



长吻臭蛙的形态及生境描述

饶静秋 魏平凡 杨云 蓝俊麟 刘小龙 袁智勇

Morphology and Ecological Habitat of *Odorrana nasica*

Rao Jingqiu, Wei Pingfan, Yang Yun, Lan Junlin, Liu Xiaolong, Yuan Zhiyong

引用本文:

饶静秋, 魏平凡, 杨云, 蓝俊麟, 刘小龙, 袁智勇. 长吻臭蛙的形态及生境描述[J]. 西南林业大学学报, 2022, 42(3):165–170. doi: 10.11929/j.swfu.202104001

Rao Jingqiu, Wei Pingfan, Yang Yun, Lan Junlin, Liu Xiaolong, Yuan Zhiyong. Morphology and Ecological Habitat of *Odorrana nasica* [J]. *Journal of Southwest Forestry University(Natural Science)*, 2022, 42(3):165–170. doi: 10.11929/j.swfu.202104001

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11929/j.swfu.202104001>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

美国山核桃果实特征及粗纤维含量差异研究

Differences of Morphology and Crude Fiber Content of *Carya illinoensis*

西南林业大学学报. 2018, 38(5): 103–109 <https://doi.org/10.11929/j.issn.2095-1914.2018.05.017>

管纹艳虎天牛形态特征与触角及跗节的超微结构

Morphological Characteristics of *Rhaphuma horsfieldi* and Ultrastructure of Its Antennae and Tarsi

西南林业大学学报. 2019, 39(3): 132–140 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201903104>

不同经营措施对鄂南毛竹笋用低产林形态特征及产量的影响

Influences of Different Management Measures on Morphological Characteristics and Yield of Low Yielding *Phyllostachys edulis* Forest of Bamboo Shoots in Southern Hubei Province

西南林业大学学报. 2019, 39(2): 86–91 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201811008>

5种楠属植物叶形态与高光谱特征比较

Comparison of Leaf Morphology and Hyperspectral Characteristics of 5 Species *Phoebe*

西南林业大学学报. 2017, 37(6): 113–118 <https://doi.org/10.11929/j.issn.2095-1914.2017.06.018>

5种楠属植物的叶片形态特征及其金属元素含量的比较

Leaf Morphological Characteristics and Metal Element Contents of 5 Species of *Phoebe*

西南林业大学学报. 2018, 38(5): 71–75 <https://doi.org/10.11929/j.issn.2095-1914.2018.05.012>

无量山中段泽陆蛙和饰纹姬蛙食性分析

An Analysis on Feeding Habits of *Fejervarya Multistriata* and *Microhyla Fissipes* in the Middle Segment of Wuliang Mountain

西南林业大学学报. 2020, 40(1): 98–103 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201812043>

DOI: 10.11929/j.swfu.202104001

引文格式: 饶静秋, 魏平凡, 杨云, 等. 长吻臭蛙的形态及生境描述 [J]. 西南林业大学学报 (自然科学), 2022, 42(3): 165–170.

长吻臭蛙的形态及生境描述

饶静秋¹ 魏平凡¹ 杨云² 蓝俊麟³ 刘小龙¹ 袁智勇¹

(1. 西南林业大学云南省高校极小种群野生动物保育重点实验室, 云南昆明 650233; 2. 文山市国家级自然保护区管护分局, 云南文山 663099; 3. 云南文山国家级自然保护区管护局, 云南文山 663099)

摘要: 在 2018 年 7 月、2021 年 2 月, 分别在云南省文山州马关县都龙镇四台坡和西畴县法斗乡文山国家级自然保护区小桥沟片区 (附近采集到臭蛙属成体标本 3 号, 包括雌性标本 2 号、雄性标本 1 号。其中, 雌性体长为 75.7、71.3 mm, 雄性体长为 49.3 mm。该种群吻部极突出, 颊部深凹。雄性成蛙体背荐椎之后密布圆锥状刺, 雌性成蛙无此皮肤刺。生活时背面为灰橄榄绿色及棕色相间, 部分个体具有深色斑; 四肢具很多规则黑色横条纹, 腹面黄白色, 具不太明显的棕色点; 雌雄个体均为全蹼。与越南谅山省的长吻臭蛙模式标本形态鉴定特征基本一致, 与已有长吻臭蛙序列聚为一支, 且遗传分化较小, 为 1.1%。因此, 形态和分子的结果均证实中国有该物种的分布。

关键词: 臭蛙属; 两栖动物; 形态特征; 生境特征

中图分类号: S718.62

文献标志码: A

文章编号: 2095-1914(2022)03-0165-06

Morphology and Ecological Habitat of *Odorrana nasica*

Rao Jingqiu¹, Wei Pingfan¹, Yang Yun², Lan Junlin³, Liu Xiaolong¹, Yuan Zhiyong¹

(1. Key Laboratory for Conserving Wildlife with Small Populations in Yunnan, Southwest Forestry University, Kunming Yunnan 650233, China;
2. Management and Protection Branch of Wenshan National Nature Reserve, Wenshan Yunnan 663099, China;
3. Management and Protection Bureau of Wenshan National Nature Reserve, Wenshan Yunnan 663099, China)

Abstract: In July 2018 and February 2021, an adult male and 2 adult females *Odorrana nasica* were collected from Xiaoqiaogou, Wenshan national nature reserve and Dulong Town, Maguan County, Wenshan Prefecture, Yunnan Province, China. Morphological measurements were taken for these three specimens. Snout-vent length of females rang 71.3 mm to 75.7 mm, and the male is 49.3 mm. They have olive green and brown dorsum, among which several individuals have brown spots when in living. Conical spines present on the dorsal sacral vertebrae of male, while it's absent in females snout prominent; eanthus rostralis sharp and loreal region deeply concave. Dark bars are present on the dorsal surface of the limbs; while the ventral of limes are uniform yellow or white. All major morphometric characters of these specimens were found to match with the type specimen of *O. nasica*. These specimens clustered with *O. nasica* from Ha Tinh Province, Vietnam, with uncorrected pairwise distances of 1.1%. Therefore, both morphological and molecular analyses confirmed *O. nasica* should be a member of amphibian fauna in China.

收稿日期: 2021-04-01; 修回日期: 2021-06-11

基金项目: 云南省基础研究计划 (专项) 优秀青年项目 (202001AW070016) 资助; 云南省中青年学术和技术带头人后备人才项目 (202005AC160046) 资助; 中国科协青年人才托举工程 (2019—2021QNRC001) 资助; 生态环境部生物多样性调查、观测和评估项目 (2019—2023 年) 资助; 第 2 次青藏高原综合科学考察研究 (2019QZKK0501) 资助。

第 1 作者: 饶静秋 (1996—), 女, 硕士研究生。研究方向: 生物多样性保护。Email: 937473510@qq.com。

通信作者: 袁智勇 (1988—), 男, 博士, 副教授, 硕士生导师。研究方向: 生物多样性保护。Email: yuanzhiyongkiz@126.com。

Key words: *Odorrana*; amphibians; morphological character; habitat characteristic

长吻臭蛙 (*Odorrana nasica*) 隶属于两栖纲 (Amphibia) 无尾目 (Anura) 蛙科 (Ranidae) 臭蛙属, 模式产地为越南谅山省母山 (海拔范围 915~1220 m)^[1]。根据 Frost 等的研究表明, 在越南河静省 (105°14'38" E, 18°20'53" N, 海拔范围 900~1200 m) 也有该蛙分布^[2]。长吻臭蛙是一种小型臭蛙, 体背荐椎之后皮肤粗糙, 腹面皮肤光滑, 吻部极突出, 颊部深凹。活体背面为棕色或具灰橄榄绿色相间, 具一条窄的腺状背侧褶, 部分个体具有深色斑; 腹面黄白色, 具不太明显的棕色点; 吻端及大腿后皮肤为黄色及橄榄绿相间的不规则斑纹。

目前, 该物种在国外分布于泰国西北部 and 越南北部^[3]。尽管该种被认为在中国也有分布^[3], 但目前尚未有相关文献证实。该物种在国内的具体分布地点、形态特征以及相应的生境均不清楚。本研究在 2018 年 7 月和 2021 年 2 月, 分别在云南省文山壮族苗族自治州马关县及西畴县采集到 3 只臭蛙属标本, 根据上述主要鉴别特征对比及分子生物学鉴定, 确定采集物种为长吻臭蛙。通过对新采集的 3 号长吻臭蛙标本进行了相应的形态特征测量及描述, 并对 2 个采集地的生境进行了描述, 证实该物种在国内的分布记录, 并补充了具体分布情况及相应的生境介绍。

1 材料与方 法

1.1 样本采集

2018 年 7 月和 2021 年 2 月, 分别在云南省文山州马关县都龙镇四台坡 (104°33'47" E, 22°55'12" N, 海拔 1417 m) 附近采集到雌性臭蛙标本 2 号 (标本号 SWFU 0048, SWFU 0049); 在西畴县法斗乡文山国家级自然保护区小桥沟片区 (104°45'45" E, 23°21'36" N, 海拔 1518 m) 采集到雄性标本 1 号 (SWFU 006976), 并收集脚趾样品 3 号 (组织号 Yuan 10161、Yuan 10162、Yuan 10185)。所采集的标本取出肌肉及脚趾样品均储存在 95% 乙醇中以用于后续分子实验。整体标本固定保存于 75% 乙醇中, 并保存于西南林业大学。

1.2 形态学测量

依据文献 [4-5] 的测量方法, 用数显卡尺对 2 个成年雌性及一只雄性标本进行形态学测量,

精确到 0.1 mm。测量指标: 体长 (SVL), 自吻端至体后端的长度; 头长 (HL), 自吻端至上、下颌关节后缘的长度; 头宽 (HW), 最大头部宽度; 吻长 (SL), 自鼻间到眼孔前角的长度; 鼻间距 (INS), 左右鼻孔内缘之间的距离; 眼间距 (IOS), 左、右上眼睑内侧缘之间的最窄距离; 眼径 (ED), 与体轴平行的眼球外露部分的直径; 上眼睑宽 (UEW), 上眼睑最大宽度; 鼓膜径 (TD), 鼓膜的水平直径, 测量到鼓膜边缘的外缘; 鼓膜到眼睛距离 (TEY), 自眼孔的后缘至鼓膜边缘的前缘; 手长 (HND), 自手掌结节基部至 III 指指尖; 股骨长度 (FEM); 胫骨长度 (TIB); 跗足长 (LFT), 从胫骨跗骨关节到 IV 趾趾尖; 足长 (FL), 从跖骨内结节基部至 IV 趾趾尖; 第 III 指指吸盘的水平直径 (F3DSC)。

1.3 分子系统发育分析

本研究采集了 2 号标本的肌肉组织 (标本号 SWFU 571、SWFU 572) 及 3 号脚趾样品 (Yuan 10161、Yuan 10162、Yuan 10185), 采用 ThermoFisher Scientific 公司所提供的 DNA 提取试剂盒的提取方案来提取该物种 DNA, 然后 -20 °C 保存备用。使用引物 16SAR (5'-CGC CTG TTT ACC AAA AAC AT-3') 和 16SBR (5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG T-3'), 对其 16S rRNA 基因进行扩增^[6]。聚合酶链式反应 (PCR) 程序为 95 °C 预热 10 min, 95 °C 变性 45 s, 55 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 30 s, 进行 35 个循环, 最后 72 °C 延伸 7 min; PCR 扩增产物最后送至上海生工生物工程有限公司测序。测序后得到的结果使用 DNASTAR Lasergene.v7.1 软件包中的 Seqman 程序进行比对^[7]。将已比对 16S rRNA 序列数据上传至 GenBank 数据库 (GenBank 号: OK464876-OK464880)

基于已比对的 16S 序列数据, 本研究采集的臭蛙标本属于 Liu^[5] 和 Chen 等^[8] 揭示的臭蛙属 7 个进化支 (A-G) 中 F 支系内的物种。因此, 从 GenBank 下载臭蛙属该支系的全部 7 个物种, 共 7 条序列, 并采用 F 支系的最近姐妹支系中的大绿臭蛙 (*Odorrana graminea*, Boulenger 1899) 的

序列作为外群^[8]。本研究同时使用了贝叶斯法（BI）和最大似然法（ML）进行系统发育分析，构建系统发育树。运用 JModelTest 2 选择最合适的模型构建 ML 树和 BI 树^[9-10]，为 GTR+G。使用 RAxML 8.2.4 版本运行最大似然估计（ML）^[11]，在 ML 分析下使用非参数自助重取样重复 1000 次来评估自引支持度，采用 MrBayes 3.2 进行贝叶斯系统发育分析^[12]。使用 4 条马尔科夫链运行 2 000 万代，每 1000 代进行 1 次抽样，基于收敛的情况，前 25 % 代数舍弃掉。使用 Tracer v 1.5^[13] 来检测有效样本量（ESS > 200）以检查各运行参数值是否收敛，应用 MEGA X 计算种内及种间遗传距离（p-distance）^[14]。

2 结果与分析

2.1 形态描述

本次采集的 2 只雌性长吻臭蛙成体体长分别为 75.7 mm 及 71.3 mm，雄性长吻臭蛙成体长为 49.3 mm，其余各部位量度数据见表 1。头部宽度小于头部长度；吻部较扁平，吻端在背视图中稍钝圆，突出于下颌外；鼻部深凹，鼻孔背外侧到眼睛及吻端距离相等；吻棱明显；鼻间距大于眼间距；吻长大于眼径；鼓膜非常清晰，鼓膜边缘

相对于鼓膜稍高；鼓膜径明显小于眼径；眼间距略小于上眼睑宽；松果体可见；犁骨齿略呈倾斜，位于内鼻孔之间；内鼻孔呈椭圆形，接近犁骨齿；舌后端缺刻深，呈“U 形”（图 1~3）。

表 1 云南马关县及西畴县长吻臭蛙雌性及雄性成体量度
Table 1 Measurements of the adult specimens of *O. nasica*

项目	SWFU 0048♀		SWFU 0049♀		SWFU 006976♂	
	数值/ mm	比例/ %	数值/ mm	比例/ %	数值/ mm	比例/ %
体长	75.7	—	71.3	—	49.3	—
头长	26.4	34.9	23.9	33.5	17.8	36.1
头宽	25.1	33.2	23.9	33.5	14.5	29.4
吻长	11.6	15.3	11.2	15.6	9.0	18.4
鼻间距	8.2	10.8	7.2	10.1	5.3	10.8
眼间距	5.5	7.3	5.9	8.3	4.3	8.7
眼径	10.7	14.1	9.7	13.6	5.9	11.9
上眼睑宽	6.1	8.0	5.9	8.3	4.6	9.3
鼓膜径	4.0	5.3	3.6	5.1	3.5	7.1
鼓膜到眼的距离	2.8	3.8	2.8	3.9	1.3	2.7
手长	20.8	27.4	18.5	26.0	13.7	27.9
股长	44.8	59.2	43.0	60.2	26.3	53.4
胫长	51.2	67.7	49.8	69.8	31.5	64.0
跗足长	67.2	88.7	66.4	93.0	40.1	81.4
足长	44.2	58.3	42.3	59.3	27.9	56.7
第三指吸盘宽	2.6	3.4	2.2	3.0	2.1	4.3

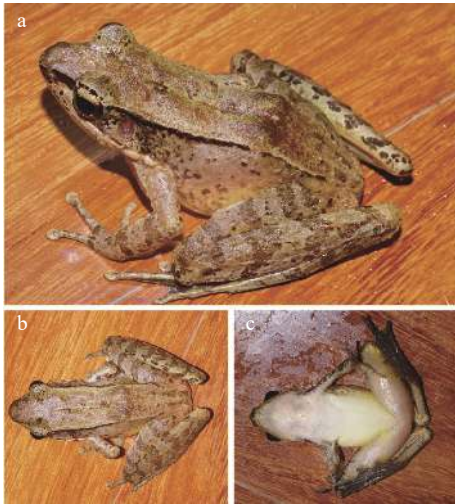
注：比例指各形态测量值与体长的比例。



a. 背面；b. 背侧面；c. 背面；d. 腹面。

图 1 长吻臭蛙（云南省西畴县法斗乡，雄性）

Fig. 1 *O. nasica* (Fadou Town of Xichou County, Yunnan Province, male)



a. 背侧面; b. 背面; c. 腹面。

图2 长吻臭蛙(云南省马关县都龙镇, SWFU 0048, 雌性)

Fig. 2 *O. nasica* (Dulong Town of Maguan County, Yunnan Province, SWFU 0048, female)

雄性成蛙体背荐椎之后包括背侧褶之下的体侧面密布圆锥状刺(图1), 雌性成蛙该区域布稀疏疣粒(图2)。活体背面为棕色或具灰橄榄

绿色相间, 部分个体具有深色斑, 具一条窄的腺状背侧褶。吻棱及腺状侧褶外边缘呈黑色; 鼻孔下方至上唇白色, 鼓膜微红; 四肢具数条规则黑色横条纹; 腹面黄白色, 具不太明显的棕色点; 吻端及大腿后皮肤为黄色及橄榄绿相间的不规则斑纹(图2~3)。标本浸泡后背部呈棕红色, 体侧颜色略深于体背呈棕黑色, 腹面呈白色。

指长序为 $I \approx II < IV < III$; 在活体状态下, 除指 I 之外, 其余所有的指端都展开, 所有指端都有指侧边缘沟; 指间无蹼, 指末端膨大成吸盘, 关节下瘤突出, 无指基下瘤, 内掌突呈卵圆形, 外掌突不明显, 略小于内掌突。后肢长, 前伸贴体时胫跗关节超过吻端, 左右根部不相遇, 跗足长大于胫长大于股长; 趾长序为 $I < II < III < V < IV$, 所有趾端均膨大成横椭圆形的圆盘且具边缘沟, 趾间全蹼, 蹼均达趾端; 关节下瘤突出呈纵向卵球形; 内蹼突呈卵圆形, 外蹼突比内蹼突小, 呈椭圆形(图3)。



a. 手背面; b. 手腹面; c. 足背面; d. 足腹面。

图3 长吻臭蛙手部及足部形态(云南省马关县都龙镇, SWFU 0048, 雌性)

Fig. 3 Hands and feet of *O. nasica* (Dulong Town of Maguan County, Yunnan Province, SWFU 0048, female)

长吻臭蛙雌雄差异较大, 雄性体型小于雌性, 且体长约为雌性体长的 70%; 雄性腺体缺失, 具有一对咽侧下外声囊; 雄性成体第一指基部粗大, 婚垫发达; 体背荐椎之后包括背侧褶之

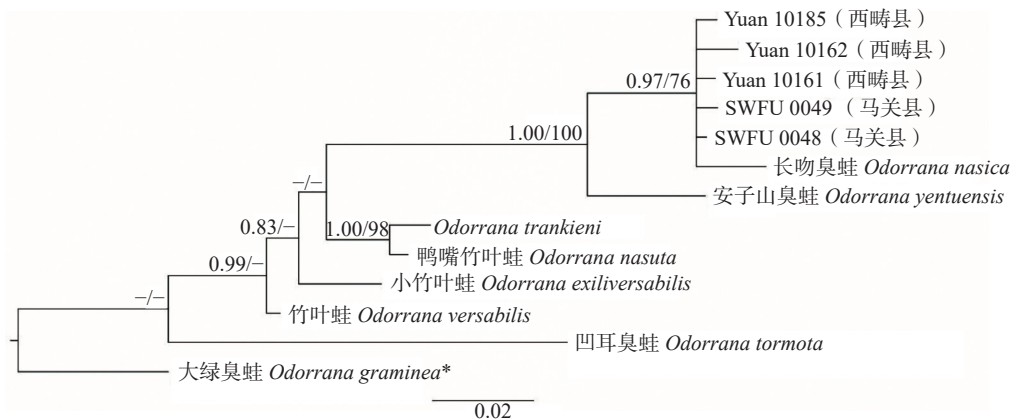
下的体侧面密布圆锥状刺。

2.2 生境描述

本研究中所采集的长吻臭蛙样本序列与已有长吻臭蛙序列^[4]聚在同一支系, 与安子山臭蛙

(*Odorrana yentuensis*) 形成姐妹群关系。种内遗传距离 (p-distance) 为 1.1%，与姐妹种间遗传距

离为 2.8%，系统发育分析的结果显示采集于马关县和西畴县的臭蛙标本为长吻臭蛙 (图 4)。



“/”前后的数字分别表示贝叶斯后验概率和自展值支持率，贝叶斯后验概率低于 0.95 及自展值支持率低于 70% 用符号“-”表示；*表示外群。

图 4 基于线粒体 16s rRNA 构建臭蛙属 F 支系的贝叶斯树

Fig. 4 Bayesian inference tree of *Odorrana* derived from 16s rRNA sequences

3 结论与讨论

本研究在云南文山州采集到的长吻臭蛙标本与该蛙模式产地越南凉山省母山 (Mau Son Mountains, Lang Son province, Vietnam) 的标本在外部形态描述上基本一致。马关县采集到的长吻臭蛙标本均为雌性，与西畴县采集到的雄性标本相比雌性体长明显大于雄性 (马关县长吻臭蛙雌性体长: 71.32~75.7 mm; 西畴县长吻臭蛙雌性体长: 49.3 mm)，雄性成蛙体长约为雌性的 70%。西畴县采集到的雄蛙与模式标本记录的 4 只雄性相比体长及形态特征描述均一致。系统发育分析的结果显示，采集于马关县和西畴县的臭蛙标本均为长吻臭蛙。基于以上结果，本研究证实了长吻臭蛙在中国云南省文山州的分布。

长吻臭蛙的繁殖季节推测应该在 2—4 月。研究人员于 2016—2018 年的 4、6、8 月在西畴县监测期间均没有见到该蛙的成体，也没有听到该蛙的叫声。仅于 2017 年 4 月初监测期间发现有雌性成体 (未采集)，而在 2021 年 2 月初考察期间见到大量雄性个体及少量雌性个体，叫声颇多，但未见到抱对个体或卵团，推测应该是在繁殖早期，后续更多的考察研究可丰富该物种的生物学资料。

致谢：本研究得到了以下项目支持：云南省基础研究计划 (专项) 优秀青年项目 (202001AW070016)，云南省中青年学术和技术带头人后备人

才项目 (202005AC160046)，中国科协青年人才托举工程 (2019—2021QNRC001)，生态环境部生物多样性调查、观测和评估项目 (2019—2023 年)，第二次青藏高原综合科学考察研究 (2019QZKK0501)。感谢西南林业大学吴东益、贺艳红和黄佳玥同学在分子实验及鉴定方面给予的帮助。

[参 考 文 献]

- [1] Boulenger G A. Descriptions of three new Batrachians from Tonkin [J]. Journal of Natural History, 1903, 12(67): 186–188.
- [2] Frost D R, Grant T, Faivovich, J, et al. The amphibian tree of life [J]. Bulletin of the American Museum of Natural History, 2006, 279: 1–291.
- [3] 中国科学院昆明动物研究所. 中国两栖类 [EB/OL]. [2021-03-20]. <http://www.amphibiachina.org/>.
- [4] 中国科学院中国动物志编辑委员会. 中国动物志: 两栖纲 (中卷) 无尾目 [M]. 北京: 科学出版社, 2009.
- [5] Liu X L, He Y H, Wang Y F, et al. A new frog species of the genus *Odorrana* (Anura: Ranidae) from Yunnan, China [J]. Zootaxa, 2021, 4908(2): 263–275.
- [6] Kocher T D, Thomas W K, Meyer A, et al. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1989, 86(16): 6196–6200.
- [7] Burland T G. DNASTAR's Lasergene sequence analysis

- is software [J]. *Methods in Molecular Biology* (Clifton, N J), 2000, 132: 71–91.
- [8] Chen X H, Chen Z, Jiang J P, et al. Molecular phylogeny and diversification of the genus *Odorrana* (Amphibia, Anura, Ranidae) inferred from two mitochondrial genes [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2013, 69(3): 1196–1202.
- [9] Guindon S, Gascuel O. A simple, fast, and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood [J]. *Systematic Biology*, 2003, 52(5): 696–704.
- [10] Darriba D, Taboada G L, Doallo R, et al. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing [J]. *Nature Methods*, 2012, 9(8): 772.
- [11] Stamatakis A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies [J]. *Bioinformatics* (Oxford, England), 2014, 30(9): 1312–1313.
- [12] Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space [J]. *Systematic Biology*, 2012, 61(3): 539–542.
- [13] Drummond A J, Rambaut A. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2007, 7: 214.
- [14] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(12): 2725–2729.

(责任编辑 张 坤)

