

贵州威宁发现景东臭蛙

刘京 程彦林 周铝 姜世兴 周军健 李仕泽*

茅台学院资源环境系 仁怀 564500

摘要: 2020年8月6日在贵州省威宁县雪山镇(27°04'09" N, 104°04'44" E, 海拔2 218 m)采集到6号两栖动物标本,经形态特征比较,与景东臭蛙(*Odorrana jingdongensis*)相似;基于线粒体16S rRNA构建臭蛙属(*Odorrana*)部分物种系统发育树,此次采集的臭蛙标本与景东臭蛙聚为一支,且具有较高的支持率(0.97/92, 贝叶斯法/最大似然法);基于Kimura双参数模型估算本次采集的臭蛙标本与景东模式产地标本间的遗传距离为0%,远小于臭蛙属物种间的遗传距离(1.3%~9.5%)。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)臭蛙属的景东臭蛙,系贵州省两栖动物分布新记录种。

关键词: 景东臭蛙; 分布新记录种; 贵州省

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2023) 01-148-09

Odorrana jingdongensis Found in Weining, Guizhou Province

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

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

Abstract: During the amphibian survey in Xueshan Town, Weining County, Guizhou Province, China on 6 August, 2020, six specimens were collected (27°04'09" N, 104°04'44" E, altitude 2 218 m). Compared the specimens with other species of the genus *Odorrana* (Table 1) by morphological and molecular evidences, the specimens were identified as *O. jingdongensis*, which is the new record of Guizhou Province, China. Morphologically, we mainly compared measurement data (Table 2) and diagnosis characters (Fig. 1), the result showed that the specimens from Guizhou were similar to *O. jingdongensis*. Molecularly, we constructed Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) inference phylogenetic trees based on 16S rRNA gene and calculated the genetic distances between species of the genus *Odorrana* using Kimura two-parameter model in MEGA v6.0. The ML and BI trees of the mitochondrial DNA dataset presented almost consistent topology, both showed that the four specimens from Guizhou were clustered with the *O. jingdongensis* with a high support (0.97/92, BI/ML) (Fig. 2). The genetic distance between the specimens from Guizhou and *O.*

基金项目 贵州省基础研究项目(黔科合基础-ZK(2022)一般540,黔科合基础(2020)1Y083),贵州省林业科技项目(黔林科合(2020)13号),贵州省教育厅青年科技人才成长项目(KY字(2020)234号),遵义市科技局项目(遵市科合HZ字(2020)319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:动物生态学;E-mail: 124969483@qq.com。

收稿日期: 2022-08-02, 修回日期: 2022-11-16 DOI: 10.13859/j.cjz.202301015

jingdongensis from type locality was 0%, which is much lower than that between *Odorrana* species range from 1.3% to 9.5% (Table 3).

Key words: *Odorrana jingdongensis*; New record; Guizhou Province

臭蛙属 (*Odorrana*) 物种广泛分布于中国南部和东南亚地区, 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 62 种 (费梁等 2012, Frost 2022)。其中, 中国记录分布 40 种, 贵州省记录分布 16 种, 分别为安龙臭蛙 (*O. anlungensis*)、无指盘臭蛙 (*O. grahami*)、大绿臭蛙 (*O. graminea*)、合江臭蛙 (*O. hejiangensis*)、黄岗臭蛙 (*O. huanggangensis*)、宜昌臭蛙 (*O. ichangensis*)、筠连臭蛙 (*O. junlianensis*)、贵州臭蛙 (*O. kweichowensis*)、荔波臭蛙 (*O. liboensis*)、龙胜臭蛙 (*O. lungshengensis*)、绿臭蛙 (*O. margaretae*)、花臭蛙 (*O. schmackeri*)、竹叶蛙 (*O. versabilis*)、务川臭蛙 (*O. wuchuanensis*)、宜章臭蛙 (*O. yizhangensis*) 和云南臭蛙 (*O. yunnanensis*) (伍律等 1986, 费梁等 2012, 李仕泽等 2020, 中国两栖类 2022)。安龙臭蛙仅分布于贵州安龙的龙头大山; 无指盘臭蛙分布于贵州西部的水城和威宁等地; 绿臭蛙和大绿臭蛙广泛分布于贵州各地; 合江臭蛙分布于贵州西北部的赤水、习水等地; 龙胜臭蛙分布于贵州东南部的雷山; 黄岗臭蛙广泛分布于贵州东部和东北部; 宜昌臭蛙分布于贵州北部务川、道真、桐梓等地; 筠连臭蛙分布于贵州西部毕节、黔西、大方、纳雍等地; 花臭蛙分布于贵州东北部松桃和印江地; 竹叶蛙分布于黔东南和黔南雷山、从江和三都等地; 宜章臭蛙分布于贵州江口和绥阳; 云南臭蛙分布于贵州六盘水、兴义和织金等地; 务川臭蛙分布范围较窄, 仅分布于务川和荔波; 贵州臭蛙广泛分布于贵州北部、中部及南部; 荔波臭蛙仅分布于荔波 (伍律等 1986, 费梁等 2012, 朱艳军 2016, 黄勇杰 2017, Li et al. 2018, 李仕泽等 2020, Shen et al. 2020, Luo et al. 2021, 中国两栖类 2022)。

2020 年 8 月, 本课题组在贵州省威宁县雪山镇鱼塘村 (27°04'09" N, 104°04'44" E, 海拔 2 218 m) 进行生物多样性调查时, 采集到臭蛙属成体标本 6 号 (4♂ 2♀, 标本号见表 1), 经形态特征比较和系统发育分析, 鉴定为景东臭蛙 (*O. jingdongensis*), 为贵州省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

6 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

对 6 号标本使用游标卡尺 (无锡锡工量具有限公司, 量程 200 mm, 精度 0.01 mm) 测量形态指标, 依据《中国两栖动物检索及图鉴》(费梁等 2005) 并参照《中国两栖动物及其分布彩色图鉴》(费梁等 2012), 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。利用引物 P7 和 P8 (Simon et al. 1994) 扩增 16S rRNA 基因部分片段 (523 bp) 并测序。PCR 扩增条件和步骤参照 Chen 等 (2017)。扩增产物经电泳检测后, 大小符合要求的产物交上海生工生物公司测序。所得序列上传到 GenBank, 序列号为 OP834752 ~ OP834757 (表 1)。

在 GenBank 中下载臭蛙属部分物种和蛙科部分相近物种的 16S rRNA 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。以仙琴蛙 (*Nidirana daunchina*) 和威宁趾沟蛙 (*Pesudorana weiningensis*) 为外群 (Luo et al. 2021)。所有序列在软件 Clustal X

表 1 样品信息

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

物种及标本号 Species and the specimen No.	采集地 Locality	16S rRNA GenBank 登录号 16S rRNA of GenBank accession number
		WN20200806001
		WN20200806002
本文标本 Specimen of this study	贵州威宁 Weining, Guizhou	WN20200806003
		WN20200806004
		WN20200806008
		WN20200806009
景东臭蛙 <i>Odorrana jingdongensis</i>	云南景东 Jingdong, Yunnan	20070711017
安龙臭蛙 <i>O. anlungensis</i>	贵州安龙 Anlong, Guizhou	HNNU 1008-109
无指盘臭蛙 <i>O. grahami</i>	云南昆明 Kunming, Yunnan	HNNU1008II016
大绿臭蛙 <i>O. graminea</i>	海南五指山 Wuzhishan, Hainan	HNNU0606123
海南臭蛙 <i>O. hainanensis</i>	海南五指山 Wuzhishan, Hainan	HNNU0606105
合江臭蛙 <i>O. hejiangensis</i>	四川合江 Hejiang, Sichuan	HNNU1007I202
黄岗臭蛙 <i>O. huanggangensis</i>	广东乳源 Ruyuan, Guangdong	CIBGD201108030
宜昌臭蛙 <i>O. ichangensis</i>	湖北宜昌 Yichang, Hubei	HNNU 1007-061
筠连臭蛙 <i>O. junlianensis</i>	四川筠连 Junlian, Sichuan	HNNU002JL
贵州臭蛙 <i>O. kweichowensis</i>	贵州金沙 Jinsha, Guizhou	CIBjs20150803008
荔波臭蛙 <i>O. liboensis</i>	贵州荔波 Libo, Guizhou	GZNU20180608007
龙胜臭蛙 <i>O. lungshengensis</i>	广西龙胜 Longsheng, Guangxi	HNNU70028
绿臭蛙 <i>O. margaretae</i>	四川峨眉山 Mt Emei, Sichuan	HNNU20050032
花臭蛙 <i>O. schmackeri</i>	湖南八大公山 Mt Badagong, Hunan	CIB20130531
竹叶蛙 <i>O. versabilis</i>	贵州雷山 Leishan, Guizhou	HNNU003
务川臭蛙 <i>O. wuchuanensis</i>	贵州务川 Wuchuan, Guizhou	HNNU019L
宜章臭蛙 <i>O. yizhangensis</i>	湖南宜章 Yizhang, Hunan	HNNU1008I075
云南臭蛙 <i>O. yunnanensis</i>	云南龙川 Longchuan, Yunnan	HNNU 001YN
仙琴蛙 <i>Nidirana daunchina</i>	四川峨眉山 Mt Emei, Sichuan	HNNU20060103
威宁趾沟蛙 <i>Pseudorana weiningensis</i>	贵州威宁 Weining, Guizhou	KIZ-RD05KMWN01

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 (David 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 千代抽样一次, 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 结果与分析

2.1 形态描述

本次采集的标本 6 号, 体型较大, 其中成体雄性 4 号 (WN20200806003、WN20200806004、WN20200806008 和 WN20200806009) 头体长

69.36 ~ 73.67 mm, WN20200806001 和 WN20200806002 两号成体雌性头体长分别为 86.35 mm 和 106.53 mm, 其他部位量度见表 2。头部扁平, 头长大于头宽, 吻端钝圆略尖, 吻长大于眼径, 鼻间距大于眼间距, 鼓膜明显, 呈圆形, 吻棱明显, 颊部略向外倾斜, 舌后端缺刻深, 犁骨齿两斜列。前臂粗壮, 手指较长, 指关节下瘤发达, 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 个几乎相连; 后肢长而发达, 后肢长约为头体长 1.6 ~ 1.8 倍, 左右跟部重叠, 胫跗关节贴体前伸达鼻眼之间, 趾长顺序为 $4 > 3 \approx 5 > 2 > 1$, 趾端有腹侧沟, 趾间全蹼, 蹼达趾端, 趾关节下瘤发达, 内蹼突窄长, 无外蹼突。背面多为绿色间有棕黑色斑, 或棕褐色间有绿色斑纹, 体侧有褐色斑, 背面皮肤自吻端至肛部布满疣粒; 体腹面皮肤光滑, 土黄色

或间有褐色斑纹, 股后下方及肛两侧以及跗足背面为橙黄色, 股后面有大斑。雄性第一指有浅灰色绒毛状婚垫, 较粗大, 体背侧有雄性线, 雄性有一对咽侧下内声囊。本次采集臭蛙标本生活照、手脚形态特征见图 1。

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景东臭蛙模式产地(云南景东)标本(费梁等 2001)相符。

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 16S rRNA 基因片段长度为 523 bp。序列中 T、C、A、G 含量分别是 24.7%、24.3%、30.9%、20.1%, A + T 的含量高于 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 2), 系统发育

表 2 贵州威宁景东臭蛙成体标本形态量度(单位: mm)

Table 2 Morphometric measurements on adults of *Odorrana jingdongensis* from Weining

	雄性 Male (n = 4)		雌性 Female (n = 2)	
	范围 Range	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	WN20200806001	WN20200806002
头体长 Snout-vent length	69.36 - 73.67	71.83 ± 1.84	106.53	86.35
头长 Head length	23.85 - 25.42	24.48 ± 0.71	34.85	29.47
头宽 Head width	21.99 - 22.73	22.38 ± 0.33	34.21	28.91
吻长 Snout length	10.36 - 11.01	10.63 ± 0.29	14.85	13.30
鼻间距 Internasal space	7.62 - 8.23	8.02 ± 0.27	11.56	10.26
眼径 Diameter of eye	7.40 - 8.81	7.86 ± 0.65	10.88	8.98
眼间距 Interorbital space	4.86 - 5.75	5.36 ± 0.40	10.29	6.99
上眼睑宽 Width of upper eyelid	5.18 - 5.82	5.41 ± 0.29	7.74	6.06
鼓膜径 Diameter of tympanum	4.89 - 5.92	5.41 ± 0.56	6.35	5.28
前臂及手长 Length of lower arm	33.62 - 36.75	35.63 ± 1.43	48.00	42.43
前臂宽 Width of lower arm	6.91 - 7.80	7.29 ± 0.43	7.70	6.90
后肢长 Hindlimb length	113.85 - 130.3	121.83 ± 6.95	175.36	157.20
股长 Thigh length	33.83 - 39.18	35.45 ± 2.50	52.69	45.67
胫长 Tibia length	40.66 - 42.54	41.83 ± 0.90	57.62	53.17
胫宽 Tibia width	8.12 - 9.28	8.72 ± 0.49	14.76	10.63
跗足长 Length of foot and tarsus	54.86 - 58.16	56.73 ± 1.68	73.29	70.77
足长 Foot length	39.18 - 42.66	40.58 ± 1.70	53.98	49.49

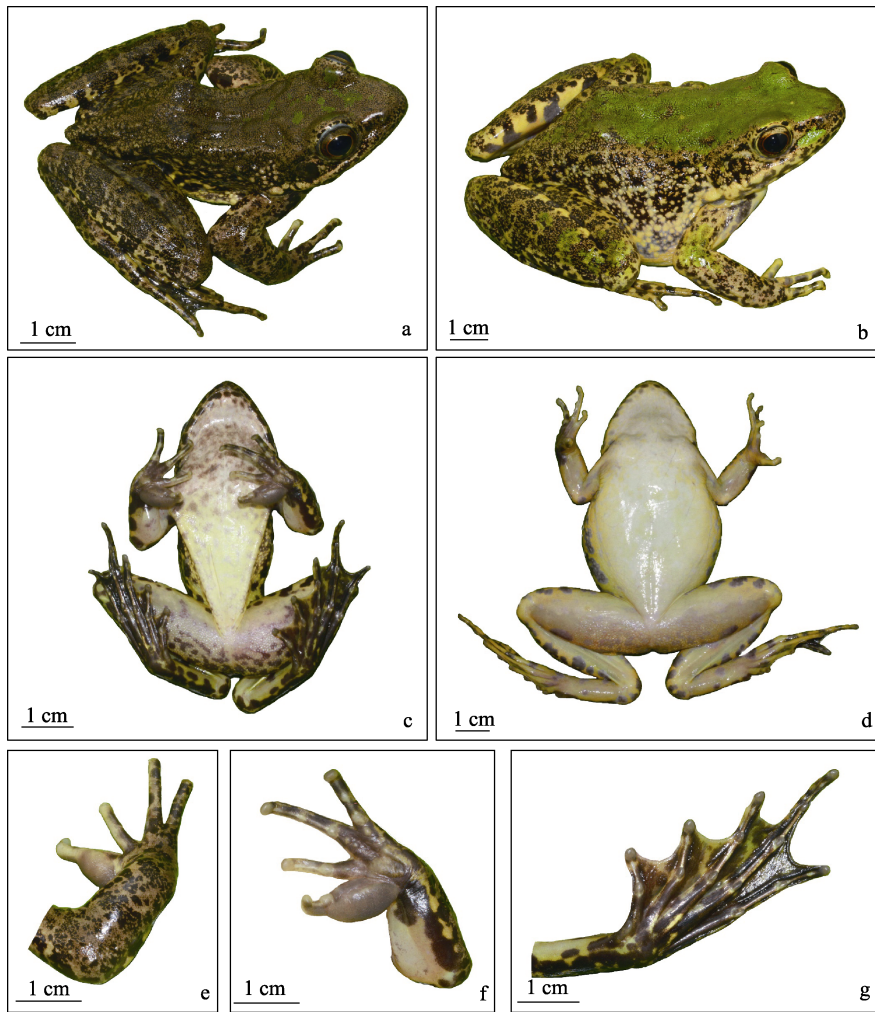


图 1 景东臭蛙形态学特征 (贵州威宁)

Fig. 1 Morphological characters of *Odorrana jingdongensis* (Weining, Guizhou)

a. 侧面观 (♂); b. 侧面观 (♀); c. 腹面观 (♂); d. 腹面观 (♀); e. 手背面观; f. 手腹面观; g. 脚腹面观。

a. Lateral view (♂); b. Lateral view (♀); c. Ventral view (♂); d. Ventral view (♀); e. Dorsal view of hand; f. Ventral view of hand; g. Ventral view of foot.

树显示, 采自贵州威宁的臭蛙标本与景东臭蛙模式产地 (云南景东) 的标本聚为一支, 支持率为 0.97/92 (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的遗传距离在 1.3% ~ 9.5%, 平均遗传距离为 6.0%, 本研究在贵州威宁所采集臭蛙标本与景东臭蛙模式产地标本间的遗传距离为 0% (表 3), 远小于臭蛙属物种间的遗传距离。

因此, 综合形态比较与分子系统学分析结果, 鉴定采集于贵州威宁雪山镇的臭蛙标本为景东臭蛙, 为贵州省两栖动物分布新记录种。

2.3 生境描述

本研究中景东臭蛙标本发现于贵州省威宁县雪山镇鱼塘村海拔 2 218 m 左右的溪沟中, 该溪沟水流缓慢, 周围植被类型主要是针叶林 (图 3)。与其同域分布的两栖类有威宁趾沟蛙、泽陆蛙 (*Fejervarya multistriata*)、华西雨

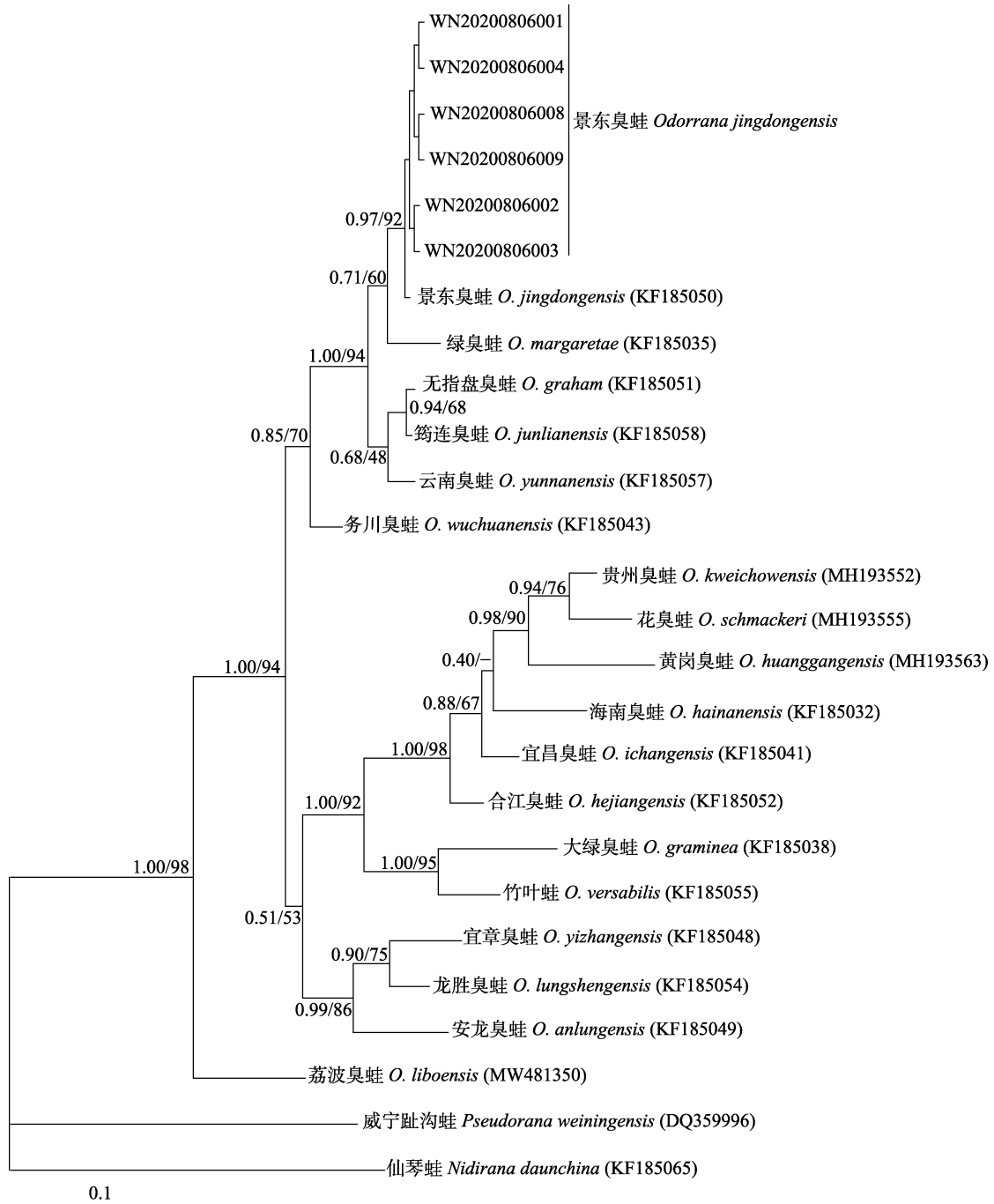


图 2 基于 16S rRNA 基因序列 (523 bp) 构建的臭蛙属部分物种贝叶斯和最大似然法系统发育树

Fig. 2 Bayesian-inference and maximum likelihood tree of *Odorrana* based on 16S rRNA gene sequences (523 bp)

图中枝上的数字代表重抽样支持率, 前者为贝叶斯法支持率, 后者为最大似然法支持率。WN20200806001 ~ WN20200806009 为本研究中贵州威宁采集的臭蛙样品编号, 其余物种序列信息见表 1。图中比例尺为系统发育树支长, 表示物种分化差异度。

Numbers beside nodes indicate bootstrap values (BI/ML). Sequences of WN20200806001 - WN20200806009 were from Weining, Guizhou, and the information of other species sequences were shown in Table 1. The scale in figure is the branch length of BI tree, indicating the diversity of species differentiation.

表 3 基于 16S rRNA 基因序列 (523 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 of 16S rRNA gene sequences (523 bp) of some *Odorrana* species examined in the study

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1 景东臭蛙 <i>O. jingdongensis</i>																			
2 景东臭蛙 <i>O. jingdongensis</i>	0.000																		
3 筠连臭蛙 <i>O. junlianensis</i>	0.013	0.013																	
4 云南臭蛙 <i>O. yunnanensis</i>	0.015	0.015	0.011																
5 无指盘臭蛙 <i>O. grahami</i>	0.015	0.015	0.002	0.013															
6 绿臭蛙 <i>O. margaretae</i>	0.020	0.020	0.024	0.022	0.022														
7 务川臭蛙 <i>O. wuchuanensis</i>	0.034	0.034	0.027	0.036	0.025	0.041													
8 龙胜臭蛙 <i>O. lungshengensis</i>	0.055	0.055	0.057	0.062	0.055	0.067	0.047												
9 宜章臭蛙 <i>O. yizhangensis</i>	0.062	0.062	0.064	0.074	0.062	0.069	0.054	0.038											
10 安龙臭蛙 <i>O. anlungensis</i>	0.062	0.062	0.065	0.075	0.062	0.067	0.060	0.043	0.050										
11 合江臭蛙 <i>O. hejiangensis</i>	0.063	0.063	0.060	0.060	0.058	0.075	0.053	0.060	0.072	0.070									
12 荔波臭蛙 <i>O. liboensis</i>	0.074	0.074	0.076	0.081	0.074	0.078	0.066	0.084	0.086	0.084	0.097								
13 竹叶蛙 <i>O. versabilis</i>	0.080	0.080	0.083	0.078	0.080	0.087	0.070	0.082	0.095	0.088	0.065	0.106							
14 宜昌臭蛙 <i>O. ichangensis</i>	0.082	0.082	0.080	0.080	0.077	0.090	0.065	0.072	0.094	0.080	0.029	0.110	0.063						
15 花臭蛙 <i>O. schmackeri</i>	0.083	0.083	0.085	0.088	0.083	0.090	0.075	0.075	0.095	0.096	0.050	0.111	0.070	0.048					
16 贵州臭蛙 <i>O. kweichowensis</i>	0.086	0.086	0.088	0.091	0.085	0.093	0.077	0.077	0.095	0.093	0.043	0.114	0.073	0.036	0.022				
17 黄冈臭蛙 <i>O. huanggangensis</i>	0.089	0.089	0.086	0.092	0.089	0.104	0.075	0.088	0.106	0.107	0.048	0.118	0.083	0.048	0.058	0.055			
18 海南臭蛙 <i>O. hainanensis</i>	0.093	0.093	0.095	0.101	0.098	0.110	0.084	0.082	0.100	0.096	0.048	0.130	0.092	0.045	0.067	0.055	0.063		
19 大绿臭蛙 <i>O. graminea</i>	0.095	0.095	0.092	0.092	0.090	0.092	0.082	0.092	0.095	0.090	0.080	0.115	0.055	0.085	0.093	0.090	0.109	0.105	

1. 贵州威宁的景东臭蛙; 2. 云南景东的景东臭蛙。

1. *O. jingdongensis* form Weining, Guizhou; 2. *O. jingdongensis* form Jingdong, Yunnan.

蛙 (*Hyla annectans*) 和黑点树蛙 (*Zhangixalus nigropunctatus*)。

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 GenBank 下载贵州已有报道的



图3 贵州威宁景东臭蛙生境

Fig. 3 Habitat of *Odorrana jingdongensis* from Weining, Guizhou

臭蛙属及其近缘种的 16S rRNA 序列，构建系统发育树，计算遗传距离，发现本文采集的标本和贵州省有记载分布的安龙臭蛙、无指盘臭蛙、大绿臭蛙、合江臭蛙、黄岗臭蛙、宜昌臭蛙、筠连臭蛙、贵州臭蛙、荔波臭蛙、龙胜臭蛙、绿臭蛙、花臭蛙、竹叶蛙、务川臭蛙、宜章臭蛙和云南臭蛙的遗传距离分别为 6.2%、1.5%、9.5%、6.3%、8.9%、8.2%、1.3%、8.6%、7.4%、5.5%、2.0%、8.3%、8.0%、3.4%、6.2% 和 1.5%，平均遗传距离为 6.0%，和景东臭蛙模式产地标本的遗传距离仅为 0%，远小于与臭蛙属其他物种的遗传距离。

在形态上，采自贵州威宁的臭蛙属标本与贵州记录的 16 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 69.36 ~ 73.67 mm 之间，体型较大，其头体长与景东臭蛙（75 mm 左右）、无指盘臭蛙（76 mm 左右）、筠连臭蛙（76 mm 左右）、绿臭蛙（81 mm 左右）、务川臭蛙（71 mm 左右）、竹叶蛙（74 mm 左右）、云南臭蛙（71 mm 左右）相近，远大于贵州省分布的臭蛙属其他物种雄性个体；腹部无明显深色花斑，区别于务川臭蛙；有雄性线，区别于竹叶蛙和云南臭蛙；指端膨大成扁平吸盘，明显区别于无指盘臭蛙（指端无指盘）、竹叶蛙（指端吸盘小）和云南臭蛙（指端吸盘小

或不明显）；有一对咽侧下内声囊，区别于绿臭蛙无声囊；背部绿色带棕黑色斑，雄性咽、胸部有两个三角形细刺团，体背侧有雄性线，区别于筠连臭蛙背部橄榄绿色带棕褐色斑，胸、腹部有“8”字形细刺团，体背侧有粉红色雄性线（费梁等 2005，2012，中国两栖类 2022）。

本次采集的臭蛙属标本与景东臭蛙模式产地标本的形态上存在一些差异，如指式为 $3 > 4 > 1 > 2$ ，不同于模式产地的 $3 > 4 > 1 \approx 2$ ；胫跗关节贴体前伸达鼻眼之间，异于模式产地的达吻端前后；后肢长而发达，约为头体长 1.6 ~ 1.8 倍，不及模式产地后肢长约为头体长 1.8 倍（费梁等 2005，2012，中国两栖类 2022）。由于本次采集的臭蛙属标本数量有限，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。

景东臭蛙为中国特有种，此前报道在我国分布于云南省景东、金平、孟连、河口和广西壮族自治区防城港等地（费梁等 2012），记录海拔分布为 1 480 ~ 1 600 m。此次在贵州省威宁县雪山镇鱼塘村（采集地海拔 2 218 m）发现景东臭蛙，丰富了其分布信息，拓宽了对该物种分布海拔的认识。

参 考 文 献

- Chen J M, Zhou W W, Nikolay A, et al. 2017. A novel multilocus phylogenetic estimation reveals unrecognized diversity in Asian horned toads, genus *Megophrys sensu lato* (Anura: Megophryidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 106: 28–43.
- David P. 2008. jModelTest: jModeltest phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7): 1253–1256.
- Frost D R. 2022. Amphibian Species of the World Version 6.0, An Online Reference: Names Assigned to Genus *Nidirana*. New York, USA: American Museum of Natural History. [DB/OL]. [2022-07-10]. <https://amphibiansoftheworld.amnh.org/Amphibia/Anura/Ranidae/Nidirana>.
- 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.
- 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. DOI 10.7717/peerj.5695.
- 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.
- Ronquist F R, Huelsenbeck J P. 2003. MrBayes3: 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.
- Simon C, Frari F, Beckenbaeh A, et al. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and compilation of conserved polymerase chain reaction primer. *Annals of the Entomological Society of America*, 87(6): 651–701.
- 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.
- 费梁, 叶昌媛, 李成. 2001. 中国臭蛙属两新种记述(无尾目: 蛙科). *动物分类学报*, 26(1): 108–114.
- 黄勇杰. 2017. 基于线粒体 DNA 和微卫星标记的务川臭蛙种群遗传结构及分子系统发生研究. 北京: 中国林业科学研究院硕士学位论文, 13–22.
- 李仕泽, 徐宁, 刘京, 等. 2020. 贵州两栖动物名录修订. *四川动物*, 39(6): 694–710.
- 伍律, 董谦, 须润华. 1986. 贵州两栖类志. 贵阳: 贵州人民出版社, 1–192.
- 中国两栖类. 2022. “中国两栖类”信息系统. 中国. 云南省. 昆明市: 中国科学院昆明生物研究所. [DB/OL]. [2022-07-10]. <http://www.amphibiachina.org/>.
- 朱艳军. 2016. 花臭蛙复合体遗传分化研究. 新乡: 河南师范大学硕士学位论文, 1–39.