

# 河南信阳发现台湾灰麝鼯

蒋海军<sup>①②</sup> 胡理群<sup>①</sup> 周言言<sup>①②</sup> 赵海鹏<sup>③</sup> 路纪琪<sup>①②</sup> 田军东<sup>①②\*</sup>

① 郑州大学生命科学学院 郑州 450001; ② 郑州大学生物多样性与生态学研究所 郑州 450001;

③ 河南大学生命科学学院 开封 475004

**摘要:** 于 2013 年和 2018 年在河南信阳新县与泌河共采集到 3 号鼯鼠成年个体标本, 基于齿色特征初步鉴定为劳亚食虫目鼯鼠科麝鼯属 (*Crocidura*) 物种。对所采 3 号标本的 Cyt *b* 基因进行 PCR 扩增和测序, 测序结果与 GenBank 数据库进行比对, 并通过构建系统发育关系树进一步明确所采 3 只标本的分类地位。根据标本形态、头骨特征, 结合分子生物学证据, 确定该物种为台湾灰麝鼯 (*C. tanakae*), 为河南哺乳动物分布新记录种。标本现存于郑州大学生物多样性与生态学研究所 (编号分别为 IBE20131005、IBE2018100501 和 IBE2018100502)。

**关键词:** 台湾灰麝鼯; 鼯鼠科; 哺乳动物; 分布新记录种; 大别山; 河南

**中图分类号:** Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2022) 05-751-08

## Discovery of *Crocidura tanakae* (Mammalia: Soricidae) in Xinyang, Henan Province

JIANG Hai-Jun<sup>①②</sup> HU Li-Qun<sup>①</sup> ZHOU Yan-Yan<sup>①②</sup> ZHAO Hai-Peng<sup>③</sup>  
LU Ji-Qi<sup>①②</sup> TIAN Jun-Dong<sup>①②\*</sup>

① School of Life Sciences, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001; ② Institute of Biodiversity and Ecology, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001; ③ School of Life Sciences, Henan University, Kaifeng, Henan Province 475004, China

**Abstract:** Henan locates in the central of China and is characterized with transition area between Palearctic and Oriental regions in zoogeography. However, there is only few investigations of the third species-most abundant order Eulipotyphla, therefore limiting the study of zoogeography. In this study, we aimed to identify three shrews collected from Xinyang City, China, which would enrich the species diversity of Eulipotyphla in Henan Province, China. During October 2013, a shrew (voucher number IBE20131005) was collected from Baichong conservation station (31°36'54" N, 114°51'13" E) of Liankangshan National Nature Reserve, Xinxian, Xinyang, Henan Province, China; and during May 2018 two shrews (voucher number IBE2018100501 and IBE2018100502) were collected from Dahuwan (32°18'57" N, 113°48'5" E), Wujiadian Town, Shihe District, Xinyang, Henan Province, China. Based on the morphological characteristics (Fig.1),

**基金项目** 郑州大学青年骨干教师培养计划项目 (No. 2021ZDGGJS049);

\* 通讯作者, E-mail: tianjd@zzu.edu.cn;

**第一作者介绍** 蒋海军, 男, 博士研究生, 研究方向: 动物生态研究, E-mail: jhj2021@163.com。

收稿日期: 2022-01-05, 修回日期: 2022-06-13 DOI: 10.13859/j.cjz.202205011

the three shrews could be assigned as species from genus *Crocidura*. In order to identify the taxonomic status, the morphological and skull variables of these shrews were measured and compared with topotype specimen (Table 1), and then phylogenetic relationship (Fig. 2) within genus *Crocidura* was analyzed using *Cyt b* sequences and K2P genetic distance was also estimated by using *Cyt b* sequences. The cranial length (CIL) of the specimen IBE2018100501 is 20.40 mm (Table 1). The cranial width (CB) is 9.62 mm, the orbital width (IOB) is 4.79 mm, the great width measured at anterior labial margins of 2<sup>nd</sup> upper molars ( $M^2-M^2$ ) is 6.16 mm, the upper dentition length (UTRL) is 9.14 mm, and the lower dentition length (LMTR) is 8.13 mm. The genetic distance of K2P between Henan Province and other regions is 0.1% - 1.2%. Both morphological (Fig. 1) and phylogenetic analyses (Fig. 2) suggested that the three shrews were *Crocidura tanakae*, a new record of mammals in Henan Province, China. This study also suggested the north-most distribution of *C. tanakae* was higher than previous record. The *C. tanakae* collected from the three locations of Mt. Dabieshan showed a very close phylogenetic relationship but further phylogenetic relationship with populations collected from Mt. Huangshan area located close to the south edge of Changjiang River, which suggested the river could be a natural barrier for the gene flows of this species. The specimens (voucher number IBE20131005, IBE2018100501 and IBE2018100502) were stored at the Institute of Biodiversity and Ecology, Zhengzhou University.

**Key words:** *Crocidura tanakae*; Soricidae; Mammalia; New record; Mt. Dabieshan; Henan Province

河南省地处中国中部偏东, 位于北亚热带与暖温带过渡地区, 动物地理区系成分兼具古北界和东洋界的特点 (杨有乾等 1992)。河南现生哺乳动物中, 啮齿目 (Rodentia) 动物有 5 科 27 种, 以古北界动物区系成分为主 (53.3%), 兼具古北界和东洋界动物区系的特点 (路纪琪等 2012), 翼手目 (Chiroptera) 动物有 3 科 26 种, 以东洋界 (42.3%) 和广布种 (42.3%) 为主 (牛红星 2008)。然而, 作为哺乳动物中第三大类群的劳亚食虫目 (Eulipotyphla), 其本底资源调查与动物地理区系的研究, 不仅相对滞后, 甚至颇为混乱, 通过梳理文献资料, 河南仅记录有 3 科 7 属 9 种 (刘娟等 2021)。因此, 劳亚食虫目动物本底资源调查, 对探究河南哺乳动物多样性与动物地理区系具有重要意义。

2013 年 10 月, 在河南省信阳新县连康山国家级自然保护区百冲保护站 (31°36'54" N, 114°51'13" E) 捕获 1 只成年鼯鼠 (编号为 IBE20131005, 标本损伤严重, 无法鉴定性别), 标本保存于 95% 乙醇。2018 年 10 月, 在河南

省信阳市浉河区吴家店镇大胡湾 (32°18'57" N, 113°48'5" E) 捕获 2 只鼯鼠 (编号为 IBE2018100501 的成年雌性个体和编号为 IBE2018100502 腐败严重的未知性别成年个体), 经冻存后浸泡于无水乙醇。基于齿色特征, 初步鉴定所获 3 只鼯鼠均为鼯鼠属 (*Crocidura*) 物种。随后, 制作所获动物头骨标本, 测量相关指标; 测定了 3 个个体的 *Cyt b* 基因全序列, 构建其系统发育关系, 旨在确定所获动物的分类地位。标本采集地均位于大别山区, 标本现存于郑州大学生物多样性与生态学研究所。

## 1 研究方法

### 1.1 头骨形态测量比较

参照 Jiang 等 (2001) 和杨奇森等 (2005, 2007) 的方法, 利用直尺测量动物后足长 (hind foot length, HFL), 利用数显游标卡尺 (上海阡齐, 量程 0 ~ 200 mm, 精度 0.01 mm) 测量头骨的颅全长 (condyloincisive length, CIL)、颅宽 (cranial breadth, CB)、眶间宽 (Interorbital breadth) 以及第二上臼齿外宽 (great width

measured at anterior labial margins of 2<sup>nd</sup> upper molars, M<sup>2</sup>-M<sup>2</sup>)、上齿列长 (upper toothrow length, UTRL) 和下齿列长 (lower toothrow length, LTRL) 等 6 项指标。通过与正模标本 (Kuroda 1938) 以及模式产地标本 (Fang et al. 1997, Motokawa et al. 2001) 进行比较, 鉴定物种。

## 1.2 系统发育分析

灭菌剪取 3 只鼯鼯标本的肌肉组织, 利用 TIANamp 基因组 DNA 提取试剂盒 (天根生化科技有限公司, 北京) 提取 DNA。参照文献 (He et al. 2010), 合成扩增 Cyt *b* 基因引物 (L14724-hk3: 5'-GGA CTT ATG ACA TGA AAA ATC ATC GTT G-3', H15915-hk3: 5'-GAT TCC CCA TTT CTG GTT TAC AAG AC-3', 郑州擎科智美生物科技有限公司)。PCR 扩增反应体系为 25  $\mu$ l, 包括正、反引物和 DNA 模板各 1  $\mu$ l, 其中, 引物浓度为 10 mg/L, DNA 模板浓度为 172.4 mg/L, 以及金牌 Mix 即用型快速 PCR 预混液 (TSINGKE TSE101) (北京擎科新业生物技术有限公司, 北京) 22  $\mu$ l。PCR 程序设为, 98  $^{\circ}$ C 2 min; 98  $^{\circ}$ C 10 s, 57  $^{\circ}$ C 10 s, 72  $^{\circ}$ C 15 s, 共计 32 个循环; 72  $^{\circ}$ C 1 min。PCR 扩增产物经电泳质控后, 将质控合格的产物送郑州擎科智美生物科技有限公司进行测序。

采用 MEGA 5.0 软件, 对测序结果进行人工校对、拼接和检测, 并将所获序列在 NCBI 在线平台 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 的 Nucleotide BLAST 进行序列相似性检索。自 NCBI 数据库下载麝鼯属的山东小麝鼯 (*C. shantungensis*, GenBank 索引号 AB077081、AB077082 和 AB077278)、西伯利亚麝鼯 (*C. sibirica*, GenBank 索引号 HM586993 和 HM586996)、灰麝鼯 (*C. attenuata*, GenBank 索引号 MK765721 和 MK765722) 和台湾灰麝鼯 (*C. tanakae*, GenBank 索引号 AB175080、AB175081、GU358531、MH429124、MH429126、MK765706、MK765707、

MK765723、MK765724、MK765725、MK765726、MK881609、MK881610 和 MK881611, 其中, AB175080 和 AB175081 为地模标本序列) 4 个物种的完整 Cyt *b* 基因序列共计 21 条。选择臭鼯 (*Suncus murinus*) (GenBank 索引号 AB033610 和 AB175074) 作为外群。先用 jModeltest 2.1.3 软件确定最佳核苷酸替代进化模型 (Darriba et al. 2012)。在 IQTREE Web Serve (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>) 平台构建最大似然树, 选择超快似然法构建系统树, 运用 Ultrafast 运算法则进行 1 000 次重复计算, 最多迭代数为 1 000, 最小收敛值为 0.99 (Trifinopoulos et al. 2016)。以后验概率 (posterior probability, PP) 表示进化树各分支的可信度, 若后验概率大于 95, 则认为该发育支的支持度较高, 采用 Figtree v 1.4.2 软件 (Rambaut 2009) 对树图进行调整。

## 2 结果

### 2.1 形态特征和头骨参数

采集于河南省信阳市浉河区编号 IBE2018100501 的标本为成年雌性。编号 IBE20131005 (新县) 和 IBE2018100502 (浉河区) 的标本依牙齿特征鉴别为成体, 但因腐败较为严重而未能辨识其性别, 可见尾毛长而稀疏并测得此两号标本的后足长 (表 1)。与台湾灰麝鼯正模标本以及模式产地标本形态指标比较列于表 1, 并对保存较完整的 IBE2018100501 标本头骨 (图 1) 进行分类特征测量 (表 1)。

### 2.2 系统发育关系

本研究共扩增出 3 号标本的 Cyt *b* 基因序列 (GenBank 索引号 ON624126 ~ ON624128), 利用 NCBI 的 Nucleotide BLAST 进行序列相似性检索, 本研究所采标本的 Cyt *b* 基因序列与台湾灰麝鼯的 Cyt *b* 基因序列 (GenBank 索引号 MK765726) 覆盖度为 100%, 相似度达 99.82%。

系统发生关系分析显示, 台湾灰麝鼯整体

表 1 中国台湾和河南的台湾灰麝鼯后足长和头骨量度汇总 (单位: mm)

Table 1 Summary of hind-foot lengths and skull measurements of *Crocidura tanakae* from Henan and Taiwan Provinces, China (Unit: mm)

标本编号 Sample ID	后足长 Hind foot length	颅全长 Condy loincisive length	颅骨宽 Cranial breadth	眶间宽 Interorbital breadth	上齿列长 Length of upper molars	下齿列长 Length of below tooth row	上颌第二白齿外宽 M <sup>2</sup> to M <sup>2</sup> width	参考文献 Reference
正模标本 Holotype	12.00	20.00	8.80	4.50	9.00	-	-	Kuroda 1938
台湾 1 Taiwan 1 TW1 ( <i>n</i> = 11)	13.05 ± 0.54 12.0 - 13.8	20.85 ± 0.41 19.94 - 21.31	9.22 ± 0.22 8.87 - 9.50	4.62 ± 0.10 4.47 - 4.74	9.33 ± 0.19 8.87 - 9.54	8.46 ± 0.26 7.93 - 8.72	6.41 ± 0.13 6.20 - 6.58	Motokawa et al. 2001
台湾 2 Taiwan 2 TW2 ( <i>n</i> = 30)	13.2 ± 0.4 11.9 - 14.5	20.84 ± 0.42 20.03 - 21.82	-	-	9.29 ± 0.16 8.73 - 9.62	6.32 ± 0.14 5.96 - 6.62	6.33 ± 0.16 5.98 - 6.68	Fang et al. 1997
IBE2018100501 ♂	-	20.44	9.62	4.79	9.14	8.13	6.16	
IBE2018100502	12.4	-	-	-	-	7.72	-	本研究 This study
IBE20131005	12.7	-	-	-	-	8.05	-	

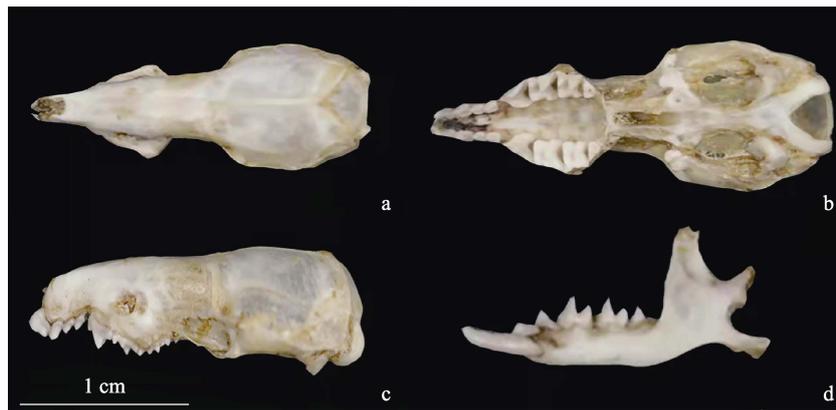


图 1 河南省信阳市浉河区鼯鼯标本 (IBE2018100501 ♀) 的头骨及下颌骨图

Fig. 1 Cranium and mandible of *Crocidura tanakae* from Shihe District, Xinyang City, Henan Province (IBE2018100501 ♀)

a. 上颌骨正面观; b. 上颌骨背面观; c. 上颌骨侧面观; d. 下颌骨侧面观。

a. Dorsal view of the cranium; b. Ventral view of the cranium; c. Lateral view of the cranium; d. Lateral view of the mandible.

以极高支持率聚为一支 (后验概率为 100%), 其中, 湖南标本处于这一物种的基部地位, 中国台湾的地模标本与湖北兴山县和安徽黄山标本形成并系, 而河南信阳标本与湖北孝感 (MK765725 和 MK765726) 和安徽六安 (MK765724 和 MK765723) 的标本形成并系 (图 2)。基于 *Cyt b* 进行 K2P 遗传距离估算, 本研究采集鼯鼯与其他地区台湾灰麝鼯的遗传

距离为 0.1% ~ 1.2%; 其中, 本研究所采鼯鼯与模式标本产地台湾灰麝鼯样品的最大遗传距离为 1.2%, 与湖北孝感和安徽六安台湾灰麝鼯的遗传距离分别为 0.1% 和 0.2%, 而与湖北兴山县台湾灰麝鼯的遗传距离为 0.6%, 与安徽黄山台湾灰麝鼯的遗传距离为 0.7%。此外, 本研究中台湾灰麝鼯与所选的本属其他物种的遗传距离均在 11.5% 以上。

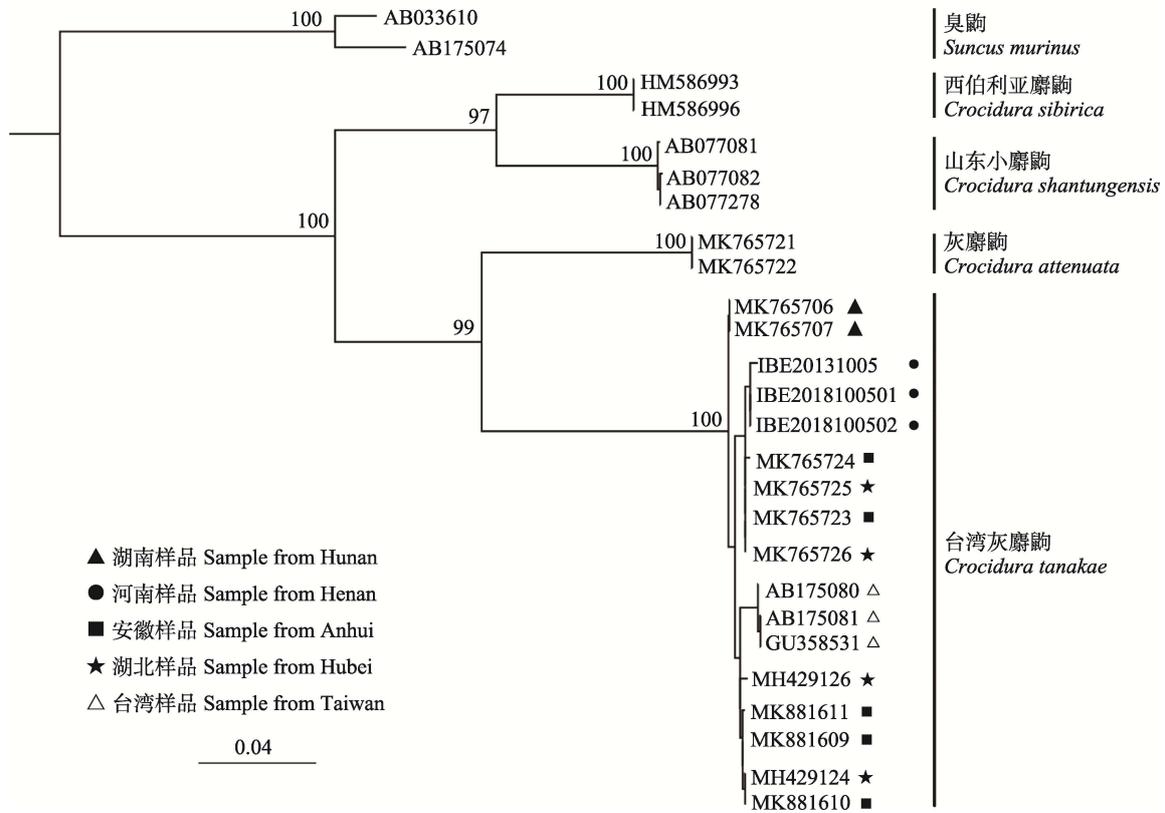


图 2 基于线粒体 *Cyt b* 基因构建的麝鼯属部分物种最大似然树

Fig. 2 The maximum likelihood tree based on complete mitochondrial *Cyt b* gene of selected *Crocidura* species

节点数值表示支持率，数值越大支持度越高，反之则支持度低；每一分支末端编号为该物种线粒体 *Cyt b* 序列在 NCBI 数据库的编号；左下角为距离标尺。

Node values above the branches indicate posterior probabilities, the bigger values indicating higher probability, the lower indicating lower probability; the code after the branch end means the accession number in NCBI database; the line in the bottom left corner means the distance scale of the tree.

### 3 讨论

#### 3.1 河南标本鉴定

基于标本尾部有稀疏毛发、牙齿色素缺失以及头骨量度数据，本研究所采麝鼯标本与台湾灰麝鼯模式标本相关形态参数较为一致，可初步鉴定为台湾灰麝鼯。基于线粒体 *Cyt b* 基因的系统发育关系分析，本研究所采标本与来自其他地区的台湾灰麝鼯标本聚为一支，且支持率极高（后验概率为 100%）。刘娟等（2021）综合河南省劳亚食虫目调查结果显示，河南地区尚未有台湾灰麝鼯分布报道。综合形态特征

鉴别与系统发育关系分析，支持本研究所获麝鼯为台湾灰麝鼯，是河南哺乳动物分布新记录种，分布于豫南大别山区。

#### 3.2 台湾灰麝鼯的地理分布

台湾灰麝鼯隶属于劳亚食虫目（Eulipotyphla）鼯鼯科（Soricidae）麝鼯属，其模式标本产地为台湾南投县埔里镇，Kuroda（1938）基于模式标本将其描述为新种，Ellerman 和 Morrison-Scott（1951）则将其归为灰麝鼯的亚种，Motokawa 等（1997，2001）基于台湾灰麝鼯和灰麝鼯两者之间染色体核型的差异而恢复其

物种地位。

台湾灰麝鼯曾被认为仅分布于我国的台湾地区，且与灰麝鼯形态特征和形态差异不显著 (Li et al. 2019)。然而，近年来的研究显示，早期明显低估了台湾灰麝鼯分布范围，因为通过传统的形态分类可能将台湾灰麝鼯误鉴定为灰麝鼯，而通过分子遗传标记分析则能清楚地区分两个物种 (陈中正等 2019, 雷博宇等 2019, Li et al. 2019)。本研究中编号 IBE20131005 的标本采集自常绿落叶阔叶混交林，另外两个标本则采自丘陵农耕区，这与此前研究结果相一致 (程峰等 2017, 陈中正等 2019, 雷博宇等 2019)。此外，不仅雷博宇等 (2019) 对台湾灰麝鼯在东经 110°至 120°之间有分布的推测被本研究 (113°48'5" E 和 114°51'13" E)、Li 等 (2019) (114°11'24" E 和 116°33'00" E) 和陈中正等 (2019) (118°30'11" E 和 118°41'47" E) 的研究所证实，而且本研究将雷博宇等 (2019) 报道的台湾灰麝鼯分布北缘 (31°27'49" N) 向北推移近 1° (32°18'57" N) (图 3)。根据台湾灰麝鼯的上述分布生境特征以及可能的自然地理屏障 (如大江、大河等) 推测，该物种东部分布北缘可能抵至河南信阳淮河南岸 (约 32°32' N)，而西部分布北缘可能靠近湖北十堰市的汉江南岸 (约 32°48' N)。

基于 *Cyt b* 序列的系统进化树分析，本研究所采的台湾灰麝鼯与采自湖北孝感双峰山 (31°10'48" N, 114°11'24" E, Li et al. 2019) 和安徽六安大别山风情谷 (31°28'12" N, 116°33'00" E, Li et al. 2019) 的台湾灰麝鼯形成并系。但是，安徽南部地区 (陈中正等 2019) 台湾灰麝鼯并未直接与大别山地区 (陈中正等 2019) 个体紧密聚为一支，而是与湖北兴山县 (雷博宇等 2019) 和中国台湾 (Ohdachi et al. 2004, Esselstyn et al. 2010) 的标本形成并系；此外，安徽 (陈中正等 2019) 和湖北地区 (Li et al. 2019) 的样品都没有形成并系关系，可能由长江干流与支流的隔离所致 (图 3)。由于目前所获样本量有限，难以系统分析



图 3 本研究中用于分析的台湾灰麝鼯采样位点

Fig. 3 Sampling sites of *Crocidura tanakae* used for analysis in this study

1. 湖北兴山 (雷博宇等 2019); 2. 河南信阳泌河 (本研究); 3. 河南信阳新县 (本研究); 4. 湖北孝感 (Li et al. 2019); 5. 安徽六安 (Li et al. 2019); 6. 安徽黄山 (陈中正等 2019); 7. 安徽旌德 (陈中正等 2019); 8. 台湾台中 (Ohdachi et al. 2004, Esselstyn et al. 2010)。

1. Kingshan, Hubei (Lei et al. 2019); 2. Shihe District, Xinyang, Henan (This study); 3. Xinxian, Xiyang, Henan (This study); 4. Xiaogan, Hubei (Li et al. 2019); 5. Lu'an, Anhui (Li et al. 2019); 6. Huangshan, Anhui (Chen et al. 2019); 7. Jingde, Anhui (Chen et al. 2019); 8. Taizhong, Taiwan (Ohdachi et al. 2004, Esselstyn et al. 2010).

该物种的谱系地理遗传结构，故有待补充更多采样地标本及分子遗传标记数据，以开展相应工作。

### 3.3 河南食虫动物多样性

河南食虫类物种多样性研究可追溯至 20 世纪 60 年代 (周家兴等 1961, 周家兴 1962)，此后仅见于科学考察集等文献资料，但多缺乏可核验标本 (刘娟等 2021)。近年来，科研工作者对伏牛山、桐柏山和大别山等地区劳亚食虫目动物多样性颇为关注，在河南及周边地区多有食虫动物新记录物种、新物种的报道。例如，周言言等 (2020) 在河南洛阳栾川境内的

伏牛山采集到川西缺齿鼩 (*Chodsigoa hypsibia*), 为河南哺乳动物新分布记录; Li 等 (2019) 在大别山西南侧的湖北孝感双峰山 (紧邻河南信阳) 采集到台湾灰麝鼩, 为该物种东西连续分布提供了支撑; Hu 等 (2021) 则在大别山东北侧的安徽六安霍山佛子岭自然保护区发现新物种——大别山鼩鼯 (*Uropsilus dabieshanensis*)。基于本研究 and 上述分析, 以及河南地处动物地理区划古北界和东洋界 (中国动物地理区划华北区与华中区) 的过渡地带 (路纪琪等 1996), 故可推测河南劳亚食虫目物种多样性可能被低估, 亟待开展劳亚食虫目动物本底调查。

## 参 考 文 献

- Darriba D, Taboada G L, Doallo R, et al. 2012. Jmodeltest 2: More models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8): 772.
- Ellerman J R, Morrison-Scott T C S. 1951. Checklist of Palaearctic and Indian mammals, 1758 to 1946. London: Order of the Trustees of the British Museum.
- Esselstyn J A, Oliveros C H. 2010. Colonization of the Philippines from Taiwan: A multi-locus test of the biogeographic and phylogenetic relationships of isolated populations of shrews. *Journal of Biogeography*, 37(8): 1504–1514.
- Fang Y P, Lee L L, Yew F H, et al. 1997. Systematics of white toothed shrews (*Crocidura*) (Mammalia: Insectivora: Soricidae) of Taiwan: Karyological and morphological studies. *Journal of Zoology*, 242(1): 151–166.
- He K, Li Y J, Brandley M C, et al. 2010. A multi-locus phylogeny of Nectogalini shrews and influences of the paleoclimate on speciation and evolution. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 56(2): 734–746.
- Hu T L, Xu Z, Zhang H, et al. 2021. Description of a new species of the genus *Uropsilus* (Eulipotyphla: Talpidae: Uropsilinae) from the Dabie Mountains, Anhui, Eastern China. *Zoological Research*, 42(3): 294–299.
- Jiang X L, Hoffman R S. 2001. A revision of the white-toothed shrews (*Crocidura*) of southern China. *Journal of Mammalogy*, 82(4): 1059–1079.
- Kuroda N. 1938. A list of the Japanese Mammals. Tokyo: Privately Published, 122.
- Li Y, Li H, Motokawa M, et al. 2019. A revision of the geographical distributions of the shrews *Crocidura tanakae* and *C. attenuata* based on genetic species identification in the mainland of China. *ZooKeys*, 869: 147–160.
- Motokawa M, Harada M, Lin L K, et al. 1997. Karyological study of the gray shrew *Crocidura attenuata* (Mammalia: Insectivora) from Taiwan. *Zoological Studies*, 36(1): 70–73.
- Motokawa M, Harada M, Wu Y, et al. 2001. Chromosomal polymorphism in the gray shrew *Crocidura attenuata* (Mammalia: Insectivora). *Zoological Science*, 18(8): 1153–1160.
- Ohdachi S D, Iwasa M A, Nesterenko V A, et al. 2004. Molecular phylogenetics of *Crocidura* shrews (Insectivora) in east and central Asia. *Journal of Mammalogy*, 85(3): 396–403.
- Rambaut A. 2009. FigTree, a graphical viewer of phylogenetic trees. Edinburgh: Institute of Evolutionary Biology University of Edinburgh.
- Trifinopoulos J, Nguyen L T, von Haeseler A, et al. 2016. W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Research*, 44(W1): W232–W235.
- 陈中正, 唐宏谊, 唐肖凡, 等. 2019. 安徽黄山和宣城发现台湾灰麝鼩. *动物学杂志*, 54(6): 815–819.
- 程峰, 万韬, 陈中正, 等. 2017. 云南兽类鼩鼯科一新纪录——台湾灰麝鼩. *动物学杂志*, 52(5): 865–869.
- 雷博宇, 岳阳, 崔继法, 等. 2019. 湖北省兽类新纪录——台湾灰麝鼩. *兽类学报*, 36(2): 218–233.
- 刘娟, 张向锋, 王慧君, 等. 2021. 河南食虫类物种多样性研究现状与展望. *河南林业科技*, 41(4): 26–29.
- 路纪琪, 王廷正. 1996. 河南省啮齿动物区系与区划研究. *兽类学报*, 16(2): 119–128.
- 路纪琪, 王振龙. 2012. 河南啮齿动物区系与生态. 郑州: 郑州大学出版社, 59–69.
- 牛红星. 2008. 河南省翼手类区系分布与系统学研究. 石家庄: 河北师范大学博士学位论文.
- 杨奇森, 夏霖, 冯祚建, 等. 2007. 兽类头骨测量标准 V: 食虫目、翼手目. *动物学杂志*, 42(2): 56–62.
- 杨奇森, 夏霖, 马勇, 等. 2005. 兽类头骨测量标准 I: 基本量度. *动物学杂志*, 40(3): 50–56.
- 杨有乾, 葛荫榕, 和振武. 1992. 河南省志 第八卷动物志. 郑州: 河南人民出版社, 1.
- 周家兴. 1962. 河南省动物区划界线问题——动物地理区划中古北区和东洋区在河南省境内过渡界线的探讨. *新乡师范学院学报*, (3): 62–77.
- 周家兴, 郭田岱, 瞿文元. 1961. 河南省哺乳动物目录 (包括新纪

录 43 种). 新乡师范学院学报, (2): 45-52.  
周言言, 柯金钊, 苏龙飞, 等. 2020. 河南食虫动物分布新纪录——

川西缺齿鼯 (*Chodsigoa hypsibia* de Winton, 1899). 兽类学报, 40(6): 646-650.