吻蝠属与鼠耳蝠属的特征基本相似，但在头骨、牙齿和耳上存在区别。宽吻蝠属的头骨脑颅低平，而鼠耳蝠属的头骨脑颅升起；宽吻蝠属的牙齿兼具了山蝠属 (*Nyctalus*) (前 2 枚白齿) 和鼠耳蝠属 (第 3 白齿) 的特征；宽吻蝠属的耳似伏翼 (*Pipistrellus*)，但耳屏却与鼠耳蝠相似，且耳缘具有缺刻 (Smith 等 2009, 刘少英 2023)。Ruedi 等 (2015) 根据喜山鼠耳蝠 *latirostris* 亚种独特的头骨及白齿形状，将其归入宽吻蝠属。有分子研究也显示，*latirostris* 谱系与其他的鼠耳蝠遗传差异较大，应属于鼠耳蝠亚科 (Myotinae) 辐射中的一个独立属 (Stadelmann et al. 2007, Lack et al. 2010)。

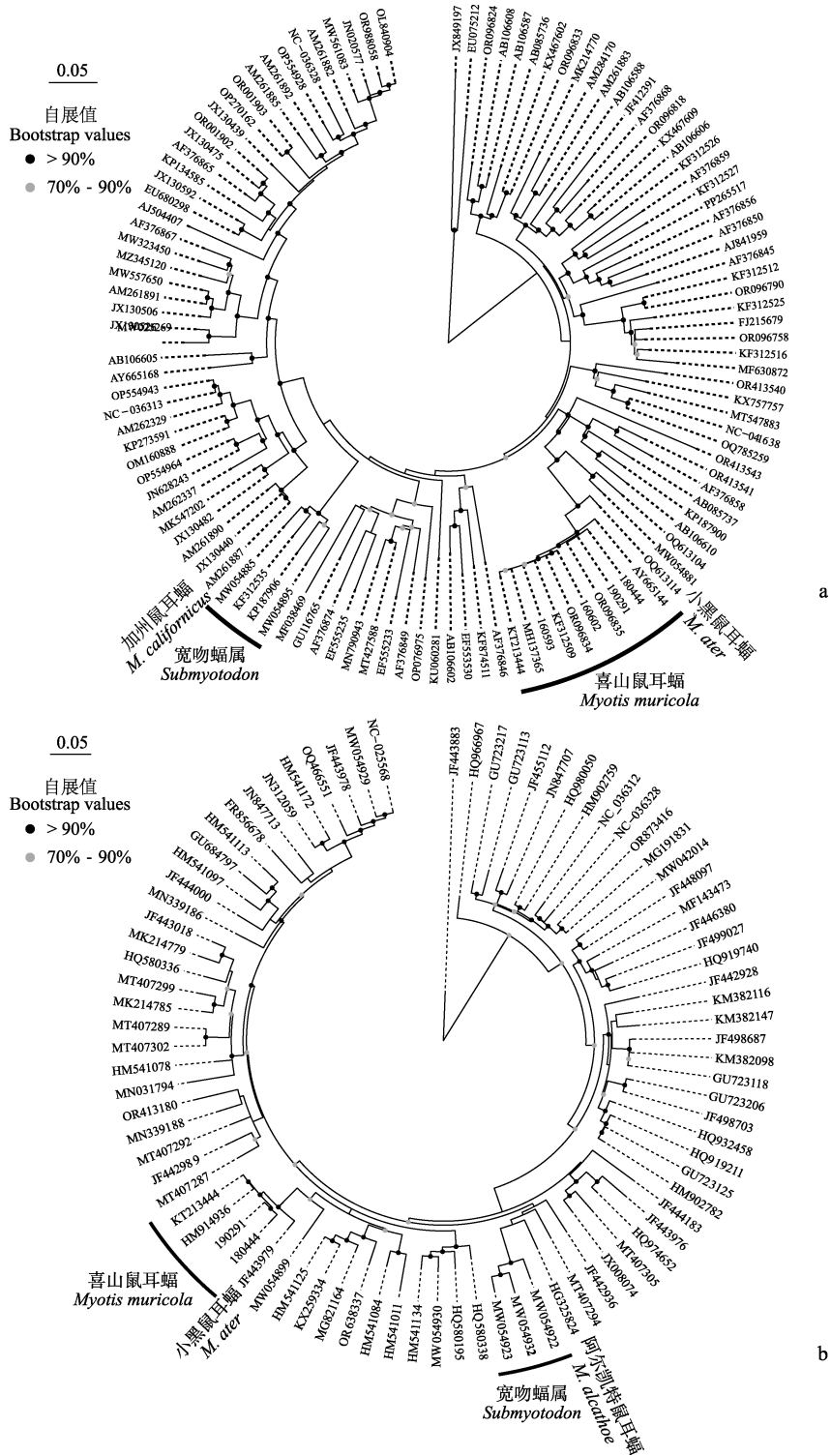


图 4 基于 *Cyt b* (a) 和 *COI* (b) 基因的鼠耳蝠属和宽吻蝠属多物种最大似然系统发育分析
 Fig. 4 Maximum likelihood phylogenetic analysis of multiple species (*Myotis* and *Submyotodon* bats) based on *Cyt b* (a) and *COI* (b) sequences

随后 Benda 等 (2015) 对其的形态学修订中证实, 并且进一步提出, 之前被认为是喜山鼠耳蝠 *M. muricola* 亚种的一些小型鼠耳蝠, 如 *M. m. caliginosus*、*M. m. moupinensis* 和 *M. m. blanfordi* 也归入宽吻蝠属。Ruedi 等 (2015) 认为, *M. blanfordi* 是 *M. m. caliginosus* 的同物异名, Wilson 等 (2019) 和 Ruedi 等 (2021) 均同意此观点。

从形态特征比较, 广东标本头体长略小于川西宽吻鼠耳蝠 (*S. moupinensis*, 云南, Allen 1938); 前臂长略大于文献查阅到的其他喜山鼠耳蝠的测量数据 (Chakravarty et al. 2020)。与台湾的宽吻鼠耳蝠标本 (Ruedi et al. 2015) 相比, 广东标本除尾长和耳长略小, 其他测量数据均略大。比较头骨特征发现, 广东标本的脑颅呈光滑球状, 川西宽吻鼠耳蝠脑颅较为低平; 广东标本第一和第二前臼齿高度较为一致, 川西宽吻鼠耳蝠第二前臼齿约为第一前臼齿的 1/2 高 (刘少英 2023)。值得一提的是, 本研究中国广东标本与 Chakravarty 等 (2020) 于印度捕获的喜山鼠耳蝠的测量数据也存在一定的差异, 但考虑到本研究 and Chakravarty 等 (2020) 的个体数都比较少, 因此后续还需更多的样本测量数据来进行比较。综上所述, 本研究采得的广东标本从形态学特征, 与川西宽吻鼠耳蝠、宽吻鼠耳蝠和喜马拉雅宽吻鼠耳蝠均不一致, 部分数据与现定的喜山鼠耳蝠更吻合, 但具体的亚种归属仍需进一步研究确定。

先前的分子系统发育研究指出, 蝙蝠 *Cyt b* 基因的遗传距离在物种内的变化范围为 0% ~ 5.9%, 同属物种间的变化范围为 4.8% ~ 18.7%; *COI* 基因的遗传距离小于 2% 是种内变异的结果, 而大于 11% 则是种间变异的结果 (Bradley et al. 2001, Baker et al. 2006)。本研究标本在基于 *Cyt b* 和 *COI* 基因构建的系统进化树上均与数据库内的喜山鼠耳蝠聚为高支持度的一支, 遗传距离分别为 0.1% ~ 2.1% 和 0.9% ~ 2.9%。本研究标本与数据库内宽吻蝠属间两基因的遗传距离分别为 18.9% ~ 21.4% 和 18.9% ~

21.5%, 远大于物种内的变化范围, 这与形态学观察结果相一致。综合形态特征比较和分子系统发育分析, 此次在中国广东采集的 2 只鼠耳蝠标本并非宽吻鼠耳蝠、川西宽吻鼠耳蝠和喜马拉雅宽吻鼠耳蝠的任何一种, 而是与在越南、马来西亚、印度和老挝等地有分布的喜山鼠耳蝠更为接近。

之后分别通过对 100 种和 76 种鼠耳蝠物种和宽吻蝠属的 *Cyt b* 和 *COI* 基因序列进行系统发育分析发现, 喜山鼠耳蝠与小黑鼠耳蝠遗传距离最为相近, 而宽吻蝠属物种与加州鼠耳蝠及阿尔凯特鼠耳蝠遗传距离最为相近。该结果进一步说明, 喜山鼠耳蝠与宽吻蝠属物种间的种级分化明显, 并非是亚种从属关系。但宽吻蝠属物种与鼠耳蝠属物种遗传距离较近, 宽吻蝠属在线粒体基因的分子层面并未和鼠耳蝠属间达到属水平的分化。结合上述的 4 种鼠耳蝠和 3 种宽吻鼠的地理区域分布, 发现喜山鼠耳蝠与小黑鼠耳蝠在地理区域上有所重叠, 主要集中在印度、越南、马来西亚和缅甸等地; 而宽吻蝠属的分布主要集中于中国、尼泊尔、阿富汗等东亚和中亚地区, 与其遗传距离较近的两种鼠耳蝠, 阿尔凯特鼠耳蝠和加州鼠耳蝠则主要分布于美国西部、加拿大西南部和欧洲各地, 在地理区域上存在一定的差异 (GBIF 2024) (图 5)。宽吻蝠属物种与喜山鼠耳蝠在形态学、系统发育学及地理分布上的差异为后续有关二者的分类学研究提供了思考与挑战。

喜山鼠耳蝠常生活于热带和亚热带湿润低地森林、次生林、灌丛和洞穴等地, 其种群数量不多, 且易受到伐木、耕种等人类活动的影响, 其适宜生境面积不断减小。喜山鼠耳蝠被《中国生物多样性红色名录》列为近危 (Near Threatened, NT) 等级 (蒋志刚等 2021), IUCN 红色名录 (IUCN 2024) 将其列为无危 (Least Concerned, LC) 等级。除了 2018 年和 2019 年捕获的喜山鼠耳蝠之外, 于 2021 年在广东省肇庆市封开县黑石顶保护区利用雾网也捕获到了一只喜山鼠耳蝠标本。该物种在广东省的分

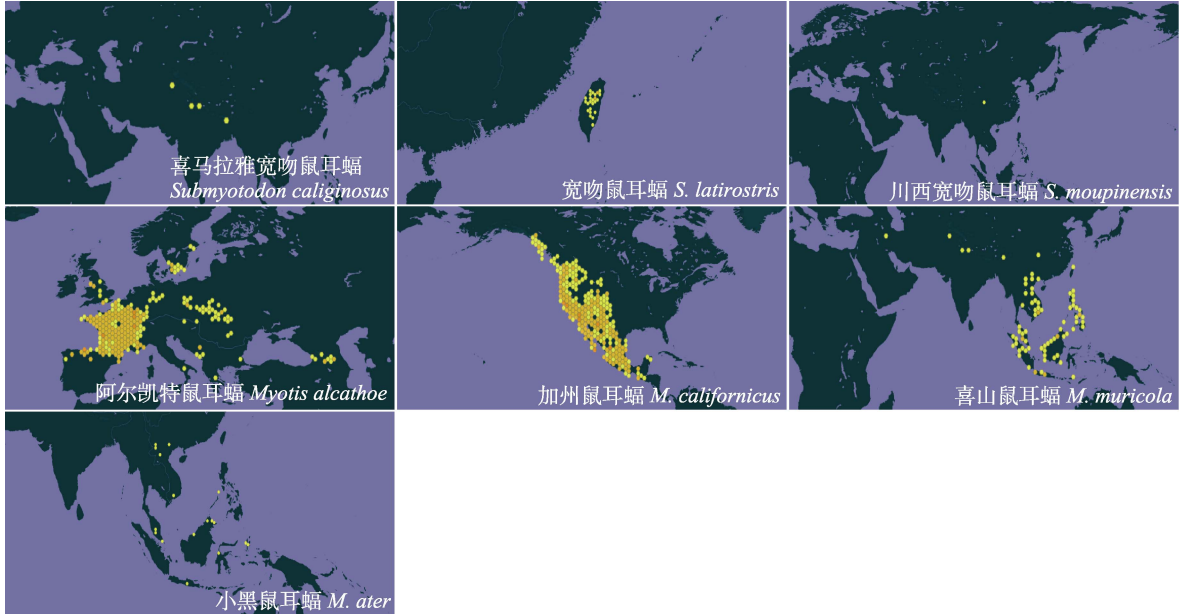


图5 宽吻蝠属和部分鼠耳蝠属物种的地理分布

Fig. 5 Geographical distribution of *Submyotodon* species and some *Myotis* species

图中标记的点为 Global Biodiversity Information Facility (GBIF) 网站 (<https://www.gbif.org/>) 统计的先前研究中有对应蝙蝠分布的区域, 颜色深浅表示被报道有分布的次数, 颜色越深表示记录次数较多。

The points marked in the figure represent areas with bat distributions reported in previous studies, as compiled by GBIF. The shading intensity indicates the frequency of reported occurrences, with darker colors corresponding to more frequent records.

布确认, 既增加了对广东省翼手目物种丰富度的认知, 同时也扩充了对该物种在我国分布地域的认识, 这有利于进一步推动对该物种的保护生物学研究。

致谢 野外工作中得到了广东英德石门台国家级自然保护区吴丁华以及广东省科学院动物研究所彭兴文的帮助, 在此表示感谢。

参考文献

- Allen G M. 1938. The Mammals of China and Mongolia, Part 1. New York: American Museum of Natural History, 221–223.
- Baker R J, Bradley R D. 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of Mammalogy*, 87(4): 643–662.
- Bates P J J, Harrison D L. 1997. Bats of the Indian Subcontinent. Kent: Harrison Zoological Museum, 125–126.
- Benda P, Gaisler J. 2015. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East. Part 12. Bat fauna of Afghanistan: revision of distribution and taxonomy. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae*, 79: 267–458.
- Bradley R D, Baker R J. 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-*b* sequences and mammals. *Journal of Mammalogy*, 82(4): 960–973.
- Chakravarty R, Ruedi M, Ishtiaq F. 2020. A recent survey of bats with descriptions of echolocation calls and new records from the western Himalayan Region of Uttarakhand, India. *Acta Chiropterologica*, 22(1): 197.
- GBIF. 2024. Global Biodiversity Information Facility. [DB/OL]. [2024-09-25]. <https://www.gbif.org/>.
- Hill J E. 1983. Bats (Mammalia: Chiroptera) from Indo-Australia. *Bulletin of the British Museum (Natural History) Zoology*, 45: 103–208.
- IUCN. 2024. The IUCN Red List of Threatened Species. [DB/OL]. [2024-07-29]. <https://www.iucnredlist.org/>.
- Kalyaanamoorthy S, Minh B Q, Wong T K F, et al. 2017.

- ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, 14(6): 587–589.
- Katoh K, Standley D M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4): 772–780.
- Lack J B, Roehrs Z P, Stanley C E, et al. 2010. Molecular phylogenetics of *Myotis* indicate familial-level divergence for the genus *Cistugo* (Chiroptera). *Journal of Mammalogy*, 91(4): 976–992.
- Liu T, Jia J C, Liu L Y, et al. 2023. New insights into the taxonomy of *Myotis* bats in China based on morphology and multilocus phylogeny. *Diversity*, 15(7): 805.
- 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.
- Ranwez V, Douzery E J P, Cambon C, et al. 2018. MACSE v2: toolkit for the alignment of coding sequences accounting for frameshifts and stop codons. *Molecular Biology and Evolution*, 35(10): 2582–2584.
- Ruedi M, Csorba G, Lin L K, et al. 2015. Molecular phylogeny and morphological revision of *Myotis* bats (Chiroptera: Vespertilionidae) from Taiwan and adjacent China. *Zootaxa*, 3920(2): 301–342.
- Ruedi M, Saikia U, Thabah A, et al. 2021. Molecular and morphological revision of small Myotinae from the Himalayas shed new light on the poorly known genus *Submyotodon* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Mammalian Biology*, 101(4): 465–480.
- Ruedi M, Stadelmann B, Gager Y, et al. 2013. Molecular phylogenetic reconstructions identify East Asia as the cradle for the evolution of the cosmopolitan genus *Myotis* (Mammalia, Chiroptera). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69(3): 437–449.
- Simmons N B. 2005. Order Chiroptera // Wilson D E, Reeder D M. *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. 3rd ed. Washington, Baltimore: The Johns Hopkins University Press, 512.
- Smith A T, 解焱. 2009. 中国兽类野外手册. 长沙: 湖南教育出版社, 346–347.
- Stadelmann B, Lin L K, Kunz T H, et al. 2007. Molecular phylogeny of New World *Myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) inferred from mitochondrial and nuclear DNA genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(1): 32–48.
- Talavera G, Castresana J. 2007. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic Biology*, 56(4): 564–577.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, et al. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10): 2731–2739.
- Wilson D E, Mittermeier R A. 2019. *Handbook of the Mammals of the World: Vol. 9: Bats*. Barcelona: Lynx Edicions, 923–981.
- Ziegler R. 2003. Bats (Chiroptera, Mammalia) from Middle Miocene karstic fissure fillings of Petersbuch near Eichstätt, Southern Franconian Alb (Bavaria). *Geobios*, 36(4): 447–490.
- 蒋志刚, 吴毅, 刘少英, 等. 2021. 中国脊椎动物红色名录: 脊椎动物第一卷哺乳动物. 北京: 科学出版社, 576–577.
- 刘少英. 2023. 四川兽类志 (上册). 北京: 中国农业出版社, 333.
- 潘清华, 王应祥, 岩崑. 2007. 中国哺乳动物彩色图鉴. 北京: 中国林业出版社, 3–8.
- 王应祥. 2003. 中国哺乳动物种和亚种分类名录与分布大全. 北京: 中国林业出版社, 40–41.
- 魏辅文, 杨奇森, 吴毅, 等. 2022. 中国兽类分类与分布. 北京: 科学出版社, 353–354.
- 杨奇森, 夏霖, 冯祚建, 等. 2007. 兽类头骨测量标准 V: 食虫目、翼手目. *动物学杂志*, 42(2): 56–62.
- 杨奇森, 夏霖, 马勇, 等. 2005. 兽类头骨测量标准 I: 基本量度. *动物学杂志*, 40(3): 50–56.
- 张语之, 李远球, 何向阳, 等. 2021. 广东石门台国家级自然保护区蝙蝠多样性. *动物学杂志*, 56(2): 208–213.

附录 1 基于 25 个蝙蝠的 mtDNA Cyt b 基因所计算的 K2P 遗传距离
Appendix 1 The genetic distance based on mtDNA Cyt b gene of 25 bats

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1 大蹄蝠 (中国福建) <i>Hipposideros armiger</i> (Fujian, China) JX849197	0.015	0.019	0.018	0.019	0.018	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.018	0.018	0.019	0.018	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020	0.020
2 大耳菊头蝠 (中国江西) <i>Rhinolophus episcopus</i> (Jiangxi, China) EU075212	0.202	0.016	0.016	0.016	0.017	0.016	0.016	0.016	0.019	0.018	0.018	0.017	0.017	0.017	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019	0.019
3 长指鼠耳蝠 (中国重庆) <i>Myotis longipes</i> (Chongqing, China) KF312512	0.275	0.230	0.013	0.014	0.014	0.009	0.009	0.015	0.015	0.015	0.016	0.015	0.015	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.014	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015
4 大足鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. pilosus</i> (Guangdong, China) AB106608	0.262	0.229	0.153	0.013	0.014	0.013	0.013	0.013	0.014	0.013	0.015	0.016	0.014	0.015	0.015	0.014	0.015	0.014	0.015	0.014	0.015	0.014	0.015	0.015	0.015
5 狭耳鼠耳蝠 (中国浙江) <i>M. blythii</i> (Zhejiang, China) AM284170	0.274	0.230	0.164	0.138	0.012	0.014	0.013	0.013	0.014	0.015	0.015	0.014	0.014	0.014	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016	0.015	0.016	0.015	0.016
6 中华鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. chinensis</i> (Guangdong, China) AB106588	0.259	0.247	0.168	0.154	0.134	0.014	0.014	0.014	0.014	0.015	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016
7 高频鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. sfigorensis</i> (Guangdong, China) FJ215679	0.271	0.226	0.088	0.151	0.155	0.161	0.007	0.015	0.015	0.016	0.016	0.014	0.015	0.015	0.014	0.015	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016	0.016	0.016
8 大卫鼠耳蝠 (中国广西) <i>M. davidi</i> (Guangxi, China) KF312516	0.270	0.230	0.084	0.150	0.144	0.168	0.058	0.015	0.015	0.015	0.018	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016
9 西南鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. altarium</i> (Guangdong, China) EF555330	0.272	0.263	0.189	0.176	0.162	0.162	0.174	0.186	0.015	0.017	0.015	0.015	0.015	0.016	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016
10 金黄鼠耳蝠 (中国江西) <i>M. formosus</i> (Jiangxi, China) EF555233	0.282	0.270	0.194	0.156	0.178	0.186	0.190	0.187	0.182	0.015	0.016	0.016	0.016	0.016	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015
11 渡濂氏鼠耳蝠 (中国吉林) <i>M. rufoniger</i> (Jilin, China) EF555235	0.263	0.256	0.201	0.193	0.188	0.198	0.204	0.223	0.209	0.182	0.015	0.016	0.016	0.016	0.016	0.017	0.016	0.017	0.016	0.017	0.016	0.017	0.016	0.016	0.017

续附录 1

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25			
12 宽吻鼠耳蝠 (中国台湾) <i>Submyotodon latirostris</i> (Taiwan, China) KP187906	0.255	0.241	0.181	0.188	0.165	0.177	0.176	0.196	0.189	0.208	0.196	0.012	0.011	0.012	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.017	0.016	0.016	0.017		
13 宽吻蝠属未定种 (中国) <i>S. sp.</i> (China) KF312535	0.265	0.233	0.176	0.170	0.171	0.176	0.177	0.178	0.178	0.202	0.213	0.120	0.010	0.012	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.016	
14 喜马拉雅宽吻鼠耳蝠 (印度) <i>S. caliginosus</i> (India) MW054885	0.271	0.238	0.197	0.180	0.177	0.197	0.197	0.190	0.187	0.190	0.209	0.213	0.115	0.094	0.012	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
15 川西宽吻鼠耳蝠 (中国云南) <i>S. moupinensis</i> (Yunnan, China) MW054895	0.250	0.245	0.184	0.179	0.188	0.184	0.174	0.189	0.197	0.193	0.206	0.131	0.124	0.126	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015
16 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) OR096834	0.289	0.268	0.176	0.172	0.185	0.181	0.193	0.180	0.187	0.188	0.204	0.210	0.184	0.198	0.186	0.003	0.002	0.003	0.001	0.004	0.001	0.002	0.003	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004
17 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) OR096835	0.293	0.270	0.182	0.176	0.185	0.186	0.199	0.189	0.189	0.190	0.203	0.208	0.189	0.200	0.189	0.010	0.003	0.004	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.003	0.001	0.002	0.002	0.002
18 喜山鼠耳蝠 (越南) <i>M. muricola</i> (Vietnam) MH137365	0.288	0.267	0.175	0.171	0.185	0.178	0.192	0.179	0.189	0.190	0.205	0.206	0.184	0.197	0.186	0.004	0.012	0.003	0.001	0.004	0.002	0.001	0.002	0.001	0.003	0.003	0.004	0.004
19 喜山鼠耳蝠 (马来西亚) <i>M. muricola</i> (Malaysia) KT213444	0.288	0.267	0.176	0.174	0.181	0.177	0.190	0.183	0.185	0.188	0.195	0.206	0.180	0.196	0.185	0.012	0.014	0.010	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004	0.004
20 喜山鼠耳蝠 (老挝) <i>M. muricola</i> (Laos) KF312509	0.290	0.268	0.176	0.171	0.183	0.179	0.193	0.181	0.188	0.187	0.203	0.206	0.183	0.198	0.184	0.002	0.010	0.002	0.010	0.004	0.002	0.001	0.003	0.003	0.003	0.004	0.004	0.004
21 喜山鼠耳蝠 (越南) <i>M. muricola</i> (Vietnam) AY665144	0.288	0.264	0.177	0.174	0.187	0.179	0.197	0.184	0.186	0.187	0.204	0.208	0.181	0.202	0.189	0.019	0.014	0.019	0.021	0.019	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004
22 喜山鼠耳蝠 (中国云南) <i>M. muricola</i> (Yunnan, China) 160602	0.291	0.271	0.177	0.173	0.184	0.182	0.194	0.181	0.190	0.190	0.203	0.208	0.185	0.197	0.188	0.002	0.012	0.005	0.013	0.004	0.021	0.003	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004
23 喜山鼠耳蝠 (中国广西) <i>M. muricola</i> (Guangxi, China) 160593	0.289	0.270	0.180	0.176	0.185	0.176	0.198	0.186	0.186	0.189	0.204	0.208	0.183	0.198	0.183	0.003	0.011	0.002	0.010	0.001	0.019	0.007	0.003	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004
24 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) 190291	0.292	0.269	0.181	0.176	0.185	0.186	0.198	0.188	0.188	0.188	0.201	0.208	0.189	0.198	0.190	0.011	0.001	0.012	0.014	0.011	0.014	0.017	0.011	0.011	0.011	0.011	0.011	0.011
25 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) 180444	0.301	0.273	0.190	0.183	0.190	0.193	0.207	0.194	0.197	0.194	0.207	0.214	0.194	0.205	0.194	0.016	0.006	0.018	0.021	0.015	0.021	0.018	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015	0.015

下三角为遗传距离, 上三角为标准误差。Below diagonal is genetic distance, above diagonal is the standard error (SE).

附录 2 基于 15 个蝙蝠的 mtDNA COI 基因所计算的 K2P 遗传距离
Appendix 2 The K2P genetic distance based on mtDNA COI gene of 15 bat

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 大蹄蝠 (越南) <i>Hipposideros armiger</i> (Vietnam) JF443883		0.025	0.021	0.022	0.022	0.023	0.022	0.022	0.022	0.021	0.023	0.022	0.022	0.022	0.025
2 西南鼠耳蝠 (中国贵州) <i>Myotis altarium</i> (Guizhou, China) JF443976	0.269		0.016	0.019	0.019	0.020	0.020	0.019	0.021	0.022	0.020	0.018	0.018	0.018	0.024
3 金黄鼠耳蝠 (韩国) <i>M. formosus</i> (South Korea) NC_015828	0.223	0.143		0.019	0.018	0.018	0.018	0.020	0.019	0.021	0.019	0.012	0.018	0.017	0.024
4 大足鼠耳蝠 (老挝) <i>M. pilosus</i> (Laos) HM541134	0.231	0.180	0.161		0.011	0.018	0.016	0.018	0.019	0.021	0.021	0.019	0.019	0.019	0.024
5 毛腿鼠耳蝠 (中国) <i>M. fimbriatus</i> (China) MW054930	0.237	0.167	0.156	0.068		0.017	0.016	0.017	0.019	0.021	0.021	0.017	0.018	0.017	0.024
6 长指鼠耳蝠 (印度) <i>M. longipes</i> (India) MN339186	0.246	0.176	0.158	0.150	0.137		0.017	0.018	0.019	0.020	0.019	0.020	0.021	0.021	0.024
7 狭耳鼠耳蝠 (葡萄牙) <i>M. blythii</i> (Portugal) MT407289	0.226	0.177	0.162	0.137	0.140	0.136		0.014	0.019	0.020	0.021	0.017	0.017	0.017	0.022
8 中华鼠耳蝠 (缅甸) <i>M. chinensis</i> (Myanmar) HM541078	0.239	0.169	0.174	0.146	0.152	0.148	0.113		0.019	0.021	0.021	0.019	0.019	0.018	0.023
9 喜马拉雅宽吻鼠耳蝠 (印度) <i>Submyotodon calignosus</i> (India) MW054922	0.230	0.198	0.183	0.180	0.189	0.160	0.172	0.176		0.017	0.015	0.021	0.021	0.022	0.025
10 川西宽吻鼠耳蝠 (中国) <i>S. moupinensis</i> (China) MW054932	0.224	0.209	0.205	0.205	0.208	0.180	0.189	0.193	0.139		0.014	0.020	0.020	0.021	0.025
11 宽吻鼠耳蝠 (中国台湾) <i>S. latirostris</i> (Taiwan, China) MW054923	0.243	0.184	0.178	0.202	0.208	0.166	0.188	0.201	0.119	0.104		0.020	0.021	0.021	0.025
12 喜山鼠耳蝠 (马来西亚) <i>M. muricola</i> (Malaysia) KT213444	0.226	0.153	0.173	0.178	0.152	0.181	0.156	0.167	0.213	0.201	0.197		0.002	0.004	0.008
13 喜山鼠耳蝠 (越南) <i>M. muricola</i> (Vietnam) HM914936	0.226	0.157	0.164	0.182	0.157	0.185	0.160	0.171	0.213	0.201	0.201	0.003		0.004	0.009
14 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) 190291	0.224	0.158	0.162	0.175	0.154	0.185	0.150	0.159	0.215	0.203	0.201	0.009	0.009		0.007
15 喜山鼠耳蝠 (中国广东) <i>M. muricola</i> (Guangdong, China) 180444	0.191	0.170	0.169	0.176	0.173	0.190	0.159	0.159	0.193	0.189	0.189	0.026	0.029	0.021	

下三角为遗传距离, 上三角为标准误差。Below diagonal is genetic distance, above diagonal is the standard error (SE).