

广西柳州发现桑植蛙

陈慧玲^① 邹同祥^① 杨瑞刚^② 武正军^① 陈泽柠^{①*}

① 珍稀濒危动植物生态与环境保护教育部重点实验室, 广西珍稀濒危动物生态重点实验室, 广西师范大学生命科学院
桂林 541006; ② 广西壮族自治区环境保护科学研究院 南宁 530022

摘要: 2024年8月27日和10月15日, 在广西壮族自治区柳州市融水苗族自治县分别采集到无尾目(Anura)蛙科(Ranidae)蛙属(*Rana*)标本1号, 共2号。经形态鉴定对比, 2号标本均和桑植蛙(*R. sangzhiensis*)相似; 基于16S rRNA基因序列构建蛙属部分物种系统发育树, 采集的2号标本与桑植蛙聚为一支, 遗传距离为0.2%, 小于同属其他物种间的遗传距离(0.8%~8.4%)且与外群间的遗传距离为11.6%。结合形态特征和分子系统发育分析, 确定在柳州采集到的2号标本为桑植蛙, 系广西壮族自治区两栖动物分布新记录种, 扩展了越南趾沟蛙种组(*R. johnsi* group)的已知分布范围。

关键词: 桑植蛙; 形态特征; 分子系统发育

中图分类号: Q959 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263 (2025) 06-919-08

Rana sangzhiensis Found in Liuzhou, Guangxi, China

CHEN Hui-Ling^① ZOU Tong-Xiang^① YANG Rui-Gang^② WU Zheng-Jun^① CHEN Ze-Ning^{①*}

① Key Laboratory of Ecology of Rare and Endangered Species and Environmental Protection (Guangxi Normal University), Ministry of Education; Guangxi Key Laboratory of Rare and Endangered Animal Ecology (Guangxi Normal University); College of Life Sciences, Guangxi Normal University, Guilin 541006; ② Guangxi Research Academy of Environmental Sciences, Nanning 530022, China

Abstract: *Rana sangzhiensis* was initially described by Shen Yuhui in 1986 from Hunan, China. On August 27, 2024, a female subadult specimen (GXNU090506) was collected from Rongshui Miao Autonomous County, Liuzhou, Guangxi. Subsequently, on October 15, 2024, a male adult specimen (GXNU102338) was collected from the same location. Morphological comparison revealed similarities to *R. sangzhiensis* (Figs. 1, 2). In addition, the 16S ribosomal RNA (16S rRNA) gene sequences were analyzed, with sequencing peak maps evaluated and manually corrected. Additionally, 60 sequences from 18 *Rana* species were retrieved from GenBank for comparison (Table S1). Phylogenetic analyses were conducted using Bayesian inference (BI) and Maximum likelihood (ML) methods via PhyloSuite. Species boundaries were delineated via the Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP). The phylogenetic analysis based on the 16S rRNA gene indicated that the collected specimens clustered with *R. sangzhiensis* specimens (Figs. 3, 4), exhibiting uncorrected pairwise

基金项目 国家自然科学基金项目 (No. 32200379), 广西自然科学基金项目 (No. 2023GXNSFBA026309), 广西陆域生物多样性保护优先区域调查与评估项目 (2023—2024);

* 通讯作者, E-mail: chenzn@gxnu.edu.cn;

第一作者介绍 陈慧玲, 女, 硕士研究生; 研究方向: 蛇类分类和谱系地理; E-mail: 2141140186@qq.com.

收稿日期: 2025-01-06, 修回日期: 2025-06-13 DOI: 10.13859/j.cjz.202525004 CSTR: 32109.14.cjz.25004

distances (*p*-distance) of 0.2% (Table 2). This *p*-distance was notably lower than the interspecific *p*-distances observed within the genus *Rana* (0.8% - 8.4%) and significantly lower than the *p*-distance to the outgroup (11.6%). Integrating morphological characteristics with molecular phylogenetic evidence, we conclude that the two specimens collected from Guangxi belong to *R. sangzhiensis*. This finding represents a new record for amphibian distribution in Guangxi and extends the known distribution range of the *R. johnsi* group.

Key words: *Rana sangzhiensis*; Morphological characteristics; Molecular phylogeny

目前, 分布在中国的蛙属 (*Rana*) 有 29 种 (Liu et al. 2024, 中国两栖类 2024), 根据形态学特征与分子系统发育, 可以将部分物种划分为四个类群: 黑龙江林蛙种组 (*R. amurensis* group)、中国林蛙种组 (*R. chensinensis* group)、日本林蛙种组 (*R. japonica* group) 和越南趾沟蛙种组 (*R. johnsi* group) (Yan et al. 2011, Yuan et al. 2016, Wang et al. 2017, Yang et al. 2017, Zhao et al. 2017, Zhou et al. 2017)。

桑植蛙 (*R. sangzhiensis*) 隶属蛙科 (Ranidae) 蛙属, 是沈猷慧在 1986 年发表的新种 (Shen 1986), 模式产地为湖南省桑植县天平山。而后, 费梁等 (1990) 依据成体趾端有腹侧沟等主要性状将桑植蛙等物种另立为新属, 即趾沟蛙属 (*Pseudorana*)。在后续研究中, 基于形态特征的同源性争议, 对该属的物种组成多次调整, Dubois (1992)、江建平等 (1997) 及费梁等 (2012) 对属内物种进行了重新划分, 研究结果均支持将桑植蛙归于趾沟蛙属。1999 年, 赵尔宓将郑明全采于四川洪雅县张村的 2 号标本鉴定为蛙科一新种, 并命名为张村蛙 (*R. zhengi*)。在 2020 年 Wan 等根据分子证据将张村蛙归为桑植蛙 *R. sangzhiensis* 的同物异名, 并且将该种和越南趾沟蛙 (*R. johnsi*) 共同划分到越南趾沟蛙种组 (*R. johnsi* group)。除模式产地湖南以外, 目前桑植蛙已知分布于四川和广东 (黎振昌等 1995, 赵尔宓 1999), 2024 年 8 月和 10 月在广西壮族自治区柳州市融水苗族自治县 (以下简称融水县) 采集到 2 号蛙属标本, 通过形态特征鉴定以及分子系统发育综合分析, 确认其为桑植蛙, 系广西壮族自治区两栖类分布新记录种, 进一步扩展了桑植蛙的

已知分布范围。

1 材料与方法

1.1 样本采集

2024 年 8 月 27 日在广西柳州市融水苗族自治县 (25°17'56" N, 108°39'40" E, 海拔 898 m) 采集到 1 号蛙类雌性亚成体标本 (GXNU090506), 同年 10 月 15 日, 在该县 (25°14'40" N, 108°41'04" E, 海拔 655 m) 采集到 1 号雄性成体标本 (GXNU102338)。取 2 号标本肌肉组织保存于超低温冰箱 (-80 °C), 整体标本则固定在 80% 的乙醇中, 标本存放于广西师范大学生命科学学院。

1.2 形态测量

形态特征描述与测量指标参考 Shen (1986) 和《中国动物志: 两栖纲》(费梁等 2009)。使用游标卡尺 (DL3945, 量程 0~200 mm, 执行标准 GB/T 21389, 宁波得力工具有限公司得力, 精确到 0.01 mm) 进行测量。测量指标包括, 头体长 (自吻端至体后端的长度)、头长 (自吻端至上、下颌关节后缘的长度)、头宽 (头两侧之间的最大距离)、吻长 (自吻端至眼前角的长度)、鼻间距 (左、右鼻孔内缘之间的距离)、眼间距 (左、右上眼睑内侧缘之间的最窄距离)、上眼睑宽 (上眼睑的最大宽度)、眼径 (与体轴平行的眼之直径)、鼓膜径 (鼓膜最大的直径)、前臂及手长 (自肘关节至第三指末端的长度)、前臂宽 (前臂最粗的直径)、手长 (外掌突近端至第三指末端的长度)、后肢长, 自体后端正中部位至第四趾末端的长度)、胫长 (胫部两端之间的长度)、胫宽 (胫部最粗的直径)、跗足长 (自胫跗关

节至第四趾末端的长度)、足长(自内突的近端至第四趾末端的长度)、背侧褶宽、背侧褶间距和内蹠突长。

1.3 分子系统发育分析

使用 DNA 提取试剂盒(天根生化科技有限公司)提取标本 DNA,置于 -80 °C 保存。使用引物 16S-F (5'-ACG AGC CTA GTG ATA GCT GGT T-3') 和 16S-R (5'-CGG TCT GAA CTC AGA TCA CGT-3'), 扩增 16S rRNA 基因(16S rRNA)。扩增产物双向测序由北京擎科生物科技股份有限公司完成。本研究对获取的 2 条序列测序峰图进行评估和人工校正, 下载 GenBank 上蛙属 18 种共 60 条序列, 选择威宁蛙 (*R. weiningensis*) 为外群。使用 MEGA X (Kumar et al. 2018) 进行序列比对和遗传距离计算。使用 PhyloSuite (Zhang et al. 2020) 进行贝叶斯推断 (Bayesian inference, BI) 分析和最大似然 (maximum likelihood, ML) 分析, 基于赤池信息量准则 (Akaike information criterion, AIC) 标准选择最适合 16S rRNA 序列数据的核苷酸替代模型, 即 GTR + G, 通过设置 4 个独立的马尔科夫链蒙特卡罗运行, 起始树设置为随机树, 共运行 20 000 000 代, 每 1 000 代取样一次, 舍弃前 25% 老化样本。使

用 the Bayesian Poisson tree processes (bPTP) (Zhang et al. 2013) 来划定物种边界。bPTP 方法在 bPTP 服务器 (<http://species.h-its.org/>) 上运行, 使用贝叶斯系统发育分析生成的树和默认参数。去除外群的 16S rRNA 基因片段后, 用 MEGA X 中的非校正配对距离模型估算蛙属内近缘物种间的遗传距离以及本研究中物种与外群的遗传距离。

2 结果

2.1 形态描述

采集到的 2 号标本形态描述如下: 吻端钝尖, 突出于下唇; 吻长大于眼径, 吻端两侧经鼻孔及吻棱下缘到眼有一条黑褐色纵纹, 吻棱明显。鼻孔位于吻眼间较近吻端处, 雄蛙眼间距小于鼻间距, 雌蛙眼间距几乎与鼻间距相等; 鼓膜明显, 直径大于上眼睑宽 (表 1)。

标本 (GXNU090506) 为亚成体雌性, 前肢较纤细; 标本 (GXNU102338) 为成体雄性, 前肢粗壮。指端略呈吸盘状, 指长顺序为 3、4、1、2, 第 1、第 4 指等长, 关节下瘤明显。后肢较长, 前伸胫跗关节达鼻孔, 左右根部明显重叠。趾间蹠发达, 趾蹠公式为: I 0-1-II 0-2 III 0-2 IV 2-0 V, 趾端略膨大扁平 (图 1)。

表 1 桑植蛙标本形态量度比较

Table 1 Morphological comparison of *Rana sangzhiensis* specimens

形态特征 Morphological trait (mm)	本研究 This study		桑植蛙 <i>Rana sangzhiensis</i> Shen 1986	
	GXNU090506, ♀	GXNU102338, ♂	5♀	13♂
头体长 Snout-vent length, SVL	39.4	44.9	50.4 - 53.4	43.3 - 50.3
头长 Head length, HL	17.3	19.1	16.9 - 18.6	14.8 - 16.8
头宽 Head width, HW	12.9	15.0	16.0 - 17.7	14.6 - 16.3
吻长 Snout length, SL	5.7	6.1	7.0 - 7.9	6.3 - 7.3
鼻间距 Internasal space, NS	3.4	4.1	4.3 - 5.0	4.1 - 5.0
眼间距 Interorbital space, IOS	3.4	3.4	3.8 - 4.7	3.2 - 4.0
上眼睑宽 Upper eyelid width, UEW	1.8	3.4	3.3 - 4.0	3.3 - 4.0
眼径 Eye diameter, ED	5.1	5.5	5.3 - 6.0	4.8 - 5.9
鼓膜径 Tympanum diameter, TD	4.1	4.1	4.1 - 4.4	3.8 - 4.6
前臂及手长 Lower arm and hand length, LAHL	18.6	20.3	22.3 - 24.7	20.9 - 23.8
前臂宽 Lower arm diameter, LAD	5.2	6.6	4.4 - 5.2	5.3 - 6.7
手长 Hand length, HAL	9.9	11.0	3.3 - 14.3	12.0 - 14.0

续表 1

形态特征 Morphological trait (mm)	本研究 This study		桑植蛙 <i>Rana sangzhiensis</i> Shen 1986	
	GXNU090506, ♀	GXNU102338, ♂	5♀	13♂
后肢长 Hindlimb length, HLL	85.6	91.8	92.0 - 102.7	85.0 - 95.4
胫长 Tibia length, TL	27.1	30.5	32.8 - 35.2	28.1 - 33.4
胫宽 Tibia width, TW	3.0	6.1	6.0 - 6.9	5.8 - 7.2
跗足长 Length of foot and tarsus, LFT	36.0	38.1	41.9 - 45.3	37.2 - 41.4
足长 Foot length, FL	22.7	25.5	28.8 - 31.3	26.3 - 29.2
背侧褶宽 Dorsal fold width, DFW	0.4	0.6	0.5 - 0.7	0.5 - 0.8
背侧褶间距 Dorsal fold space, DFS	7.7	9.9	11.0 - 11.4	8.0 - 11.0
内趾突长 Inmetatarsal tubercle length, IMTL	1.5	1.9	1.9 - 2.8	1.9 - 2.4

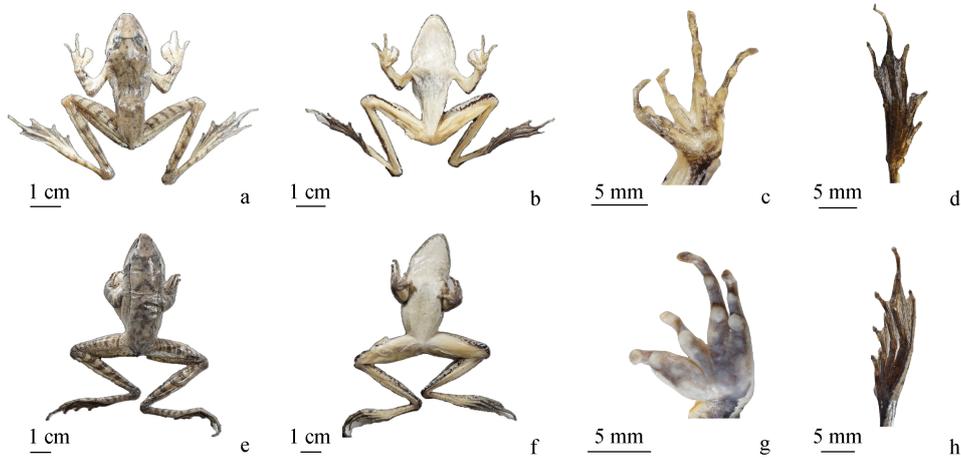


图 1 广西柳州市融水苗族自治县 2 号标本

Fig. 1 Two specimens from Rongshui Miao Autonomous County of Liuzhou, Guangxi

a~d. 标本 GXNU090506, 亚成体雌性: a. 背面; b. 腹面; c. 手; d. 足; e~h. 标本 GXNU102338, 成体雄性: e. 背面; f. 腹面; g. 手; h. 足。

a - d. Specimen GXNU090506, subadult female: a. Dorsal view; b. Ventral view; c. Hand; d. Foot; e - h. Specimen GXNU102338, adult male: e. Dorsal view; f. Ventral view; g. Hand; h. Foot.

皮肤较光滑，背侧有大小不一的疣粒。两眼间有一条横疣突；背前中部有倒“V”形细肤褶。两边背外侧有褶，从眼睛后缘延伸到胯部，背侧褶附近散布明显的颗粒状疣粒。股后有灰褐色横纹 7 条，后肢自然折叠时各部横纹贯通成一直线（图 2）。

生活时腹面淡黄色，背面颜色雄蛙的较淡，为浅棕色；雌蛙的较深，为棕褐色。液浸标本背面棕褐色，腹面灰白色，黑色斑纹明显可见。雄蛙有 1 对咽侧下内声囊，第一指婚垫明显。



图 2 亚成体 GXNU090506 (a, 亚成体雌性) 和成体 GXNU102338 (b, 雄性) 生活时照片

Fig. 2 Photographs of specimens GXNU090506 (a, subadult female) and GXNU102338 (b, adult male) while living

比较广西柳州融水县 2 号蛙属标本 (GXNU090506 和 GXNU102338) 和 Shen (1986) 记录的桑植蛙形态特征, 发现融水苗族自治县的 2 号蛙属标本在形态结构和体色上与桑植蛙相似: 背侧褶较细; 颞部有深色三角形斑; 鼓膜清晰; 雄蛙有 1 对咽侧下内声囊; 后肢前伸胫跗关节达鼻孔; 股后横纹 7 条。因

此, 2 号标本在形态上初步鉴定为桑植蛙。

2.2 分子系统发育分析

比对后的 16S rRNA 基因片段长 539 bp。基于 16S rRNA 构建蛙属部分物种序列的贝叶斯推断分析和最大似然系统发育树拓扑结构一致 (图 3), 融水县采集到的 2 号标本与来自四川洪雅和桑植蛙模式产地湖南省桑植县的标本

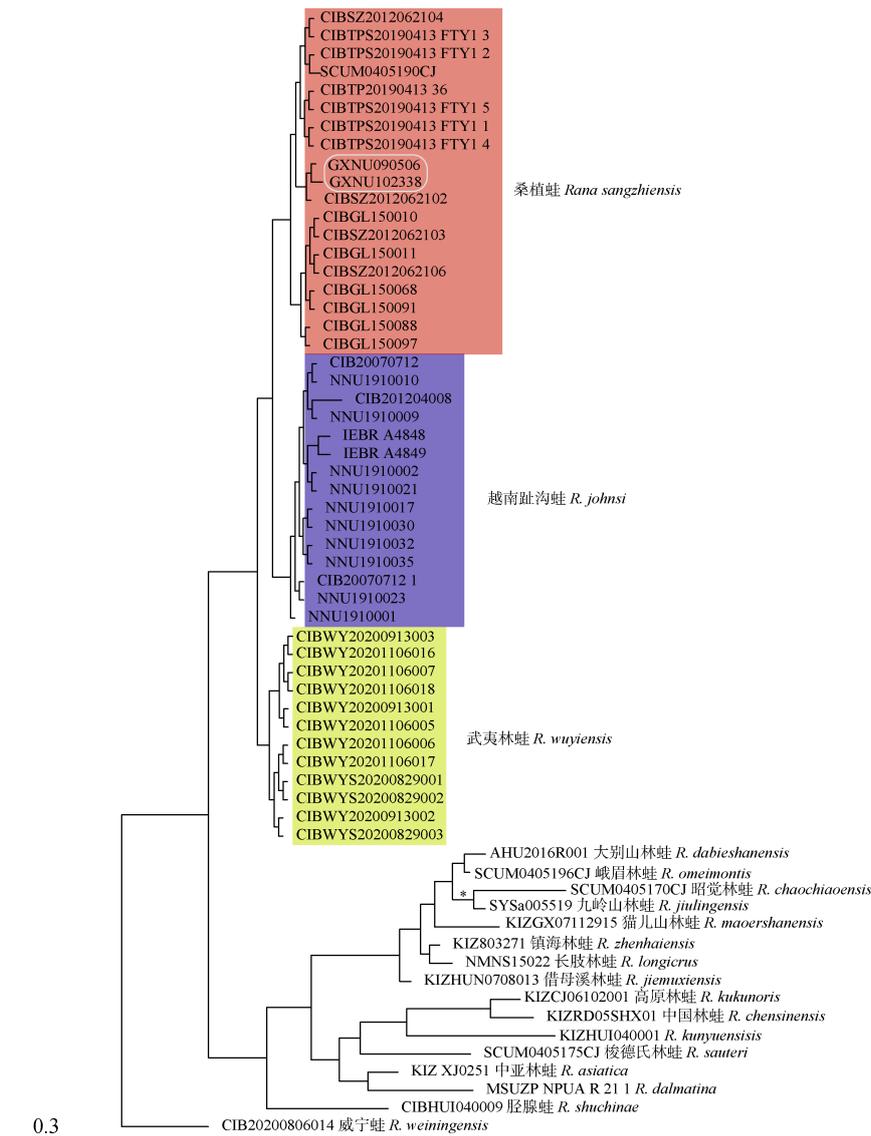


图 3 基于 16S rRNA 基因序列构建的蛙属贝叶斯推断系统发育树

Fig. 3 Bayesian inference phylogenetic tree constructed based on 16S rRNA sequences of the genus *Rana*

节点支持值贝叶斯后验概率大于 0.80 和最大似然聚类支持大于 80 的用 “*” 表示在分支上方; 标尺表示贝叶斯推断树支长; 白色方框内的序列为本研究采集的标本序列。

Node support values are shown above branches as Bayesian posterior probability (BPP) and maximum likelihood bootstrap support (BS), with “*” representing Bayesian posterior probability higher than 0.80 or bootstrap support higher than 80. The scale bar is the branch length of Bayesian inference tree. The sequences in the white grid represent the sequences of the specimens collected in this study.

聚为一支, bPTP 方法也将融水县 2 号标本与桑植蛙划分为同一物种 (图 4)。

遗传距离显示, 柳州市融水县 2 号标本与桑植蛙的遗传距离为 0.2%, 小于同属其他物种的遗传距离 (0.8%~8.4%) 且与外群间的遗传距离为 11.6% (表 2)。

分子系统发育分析和遗传距离结果均支持采集于广西柳州融水县的 2 号标本为桑植蛙。系广西壮族自治区两栖动物分布新记录种。

3 讨论

桑植蛙的属级变动主要经历了两次, 第一次是 1990 年从蛙属 (*Rana*) 独立到新建立的趾沟蛙属 (*Pseudorana*) (费梁等 1990), 后续 Dubois (1992)、江建平等 (1997) 及费梁等 (2012) 基于形态特征的同型性均支持将桑植蛙归于趾沟蛙属。第二次是基于分子系统学研究 (Tanaka-Ueno et al. 1998, Frost et al. 2006,

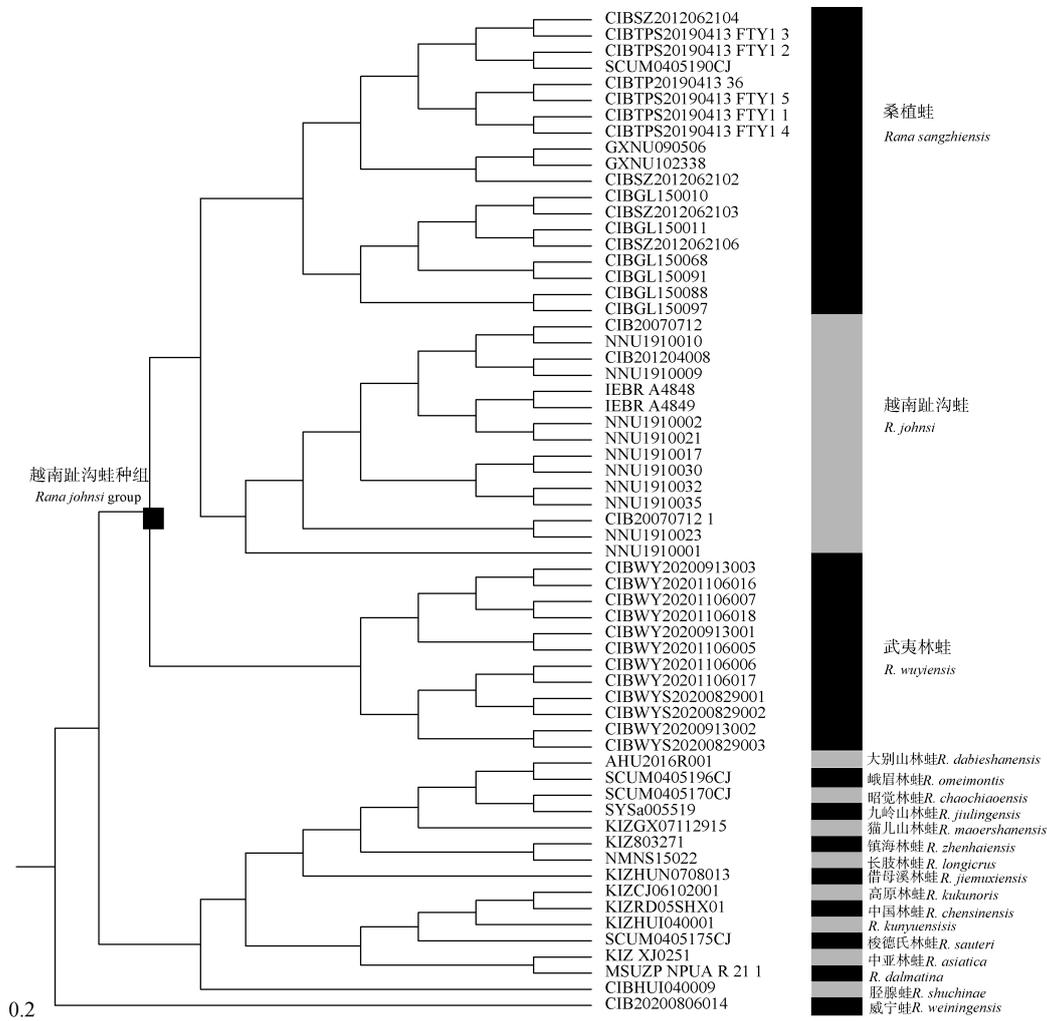


图 4 基于 16S 核糖体 RNA 基因片段的贝叶斯泊松树过程物种界定分析

Fig. 4 Species delimitation from the Bayesian Poisson tree processes analysis of 16S ribosomal RNA (16S rRNA) gene

黑色和灰色竖条区分不同物种。Black and gray vertical bars indicate different species.

表 2 本研究中使用蛙属物种的 16S rRNA 序列的未校正遗传距离 (%)
 Table 2 Uncorrected *p*-distances of *Rana* species used in this study based on 16S rRNA sequences

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1 桑植蛙 (本研究) <i>Rana sangzhiensis</i> (This study)																				
2 桑植蛙 <i>R. sangzhiensis</i> + <i>R. zhengi</i>	0.2																			
3 越南趾沟蛙 <i>R. johnsi</i>	0.8	0.8																		
4 武夷林蛙 <i>R. wuyiensis</i>	0.9	0.8	0.8																	
5 中亚林蛙 <i>R. asiatica</i>	4.8	4.8	4.7	4.3																
6 昭觉林蛙 <i>R. chaochiaensis</i>	6.9	6.3	5.8	5.9	5.3															
7 中国林蛙 <i>R. chensinensis</i>	6.9	6.5	6.1	6.0	5.6	7.2														
8 大别山林蛙 <i>R. dabieshanensis</i>	5.8	5.9	5.8	5.8	4.6	3.4	8.3													
9 <i>R. dalmatina</i>	6.2	5.7	6.2	5.8	3.4	6.3	7.0	6.0												
10 猫儿山林蛙 <i>R. maoershanensis</i>	6.2	6.1	6.0	6.0	6.2	3.6	8.0	2.4	6.0											
11 借母溪林蛙 <i>R. jiemuxiensis</i>	5.2	4.8	4.7	4.7	3.8	3.8	7.6	1.8	5.1	2.6										
12 九岭山林蛙 <i>R. jiulingensis</i>	5.6	5.1	5.0	5.0	4.6	2.7	7.2	1.2	5.9	2.4	1.7									
13 高原林蛙 <i>R. kukunoris</i>	5.6	5.2	5.0	4.7	5.5	7.4	1.9	8.3	6.3	8.0	7.1	6.7								
14 <i>R. kunyuensis</i>	6.8	6.5	6.3	6.4	6.3	8.4	6.4	7.5	6.7	8.0	6.9	7.5	6.1							
15 长股林蛙 <i>R. longicrus</i>	5.8	5.2	5.5	5.5	4.6	3.6	7.2	2.0	5.2	2.6	1.3	1.9	7.1	6.9						
16 峨眉林蛙 <i>R. omeimontis</i>	5.8	5.4	5.2	5.3	4.4	3.2	7.4	0.6	6.1	2.2	1.1	0.9	7.2	7.5	1.3					
17 梭德式林蛙 <i>R. sauteri</i>	6.0	5.8	5.9	5.5	4.4	6.7	6.4	7.3	5.3	6.8	5.7	6.7	5.9	7.3	6.0	6.5				
18 胄腺蛙 <i>R. shuchinae</i>	5.5	5.0	5.1	4.9	5.5	6.5	8.2	7.3	5.5	6.6	5.3	6.8	7.6	7.6	5.8	6.3	6.5			
19 镇海林蛙 <i>R. zhenhaiensis</i>	5.6	5.2	5.0	4.7	4.2	3.2	7.2	1.6	5.5	2.2	0.9	1.5	7.0	7.3	0.8	0.9	6.1	5.7		
20 威宁蛙 <i>R. weiningensis</i>	11.6	10.6	11.1	10.8	11.8	12.0	13.8	11.9	11.0	12.7	11.5	10.8	11.7	11.3	11.4	11.4	11.5	11.0	11.6	

Che et al. 2007, Yuan et al. 2016), 否定了趾沟蛙属的成立, 王丽 (2009) 采用核型似近系数聚类分析和骨骼聚类分析, 结果支持将桑植蛙归入蛙属。这一变动历程反映了传统形态分类学与现代系统发育学的整合难题, 凸显了桑植蛙在蛙科演化研究中的关键地位。

在地理分布上, 此次发现桑植蛙的区域位于广西壮族自治区北部, 与桑植蛙此前记录分布区域湖南桑植和广东连县大东山自然保护区在地理距离上接近, 在动物地理上均属于中亚热带湿润地区 (张荣祖 1999)。

桑植蛙在广西的发现不仅扩展了越南趾沟蛙种组的分布范围, 同时也印证了广西的生物多样性本底资源仍未探明, 需待后续进一步调查和研究。

参 考 文 献

- Che J, Pang J F, Zhao H, et al. 2007. Phylogeny of Raninae (Anura: Ranidae) inferred from mitochondrial and nuclear sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(1): 1–13.
- Dubois A. 1992. Notes sur la classification des Ranidae (Amphibiens, Anoures). *Bulletin Mensuel de la Société Linnéenne de Lyon*, 61(10): 305–352.
- Frost D, Grant T, Faivovich J, et al. 2006. The amphibian tree of life. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 297: 1–370.
- Kumar S, Stecher G, Li M, et al. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6): 1547–1549.
- Liu B Q, Wang Y F, Huang J K, et al. 2024. Description of a new species of *Rana* (Anura: Ranidae) from Zhejiang, China based on morphological and molecular data. *Asian Herpetological Research*, 15(4): 232–240.
- Shen Y H. 1986. A new ranid species (*Rana sangzhiensis*) from Hunan. *Acta Herpetologica Sinica. New Series*. Chengdu 5 (4): 290–294.
- Tanaka-Ueno T, Matsui M, Chen S L, et al. 1998. Phylogenetic relationships of brown frogs from Taiwan, China and Japan assessed by mitochondrial Cytochrome *b* gene sequences (*Rana*: Ranidae). *Zoological Science*, 15(2): 283–288.
- Wan H, Lyu Z T, Qi S, et al. 2020. A new species of the *Rana japonica* group (Anura, Ranidae, *Rana*) from China, with a taxonomic proposal for the *R. johnsi* group. *ZooKeys*, 942: 141–158.
- Wang C C, Qian L F, Zhang C L, et al. 2017. A new species of *Rana* from the Dabie Mountains in eastern China (Anura, Ranidae). *ZooKeys*, (724): 135–153.
- Yan F, Jiang K, Chen H M, et al. 2011. Matrilineal history of the *Rana longicrus* species group (*Rana*, Ranidae, Anura) and the description of a new species from Hunan, Southern China. *Asian Herpetological Research*, 2(2): 61–71.
- Yang B T, Zhou Y, Min M S, et al. 2017. Diversity and phylogeography of Northeast Asian brown frogs allied to *Rana dybowskii* (Anura, Ranidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 112: 148–157.
- Yuan Z Y, Zhou W W, Chen X, et al. 2016. Spatiotemporal diversification of the true frogs (genus *Rana*): a historical framework for a widely studied group of model organisms. *Systematic Biology*, 65(5): 824–842.
- Zhang D, Gao F L, Jakovlić I, et al. 2020. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies. *Molecular Ecology Resources*, 20(1): 348–355.
- Zhang J J, Kapli P, Pavlidis P, et al. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22): 2869–2876.
- Zhao H P, Yang J X, Wang C P, et al. 2017. A new species of the genus *Rana* from Henan, Central China (Anura, Ranidae). *ZooKeys*, (694): 95–108.
- Zhou Y, Wang S R, Zhu H D, et al. 2017. Phylogeny and biogeography of South Chinese brown frogs (Ranidae, Anura). *PLoS One*, 12(4): e0175113.
- 费梁, 叶昌媛, 黄永昭. 1990. 中国两栖动物检索. 重庆: 科学技术文献出版社重庆分社.
- 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.
- 费梁, 胡淑琴, 叶昌媛, 等. 2009. 中国动物志: 两栖纲. 北京: 科学出版社.
- 江建平, 费梁, 叶昌媛, 等. 1997. 趾沟蛙属 *Pseudorana* 的种间分类研究及与相近属的关系, 兼记四川省一新纪录. *两栖爬行动物学研究*, (6/7): 67–74.
- 黎振昌, 谭小霞, 莫秀红. 1995. 广东省蛙科二新纪录. *华南师范大学学报: 自然科学版*, 27(1): 87–89.
- 王丽. 2009. 两种趾沟蛙分类地位的细胞遗传学和形态学分析. 沈阳: 沈阳师范大学硕士学位论文.
- 张荣祖. 1999. 中国动物地理. 北京: 科学出版社.
- 赵尔宓. 1999. 中国一新种蛙及一新种蛇的鉴别特征. *四川动物*, 18(3): 96.
- 中国两栖类. 2024. “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]. [2025-01-04]. <http://www.amphibiachina.org/>.