

浙江安徽交界处（淳安-黄山） 张树蛙属物种归属问题初探

洪飞 虞磊 韩杰 方杰*

安徽大学生命科学学院 合肥 230601

摘要: 安徽树蛙 (*Zhangixalus zhoukaiyae*) 与丽水树蛙 (*Z. lishuiensis*) 自发表以来一直存在分类争议。为进一步探讨这两个物种的分类问题,本研究在浙江省和安徽省交界处(浙江淳安-安徽黄山)开展了长期的野外监测,采集到张树蛙属标本 5 号,并将该 5 号标本与安徽树蛙及丽水树蛙模式产地标本进行形态学比较和系统发育分析。结果表明,上述 5 号标本形态差异小,与安徽树蛙及丽水树蛙模式标本进行比较后,未发现显著形态学差异。基于 16S rRNA 基因的系统发育分析表明,本研究样本与安徽树蛙和丽水树蛙模式标本序列聚成一单系支;本研究样本与安徽树蛙模式标本遗传距离 1.3%,与丽水树蛙模式标本遗传距离 0.8%。基于本研究的分析结果,进一步厘清了丽水树蛙和安徽树蛙的分类争议,丽水树蛙可能是安徽树蛙的同物异名,它们应为不同的地理种群,彼此之间尚未达到种间差异水平。

关键词: 浙江省; 安徽省; 安徽树蛙; 丽水树蛙

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2024) 02-225-08

Discussion on the Attribution of Species of the Genus *Zhangixalus* at the Junction of Zhejiang and Anhui, China

HONG Fei YU Lei HAN Jie FANG Jie*

School of Life Sciences, Anhui University, Hefei 230601, China

Abstract: [Objectives] The long-standing issue of classification controversy between *Zhangixalus zhoukaiyae* and *Z. lishuiensis* has existed since their first publication. To further explore and resolve this controversy, an extensive field monitoring study was conducted at the border of Zhejiang and Anhui Provinces, specifically (Huangshan, Anhui and Chun'an, Zhejiang). Five specimens of the *Zhangixalus* genus were collected. Morphological comparisons and phylogenetic analysis were performed on these five specimens alongside specimens of *Z. zhoukaiyae* and *Z. lishuiensis* obtained from their respective type localities. **[Methods]** Morphological characteristics of the five specimens including 12 morphological data indicators were measured by a vernier caliper, and analyzed together with the holotype of *Z. zhoukaiyae* and *Z.*

基金项目 淳安县昆虫和两爬动物多样性调查评估项目 (No. K160138323);

* 通讯作者, E-mail: ahufangjie@126.com;

第一作者介绍 洪飞, 男, 硕士研究生; 研究方向: 生态学; E-mail: 2055977762@qq.com.

收稿日期: 2022-11-16, 修回日期: 2023-11-23 DOI: 10.13859/j.cjz.202422288

lishuiensis (Table 2). The 16S rRNA gene fragments were amplified for these five specimens, combined with NCBI GenBank data (Table 1), a Bayesian tree was constructed using MrBayes 3.1.2 and *p*-distance model in MEGA 6 was used to calculate the genetic distance between individuals of *Zhangixalus*. [Results] Our results show no significant morphological differences between the five specimens and the type specimens of *Z. zhokaiyae* and *Z. lishuiensis*. Based on the phylogenetic analysis of the 16S rRNA gene, the five samples clustered into a monophyletic group with the sequences of the type specimen of *Z. zhokaiyae* and *Z. lishuiensis* (Fig. 2). The genetic distance between our five samples and the type specimen of *Z. zhokaiyae* is 1.3%, and that of the type specimen of *Z. lishuiensis* is 0.8%. The genetic distance between the type specimens of *Z. zhokaiyae* and *Z. lishuiensis* is 1.6% (Appendix 1). [Conclusion] Our analysis inferred that *Z. lishuiensis* is a synonym of *Z. zhokaiyae*, our results resolved the existing classification controversy between them. We therefore recommend that *Z. lishuiensis* and *Z. zhokaiyae* should be treated as different geographical populations, as they have not reached the level of interspecific divergence.

Key words: Zhejiang Province; Anhui Province; *Zhangixalus zhokaiyae*; *Z. lishuiensis*

树蛙科 (Rhacophoridae) 隶属于两栖纲 (Amphibia) 无尾目 (Anura), 包括 14 属 (Frost 2023)。中国分布的树蛙包括 13 属 99 种, 其中张树蛙属 (*Zhangixalus*) 29 种, 分布于安徽省与浙江省的张树蛙各 1 种, 分别为安徽树蛙 (*Z. zhokaiyae*) 与丽水树蛙 (*Z. lishuiensis*) (中国两栖类 2023)。

安徽树蛙是 Pan 等 (2017) 发表的新种, 模式产地为安徽省金寨县, 此前一直被认定为黑点树蛙 (*Z. nigropunctatus*)。同年, 刘宝权等 (2017) 在浙江丽水也发现了一张树蛙属新种, 将其命名为丽水树蛙。在安徽树蛙与丽水树蛙分别作为安徽省和浙江省的特有种以来, 其物种归属地位存在争议 (余水生等 2020, Brakels et al. 2023)。一方面, 安徽树蛙与丽水树蛙形态相近, 通过形态特征不能有效区分; 另一方面, 两物种发表时间接近, 因此两者之间未进行形态学和分子数据上的比较。对张树蛙属物种研究中, 发现两者在分子水平上的差异小, 余水生等 (2020) 利用 28 种张树蛙属物种的 12S rRNA-tRNA^{Aval}-16S rRNA 部分片段序列构建系统发育进化树, 发现安徽树蛙与丽水树蛙遗传距离为 1.1%, 由此推测两者为同物异名或亚种; Brakels 等 (2023) 在其发表的张树蛙属新种 *Z. melanoleucus* 一文中, 对当前张树

蛙属物种系统发育关系进行重建梳理, 发现安徽树蛙与丽水树蛙遗传距离仅为 1.6% (16S rRNA), 且缺少稳定的形态学差异。

鉴于此, 本研究对浙江省和安徽省交界处进行了长期监测, 采集到张树蛙属标本 5 号, 并对其 16S rRNA 序列进行了系统发育关系研究, 结合形态学数据, 进而对浙江和安徽 (浙皖) 交界处张树蛙属物种的归属问题进行研究。

1 材料与方法

1.1 样本采集

2022 年 3 月 12 日, 在浙江省淳安县鸠坑乡鸠口村附近 (29°40'13" N, 118°46'27" E) 采集到树蛙雄性标本 2 号 (标本号 AHU01 和 AHU02); 2023 年 3 月 9 日, 在安徽省黄山市歙县万灶附近 (29°41'60" N, 118°23'52" E) 采集到树蛙雄性标本 3 号 (标本号 AHUH001 ~ AHUH003)。采集标本的部分肝组织保存于 95% 酒精的冻存管内, 储存在 -80 °C 冰箱中, 标本使用 10% 福尔马林固定, 冲洗后浸泡在 75% 酒精中保存, 标本现保存于安徽大学生命科学学院。

1.2 形态学数据测量

本文依据 Pan 等 (2017) 的方法, 使用数

显游标卡尺（得力，DL91150 型）对 5 号树蛙标本的 12 个形态指标进行测量并对其形态学特征进行描述。

1.3 分子数据与系统发育树构建

本研究采用苯酚/氯仿抽提法提取所采集标本肝组织的基因组 DNA (Sambrook et al. 1989)。使用引物 5'-CGC CTG TTT AYC AAA AAC AT-3'和 5'-CCG GTY TGA ACT CAG ATC AYG T-3'(Y 为 C/T) (Kocher et al. 1989) 扩增所提取个体基因组 DNA 的 16S rRNA 基因。PCR 反应参数设置为：95 °C 预热 5 min；95 °C 变性 1 min，55 °C 退火 1 min，72 °C 延伸 1 min，35 个循环；最后 72 °C 延伸 10 min。PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测，送至北京擎科生物科技有限公司进行测序。最后得到 16S rRNA 基因的有效片段长度为 587 bp，并提交到 GenBank（登录号分别为 OQ346148、OQ253566 和 OR393807 ~ OR393809）。

本研究选取老山树蛙 (*Rhacophorus laoshan*) 作为外群构建贝叶斯系统发育树，从 NCBI 数据库下载用于构建系统发育树所需物种的完整 16S rRNA 基因序列(表 1)，用 MEGA 6.0 (Tamura et al. 2013) 进行比对，比对后的序列再进行人工校对。构建贝叶斯树前，利用软件 jModeltest v2.1 (Thompson et al. 1997) 基于贝叶斯信息准则 (Bayesian information criterion, BIC) 标准选择出最优核苷酸替代模型 GTR + G。使用 Mrbayes 3.1.2 (Ronquist et al. 2003) 构建贝叶斯树，并进行分析，通过让 4 条递增加热的马尔科夫链运行 1 000 万代，每 1 000 代抽样 1 次，抽样得到的树舍弃前 25%，剩余的抽样用于一致树的生成。基于分离频率的平均标准偏差 (小于 0.01) 和 TRACER 1.5 (Lemey et al. 2009) 中的有效样本量 (effective sample sizes, ESS) 值判断结果是否收敛 (大于 200)。最后使用 MEGA 6.0 中的 *p*-distance 模型计算物种间遗传距离 (Tamura et al. 2013)。

2 结果

2.1 形态学比较

树蛙标本的各部位度量数据见表 2。所采集的 5 号树蛙标本均为雄性，体长 32.68 ~ 35.78 mm，具有单咽下外声囊，婚垫不显。身体宽扁，头长 10.13 ~ 10.88 mm，头宽 13.31 ~ 13.82 mm，头长短于头宽；吻棱不显，吻端较尖，明显突出，略微向下伸展，鼻部稍隆起，鼻间距 3.72 ~ 3.95 mm。吻长 5.07 ~ 5.22 mm，眼间距 4.24 ~ 4.47 mm，吻长大于眼间距。鼓膜圆形，呈绿色，鼓室明显，中等大小，略大于上眼睑宽；舌部呈椭圆形，后端有缺刻；左右跟部不重叠，指和趾末端的骨头呈 Y 型，且末端膨大具吸盘，趾吸盘小于指吸盘；指关节下瘤明显；内外掌突明显，呈椭圆、扁平；指式：I < II < IV < III；趾式：I < II < III < V < IV；靠外侧的指具微蹼，靠外侧的趾具三分之二蹼。

生活状态下，树蛙标本身体背部皮肤光滑，无疣粒，呈青绿色而多变化，在白天静息状态下呈深墨绿色，而低温时呈黄绿色。无明显斑点，头部颜色较深，背面至肛门处颜色较浅；喉部、胸部和腹部呈黄白色；胸部、腹部和股部腹侧皮肤具疣粒，四肢腹内侧呈淡黄色，腹部侧面有不规则的浅灰色斑点；瞳孔横置，呈深灰色，虹膜呈金黄色；制成标本时，标本背面颜色呈墨绿色，四肢腹内原本略带的黄色变灰色，腹部侧面的浅灰色斑点变得明显(图 1)。

经查阅文献，在形态上并无明显可区分安徽树蛙 (Pan et al. 2017) 与丽水树蛙 (刘宝权等 2017) 的鉴别特征，而本研究所采集的标本同安徽树蛙及丽水树蛙模式标本也无明显形态学差异。

2.2 分子系统发育关系分析

基于线粒体 16S rRNA 基因构建的张树蛙属贝叶斯树显示，来自 NCBI 数据库中的安徽树蛙和丽水树蛙各自成单系，支持率为 1.00 和 0.98。加入本研究采集的 5 号样本序列后，丽水

树蛙和安徽树蛙均是并系，所有的安徽树蛙和丽水树蛙聚成一单系支，支持率为 0.78（图 2）。

2.3 遗传距离

基于 *p*-distance 模型估算，本研究采集的

标本与安徽树蛙模式产地标本遗传距离 1.3%，与丽水树蛙模式产地标本遗传距离 0.8%。安徽树蛙模式产地标本与丽水树蛙模式产地标本遗传距离仅为 1.6%（附录 1）。

表 1 本研究使用的样本采集点、标本编号和 16S rRNA 基因序列号

Table 1 Sample collection localities, specimen numbers, and 16S rRNA GenBank numbers used in this study

物种 Species	采集地点 Locality	标本编号 Voucher number	GenBank 登录号 GenBank accession numbers	参考文献 Reference
本研究 This study	中国浙江淳安 Chun'an, Zhejiang, China	AHU01	OQ346148	
		AHU02	OQ253566	
安徽树蛙 <i>Zhangixalus zhoukaiyae</i>	中国安徽黄山 Huangshan, Anhui, China	AHUH001	OR393807	
		AHUH002	OR393808	
		AHUH003	OR393809	
安徽树蛙 <i>Zhangixalus zhoukaiyae</i>	中国安徽金寨 Jinzhai, Anhui, China	AHU-RhaDb-150418-02	KU601494 -	Pan et al. 2017
		AHU-RhaDb-150418-06	KU601498	
丽水树蛙 <i>Z. lishuiensis</i>	中国浙江丽水 Lishui, Zhejiang, China	YPX52658	KY653717	刘宝权等 2017
		YPX47791	KY653718	
		YPX47794	KY653719	
		YPX47792	KY653720	
<i>Z. achantharrhena</i>	印度尼西亚 Indonesia	ENS14757	KX398867	—
翡翠树蛙 <i>Z. dulitensis</i>	马来西亚 Malaysia	RAO081201	JX219434	Li et al. 2012a
黑点树蛙 <i>Z. nigropunctatus</i>	中国云南龙陵 Longling, Yunnan, China	RAO3496	JX219424	
峨眉树蛙 <i>Z. omeimontis</i>	中国云南昭通 Zhaotong, Yunnan, China	ZT0806010	JX219419	
<i>Z. prominanus</i>	印度尼西亚 Indonesia	ENS16994	KX398925	—
利川树蛙 <i>Z. wui</i>	中国湖北利川 Lichuan, Hubei, China	CIB097685	JN688881	Li et al. 2012b
巫溪树蛙 <i>Z. hongchibaensis</i>	中国重庆巫溪 Wuxi, Chongqing, China	CIB097696	JN688882	
胡氏树蛙 <i>Z. hui</i>	中国四川昭觉 Zhaojue, Sichuan, China	Li01	JN688878	
洪佛树蛙 <i>Z. hungfuensis</i>	中国四川汶川 Wenchuan, Sichuan, China	SCUM 060425L	EU215538	Li et al. 2008
侏树蛙 <i>Z. minimus</i>	中国广西大瑶山 Dayaoshan, Guangxi, China	KIZ 061214YP	EU215539	
普洱树蛙 <i>Z. puerensis</i>	中国云南普洱 Puer, Yunnan, China	SCUM060649L	EU215542	
台湾树蛙 <i>Z. moltrechti</i>	中国台湾莲花池 Lianhuachi, Taiwan, China	SCUM061106L	EU215543	
经甫树蛙 <i>Z. chenfui</i>	中国四川峨眉山 Emeishan, Sichuan, China	SCUM060404L	EU215534	
棕褶树蛙 <i>Z. feae</i>	中国云南河口 Hekou, Yunnan, China	SCUM050642WXJ	EU215544	
大树蛙 <i>Z. dennysi</i>	中国广东韶关 Shaoguan, Guangdong, China	SCUM060401L	EU215545	
缅甸树蛙 <i>Z. burmanus</i>	—	SCUM060614L	EU215537	
蓝面树蛙 <i>Z. pingbianensis</i>	—	SCUM061104L	EU215536	
老山树蛙 <i>Rhacophorus laoshan</i>	—	1705014	MW149528	Yuan et al. 2022
<i>Z. arboreus</i>	日本 Japan	TTU-R-11748	AF458142	Wilkinson et al. 2002

“—” 表示采集地点未知或文献未发表。

“—” indicates that the collection locality is unknown or the reference has not been published.

表 2 本研究采集张树蛙属标本成体量度

Table 2 Morphological measurements of adult *Zhangixalus* in this study

量度 Measurements (mm)	标本编号 Voucher number				
	AHU01 ♂	AHU02 ♂	AHUH001 ♂	AHUH002 ♂	AHUH003 ♂
头体长 Snout-vent length	34.80	33.68	33.24	35.78	34.80
头长 Head length	10.64	10.13	10.25	10.57	10.88
头宽 Head width	13.53	13.31	13.34	13.68	13.82
前臂及手长 Length of lower arm and hand	23.15	20.66	21.53	22.88	22.02
吻长 Snout length	5.22	5.08	5.08	5.12	5.07
鼓膜径 Tympanic diameter	2.67	2.66	2.70	2.72	2.68
鼻间距 Internarial distance	3.95	3.72	3.86	3.92	3.90
眼间距 Eye diameter	4.47	4.24	4.33	4.37	4.29
上眼睑宽 Width of upper eyelid	2.11	1.91	2.08	2.15	2.31
前臂宽 Diameter of lower arm	2.87	2.35	2.55	2.67	2.49
足长 Foot length	12.26	11.68	12.34	12.85	12.56
后肢长 Hindlimb length	47.50	44.78	45.96	48.80	48.13



图 1 本研究张树蛙属样本生态照及标本照

Fig. 1 Ecological and specimen photos of the *Zhangixalus* in this study

a. AHU01 侧面观；b. AHUH001 侧面观；c. AHUH001 标本背面观；d. AHUH001 标本腹面观。

a. Lateral view (AHU01); b. Lateral view (AHUH001); c. Dorsal view of specimen (AHUH001); d. Ventral view of specimen (AHUH001).

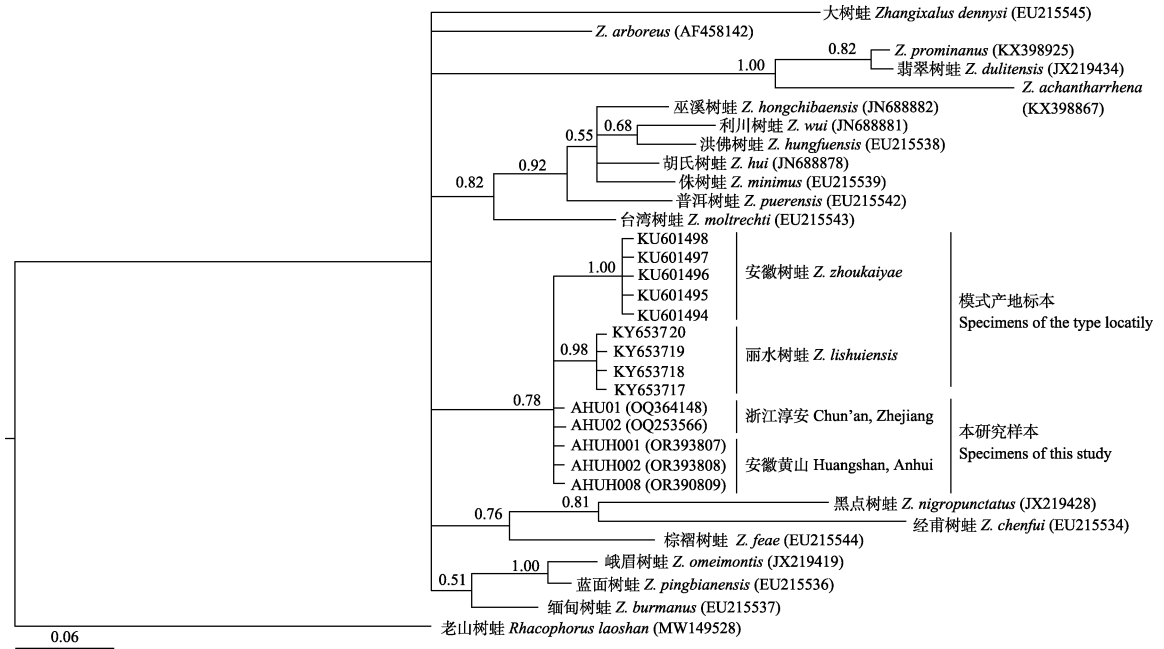


图 2 基于线粒体 16S rRNA 基因构建的张树蛙属贝叶斯树

Fig. 2 Bayesian inference tree of *Zhangixalus* based on mitochondrial 16S rRNA gene

节点处数字为贝叶斯后验概率，标尺代表每个位点的核苷酸替换。

Nodal numbers show Bayesian posterior probability, and the scale bar represents 0.06 nucleotide substitutions per site.

3 讨论

根据以往利用线粒体分子序列差异界定物种的研究, Kon 等(2007)和 Camargo 等(2006)认为, 在以 16S rRNA 作为分子标记时, 当遗传距离超过 2%时即认定达到了种间差异的水平, 如陈智强等(2020)将遗传距离为 1.4%的两个样本认定为北仑姬蛙 (*Microhyla beilunensis*) 的两个不同地理种群。本研究中, 安徽树蛙模式产地标本、丽水树蛙模式产地标本和浙皖交界处树蛙标本之间基于 16S rRNA 序列的遗传距离均未达到 2%, 本研究倾向于认为三处分布的树蛙为不同地理种群(图 3), 即浙皖交界处采集到的树蛙均为安徽树蛙, 丽水树蛙是安徽树蛙的同物异名或亚种。后续可以通过考察更广泛的样本、使用更多的基因序列或其他分子标记来加强分析, 并结合地理分布和行为等方面的信息, 来更全面地了解它们的分类地位。

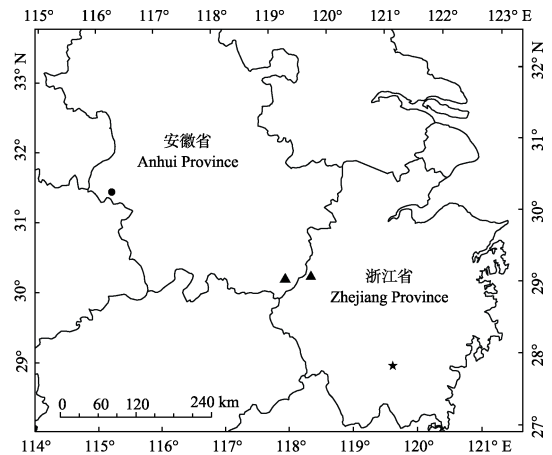


图 3 本研究样本采样地点和安徽树蛙、丽水树蛙模式产地

Fig. 3 The sampling sites in this study and the type localities of *Zhangixalus zhoukaiyae* and *Z. lishuiensis*

黑色圆形表示安徽树蛙的模式产地; 黑色三角形表示本研究样本采集地点; 黑色五角星表示丽水树蛙的模式产地。

The black circle indicates the type locality of *Z. zhoukaiyae*; the black triangle indicates the samples collection in this study; the black star indicates the type locality of *Z. lishuiensis*.

参 考 文 献

- Brakels P, Nguyen T V, Pawangkhanant P, et al. 2023. Mountain jade: a new high-elevation microendemic species of the genus *Zhangixalus* (*Amphibia: Anura: Rhacophoridae*) from Laos. *Zoological Research*, 44(2): 374–379.
- Camargo A, De Sá R O, Heyer W R. 2006. Phylogenetic analyses of mtDNA sequences reveal three cryptic lineages in the widespread neotropical frog *Leptodactylus fuscus* (Schneider, 1799) (*Anura, Leptodactylidae*). *Biological Journal of the Linnean Society*, 87(2): 325–341.
- Frost D R. 2023. *Amphibian Species of the World: An Online Reference*. Version 6.0. New York, USA: American Museum of Natural History. [EB/OL]. [2023-04-25]. <http://research.amnh.org/herpetology/amphibia/index.html>.
- Kocher T D, Thomas W K, Meyer A, et al. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 86(16): 6196–6200.
- Kon T, Yoshino T, Mukai T, et al. 2007. DNA sequences identify numerous cryptic species of the vertebrate: a lesson from the gobioid fish *Schindleria*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(1): 53–62.
- Lemey P, Rambaut A, Drummond A J, et al. 2009. Bayesian phylogeography finds its roots. *PLoS Computational Biology*, 5(9): e1000520.
- Li J T, Che J, Bain R H, et al. 2008. Molecular phylogeny of *Rhacophoridae* (*Anura*): a framework of taxonomic reassignment of species within the Genera *Aquixalus*, *Chiromantis*, *Rhacophorus*, and *Philautus*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 48(1): 302–312.
- Li J T, Li Y, Murphy R W, et al. 2012b. Phylogenetic resolution and systematics of the Asian tree frogs, *Rhacophorus* (*Rhacophoridae, Amphibia*). *Zoologica Scripta*, 41(6): 557–570.
- Li J T, Liu J, Chen Y Y, et al. 2012a. Molecular phylogeny of treefrogs in the *Rhacophorus dugritei* species complex (*Anura: Rhacophoridae*), with descriptions of two new species. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 165(1): 143–162.
- Messenger K R, Othman S N, Chuang M F, et al. 2022. Description of a new *Kurixalus* species (*Rhacophoridae, Anura*) and a northwards range extension of the genus. *ZooKeys*, 1108: 15–49.
- Pan T, Zhang Y N, Wang H, et al. 2017. A new species of the genus *Rhacophorus* (*Anura: Rhacophoridae*) from Dabie Mountains in East China. *Asian Herpetological Research*, 8(1): 1–13.
- Ronquist F, Huelsenbeck J P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12): 1572–1574.
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 125.
- 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.
- Wilkinson J A, Drewes R C, Tatum O L. 2002. A molecular phylogenetic analysis of the family *Rhacophoridae* with an emphasis on the Asian and African Genera. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 24(2): 265–273.
- Yuan L M, Yang K, Jiang D C. 2022. Molecular phylogenetic status of *Rhacophorus laoshan* and *Zhangixalus yinggelingensis* (*Anura: Rhacophoridae*) from China. *Pakistan Journal of Zoology*, 54(5): 17–24.
- 陈智强, 钟俊杰, 冯磊, 等. 2020. 浙江九龙山发现北仑姬蛙新种群的两性异形. *动物学杂志*, 55(2): 178–188.
- 刘宝权, 王聿凡, 蒋珂, 等. 2017. 中国浙江发现树蛙属一新种(两栖纲: 树蛙科). *动物学杂志*, 52(3): 361–372.
- 余水生, 陈智强, 王卫东, 等. 2020. 基于线粒体部分基因序列重构张氏树蛙属系统发育关系. *丽水学院学报*, 42(5): 24–30.
- 中国两栖类. 2023. “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. [EB/OL]. [2023-6-21]. <http://www.amphibiachina.org/>.

附录 1 基于 16S rRNA 基因序列计算的张树蛙属物种的平均未校正遗传距离 (%) (下对角线) 和标准误差估计 (上对角线)

Appendix 1 Average uncorrected *p*-distances (%) among *Zhangixalus* species calculated from 16S rRNA gene sequences (below the diagonal) and standard error estimates (above the diagonal)

ID	物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18 - 22	23 - 26	27 - 28	29 - 31
1	利川树蛙 <i>Zhangixalus wui</i>		0.7	1.0	0.9	0.8	0.8	1.2	1.0	1.0	0.9	1.1	1.0	1.1	1.2	1.3	1.5	1.4	1.2	1.1	1.1	1.1
2	洪佛树蛙 <i>Z. hungfuensis</i>	1.8		0.9	0.8	0.7	0.9	1.3	1.1	1.0	0.9	1.1	1.0	1.1	1.3	1.3	1.6	1.4	1.1	1.1	1.1	1.1
3	侏树蛙 <i>Z. minimus</i>	2.9	2.9		0.8	0.6	0.9	1.2	1.0	1.1	1.1	1.1	1.1	1.2	1.3	1.2	1.5	1.4	1.2	1.2	1.1	1.1
4	巫溪树蛙 <i>Z. hongchibaensis</i>	2.9	2.4	2.4		0.7	0.9	1.3	1.1	1.0	1.0	1.2	1.0	1.1	1.3	1.1	1.6	1.5	1.2	1.2	1.2	1.2
5	胡氏树蛙 <i>Z. hui</i>	2.4	2.4	1.8	2.1		0.8	1.1	0.9	1.0	1.0	1.1	0.9	1.0	1.2	1.2	1.4	1.3	1.2	1.2	1.1	1.1
6	普洱树蛙 <i>Z. puerensis</i>	2.9	2.9	3.4	3.1	2.6		1.3	1.1	1.1	1.0	1.0	1.1	1.1	1.2	1.3	1.5	1.4	1.2	1.2	1.1	1.1
7	黑点树蛙 <i>Z. nigropunctatus</i>	6.8	6.8	6.8	7.1	6.0	6.8		1.0	1.2	1.2	1.2	1.2	1.2	1.3	1.2	1.4	1.4	1.4	1.3	1.3	1.3
8	缅甸树蛙 <i>Z. taronensis</i>	4.5	5.0	4.5	4.7	3.4	4.7	5.8		0.8	0.7	0.9	0.9	1.0	1.2	1.0	1.2	1.1	1.1	1.1	1.0	1.0
9	蓝面树蛙 <i>Z. pingbianensis</i>	3.9	3.9	4.5	3.7	3.9	4.2	6.3	2.6		0.4	0.9	1.0	1.2	1.1	1.2	1.4	1.2	1.0	0.9	0.9	0.9
10	峨眉树蛙 <i>Z. omeimontis</i>	3.7	3.7	4.7	3.9	3.7	3.9	6.0	2.9	0.8		0.9	0.9	1.2	1.2	1.2	1.3	1.2	1.1	1.0	0.9	0.9
11	<i>Z. arboreus</i>	5.5	5.5	5.2	5.5	4.7	5.0	7.3	3.9	4.5	4.2		1.0	1.1	1.3	1.0	1.4	1.2	1.0	1.1	1.0	1.0
12	台湾树蛙 <i>Z. moltrechti</i>	4.5	4.5	4.7	4.5	3.1	4.5	6.3	3.4	4.2	3.9	4.5		1.1	1.2	1.1	1.6	1.3	1.2	1.1	1.1	1.1
13	经甫树蛙 <i>Z. chenfui</i>	6.3	7.1	7.9	7.6	6.3	6.3	6.3	5.5	6.3	6.3	6.8	5.5		1.2	1.1	1.4	1.3	1.2	1.2	1.1	1.1
14	大树蛙 <i>Z. dennysi</i>	6.0	7.1	6.8	7.1	6.3	6.3	7.1	6.0	6.3	6.5	7.6	7.1	8.1		1.2	1.5	1.5	1.3	1.2	1.1	1.1
15	棕褶树蛙 <i>Z. feae</i>	6.5	6.5	6.5	5.8	6.0	5.8	5.5	4.7	5.2	5.5	5.0	5.5	6.0	6.3		1.5	1.5	1.2	1.2	1.1	1.1
16	<i>Z. achantharrhena</i>	8.9	9.9	9.9	9.9	8.9	8.6	9.4	6.5	7.6	7.9	9.7	8.6	8.6	8.9	8.4		1.0	1.6	1.5	1.4	1.4
17	翡翠树蛙 <i>Z. dulitensis</i>	7.1	7.6	7.6	8.4	7.1	7.1	8.1	5.0	5.2	5.5	7.3	7.3	7.9	8.6	7.6	4.2		1.2	1.3	1.2	1.2
18 - 22	安徽树蛙 <i>Z. zhoukaiyae</i>	6.0	5.5	6.8	6.8	6.0	6.0	7.1	4.7	4.2	4.5	5.0	6.3	6.5	7.6	5.5	9.4	6.5		0.7	0.6	0.6
23 - 26	丽水树蛙 <i>Z. lishuiensis</i>	6.0	5.5	6.5	6.5	6.0	5.8	6.8	4.7	3.9	4.5	4.7	6.3	6.3	7.1	5.0	9.2	6.8	1.6		0.4	0.4
27 - 28	本研究浙江淳安样本 (The Zhejiang Chun'an samples in this study) AHU01 - AHU02	5.8	5.2	6.0	6.0	5.2	5.5	6.8	3.9	3.9	4.2	3.9	5.5	6.0	6.5	4.7	8.9	6.5	1.3	0.8		0.0
29 - 31	本研究安徽黄山样本 (The Anhui Huangshan samples in this study) AHUH001 - AHUH003	5.8	5.2	6.0	6.0	5.2	5.5	6.8	3.9	3.9	4.2	3.9	5.5	6.0	6.5	4.7	8.9	6.5	1.3	0.8	0.0	