

河南发现刘氏石龙子及该物种系统位置分析

蔡波^{①②} 姚明灿^③ 郭宪光^{①*}

① 中国科学院成都生物研究所 成都 610041; ② 中国科学院大学 北京 100049;

③ 河南省南阳市唐河县动物卫生监督所 唐河 473400

摘要: 2018年8月下旬,在河南省南阳市桐柏山采集到11号石龙子科(Scincidae)蜥蜴标本。经形态比较鉴定,该批标本均为刘氏石龙子(*Plestiodon liui*),是河南省爬行动物分布新记录种,也是该物种在长江以北地区首次被发现。通过形态学分析,发现刘氏石龙子可能存在雌雄性二态。基于COI基因658 bp序列的系统发育分析显示,大渡石龙子(*P. capito*)和黄纹石龙子(*P. tunganus*)聚在一起,然后再与刘氏石龙子聚成一支系,支持先前基于形态数据的黄纹石龙子种组的单系性。

关键词: 分布新记录种; 刘氏石龙子; 系统发育; 河南; 长江

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2019) 05-668-10

First Record of *Plestiodon liui* from Henan Province, China and Analysis of Its Phylogenetic Placement

CAI Bo^{①②} YAO Ming-Can^③ GUO Xian-Guang^{①*}

① Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041;

② University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049;

③ Tanghe County Animal Health Supervision Institute, Tanghe, Nanyang 473400, China

Abstract: During the survey on the amphibian and reptile diversity in Henan Province in late August 2018, eleven individuals of skinks (Scincidae) were captured at the suburb of Tongbai Mountains, Nanyang City. Through morphological analyzing, all of them were identified as Liu's skink, *Plestiodon liui*, which is the first record in Henan Province, and the first record in the north region of Yangtze River. Moreover, the characteristics of sexual dimorphisms of the Liu's skink were clarified. The DNA barcoding COI gene sequences (658 bp) were used to evaluate the phylogenetic placement of *P. liui*. Examination of phylogenetic analyses recovers the monophyly of the *P. capito* group, and suggests that *P. liui* is the sister taxon to *P. capito* plus *P. tunganus*.

Key words: New record; *Plestiodon liui*; Phylogeny; Henan; Yangtze River

基金项目 科技部重点研发计划项目 (No. 2017YFC0505202), 中国科学院战略性先导科技专项 (No. XDA19050201), 中国科学院经典分类学青年人才项目 (No. ZSBR-014);

* 通讯作者, E-mail: guoxg@cib.ac.cn;

第一作者介绍 蔡波, 男, 工程师; 研究方向: 两栖爬行动物分类与保护; E-mail: caibo@cib.ac.cn。

收稿日期: 2019-05-13, 修回日期: 2019-07-23 DOI: 10.13859/j.cjz.201905007

石龙子属 (*Plestiodon*) 蜥蜴分布于中美、北美和东亚 (Brandley et al. 2011, 2012, Smith 2005), 目前已报道 50 种 (Uetz et al. 2019)。我国已有记载 10 种 (蔡波等 2015, Kurita et al. 2017a, b), 多分布于南部地区, 仅黄纹石龙子 (*P. capito*) 分布北限到达辽宁 (赵尔宓等 1999)。已知该属在河南有 2 种分布记录: 蓝尾石龙子 (*P. elegans*) 和黄纹石龙子, 前者分布于大别山区、伏牛山区和嵩山 (瞿文元等 2002, 张珑等 2012), 后者分布于嵩山 (张珑等 2012)。

刘氏石龙子 [*P. liui* (Hikida et al. 1989)] 隶属爬行纲有鳞目石龙子科石龙子属, 模式产地为江苏南京, 中国特有种 (Zhao et al. 1993, 赵尔宓等 1999)。目前已知 4 个地区有分布, 即江苏南京 (Hikida et al. 1989)、浙江莫干山、湖北武昌 (赵尔宓等 1999) 以及广东南澳 (黎振昌等 2011), 其中广东南澳记录存疑。

2018 年 8 月下旬, 作者在河南桐柏山采集到 11 号疑似刘氏石龙子标本。通过形态学比较和线粒体 COI 基因序列对其进行了物种鉴定、系统位置分析, 旨在确定该批标本的分类和系统发育位置, 为石龙子属的系统学和生物地理学研究提供新的资料。

1 材料与方法

1.1 野外采集

2018 年 8 月下旬, 我们在河南南阳桐柏山 (N32°20'47", E113°21'55", 海拔 250 m) 进行两栖爬行动物多样性调查时, 于 10:00 ~ 14:00 时之间, 使用围捕方式采集到石龙子标本 11 号, 其中 8 号制作成标本 (雄性 2 号、雌性 1 号、幼体 5 号), 3 号在常温下饲养 1 年 (雌性 2 号, 雄性亚成体 1 号)。标本用 75% 乙醇固定后, 保存在中国科学院成都生物研究所两栖爬行动物标本馆。所有标本的肝组织样品均固定于 95% 乙醇, 置于 -20 °C 冰箱保存。

1.2 形态鉴定与测量

参考赵尔宓等 (1999) 中涉及的石龙子属

形态特征, 使用世达 (SATA91512) 数显游标卡尺 (量程 0 ~ 200 mm, 精确到 0.03 mm) 测量标本的长度特征, 包括头体长 (snout vent length, SVL)、尾长 (tail length, TL)、前肢长 (fore leg length, FLL) 和后肢长 (hind leg length, HLL)。计数形态特征包括上鼻鳞 (supranasals, SPN)、眶上鳞 (supraoculars, SPO)、额顶鳞 (frontoparietals, FP)、顶鳞 (parietals, P)、顶间鳞 (interparietals, IP)、颈鳞 (nuchals, N)、颊鳞 (loreal, L)、眶后鳞 (postoculars, PO)、眶后下鳞 (post-suboculars, PSO)、上睫鳞 (superciliaris, SPC)、眼睑鳞 (palpebrals, PB)、颞鳞 (temporals, TP)、耳孔瓣 (auricular lobules, AL)、上唇鳞 (supralabials, SL)、下唇鳞 (infralabials, IL)、后颞鳞 (postmentals, PM)、颌片 (chin-shields, CS)、背脊中央一行背鳞 (vertebrals, VB)、股间鳞 (interfemorals, IF)、肛前鳞 (preanal scales, PN)、环体一周鳞 (scales around mid-body, SAMB)、尾下鳞 (subcaudals, SC)、第四趾下瓣 (subdigital lamellae on 4th toe, SLFT) 和第 10 枚尾下鳞处尾周鳞 (scales around 10th subcaudals, SATS)。

1.3 基因组 DNA 提取、PCR 扩增与测序

选取此次采集的石龙子标本 4 号, 每号标本约取 20 mg 肝组织, 采用北京全式金生物技术 (TransGen Biotech) 有限公司的核酸纯化试剂盒 (EasyPure Genomic DNA kit EE101-01), 按照说明书提取基因组 DNA。然后使用微量紫外检测仪 (NanoDrop 2000C, Thermo Scientific) 和琼脂糖凝胶电泳进行 DNA 浓度和纯度检测。将提取的基因组 DNA 置于 -20 °C 冰箱保存备用。

PCR 扩增线粒体 DNA 条形码 COI 基因片段, 所用引物为 RepCOI-F 和 RepCOI-R (Nagy et al. 2012)。PCR 反应 Mix 采用成都擎科梓熙生物技术有限公司 TSINGKE Master Mix (blue)。PCR 反应体系为 20 μ l: 2 \times TSINGKE Master Mix (blue) 10 μ l, ddH₂O 8 μ l, 引物各

0.5 μl , DNA 模板 1 μl 。PCR 反应条件, 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 40 s, 48.5 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 60 s, 35 个循环; 循环结束后 72 $^{\circ}\text{C}$ 终末延伸 8 min。扩增产物纯化后交由生工生物(上海)有限公司在 ABI3730 测序仪上测序。采用双向测序, 测序引物同扩增引物。所得序列上传到 GenBank (序列号见表 1)。

1.4 序列比对与分子系统关系重建

首先使用 DNASTar 软件包 (DNASTar Inc., Madison, WI) 中的 Seqman II 查看所测得的 DNA 序列峰图并进行正反链校对和编辑, 手工去除序列两端的引物, 获得 COI 基因片段。将获得的序列在 NCBI 中用 BLAST 程序 (Altschul et al. 1997) 进行序列同源性搜索, 确认所得的序列为目的片段。使用 Clustal X 2.0 (Larkin et al. 2007), 采用默认配置进行序列多重比对。在 MEGA7 (Kumar et al. 2016) 中进行序列组成和特征分析, 并用脊椎动物线粒体遗传密码子将 DNA 序列翻译成氨基酸, 以确认蛋白编码基因是否具有功能。

从 GenBank 下载石龙子属 12 个物种的共 21 个 COI 基因序列, 与本研究扩增的 5 条序列共计 26 条序列一起, 以桓仁滑蜥 (*Scincella huanrensis*, KU507316) 为外群赋根 (表 1), 采用最大简约法 (maximum parsimony, MP) 和贝叶斯推论 (Bayesian Inference, BI) 构建系统发育树。在 PAUP*4.0b10 (Swofford 2003) 中进行最大简约分析, 采用启发式搜索 (heuristic search)、10 次随机序列加入重复、树二等分再连接选项 (tree-bisection reconnection, TBR), 通过 Bootstrap 方法 (Felsenstein 1985) 经 1 000 次叠加重复估计节点支持率 (Bootstrap support, BP)。采用 Partitionfinder 2.1.1 (Lanfear et al. 2017) 基于贝叶斯信息标准 (Bayesian information criterion, BIC, Schwarz 1978) 选取用于贝叶斯推论 (BI) 分析的最优核苷酸替代模型, 在 MrBayes 3.2 (Ronquist et al. 2012) 中重建贝叶斯树。密码子一、二、三位点分别采用 K80 + G、HKY + I、GTR + G 模型。以随机树为起始树,

3 条热链、1 条冷链的马尔可夫链蒙特卡罗 (Markov Chain Monte Carlo, MCMC) 方法运行 2×10^7 代, 每 1 000 代抽样一次, 将最初 5 000 棵树作为老化样本 (burn-in) 舍弃, 余下的 15 001 棵树用于估算 50% 多数一致树, 分支节点可信度以贝叶斯后验概率 (posterior probability, PP) 表示。

1.5 遗传距离估算

用 MEGA7 (Kumar et al. 2016) 中的未校正距离模型 (uncorrected genetic distance, p-distance) 估算表 1 中所列石龙子属代表物种间的遗传距离。

2 结果

2.1 形态鉴定与描述

标本外观见图 1a~d, 外形度量见表 2。此次采集的 11 号标本与志书 (赵尔宓等 1999) 记载的刘氏石龙子形态基本一致, 但在个别鳞片特征上存在变异。如: 少数标本在额鼻鳞与额鳞之间会有 1 枚小鳞, 上睫鳞 6~9 枚而非志书记载的 7~8 枚, 耳孔瓣多为 2 个但个别标本有 3 个甚至 4 个, 下唇鳞多为 7 枚但个别有 6 枚或 8 枚, 背脊中央一行背鳞可达 58 枚, 第四趾下瓣多为 16 枚但个别为 18 枚。

对活体和标本形态比较发现, 刘氏石龙子在体色纹路方面可能具有明显的性别二态性 (图 1a~d)。具体表现为: 幼体时期, 无性别二态性特征, 体背 5 条米色纵纹明显, 与志书 (赵尔宓等 1999) 描述一致, 米色纵纹之间有 4 条黑色纵带 (中央 2 条, 体侧 2 条), 尾部为亮蓝色。亚成体时期, 雄性中央 2 条黑色纵带与背脊中央米色纵纹逐渐融合为一条棕褐色夹杂黑色的纵带, 尾背为浅蓝色 (如 N121 和 NY107); 雌性则保留 5 条纵纹, 中央 2 条黑色纵带中心颜色逐渐变为棕褐色, 尾背逐渐转为浅蓝色。成体时期, 雄性体背中央已形成颜色一致宽为 4 枚背鳞的棕褐色纵带, 与体侧黑色纵带区分明显, 棕褐色纵带前端延伸至头背上睫鳞处后端延伸至尾尖 (如 NY087 和饲养 1

表 1 样品信息

Table 1 Information of samples used in this study

物种 Species	采集地 Locality	标本号 Specimen number	GenBank 登录号 GenBank accession numbers	来源 References
刘氏石龙子 <i>Plestiodon liui</i>	中国河南桐柏 Tongbai, Henan, China	NY087	MK837969	本研究 This study
		NY088	MK837970	
		NY108	MK837971	
		NY110	MK837972	
大渡石龙子 <i>P. tunganus</i>	中国四川泸定 Luding, Sichuan, China	MCB1021	MK370739	Chen et al. 2019
黄纹石龙子 <i>P. capito</i>	中国四川南江 Nanjiang, Sichuan, China	MCB1040	MK370740	Chen et al. unpubl. data
日本五线石龙子 <i>P. latiscutatus</i>	日本静冈县下田市 Japan: Shimoda, Shizuoka Pref.	KUZ R66087	JN089945	Okamoto et al. 2012
	日本东京都三宅岛 Japan: Miyakejima Island, Tokyo Metro.	KUZ R35297	JN089946	
远东石龙子 <i>P. finitimus</i>	日本东京都大田区池上 Japan: Ikegami, Ota, Tokyo Metro.	KUZ R65128	JN089935	
	日本岐阜县岐阜市 Japan: Gifu, Gifu Pref.	KUZ R61536	JN089940	
日本石龙子 <i>P. japonicus</i>	日本长崎县长崎市 Japan: Nagasaki, Nagasaki Pref.	KUZ R59911	JN089954	
	日本鹿儿岛县屋久岛 Japan: Yakushima Island, Kagoshima Pref.	KUZ R35884	JN089955	
蓝尾石龙子 <i>P. elegans</i>	中国浙江丽水 Lishui, Zhejiang, China	N.A.	KJ643142	Song et al. 2016
中国石龙子 <i>P. chinensis</i>	中国浙江丽水 Lishui, Zhejiang, China	N.A.	KT279358	Zhang et al. 2016
科罗纳多石龙子 <i>P. skiltonianus</i>	N.A.	ROM Herps 23248	KU985937	Chambers et al. 2016
		ROM Herps 23245	KU986048	
煤石龙子 <i>P. anthracinus</i>	美国 USA	ROM Herps 43736	KU985925	
大盆地石龙子 <i>P. obsoletus</i>	美国亚利桑那州科奇斯县 USA: Arizona, Cochise County	MVZ Herp 137633	KU986246	
五线石龙子 <i>P. fasciatus</i>	美国堪萨斯州道格拉斯 USA: Kansas, Douglas	KU KUH 307857	KU985881	
		KU KUH 290686	KU986226	
吉氏石龙子 <i>P. gilberti</i>	N.A.	ROM Herps 23242	KU986068	
		ROM Herps 23241	KU986032	
鼯鼠石龙子 <i>P. eregius</i>	N.A.	MVZ UCB11013	AB016606	Kumazawa et al. 1999
北美四线石龙子 <i>P. tetragrammus</i>	美国得克萨斯州克罗克特 USA: Texas, Crockett	UPRP: 337765	MH274567	Mulcahy et al. unpubl. data
奄美大岛石龙子 <i>P. multivirgatus</i>	美国内布拉斯加州金博尔 USA: Nebraska, Kimball	UPRP: 561175	MH274566	Mulcahy et al. unpubl. data
桓仁滑蜥 <i>Scincella huanrenensis</i>	韩国平昌郡 South Korea: Eongchang-gun	G390SH	KU507306	Park et al. 2016

N.A. 无。N.A. Not applicable.

年后的 N121); 雌性仍保留 5 条米色纵纹, 背脊中央纵纹为 1/2 ~ 1/3 枚背鳞, 左右均被 1/4 ~ 1/2 枚黑色背鳞包围, 尾背为浅蓝色(如 NY110、NY122 和 NY123)。NY121、NY122 和 NY123 在人工饲养条件下, 4 月中旬开始有繁殖行为。

繁殖季节, 雄性下颌和尾腹区域为锈红色, 雌性体色变化较小。

2.2 序列变异和分子系统关系

PCR 扩增测序获得刘氏石龙子 COI 序列 (658 bp) 4 条, 从 GenBank 下载已发表的石



图 1 刘氏石龙子及其两种典型的生境类型

Fig. 1 *Plestiodon liui* and its two typical habitats

a. 幼体 (NY088 和 NY089); b. 亚成体♂ (NY121); c. 成体♂ (NY087); d. 成体♀ (NY122); e. 岩缝类型的生境; f. 灌草丛类型的生境。
a. Juvenile individual (NY088 and NY089); b. Subadult male (NY121); c. Adult male (NY087); d. Adult female (NY122); e. Habitat of rock crevices; f. Habitats of grass and shrubs.

龙子属代表物种 COI 序列和 1 条外群桓仁滑蜥的同源序列, 联合我们未发表的黄纹石龙子序列 1 条。比对生成的数据矩阵, 658 个同源位点中有变异位点 (variable site) 242 个, 简约信息位点 (parsimony-informative site) 221 个, 单变位点 (pingleton) 21 个, 转换 (transition) 与颠换 (transversion) 之比平均为 2.92。基于 p-distance 模型估算石龙子属部分物种间的遗传距离 (表 3), 本研究所分析 16 个代表物种间的遗传距离范围为 0.034 ~ 0.194, 平均遗传距离为 0.158。刘氏石龙子与近缘的大渡石龙子和黄纹石龙子间的遗传距离均为 0.140, 大于大

渡石龙子和黄纹石龙子二者间的遗传距离 (0.120)。

最大简约法 (MP) 分析得到了 7 棵同等简约树, 树长 (tree length) = 935, 一致性指数 (consistency index, CI) = 0.405, 留存指数 (retention index, RI) = 0.636, 尺度化一致性指数 (rescaled consistency, RC) = 0.258。最大简约树显示, 大多数靠近树基部的节点支持率很低 (BP < 50%, 图 2a), 它们之间的系统发育关系没有得到解析。但靠近树末端的近缘种间关系具有较高支持率 (BP > 70%), 比如奄美大岛石龙子与北美四线石龙子形成姐妹种

表 2 河南桐柏山 11 只刘氏石龙子的形态测量

Table 2 Measurements of eight specimens of *Plestiodon liui* collected in Tongbai Mountains, Henan Province

性状 Character	标本号 Specimen number										
	NY087	NY088	NY089	NY090	NY107	NY108	NY109	NY110	NY121	NY122	NY123
性别 Sex	雄♂	幼 Juvenile	幼 Juvenile	幼 Juvenile	雄亚成 Subadult ♂	幼 Juvenile	幼 Juvenile	雌♀	雄亚成 Subadult ♂	雌♀	雌♀
头体长 Snout vent length (mm)	73.49	37.53	39.96	33.5	67.57	35.56	40.17	63.86	66.96	64.81	68.92
尾长 Tail length (mm)	107.01	53.57	N.A.	N.A.	120.01	64.69	N.A.	N.A.	126.12	128.55	116.40
前肢长 Fore leg length (mm)	19.89	9.08	10.98	10.33	16.56	9.16	11.56	16.53	19.27	17.85	17.79
后肢长 Hind leg length (mm)	27.75	16.55	15.64	12.75	24.31	14.72	24.31	23.64	20.50	24.64	24.10
上鼻鳞 Supranasals	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
眶上鳞 Supraoculars	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
额顶鳞 Frontoparietals	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
顶鳞 Parietals	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
顶间鳞 Interparietals	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
颈鳞 Nuchals	2/2	2/1	2/2	2/2	1/2	2/2	2/2	2/2	2/1	2/2	2/2
颊鳞 Loreals	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
眶后鳞 Postoculars	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
眶后下鳞 Post-suboculars	4	4	4	5/4	4	4	4	4	4	4	4
上睫鳞 Superciliaris	7	7	8/9	8/9	7	8	7	7	9	8	9/7
眼睑鳞 Palpebrals	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E
颞鳞 Temporals	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2
耳孔瓣 Auricular lobules	3/3	2/3	4/3	2/2	2/2	3/2	2/2	2/2	2/2	4/1	3/2
上唇鳞 Supralabials	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7
下唇鳞 Infralabials	6/7	6/7	7	7	7	7	7	7	7	8	7
后颊鳞 Postmentals	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
颌片 (对) Chin-shields (Pairs)	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
背脊中央一行背鳞 Vertebrales	52	54	54	58	54	58	52	54	52	52	54
股间鳞 Interfemorals	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
肛前鳞 Preanal scales	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
环体一周鳞 Scales around mid-body	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24
尾下鳞 Subcaudals	73	N.A.	N.A.	N.A.	94	100	N.A.	N.A.	99	98	91
第 10 枚尾下鳞处尾周鳞 Scales around 10 th subcaudals	11	11	10	10	11	10	10	11	11	11	10
第四趾下瓣 Subdigital lamellae on 4 th toe	16	17	16	18	15	16	16	17	15	15	17

N.A. 无; E. 有; “/” 左/右; “-” 前-后。N.A. Not applicable; E. Existence; “/” left / right; “-” anterior - posterior.

表 3 基于 COI 基因估算的石龙子属部分物种间未校正的遗传距离

Table 3 Pairwise uncorrected genetic distance (p-distance) for COI gene fragments among some *Plestiodon* species examined in this study

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 刘氏石龙子 <i>Plestiodon liui</i>															
2 大渡石龙子 <i>P. tunganus</i>	0.140														
3 黄纹石龙子 <i>P. capito</i>	0.140	0.120													
4 日本五线石龙子 <i>P. latiscutatus</i>	0.132	0.153	0.143												
5 远东石龙子 <i>P. finitimus</i>	0.149	0.144	0.142	0.109											
6 日本石龙子 <i>P. japonicus</i>	0.149	0.146	0.144	0.116	0.072										
7 蓝尾石龙子 <i>P. elegans</i>	0.175	0.169	0.149	0.130	0.120	0.123									
8 中国石龙子 <i>P. chinensis</i>	0.177	0.175	0.161	0.141	0.147	0.148	0.146								
9 科罗纳多石龙子 <i>P. skiltonianus</i>	0.157	0.165	0.165	0.137	0.138	0.133	0.130	0.149							
10 鼯鼠石龙子 <i>P. eregius</i>	0.178	0.169	0.175	0.169	0.166	0.160	0.175	0.164	0.136						
11 煤石龙子 <i>P. anthracinus</i>	0.179	0.191	0.172	0.172	0.176	0.167	0.184	0.193	0.152	0.146					
12 大盆地石龙子 <i>P. obsoletus</i>	0.186	0.179	0.158	0.175	0.162	0.147	0.167	0.172	0.151	0.165	0.146				
13 奄美大岛石龙子 <i>P. multivirgatus</i>	0.176	0.159	0.148	0.169	0.182	0.169	0.191	0.173	0.157	0.168	0.156	0.148			
14 北美四线石龙子 <i>P. tetragrammus</i>	0.188	0.171	0.163	0.173	0.185	0.169	0.191	0.174	0.166	0.169	0.159	0.143	0.034		
15 五线石龙子 <i>P. fasciatus</i>	0.185	0.179	0.175	0.163	0.172	0.163	0.180	0.182	0.167	0.163	0.164	0.129	0.078	0.077	
16 吉氏石龙子 <i>P. gilberti</i>	0.190	0.189	0.180	0.194	0.194	0.182	0.187	0.163	0.165	0.173	0.186	0.143	0.123	0.129	0.131

(BP = 99%), 然后与五线石龙子聚成一支 (BP = 76%)。同样, 4 号刘氏石龙子样本聚在一起 (BP = 100%), 再与大渡石龙子和黄纹石龙子形成的支系聚在一起 (BP = 80%), 支持了黄纹石龙子种组 (*P. capito* group) 的单系性。

与最大简约 (MP) 树相似, 贝叶斯一致树 (图 2b) 中靠近树根部 3 个节点的支持率也很低 (PP < 0.90), 它们之间的系统发育关系没有得到解析。但近树末端的近缘种间关系也得到了较高支持 (PP > 0.95), 比如奄美大岛石龙子与北美四线石龙子形成姐妹种 (PP = 1.0), 远东石龙子与日本石龙子关系最近 (PP = 1.0)。同样, 4 号刘氏石龙子样本聚在一起 (PP = 1.0), 再与大渡石龙子和黄纹石龙子形成的支系 (PP = 0.88) 聚在一起 (PP = 1.0), 支持了黄纹石龙子种组的单系性。

3 讨论

我们发现的刘氏石龙子为河南省爬行动物分布新记录种。调查区域为淮河源头的桐柏山,

为北亚热带针阔混交林区域 (图 1e, f)。这是该物种在长江以北地区的首次发现。推测长江以北还有更多的刘氏石龙子分布区域, 这有待于进一步考察证实。已有研究表明, 作为天然地理屏障的长江对这片区域的种群分化有重要影响 (Zhang et al. 2007, 史文博等 2010, Geng et al. 2015)。此次在长江以北发现的刘氏石龙子在形态上与长江以南分布的该物种相比, 有一些变异, 如上睫鳞、耳孔瓣、下唇鳞和背脊中央一行背鳞数等。通过种群遗传学和谱系地理学研究, 则可能揭示刘氏石龙子谱系地理格局的时空演化, 并且为研究长江对种群分化或物种形成的影响积累新的素材。

本次发现的 11 号标本与刘氏石龙子的鉴定特征相吻合, 形态特征与前人研究 (赵尔宓等 1999) 基本一致。由于刘氏石龙子已发现的标本量很有限, 已有文献缺乏性二态描述 (Hikida et al. 1989, 赵尔宓等 1999, 黎振昌等 2011), 本文通过桐柏山标本对其可能的性二态特征进行了补充。但由于样本量较小, 相

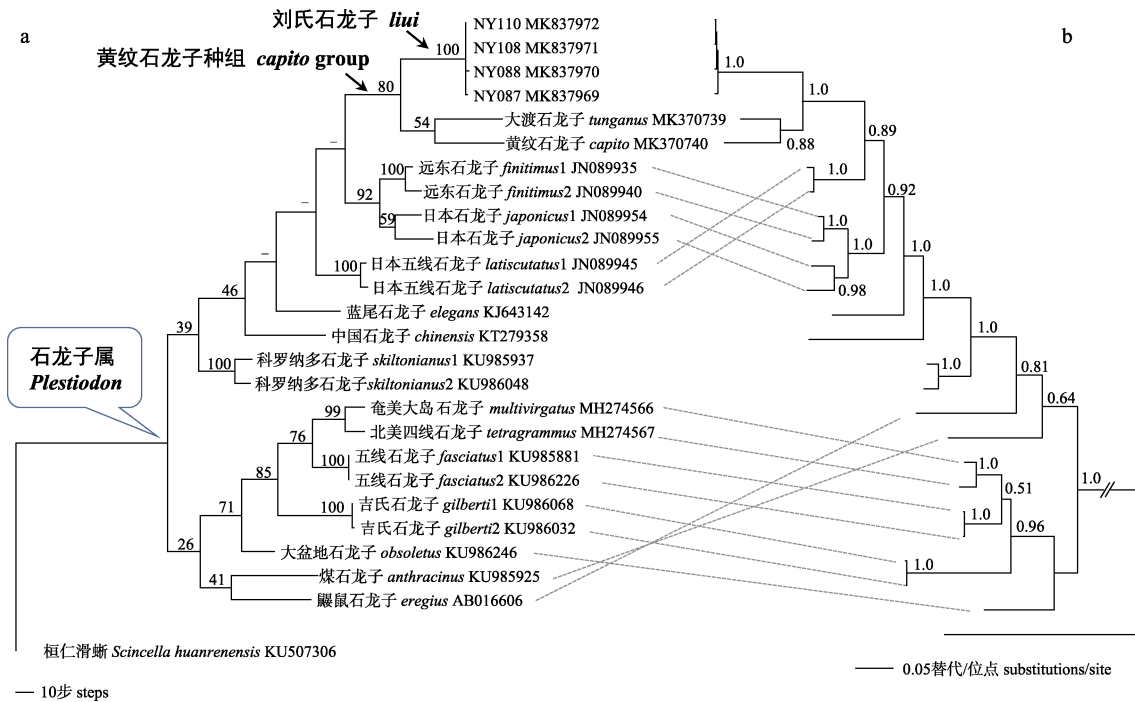


图 2 基于线粒体 COI 基因的石龙子属系统发育关系

Fig. 2 Phylogenetic relationships of genus *Plestiodon* based on COI gene of mitochondrial DNA

a. 基于 COI 基因在 PAUP* 软件中构建的石龙子属最大简约严格一致树，支上数值代表 1 000 次 bootstrap 分析的自展支持率，“-”代表 bootstrap 分析没有重现的节点，物种列有 GenBank 登录号；b. 基于 COI 基因在 MrBayes 3.2 软件中构建的石龙子属贝叶斯多数一致树，节点显示贝叶斯后验概率（<0.5 的未展示），支长代表平均后验分布。

a. Maximum parsimony strict consensus tree for *Plestiodon* species inferred from COI gene fragments by using PAUP*; numbers above the branch represent percent recovery in bootstrap analysis (1 000 pseudoreplicates); dashes represent nodes not recovered by bootstrap analyses; GenBank accession numbers are given with species names. b. COI gene majority-rule consensus tree for *Plestiodon* species inferred from partitioned Bayesian analyses by using MrBayes 3.2; node numbers show Bayesian posterior probabilities, with less than 0.5 not shown; branch lengths represent means of the posterior distribution.

关特征的确定，还需更多样本做进一步研究。

Hikida (1993) 运用支序系统学的原理，基于形态数据，首次对广义石龙子属 (*Eumeces sensu lato*) 蜥蜴进行系统发育重建。其结果表明，大渡石龙子与黄纹石龙子形成姐妹种，刘氏石龙子与崇安石龙子 (*P. popei*) 形成姐妹种，两组姐妹种形成的分支再聚为一个支系，即黄纹石龙子种组。随后，基于多基因的分系统发育分析 (Brandley et al. 2011, 2012) 支持了大渡石龙子与黄纹石龙子关系最近，并推测黄纹石龙子种组构成单系，但此项研究没有包括刘氏石龙子和崇安石龙子的样品。本项研究结

果一致地支持黄纹石龙子种组的单系性，并从分子水平探讨了刘氏石龙子的系统发育位置。后续分子系统发育研究，需要补充崇安石龙子样品，全面揭示黄纹石龙子种组的内部关系。

参 考 文 献

- Altschul S F, Madden T L, Schaffer A A, et al. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 25(17): 3389–3402.
- Brandley M C, Ota H, Hikida T, et al. 2012. The phylogenetic systematics of blue-tailed skinks (*Plestiodon*) and the family Scincidae. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 165(1): 163–189.

- Brandley M C, Wang Y, Guo X, et al. 2011. Accommodating heterogeneous rates of evolution in molecular divergence dating methods: an example using intercontinental dispersal of *Plestiodon (Eumeces)* lizards. *Systematic Biology*, 60(1): 3–15.
- Chambers E A, Hebert P D N. 2016. Assessing DNA barcodes for species identification in North American reptiles and amphibians in natural history collections. *PLoS One*, 11(4): e0154363.
- Chen M, Liu J, Chen D, et al. 2019. The complete mitochondrial genome of a blue-tailed skink (*Plestiodon tunganus*) endemic to Sichuan Basin. *Mitochondrial DNA Part B*, 4(1): 1109–1110.
- Felsenstein J P. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4): 783–791.
- Geng Q, Yao Z, Yang J, et al. 2015. Effect of Yangtze River on population genetic structure of the relict plant *Parrotia subaequalis* in eastern China. *Ecology and Evolution*, 5(20): 4617–4627.
- Hikida T. 1993. Phylogenetic relationships of the skinks of the genus *Eumeces* (Scincidae: Reptilia) from East Asia. *Japanese Journal of Herpetology*, 15(1): 1–21.
- Hikida T, Zhao E M. 1989. *Eumeces liui*: a new species of blue-tailed skink (Lacertia: Scincidae) from China. *Copeia*, (1): 110–114.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Kumazawa Y, Nishida M. 1999. Complete mitochondrial DNA sequences of the green turtle and blue-tailed mole skink: statistical evidence for archosaurian affinity of turtles. *Molecular Biology and Evolution*, 16(6): 784–792.
- Kurita K, Hidetoshi O, Tsutomu H, 2017a. A new species of *Plestiodon* (Squamata: Scincidae) from the Senkaku Group, Ryukyu Archipelago, Japan. *Zootaxa*, 4254: 520–536.
- Kurita K, Nakamura Y, Okamoto T, et al. 2017b. Taxonomic reassessment of two subspecies of Chinese skink in Taiwan based on morphological and molecular investigations (Squamata, Scincidae). *ZooKeys*, 687: 131–148.
- Lanfear R, Frandsen P B, Wright A M, et al. 2017. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34(3): 772–773.
- Larkin M A, Blackshields G, Brown N P, et al. 2007 Clustal W and Clustal X Version 2.0. *Bioinformatics*, 23(21): 2947–2948.
- Nagy Z T, Sonet G, Glaw F, et al. 2012. First large-scale DNA barcoding assessment of reptiles in the biodiversity hotspot of Madagascar, based on newly designed COI primers. *PLoS One*, 7(3): e34506.
- Okamoto T, Hikida T. 2012. A new cryptic species allied to *Plestiodon japonicus* (Peters, 1864) (Squamata: Scincidae) from eastern Japan, and diagnoses of the new species and two parapatric congeners based on morphology and DNA barcode. *Zootaxa*, 3436: 1–23.
- Park J, Koo K S, Kim I H, et al. 2016. Complete mitochondrial genomes of *Scincella vandenburghi* and *S. huanrenensis* (Squamata: Scincidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1(1): 237–238.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Schwarz G. 1978. Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*, 6(2): 461–464.
- Smith H M. 2005. *Plestiodon*: a replacement name for most members of the genus *Eumeces* in North America. *Journal of Kansas Herpetology*, 14: 15–16.
- Song T, Zhang C, Huang X, et al. 2016. Complete mitochondrial genome of *Eumeces elegans* (Squamata: Scincidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1): 719–720.
- Swofford D L. 2003. PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods), version 4.0b10. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates.
- Uetz P, Freed P, Hošek J. 2019. The Reptile Database. [DB/OL]. [2019-04-24]. <http://www.reptile-database.org>.
- Zhang C, Sun X, Chen L, et al. 2016. The complete mitochondrial genome of *Eumeces chinensis* (Squamata: Scincidae) and implications for Scincidae taxonomy. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6): 4691–4692.
- Zhang Z Y, Zheng X M, Ge S. 2007. Population genetic structure of *Vitex negundo* (Verbenaceae) in Three-Gorge area of the Yangtze River: the riverine barrier to seed dispersal in plants. *Biochemical Systematics and Ecology*, 35(8): 506–516.
- Zhao E M, Adler K. 1993. *Herpetology of China*. Oxford, OH: Society for the Study of Amphibians and Reptiles, 209–211.
- 蔡波, 王跃招, 陈跃英, 等. 2002. 中国爬行纲动物分类厘定. *生物多样性*, 23(3): 365–382.
- 黎振昌, 肖智, 刘少容. 2011. 广东两栖动物和爬行动物. 广州: 广东科技出版社, 140.
- 瞿文元, 路纪琪, 陈晓虹, 等. 2002. 河南省爬行动物地理区划研究. *四川动物*, 21(3): 142–146.
- 史文博, 王慧, 朱立峰, 等. 2010. 晚更新世气候波动及长江阻隔对小鹿皖南种群和大别山种群遗传分化与基因流模式的影响. *兽类学报*, 30(4): 390–399.

张珑, 何淑艳, 何少峰. 2012. 河南省石龙子一新记录种——黄纹石龙子. 河南科学, 30(1): 63-64.

赵尔宓, 赵肯堂, 周开亚, 等. 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, 226-228.