

重庆发现赵氏后棱蛇

李科^{①②} 詹雨洋^② 郭鹏^② 唐梓钧^③ 吴亚勇^② 舒服^{③*}

① 北京林业大学生态与自然保护学院 北京 100083; ② 宜宾学院农林与食品工程学部 宜宾 644007;

③ 国家林业和草原局中南调查规划院 长沙 410014

摘要: 2011年7月,在重庆市秀山土家族苗族自治县采集到1号蛇类标本,初定为山溪后棱蛇(*Opisthotropis latouchii*)。后整理发现,该标本鳞片排列特征与赵氏后棱蛇(*O. zhaoermii*)及莽山后棱蛇(*O. cheni*)的形态相符,但体色与莽山后棱蛇存在显著差异。为进一步确定其分类地位,利用线粒体细胞色素*b*基因片段构建系统发育树进行分子遗传分析。结果显示,该蛇与赵氏后棱蛇形成单系群(*p*-distance不超过0.01%),而与莽山后棱蛇构成姊妹群(*p*-distance为5.1%)。综合形态特征比较和分子系统发育证据,最终确定该标本为水游蛇科(Natricidae)后棱蛇属的赵氏后棱蛇,系重庆市蛇类分布新记录种。本发现不仅拓展了赵氏后棱蛇的已知分布范围,也为进一步解决山溪后棱蛇种组的分类及分布问题提供了基础数据。

关键词: 赵氏后棱蛇; 重庆; 新记录; 形态比较; 系统发育关系

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 05-759-07

Opisthotropis zhaoermii Found in Chongqing, China

LI Ke^{①②} ZHAN Yu-Yang^② GUO Peng^② TANG Zi-Jun^③ WU Ya-Yong^② SHU Fu^{③*}

① School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083; ② Faculty of Agriculture, Forest and Food Engineering, Yibin University, Yibin 644007; ③ Central South Academy of Inventory and Planning of National Forestry and Grassland Administration, Changsha 410014, China

Abstract: *Opisthotropis zhaoermii* is a natricid snake species originally described from western Hunan Province, China and subsequently recorded in eastern Guizhou Province. In July 2011, an adult female snake specimen (YBU 11260; total length 363 mm, snout-vent length 287 mm, tail length 76 mm) was collected from Xiushan, Chongqing, China (108°55'44" E, 28°16'29" N, 588 m a.s.l.). Morphological examination revealed diagnostic characteristics consistent with *O. zhaoermii*, including a dark olive-green dorsal surface with yellowish-white longitudinal stripes, an ivory-yellow ventral surface with asymmetrical speckles laterally; subcaudals edged with dark pigmentation forming continuous longitudinal stripes, 142 ventral scales, and 28 maxillary teeth on both sides (Fig. 1). Molecular phylogenetic analysis based on mitochondrial cytochrome *b*

基金项目 宜宾学院科研启动项目 (No. 2019QD13);

* 通讯作者, E-mail: shufu328qs@163.com;

第一作者介绍 李科,男,博士研究生;研究方向:野生动物保护与利用; E-mail: 905853209@qq.com。

收稿日期: 2023-12-29, 修回日期: 2025-03-22 DOI: 10.13859/j.cjz.202523242 CSTR: 32109.14.cjz.23242

(*Cyt b*) gene sequences demonstrated minimal genetic divergence (p -distance $\leq 0.01\%$, Bayesian posterior probability 0.96), further confirming it as *O. zhaoermii* (Fig. 2). This specimen represents the first confirmed record of *O. zhaoermii* in Chongqing, significantly extending its known distributional range westward beyond previously recorded localities in Hunan and Guizhou provinces. This discovery provides critical baseline data for resolving taxonomic and biogeographical questions concerning the *O. latouchii* species complex.

Key words: *Opisthotropis zhaoermii*; Chongqing; New record; Morphological comparison; Phylogeny

赵氏后棱蛇 (*Opisthotropis zhaoermii*) 模式产地为湖南省古丈县 (Ren et al. 2017), 目前已知仅分布于湖南西部 (Ren et al. 2017) 和贵州东部 (韩玲等 2019, Uetz et al. 2025), 属高度水栖物种。因赵氏后棱蛇的形态特征与山溪后棱蛇 (*O. latouchii*) 和莽山后棱蛇 (*O. cheni*) 具有较大趋同性, 常常被误鉴定 (Ren et al. 2017, 韩玲等 2019)。

2011 年 7 月, 在重庆市秀山土家族苗族自治县采集到 1 号后棱蛇属标本 (标本号 YBU 11260), 依据形态学特征将其鉴定为山溪后棱蛇。2022 年 4 月, 实验室标本整理过程中, 通过形态学复核, 发现该标本的鳞片排列特征与后期发表的赵氏后棱蛇 (Ren et al. 2017) 以及莽山后棱蛇的物种描述高度吻合 (赵尔宓 2006, Ren et al. 2017)。为明确其分类地位, 进一步整合分子系统发育证据, 通过线粒体细胞色素 *b* 基因序列比对, 证实该标本与赵氏后棱蛇遗传谱系极为相近。据现有文献记载 (Ren et al. 2017, 韩玲等 2019, Uetz et al. 2025), 赵氏后棱蛇在重庆市尚无分布记录, 确定本次采集的赵氏后棱蛇系重庆市蛇类分布新记录种。

1 材料与方法

1.1 样本处理

标本采集后, 取新鲜肝组织保存于 95% 的乙醇溶液中, 后转存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 超低温冰箱。标本经 10% 甲醛溶液定型后用清水清洗, 再转存于 75% 乙醇溶液中。标本现存于宜宾学院动物多样性与生态保育宜宾市重点实验室。

1.2 形态研究

依据赵尔宓 (2006) 和 Ren 等 (2017) 对

标本进行形态测量和特征描述。包括长度测量、鳞片计数和色斑描述等。头长等特征采用数显游标卡尺测量 (德国美纳特不锈钢数显卡尺, 量程 $0\sim 150\text{ mm}$, 精度 0.01 mm), 头体长和尾长使用软尺测量 (精确到 1 mm)。鳞片计数指标包括头部鳞片和身体鳞片, 若为对称性鳞片, 则对左右两侧分别计数。

1.3 分子鉴定

利用血液/细胞/组织基因组提取试剂盒 (北京天根生化科技有限公司) 提取肝组织样本的总 DNA。用引物 H16064 (5'-CTT TGG TTT ACA AGA ACA ATG CTT TA-3') 和 L14919 (5'-AAC CAC CGT TGT TAT TCA ACT-3') (Burbrink et al. 2000) 扩增线粒体细胞色素 *b* (cytochrome *b*, *Cyt b*) 基因片段。用 Lasergene v7.1 (DNASTAR, Inc.) 软件包的 SeqMan 对所获得的序列进行编辑。利用 Mega 7 的 Clustal W 算法对所获得的序列进行比对 (Kumar et al. 2016), 人工对比对结果进行校正。最终获得该后棱蛇标本 (YBU 11260) 的 *Cyt b* 基因片段 $1\ 060\text{ bp}$ 。从 GenBank 下载后棱蛇属 14 个物种的 48 条 *Cyt b* 序列, 选取八线腹链蛇 (*Hebius octolineatus*) 和缅甸颈槽蛇 (*Rhabdophis leonardi*) 作为外群 (附录 1)。利用 MrBayes 3.2.4 (Ronquist et al. 2012) 构建贝叶斯系统发育树, 基于赤池信息准则 (Akaike information criterion, AIC) 在 PartitionFinder v2 中选择贝叶斯树的最适模型 (Lanfear et al. 2017)。

采用 Mega 7 (Kumar et al. 2016) 中的未校正距离模型 (uncorrected genetic distance, p -distance) 估算物种间的遗传距离。

2 结果

2.1 形态描述

标本 YBU 11260 为雌性(图 1), 体长 363 mm (头体长 287 mm, 尾长 76 mm), 头小, 头长 10.70 mm, 略扁平, 头颈区分不明显。前额鳞单枚, 宽大于长, 方向朝前, 略成五边形状; 颊鳞 1 枚, 向后延伸入眶; 无眶前鳞; 眶后鳞 1/2 枚; 上唇鳞 8/9 枚, 第 4 和 5/5 和 6 枚入眶; 颞鳞 1+1; 下唇鳞 8/9 枚, 前 5/4 枚切前颌片; 颌片 2 对; 通身背鳞 17 行; 腹鳞 142 枚; 肛鳞二分; 尾下鳞 52 对。头背、侧面具有不规则的黄条纹; 体背面黄褐色, 具黄白色纵纹; 体腹面琥珀黄, 外侧具不对称点斑, 尾下鳞相切处暗黑色, 前后缀连成条纹; 左右上颌齿数均 28 枚。

基于以上形态特征, 将该标本归类为山溪后棱蛇种组。标本较山溪后棱蛇有更多的上颌齿数, 山溪后棱蛇上颌齿数为 12~25 枚 (Ren et al. 2017); 而腹鳞数 (142 枚) 则较山溪后棱蛇 (155~159 枚) 少 (Ren et al. 2017, 韩玲等 2019)。与莽山后棱蛇相比, 则仅在体背色斑(整体深橄榄色, 具浅黄色横纹) 有不同。标本整体符合赵氏后棱蛇特征。

2.2 分子遗传分析

利用 PartitionFinder v2.1.1 获得比对序列三个密码子分区的最适模型 (模型顺序分别为: TVM+I+G、GTR+I+G、GTR+G), 基于最适模型构建贝叶斯系统发育树 (图 2)。后棱蛇属多数物种所在分支均得到很好的支持, 贝

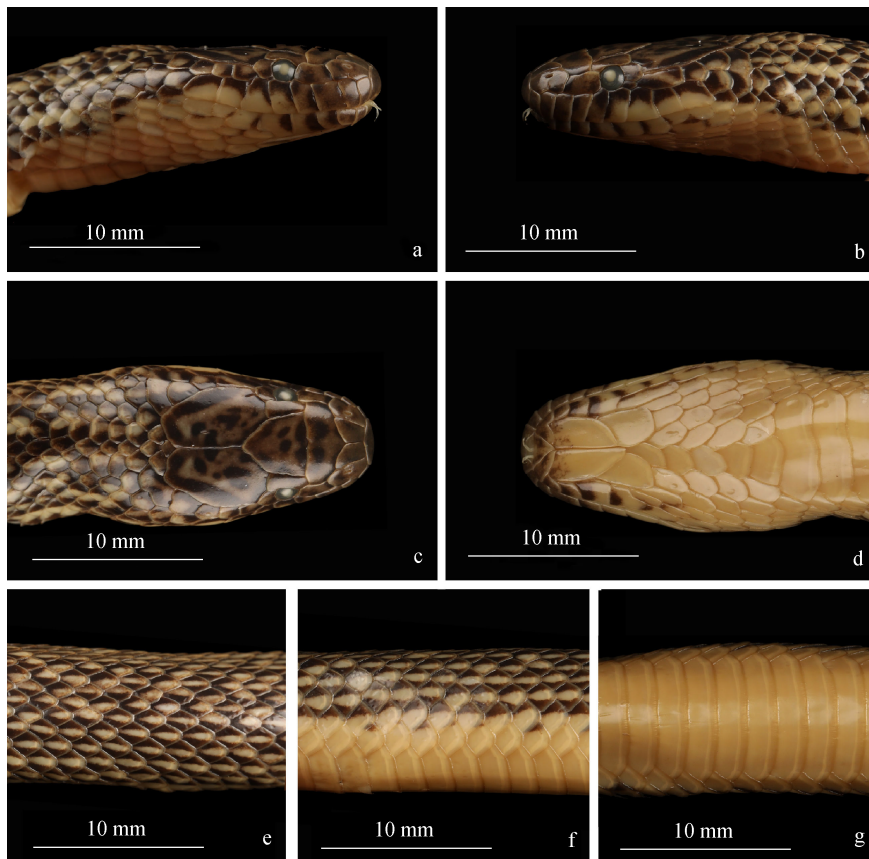


图 1 采自重庆的赵氏后棱蛇标本特征照 (YBU 11260)

Fig. 1 General view of *Opisthotropis zhaoermii* in preservation from Chongqing (YBU 11260)

a. 头右侧; b. 头左侧; c. 头背; d. 头腹; e. 体背面; f. 体侧面; g. 体腹面。

a. Right side of head; b. Left side of head; c. Dorsal head; d. Ventral head; e. Dorsal close-up; f. Lateral close-up; g. Ventral close-up.

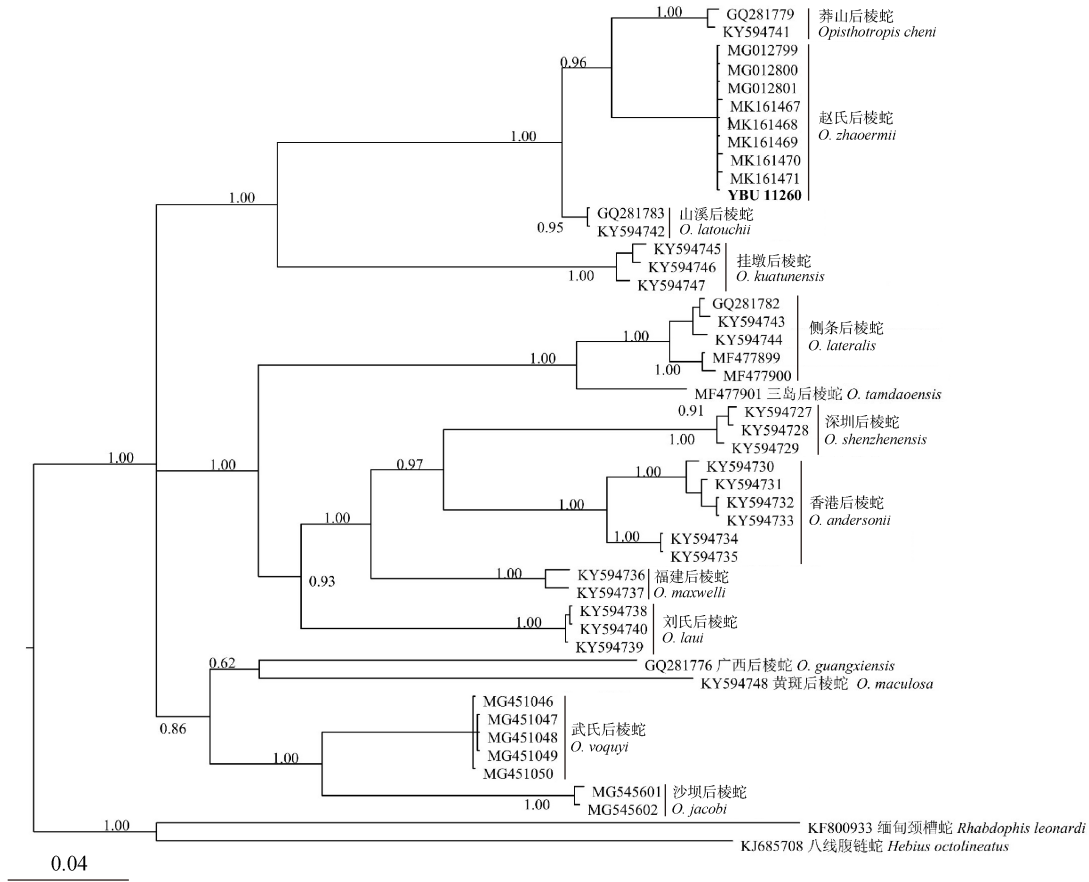


图 2 基于线粒体细胞色素 *b* 基因构建的后棱蛇属的贝叶斯系统发育树

Fig. 2 Bayesian phylogenetic inference from mitochondrial cytochrome *b* (Cyt *b*) gene sequences of *Opisthotropis* snakes

节点数字表示后验概率，标尺表示支长；加粗标注个体为本研究采集的标本编号。

Numbers at nodes indicate Bayesian posterior probabilities (> 0.50 retained), and scale bar under the phylogenetic tree indicates branch length. The number in bold and marked represent the number of the specimen collected in this study.

叶斯后验概率 (Bayesian posterior probabilities, BPP) 超过 0.92。新采集的后棱蛇个体与赵氏后棱蛇聚为一支，为梳状结构，并与莽山后棱蛇最为近缘 (BPP 为 0.96)。

基于 Cyt *b* 基因序列计算遗传距离，本次采集于重庆的标本与赵氏后棱蛇模式标本的遗传距离为 0.00%，与来自湖南及贵州的赵氏后棱蛇其他个体间遗传距离为 0.00%~0.01%，与莽山后棱蛇的遗传距离为 5.10%，与后棱蛇属其他种间的遗传距离为 5.10%~17.70%。

结合形态特征和系统发育关系，确定采自

重庆秀山的后棱蛇属标本 (YBU 11260) 为赵氏后棱蛇。此前，在重庆尚无有关赵氏后棱蛇的分布报道，因此，此次在重庆秀山采集的赵氏后棱蛇系重庆市蛇类分布新记录种。

2.3 生态与生境

标本采集于重庆市秀山土家族苗族自治县钟灵镇一条湍急的溪流边的石头旁 (28°16'29" N, 108°55'44" E, 海拔 588 m)，附近生长有刚竹 (*Phyllostachys* sp.)、马桑 (*Coriaria nepalensis*)、水麻 (*Debregeasia orientalis*) 及悬钩子 (*Rubus* sp.) 等组成的杂草和灌木丛 (图 3)。



图 3 赵氏后棱蛇采集生境

Fig. 3 Collection habitat of *Opisthotropis zhaormii*

3 讨论

整合分类学作为现代生物分类研究的重要范式,在蛇类系统学研究领域展现出显著优势,尤其适用于形态趋同且物种多样性复杂的类群(徐伟等 2019)。后棱蛇属作为东南亚及中国南部山区的特有类群,其成员普遍具有穴居隐匿习性,种间形态差异高度保守,特别是鳞片排列模式等传统分类指标常呈现重叠,导致单一形态学方法难以实现物种有效界定(Ren et al. 2017, Wang et al. 2020)。传统蛇类分类体系虽基于鳞被系统(头、体部鳞片排列,腹鳞/尾下鳞数目)、体色模式及骨骼特征建立(赵尔宓 2006),但趋同进化压力常使不同物种在形态适应中产生相似特征,甚至出现种间形态差异小于种内变异的复杂情况(Ziegler et al. 2018)。分子系统学的突破性发展为解决此类分类困境提供了新路径:基于线粒体 DNA 和核基因标记的系统发育重建,能够有效识别形态隐存种并解析物种形成过程(徐伟等 2019, Wang et al. 2020)。整合分类学通过多维证据融合(形态学、分子遗传学及生态位模型等),不仅提升了物种划界的客观性,更推动了类群多样性认识的深化,本次重庆发现的赵氏后棱蛇即为此典型案例。该个体虽与莽山后棱蛇在鳞片排列及数目、头部比例等形态指标高度相似,但基于细胞色素 *b* 基因构建的系统发育树显示,其与赵氏后

棱蛇形成强支持率的单系分支(p -distance 不超过 0.01%),而与莽山后棱蛇的遗传距离达到种级分化水平(p -distance 为 5.1%),最终通过整合分析确认其分类地位。

本次在武陵山系北缘的重庆秀山地区发现赵氏后棱蛇,是继 Ren 等(2017)在其模式产地湖南古丈县(武陵山系以东)和韩玲等(2019)在贵州东部地区(雷山县、黄平县、麻江县,武陵山系以东)后的新发现,首次证实该物种在武陵山系北向延伸区的存在,填补了其地理分布格局的西北向空缺,提示该物种可能沿武陵山系全域呈环状分布模式。赵氏后棱蛇为专性水栖蛇类,其扩散能力与水文网络密切相关。武陵山系发育完善的喀斯特地貌孕育了密集的地下河系统,这些相互连通的水道可能构成物种迁移的生态廊道,为不同地理种群间的基因交流提供了物理基础。分子遗传学证据显示,重庆种群与湖南(模式产地)以及贵州种群间的遗传分化水平极低,这与区域水系网络促进基因流的假说高度吻合。该发现不仅拓展了赵氏后棱蛇的已知分布边界,更为解析武陵山区特有爬行类物种的扩散机制与演化历史提供了关键案例支撑。

形态学研究表明,山溪后棱蛇与赵氏后棱蛇在鳞片排列特征及齿式等关键形态指标上呈现高度相似性(Ren et al. 2017)。值得注意的是,这两个物种在重庆东北部及贵州东南部存在地理分布范围的部分重叠现象。结合前期研究中发现的形态趋同特征(Ren et al. 2017, 韩玲等 2019),建议对上述区域内原定为山溪后棱蛇的馆藏标本进行系统性复核,尤其需结合分子鉴定手段以排除因形态相似性导致的分类误判。此修订工作对厘清两物种的分布边界及区域生物多样性评估具有重要科学意义。

致谢 感谢宜宾学院动物多样性与生态保育宜宾市重点实验室硕士生钟光辉采集标本以及本科生蒋玉莲和李莉在标本测量及分子实验中提供的帮助。

参 考 文 献

- Burbrink F T, Lawson R, Slowinski J B. 2000. Mitochondrial DNA phylogeography of the polytypic North American rat snake (*Elaphe obsoleta*): a critique of the subspecies concept. *Evolution*, 54(6): 2107–2118.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Lanfear R, Frandsen P B, Wright A M, et al. 2017. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34(3): 772–773.
- Ren J L, Wang K, Jiang K, et al. 2017. A new species of the Southeast Asian genus *Opisthotropis* (serpentes: Colubridae: Natricinae) from western Hunan, China. *Zoological Research*, 38(5): 251–263.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Uetz P, Freed P, Hošek J. 2025. The Reptile Database. [DB/OL]. [2025-01-23]. <http://www.reptile-database.org/>.
- Wang J, Lyu Z T, Zeng Z C, et al. 2020. Re-examination of the Chinese record of *Opisthotropis maculosa* (Squamata, Natricidae), resulting in the first national record of *O. haihaensis* and description of a new species. *ZooKeys*, 913: 141–159.
- Ziegler T, David P, Ziegler T N, et al. 2018. Morphological and molecular review of Jacob's Mountain Stream Keelback *Opisthotropis jacobii* Angel Bourret, 1933 (Squamata: Natricidae) with description of a sibling species from northern Vietnam. *Zootaxa*, 4374(4): 476–496.
- 韩玲, 肖宁, 罗涛, 等. 2019. 贵州省蛇类新记录——赵氏后棱蛇. *四川动物*, 38(4): 368–378.
- 徐伟, 车静. 2019. 从隐存种到我国生物多样性保护研究: 现状与展望. *中国科学: 生命科学*, 49(4): 519–530.
- 赵尔宓. 2006. 中国蛇类 (上). 合肥: 安徽科学技术出版社, 236–243.

附录 1 样本序列信息

Appendix 1 Information of *Cyt b* sequences used in this study

物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher number	GenBank 登录号 GenBank accession number
	中国重庆秀山 Xiushan, Chongqing, China	YBU 11260	
	中国湖南古丈 Guzhang, Hunan, China	CIB 109998 - CIB 110000	MG012799 - MG012801
赵氏后棱蛇 <i>Opisthotropis zhaoermii</i>		GZNU 20180515018	MK161467
	中国贵州黄平 Huangping, Guizhou, China	GZNU 20180521001	MK161468
		GZNU 20180521002	MK161469
	中国贵州雷山 Leishan, Guizhou, China	GZNU 320074	MK161471
	中国贵州麻江 Majiang, Guizhou, China	GZNU 20180728005	MK161470
武氏后棱蛇 <i>O. voquyi</i>		IEBR 4327	MG451046
		VNMN 06315	MG451047
	越南北江 Bac Giang, Vietnam	VNMN 06316	MG451048
		ZFMK 100819	MG451049
		ZFMK 100820	MG451050
深圳后棱蛇 <i>O. shenzhenensis</i>		SYS r001018	KY594727
	中国广东深圳 Shenzhen, Guangdong, China	SYS r001021	KY594728
		SYS r001032	KY594729
		SYS r001423	KY594730
	中国香港 Hong Kong, China	SYS r001424	KY594731
香港后棱蛇 <i>O. andersonii</i>		SYS r001020	KY594732
	中国广东深圳 Shenzhen, Guangdong, China	SYS r001082	KY594733
		SYS r001382	KY594734
	中国广东广州 Guangzhou, Guangdong, China	SYS r001383	KY594735
		SYS r000841	KY594736
福建后棱蛇 <i>O. maxwelli</i>	中国广东 Guangdong, China	SYS r001053	KY594737
	中国福建南靖 Nanjing, Fujian, China	SYS r001161	KY594738
刘氏后棱蛇 <i>O. laui</i>	中国广东台山 Taishan, Guangdong, China	SYS r001170	KY594739
		SYS r001171	KY594740
莽山后棱蛇 <i>O. cheni</i>	中国广东 Guangdong, China	YBU 071040	GQ281779
	中国广东英德 Yingde, Guangdong, China	SYS r001422	KY594741
山溪后棱蛇 <i>O. latouchii</i>	中国福建武夷山 Wuyishan, Fujian, China	SYS r000670	KY594742
	中国福建 Fujian, China	—	GQ281783
	中国广东封开 Fengkai, Guangdong, China	SYS r000951	KY594743
	中国广东深圳 Shenzhen, Guangdong, China	SYS r001080	KY594744
侧条后棱蛇 <i>O. lateralis</i>	中国广西 Guangxi, China	—	GQ281782
	—	ZFMK 100806	MF477899
	—	VNMNA.2016.14	MF477900
	中国江西永新 Yongxin, Jiangxi, China	SYS r000998	KY594745
挂墩后棱蛇 <i>O. kuatunensis</i>	中国福建上杭 Shanghang, Fujian, China	SYS r001008	KY594746
	中国广东深圳 Shenzhen, Guangdong, China	SYS r001081	KY594747
	中国广西 Guangxi, China	—	GQ281776
广西后棱蛇 <i>O. guangxiensis</i>	中国广西 Guangxi, China	—	GQ281776
黄斑后棱蛇 <i>O. maculosa</i>	中国广东封开 Fengkai, Guangdong, China	SYS r000946	KY594748
沙坝后棱蛇 <i>O. jacobi</i>		ZFMK 100818	MG545602
	越南北江 Bac Giang, Vietnam	IEBR 4329	MG545601
三岛后棱蛇 <i>O. tamdaoensis</i>	越南 Vietnam	IEBRA. 2016. 33	MF477901
缅甸颈槽蛇 <i>Rhabdophis leonardi</i>	中国四川攀枝花 Panzhihua, Sichuan, China	SCUM 090009	KF800933
棕网腹链蛇 <i>Hebius johannis</i>	中国云南 Yunnan, China	GP 897	KJ685708

“—” 表示数据缺失。“—” indicates missing data.