

# 上海崇明发现白条草蜥

余婧<sup>①</sup> 张佳恺<sup>②③</sup> 潘婷婷<sup>①</sup> 邓帅涛<sup>①</sup> 薛程<sup>①\*</sup>

① 上海市野生动植物和自然保护地研究中心 上海 200336; ② 东滩湿地公园 上海 202162;

③ 上海鸥憩生态环境科技有限公司 上海 200333

**摘要:** 2022年7月12日,于上海市崇明区东滩湿地公园(31°52'48" N, 121°83'31" E),发现并拍摄到1条草蜥(标本号DT20220712)。该草蜥具有4对颌片和1对鼠蹊孔,其体背和体侧均有明显的两条纵行白纹,这些特征与白条草蜥(*Takydromus wolteri*)的形态鉴别特征相吻合。2023年10月30日,再次在上海市崇明区东滩湿地公园发现1条雄性草蜥并采集到标本(标本号DT20231030)。本文详细记录了DT20231030标本的21项外形特征量度。基于线粒体ND2基因片段构建的最大似然树分析,该个体与白条草蜥标本(GenBank登录号:JX181764)以98.84%高支持率聚为单系,且二者之间的遗传距离仅为4.5%,这一数值远小于草蜥属物种之间的遗传距离(15.2%~44.0%)。综合形态与分子生物学的数据,确认这条草蜥为白条草蜥,系上海市爬行动物分布新记录种。

**关键词:** 白条草蜥; 上海市新记录; 线粒体ND2基因; 形态学; 系统发育分析

**中图分类号:** Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 05-791-06

## *Takydromus wolteri* Found in Chongming District, Shanghai, China

YU Jing<sup>①</sup> ZHANG Jia-Kai<sup>②③</sup> PAN Ting-Ting<sup>①</sup> DENG Shuai-Tao<sup>①</sup> XUE Cheng<sup>①\*</sup>

① Shanghai Wildlife and Protected Natural Areas Research Center, Shanghai 200336; ② Dongtan Wetland Park, Shanghai 202162;

③ Shanghai Ouqi Ecological Environment Technology Co., Ltd., Shanghai 200333, China

**Abstract:** Shanghai is located in the coastal area of eastern China and lies in the subtropical monsoon climate zone. Its unique geographical location and ecological environment provide suitable conditions for the diversity of reptiles. Therefore, it has long been an important area for biodiversity research. Notwithstanding the existing research on reptiles in Shanghai, the expansion of cities and changes in the ecological environment over the past few decades may have led to a lack of comprehensive investigations and reporting of new species records. On July 12, 2022, a grass lizard (specimen number: DT20220712) was photographed in Dongtan Wetland Park in Chongming District, Shanghai (31°52'48" N, 121°83'31" E). This individual had four pairs of chin shields and one pair of inguinal pores, as well as two longitudinal white stripes on its dorsal and lateral body. These morphological features are similar to those of *Takydromus wolteri*. On October 30, 2023, a male grass lizard specimen (specimen number: DT20231030) was collected from the same location. A

**基金项目** 上海市绿化和市容管理局科信处《爬行动物野外调查技术规程》制订预研究项目(No. B252603);

\* 通讯作者, E-mail: mask\_xue@139.com;

**第一作者介绍** 余婧,女,助理工程师;研究方向:生物多样性保护;E-mail: 156816664@qq.com.

收稿日期: 2024-12-27, 修回日期: 2025-03-27 DOI: 10.13859/j.cjz.202524294 CSTR: 32109.14.cjz.24294

digital caliper was used to measure 21 morphological characteristics of the grass lizard with an accuracy of 0.02 mm. Based on the morphological descriptions, the specimen was identified as *T. wolteri*. IQ-tree software was used to construct a maximum likelihood phylogenetic tree based on mitochondrial *ND2* gene fragments. The result showed that our sample clustered robustly with *T. wolteri* (GenBank accession number: JX181764) with a high support value of 98.84% (Fig. 2). Furthermore, the genetic distance calculated via the *p*-distance model between our specimen and *T. wolteri* was only 4.5%, which was significantly lower than the genetic distances (15.2% to 44.0%) observed between *Takydromus* species (Table 2). Based on both morphological and genetic data, the newly collected specimen was identified as *T. wolteri* (Reptilia, Lacertilia, Lacertidae). This is a new record for reptile species in Shanghai, further enriching the biodiversity in this region.

**Key words:** *Takydromus wolteri*; New record in Shanghai; Mitochondrial *ND2* gene; Morphology; Phylogenetic analysis

草蜥属 (*Takydromus*) 隶属于有鳞目 (Squamata) 蜥蜴科 (Lacertidae)。目前, 该属已知分布在中国、朝鲜和俄罗斯三个国家, 共有 25 种 (Uetz et al. 2024)。在中国, 已知有 15 种草蜥属物种 (王凯等 2020), 而上海市此前报道仅分布北草蜥 (*T. septentrionalis*) 1 种, 且在上海市呈片段化分布 (上海市农林局 2004)。

2022 年 7 月 12 日, 在崇明东滩湿地公园拍摄到草蜥的照片, 参照《中国动物志 爬行纲 第二卷 有鳞目 蜥蜴亚目》(赵尔宓 1999) 中的形态学描述, 该草蜥鉴定为白条草蜥 (*T. wolteri*)。2023 年 10 月 30 日, 作者在同一地点采集 1 只被车辆压过的雄性草蜥标本, 经形态学和分子系统学比较分析, 确认为白条草蜥。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集

2023 年 10 月 30 日, 在上海市崇明区东滩湿地公园 (31°52'48" N, 121°83'31" E) 采集到 1 号被车辆压过的雄性草蜥标本 (标本号 DT20231030)。从该标本提取肌肉组织, 保存于 75% 的乙醇中。标本浸泡于 75% 的乙醇中, 保存于上海市野生动植物和自然保护地研究中心。

### 1.2 形态测量与鉴定

标本的形态鉴定参照《中国动物志 爬行纲 第二卷 有鳞目 蜥蜴亚目》(赵尔宓 1999)。使

用电子天平 (纪铭/JM-302, 量程 300 g, 精度 0.01 g) 测量体重, 电子数字游标卡尺 (德力西 不锈钢数显卡尺, 精度 0.02 mm) 测量形态特征。共统计 21 项标本形态特征: 体重、头体长、尾长、头长、头宽、头高、颌片、鼠蹊孔、第四趾趾下瓣、颊鳞、鼻额鳞、前额鳞、额鳞、眶上鳞、额顶鳞、顶鳞、上唇鳞、下唇鳞、背鳞、腹鳞和肛鳞。

### 1.3 DNA 提取、扩增及测序

采用 DNA 分子提取试剂盒 (生工 Ezup 柱式动物基因组 DNA 抽提试剂盒) 提取肌肉组织样品总 DNA。利用 PCR 扩增并测定了线粒体 *ND2* 基因片段。PCR 扩增条件和步骤参照 Chen 等 (2013)。扩增产物经电泳检测后, 大小符合要求的产物交由生工生物工程 (上海) 有限公司测序。采用双向测序, 测序引物为 PCR 扩增引物。

### 1.4 分子系统发育关系重建

下载了 GenBank 中草蜥属 8 个物种的 *ND2* 基因序列, 并选取快步麻蜥 (*Eremias velox*) 为外群, 结合本文所测序列 (表 1), 进行分子系统发育分析。使用 prank 软件 (Löytynoja et al. 2008) 对 *ND2* 基因基于密码子水平进行比对, 然后, 采用 IQ-tree 软件 (Nguyen et al. 2015) 的 Modelfinder 模块选择最佳碱基替代模型并构建最大似然树, 自展 1 000 次估计节点的支持度 (bootstrap value)。

表 1 本研究所使用的样本信息

Table 1 Information of specimens used in this study

物种名或标本号 Species or specimen No.	采集地 Locality	ND2 基因 GenBank 登录号 GenBank accession number of ND2	参考文献 Reference
DT20231030	中国上海崇明 Chongming, Shanghai, China	PV076237	本研究 This study
日本草蜥 <i>Takydromus tachydromoides</i>	日本 Japan	AB080237	Kumazawa et al. 1995
北草蜥 <i>T. septentrionalis</i>	中国安徽黄山 Huangshan, Anhui, China	MK630237	Hu et al. 2019
黑龙江草蜥 <i>T. amurensis</i>	中国吉林长白山 Changbai Mountain, Jilin, China	KU641018	Ma et al. 2016
峨眉草蜥 <i>T. intermedius</i>	中国重庆 Chongqing, China	OQ632596	Zhang et al. 2024
古氏草蜥 <i>T. kuehnei</i>	中国浙江衢州 Quzhou, Zhejiang, China	MZ435950	陈静怡等 2022
崇安草蜥 <i>T. sylvaticus</i>	中国安徽黄山 Huangshan, Anhui, China	JX290083	Tang et al. 2014
白条草蜥 <i>T. wolteri</i>	NA	JX181764	Yu et al. 2013
快步麻蜥 <i>Eremias velox</i>	中国新疆尼勒克县 Nilka, Xinjiang, China	KM359148	Zhou et al. 2014

表中“NA”指采样地信息无法获取。NA indicates that locality information could not be obtained.

使用 MEGA 6.0 (Tamura et al. 2013) 中的 *p*-distance 模型计算草蜥属物种间以及与外群物种间的遗传距离。

## 2 结果

### 2.1 形态测量与鉴定

上海崇明东滩湿地公园所采集的雄性草蜥 (图 1)，体背和体侧均有明显的二条纵向白纹。体重 1.54 g；头体长 47.24 mm；尾长 91.36 mm，大约是头体长的 2 倍；头长 10.94 mm，头宽 6.34 mm，头高 5.12 mm，头长是头宽的 1.7 倍，头长大约是头高的 2 倍。颌片 4 对，鼠蹊孔 1 对，第四趾趾下瓣双行 21 对，颊鳞 2 枚，鼻额鳞 1 枚，前额鳞 2 枚，额鳞 1 枚，眶上鳞 4 枚，额顶鳞 2 枚，顶鳞 2 枚，上唇鳞 7 枚，下唇鳞 6 枚，背鳞 8 行，腹鳞 8 行，肛鳞 1 片。符合白条草蜥的鉴别特征：颌片 4 对，鼠蹊孔 1 对；体背和体侧均具有二条明显的纵行白纹；尾长不超过头体长的 2.5 倍 (赵尔宓 1999)。因此，确定该标本为白条草蜥。

### 2.2 分子系统发育关系和遗传距离

通过对草蜥标本线粒体 ND2 基因进行 PCR 扩增，获得了长度为 1 033 bp 的有效 ND2 基因片段序列，在 GenBank 中进行 BLAST 比

对，该标本的 ND2 序列与已知的白条草蜥序列一致性达到 98.84%。采用 K3Pu + F + G4 模型作为最佳碱基替代模型，构建的最大似然树显示，崇明东滩湿地公园采集的草蜥标本与白条草蜥标本形成了一个单系群 (支持率 99%) (图 2)。此外，基于 *p*-distance 模型估算的草蜥属部分物种间的遗传距离 (表 2)，本研究所涉及草蜥属物种间的遗传距离 15.2% ~ 44.0%，东滩湿地公园的草蜥标本与白条草蜥样本间的遗传距离仅为 4.5%，低于草蜥属物种间的遗传距离。

综合分子系统发育分析和遗传距离的结果，支持东滩湿地公园的草蜥标本为白条草蜥，为上海市爬行动物分布新记录种。

## 3 讨论

据现有记录，白条草蜥在国内分布广泛，遍及黑龙江、吉林、辽宁、江苏、安徽、湖北、江西、湖南、福建、重庆、四川等多地 (Zhao et al. 1993, 赵文阁 2008)。在国外，其分布于朝鲜和俄罗斯远东地区 (Shannon 1956, Zhao et al. 1993, Arnold 1997)。本研究基于形态特征比较和分子系统分析，发现白条草蜥也栖息于上海市崇明区东滩湿地公园。



图 1 上海崇明东滩湿地公园发现的白条草蜥 (a 和 b 张佳恺摄)

Fig. 1 *Takydromus wolteri* found in Dongtan Wetland Park in Chongming District, Shanghai (Photos a and b by ZHANG Jia-Kai)

DT20220712: a. 成体, b. 成体左侧面; DT20231030: c. 成体头背面, d. 成体体背面, e. 成体体侧面, f. 成体头腹面, g. 成体体腹面, h. 成体肛门。

DT20220712: a. adult, b. Left side of adult; DT20231030: c. Dorsal head of adult, d. Dorsal body of adult, e. Lateral body of adult, f. Ventral head of adult, g. Ventral body of adult, h. Anus of adult.

在形态上, 上海市东滩湿地公园所采集的白条草蜥标本具有 4 对颌片和 1 对鼠蹊孔。其尾长大约是头体长的 2 倍, 头长是头宽的 1.7 倍, 头长大约是头高的 2 倍。体背和体侧均有明显的二条纵向白纹, 这与《中国动物志 爬行纲 第二卷 有鳞目 蜥蜴亚目》(赵尔宓 1999) 中对白条草蜥的描述相吻合。基于 ND2 基因序

列, 东滩湿地公园内的白条草蜥与已知的白条草蜥标本形成单系群, 遗传距离为 4.5%, 表明两个种群之间存在一定程度的遗传分化。

白条草蜥通常栖息于荒山灌丛、杂木林边缘、山坡和田地等环境; 它们擅长攀草爬树, 并常在草地或树上捕食和休息(赵尔宓 1999)。在本次调查中, 东滩湿地公园内的白条草蜥被

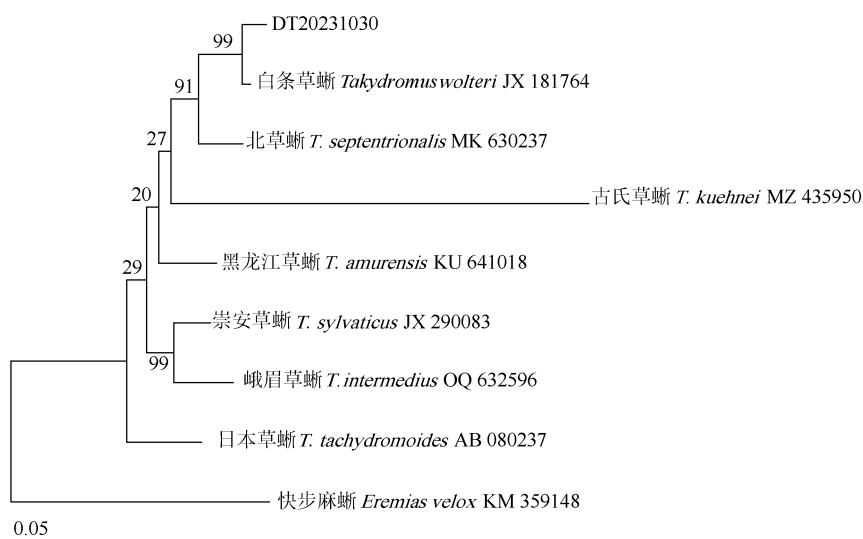


图 2 基于线粒体 *ND2* 基因序列构建的草蜥属最大似然系统发育树

Fig. 2 Maximum likelihood tree for *Takydromus* based on *ND2* gene sequences

图中支上的数字代表重抽样支持率。标尺表示以替换/位点为单位的遗传距离。DT20231030 为本研究中上海东滩湿地公园的样品编号。Numbers beside nodes indicate bootstrap values. Scale bar indicates the genetic distance in units of substitutions/site. DT20231030 represents the specimen from the Dongtan Wetland Park, Shanghai.

表 2 基于 *ND2* 基因估算的草蜥属部分物种间 *p*-distance 模型遗传距离

Table 2 Genetic distances among some species of *Takydromus* estimated via the *p*-distance model based on the *ND2* gene

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8
1 DT20231030 (本研究 This study)								
2 白条草蜥 <i>Takydromus wolteri</i>	0.045							
3 北草蜥 <i>T. septentrionalis</i>	0.152	0.139						
4 崇安草蜥 <i>T. sylvaticus</i>	0.219	0.198	0.197					
5 峨眉草蜥 <i>T. intermedius</i>	0.232	0.214	0.201	0.140				
6 日本草蜥 <i>T. tachydromoides</i>	0.243	0.225	0.216	0.210	0.222			
7 黑龙江草蜥 <i>T. amurensis</i>	0.203	0.188	0.184	0.184	0.196	0.209		
8 古氏草蜥 <i>T. kuehnei</i>	0.440	0.446	0.470	0.450	0.465	0.472	0.459	
9 快步麻蜥 <i>Eremias velox</i>	0.439	0.453	0.451	0.429	0.458	0.441	0.437	0.605

发现于芦苇荡及其附近的道路上，推测它们常在芦苇荡中休息。

## 参 考 文 献

Arnold E N. 1997. Interrelationships and evolution of the East Asian grass lizards, *Takydromus* (Squamata: Lacertidae). Zoological

Journal of the Linnean Society, 119(2): 267–296.

Chen X H, Chen Z, Jiang J P, et al. 2013. Molecular phylogeny and diversification of the genus *Odorrana* (Amphibia, Anura, Ranidae) inferred from two mitochondrial genes. Molecular Phylogenetics and Evolution, 69(3): 1196–1202.

Hu J G, Peng L F, Tang X S, et al. 2019. The complete mitochondrial

- genome of *Takydromus septentrionalis* (Reptilia: Lacertidae). Mitochondrial DNA Part B, 4(2): 2193–2194.
- Kumazawa Y, Nishida M. 1995. Variations in mitochondrial tRNA gene organization of reptiles as phylogenetic markers. *Molecular Biology and Evolution*, 12(5): 759–772.
- Löytynoja A, Goldman N. 2008. Phylogeny-aware gap placement prevents errors in sequence alignment and evolutionary analysis. *Science*, 320(5883): 1632–1635.
- Ma W W, Liu H, Zhao W G, et al. 2016. The complete mitochondrial genome of *Takydromus amurensis* (Squamata: Lacertidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1(1): 214–215.
- 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.
- Shannon F A. 1956. The reptiles and amphibians of Korea. *Herpetologica*, 12(1): 22–49.
- 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.
- Tang X S, Chen J M, Huang S. 2014. Mitochondrial genome of the Chung-an ground lizard *Takydromus sylvaticus* (Reptilia: Lacertidae). *Mitochondrial DNA*, 25(4): 319–320.
- Uetz P, Freed P, Aguilar R, et al. 2024. The Reptile Database. [DB/OL]. [2024-12-06]. <http://www.reptile-database.org>.
- Yu D N, Ji X. 2013. The complete mitochondrial genome of *Takydromus wolteri* (Squamata: Lacertidae). *Mitochondrial DNA*, 24(1): 3–5.
- Zhang X, Chen J, Luo H Y, et al. 2024. Climate-driven mitochondrial selection in lacertid lizards. *Ecology and Evolution*, 14(3): e11176.
- Zhao E M, Adler K. 1993. *Herpetology of China*. Ohio: Society for the Study of Amphibians and Reptiles, 521.
- Zhou Z S, Li H, Tong Q L, et al. 2014. The nearly complete mitochondrial genome of the rapid racerunner *Eremias velox* (Squamata: Lacertidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(3): 1781–1782.
- 陈静怡, 胡华丽, 丁国骅, 等. 2022. 浙江衢州发现古氏草蜥. *动物学杂志*, 57(6): 963–964.
- 上海市农林局. 2004. 上海陆生野生动植物资源. 上海: 上海科学技术出版社, 36–49.
- 王凯, 任金龙, 陈宏满, 等. 2020. 中国两栖、爬行动物更新名录. *生物多样性*, 28(2): 189–218.
- 赵尔宓. 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, 257–271.
- 赵文阁. 2008. 黑龙江省两栖爬行动物志. 北京: 科学出版社, 1–249.

~~~~~

(上接 758 页)

取食芦苇顶端的嫩芽和种子。其常与棕头鸦雀 (*Sinosuthora webbiana*) 一起出现, 直到 2021 年该物种在黄河故道偶有观测。

**致谢** 感谢南京师范大学王鹏程博士对本文的撰写所给予的热情指导和全力支持。

冉全<sup>①②</sup> 徐行<sup>②③</sup> 王兆运<sup>②④</sup> 周晨曦<sup>②</sup> 吕慧华<sup>⑤</sup> 张亚楠<sup>①②\*</sup>

① 盐城市湿地和世界自然遗产保护管理中心 盐城 224000; ② 盐城市观鸟协会 盐城 224000;

③ 中国海盐博物馆 盐城 224000; ④ 滨海供电公司 盐城 224000;

⑤ 盐城工学院环境科学与工程学院 盐城 224000