



数据论文 Data Paper

重庆首次记录宁陕脊蛇并描述一新亚种

吴参参¹, 李先琦^{1,2}, 吴昊¹, 曹静¹,
铁民华^{1,2}, 买世宝¹, 郑昌兵^{3*}, 袁智勇^{1*}

- (1. 西南大学生命科学学院, 淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室, 重庆 400715;
2. 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, 昆明 650224;
3. 重庆阴条岭国家级自然保护区管理事务中心, 重庆 405800)

稿件运行过程

收稿日期: 2025-09-19

修回日期: 2025-10-24



关键词: 脊蛇属;

宁陕脊蛇重庆亚种;

新纪录;

重庆市

Keywords: *Achalinus*;

Achalinus ningshanensis

chongqingensis ssp. nov.;

New record;

Chongqing

中图分类号: Q959.6

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2026)-03-0461-08

DOI: 10.12375/ysdwx.202509013

摘要

2025年5—7月,在重庆阴条岭国家级自然保护区和巫山县当阳乡共采集到3号脊蛇属(*Achalinus*)标本,经形态比较和基于线粒体 COI 基因的分子系统发育分析,鉴定其为宁陕脊蛇(*A. ningshanensis*),是该物种在重庆市的新纪录。其中,2号标本(SWU 0015230、SWU 0015643)在形态上以颌片2对区别于指名亚种(*A. n. ningshanensis*),以雄性腹鳞169枚、雄性尾下鳞52枚和雌性尾下鳞48枚区别于华西亚种(*A. n. occidentalis*),并在系统发育树中独立成支,与指名亚种、华西亚种的遗传距离分别为2.37%和4.22%。综合上述证据,将这2号标本定为宁陕脊蛇重庆亚种(*Achalinus ningshanensis chongqingensis* ssp. nov.)。此外,另1号采自重庆阴条岭国家级自然保护区的标本(SWU 0016884)与指名亚种聚为一支,二者遗传距离仅为0.87%,鉴定该标本为宁陕脊蛇指名亚种。本研究为重庆市爬行动物多样性提供了新资料。

First Record of *Achalinus ningshanensis* in Chongqing, with a Description of a New Subspecies

WU Cancan¹, LI Xianqi^{1,2}, WU Hao¹, CAO Jing¹,
TIE Minhua^{1,2}, MAI Shibao¹, ZHENG Changbing^{3*}, YUAN Zhiyong^{1*}

基金项目: 重庆阴条岭国家级自然保护区两栖爬行动物资源专项调查项目

第一作者简介: 吴参参(2004—),女,硕士研究生;主要从事动物多样性与演化研究。E-mail:lhzc0624@163.com

*通信作者: 郑昌兵, E-mail:552151709@qq.com;袁智勇, E-mail:yuanzhiyongkiz@126.com

- (1. Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development (Ministry of Education),
School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China;
2. Key Laboratory of Conservation of Extremely Small Populations of Wildlife in Yunnan Universities,
Southwest Forestry University, Kunming 650224, China;
3. Chongqing Yintiaoling National Nature Reserve Administration Center, Chongqing 405800, China)

Abstract: Between May and July 2025, three specimens of the genus *Achalinus* were collected from the Chongqing Yintiaoling National Nature Reserve and Wushan County, Chongqing, China. Based on morphological comparison and molecular phylogenetic analysis of the mitochondrial *COI* gene, the specimens were identified as *A. ningshanensis*, representing a new species record in Chongqing. Two of the specimens (SWU 0015230, SWU 0015643) are morphologically diagnosed as follows: they possess two pairs of chin-shields, which distinguishes them from the nominate subspecies *A. n. ningshanensis*, and they differ from the *A. n. occidentalis* by having 169 ventral scales in the male, along with 52 subcaudal scales in the male and 48 in the female. Phylogenetically, two specimens formed an independent clade, with genetic distances of 2.37% from *A. n. ningshanensis* and 4.22% from *A. n. occidentalis*. Based on the combined morphological and molecular evidence, we designate these two specimens as a new subspecies, *Achalinus ningshanensis chongqingensis* **ssp. nov.** Additionally, the remaining specimen (SWU 0016884), also collected from the Chongqing Yintiaoling National Nature Reserve, clustered with *A. n. ningshanensis* and exhibited a genetic distance of only 0.87%, confirming its identity as the nominate subspecies. This study provides new data on the reptilian diversity of Chongqing.

闪皮蛇科(Xenodermidae)脊蛇属(*Achalinus*)物种是一类体型较小、穴居夜行性蛇类,因其行踪隐秘,在野外不易被发现^[1-3]。目前脊蛇属共30个物种^[4]。宁陕脊蛇(*A. ningshanensis*)由Yang et al.^[1]在2022年首次描述发表,模式产地为陕西省宁陕县。2024年,Xu et al.^[2]基于更广泛的标本采集、更全面的形态学与分子数据,将分布于陕西南部 and 四川东北部的种群厘定为宁陕脊蛇指名亚种(*A. n. ningshanensis*),并将四川西部和陕西西南部的种群描述为新亚种——宁陕脊蛇华西亚种(*A. n. occidentalis*)。这一研究揭示了宁陕脊蛇存在较高的地理分化,也提示在该物种已知分布区周边可能仍有未被发现的种群。

2025年5—7月,在重庆阴条岭国家级自然保护区及巫山县当阳乡开展两栖爬行动物资源调查时,共采集到3号脊蛇属标本,现保存于西南大学生命科学学院。分子系统发育分析显示,其中的2号标本虽归属于宁陕脊蛇支系,但其代表了一个相对独立的分支,且在形态学上与宁陕脊蛇指名亚种和华西亚种有可区别的鉴定特征,故将其描述为一新亚种——宁陕脊蛇重庆亚种(*Achalinus ningshanensis chongqingensis* **ssp. nov.**)。此外,来自重庆阴条岭

国家级自然保护区的另一标本在系统发育关系中与指名亚种聚为一支,鉴定为宁陕脊蛇指名亚种,是该亚种在重庆市分布的新纪录。本研究不仅首次确认了宁陕脊蛇在重庆市的分布,丰富了重庆市爬行动物多样性数据,也为深入理解该物种的地理分化与演化历史提供了新的材料和视角。

1 材料与方法

1.1 样本采集

2025年5—7月,在重庆阴条岭国家级自然保护区林口子片区(31°28'29.31"N, 109°53'10.35"E;海拔1326 m)、骡马店片区(31°32'48.90"N, 109°50'31.92"E;海拔1595 m)和重庆巫山县当阳乡(31°24'10.07"N, 110°03'17.28"E;海拔2052 m),各采集到1号脊蛇属标本,标本号依次是SWU 0015643(完整雄性成体)、SWU 0016884(残体,性别无法鉴定)和SWU 0015230(完整雌性成体)。其中,标本SWU 0016884在采集时正被一只侯氏猬(*Mesechinus hughi*)取食,仅残余尾部末端(图1),故无法进行性别鉴定和形态测量。对所有活体标本拍照记录生境与外部特征后,实施安乐死,随后剪取少量肝脏组织于95%乙醇中保存,用于后续分子实验。所有标本

固定后浸泡在 75% 乙醇中,保存于西南大学生命科学学院。现场采集信息及后续实验操作均遵守相关野生动物保护与管理法规。



图1 侯氏猬正在捕食宁陕脊蛇
Figure 1 *Mesechinus hughi* is preying on *Achalinus ningshanensis*

1.2 形态学测量

依据 Yang et al. [1] 与 Xu et al. [2] 的测量与鳞片计数方法,使用软尺测量标本的头体长、尾长和全长,精度为 1 mm;使用数显游标卡尺测量颊鳞高、颊鳞长、

鼻间鳞缝长、前额鳞缝长和眼径,精度为 0.01 mm;使用体视显微镜计数鳞片数目,包括额鳞、顶鳞、鼻间鳞、上唇鳞、下唇鳞、颌片、与第 1 对颌片相接的下唇鳞、颊鳞、眶前鳞、眶后鳞、颞鳞、眶上鳞、腹鳞、三段背鳞行数、肛鳞和尾下鳞。

1.3 分子系统发育分析

采用 Thermo Fisher Scientific 公司的 DNA 提取与纯化试剂盒提取组织样本中的总 DNA,所得产物于 -20 ℃ 冰箱保存备用。根据 Yang et al. [1]、Xu et al. [2] 的研究,分子标记采用线粒体 *COI* 基因。PCR 扩增引物使用 Chmf4 与 Chmr4 [5],反应程序为:95 ℃ 预变性 7 min;95 ℃ 变性 1 min,45 ℃ 退火 50 s,72 ℃ 延伸 50 s,35 个循环;72 ℃ 终延伸 10 min。PCR 产物使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测合格后送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序。参考 Xu et al. [2] 的研究,从 NCBI 数据库下载脊蛇属物种已发表的 *COI* 基因序列,并与本研究测定的序列进行整合分析。选用爪哇闪皮蛇 (*Xenodermus javanicus*) 和 *Stoliczka vanhnuailianai* 作为外群(表 1)。

表1 本研究使用的样本信息
Table 1 Sample information used in this study

物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher No.	GenBank 登录号 Accession No.	参考文献 Reference
宁陕脊蛇指名亚种 <i>Achalinus ningshanensis ningshanensis</i>	中国四川万源市	QHU 2023008	PQ507881	[2]
宁陕脊蛇指名亚种 <i>Achalinus ningshanensis ningshanensis</i>	中国陕西安康市	LFR 2023038	PP725557	[10]
宁陕脊蛇指名亚种 <i>Achalinus ningshanensis ningshanensis</i>	中国陕西安康市	QHU 2023006	PQ507879	[2]
宁陕脊蛇指名亚种 <i>Achalinus ningshanensis ningshanensis</i>	中国陕西安康市	QHU 2023007	PQ507880	[2]
宁陕脊蛇指名亚种 <i>Achalinus ningshanensis ningshanensis</i>	中国重庆巫溪县	SWU 0016884	PX458715	本研究
宁陕脊蛇华西亚种 <i>Achalinus ningshanensis occidentalis</i>	中国四川龙泉驿	QHU 2023013	PQ507884	[2]
宁陕脊蛇华西亚种 <i>Achalinus ningshanensis occidentalis</i>	中国四川龙泉驿	QHU 2023014	PQ507885	[2]
宁陕脊蛇华西亚种 <i>Achalinus ningshanensis occidentalis</i>	中国四川洪雅县	QHU 2024016	PQ507887	[2]
宁陕脊蛇重庆亚种 <i>Achalinus ningshanensis chongqingensis</i> ssp. nov.	中国重庆巫溪县	SWU 0015643	PX508961	本研究
宁陕脊蛇重庆亚种 <i>Achalinus ningshanensis chongqingensis</i> ssp. nov.	中国重庆巫山县	SWU 0015230	PX508962	本研究
青脊蛇 <i>Achalinus ater</i>	中国广西安江坪	CHS 584	MK064760	[11]
大别山脊蛇 <i>Achalinus dabieshanensis</i>	中国安徽岳西县	QHU 2024013	PQ507900	[2]
大明山脊蛇 <i>Achalinus damingensis</i>	中国广西南宁市	HSR 22147	OP644487	[12]
德化脊蛇 <i>Achalinus dehuaensis</i>	中国福建闽侯县	QHU 2023005	PQ507878	[2]
越北脊蛇 <i>Achalinus emilyae</i>	越南横蒲	IEBR 4465	MK330857	[3]
台湾脊蛇 <i>Achalinus formosanus</i>	中国台湾	RN 2002	KU529452	[2]
湖南脊蛇 <i>Achalinus hunanensis</i>	中国贵州	LFR 2024120	PQ281493	[2]

续表 1

物种 Species	采集地 Locality	标本号 Voucher No.	GenBank 登录号 Accession No.	参考文献 Reference
黄家岭脊蛇 <i>Achalinus huangjietangi</i>	中国浙江缙云县	QHU 2023001	PQ507886	[2]
井冈山脊蛇 <i>Achalinus jinggangensis</i>	中国福建	QHU 2023011	PQ507882	[2]
朱利安氏脊蛇 <i>Achalinus juliani</i>	越南高平	IEBR A. 2018. 8	MK330854	[3]
美姑脊蛇 <i>Achalinus meiguensis</i>	中国四川大邑县	QHU 2023012	PQ507883	[2]
南山脊蛇 <i>Achalinus nanshanensis</i>	中国湖南怀化市	HNNU 230901	OR523368	[13]
阿里山脊蛇 <i>Achalinus niger</i>	中国台湾	RN 0647	KU529433	[2]
攀枝花脊蛇 <i>Achalinus panzhihuaensis</i>	中国四川攀枝花	QHU 2024031	PQ507901	[2]
屏边脊蛇 <i>Achalinus pingbianensis</i>	中国云南红河	YBU 18273	MT365521	[14]
<i>Achalinus quangi</i>	越南山萝	ZVNU. 2022. 08	OQ197471	[15]
棕脊蛇 <i>Achalinus rufescens</i>	中国广东黑石顶	CHS 765	MK064864	[11]
沈氏脊蛇 <i>Achalinus sheni</i>	中国湖南涟源市	LFR 2023010	PP725556	[10]
黑脊蛇 <i>Achalinus spinalis</i>	中国重庆	QHU 2024018	PQ507889	[2]
<i>Achalinus timi</i>	越南山萝	IEBR A. 2018. 10	MK330856	[3]
<i>Achalinus trangensis</i>	越南宁平	VNUF R. 2018. 21	MW023086	[16]
<i>Achalinus vanhoensis</i>	越南山萝	VNUF R. 2019. 13	ON677935	[17]
杨氏脊蛇 <i>Achalinus yangdatongi</i>	中国云南文山市	KZ 034327	MW664865	[18]
云开脊蛇 <i>Achalinus yunkaiensis</i>	中国贵州	LFR 2024065	PQ281492	[2]
<i>Achalinus zugorum</i>	越南河江	IEBR 4698	MT502775	[19]
<i>Stoliczka vanhnuailianai</i>	印度米佐拉姆邦	BNHS 3656	OL422476	[20]
爪哇闪皮蛇 <i>Xenodermus javanicus</i>	印度尼西亚苏门答腊	—	KP410747	[21]

在 MEGA 11.0^[6]软件中对所有序列进行比对, 并采用 *p*-distance 模型估算种间和种内遗传距离。使用 IQ-TREE v2.3.6^[7]内置的 ModelFinder 进行最优核苷酸替代模型筛选, 最终确定最优模型为 GTR + F + I。在此模型基础上, 采用最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树。同时, 使用 MrBayes 3.2^[8]进行贝叶斯系统发育分析。根据计算的最优模型, 使用马尔可夫链蒙特卡罗链(MCMC)独立运算 4 次, 执行 500 万代, 每 1 000 代抽样一次。当分散频率标准差低于 0.01 时达到稳定, 舍弃前 25%。最后通过 Tracer v1.7.1^[9]评估各项参数的有效样本量(ESS)以 ESS > 200 作为收敛标准。

2 结果

2.1 分子系统发育分析

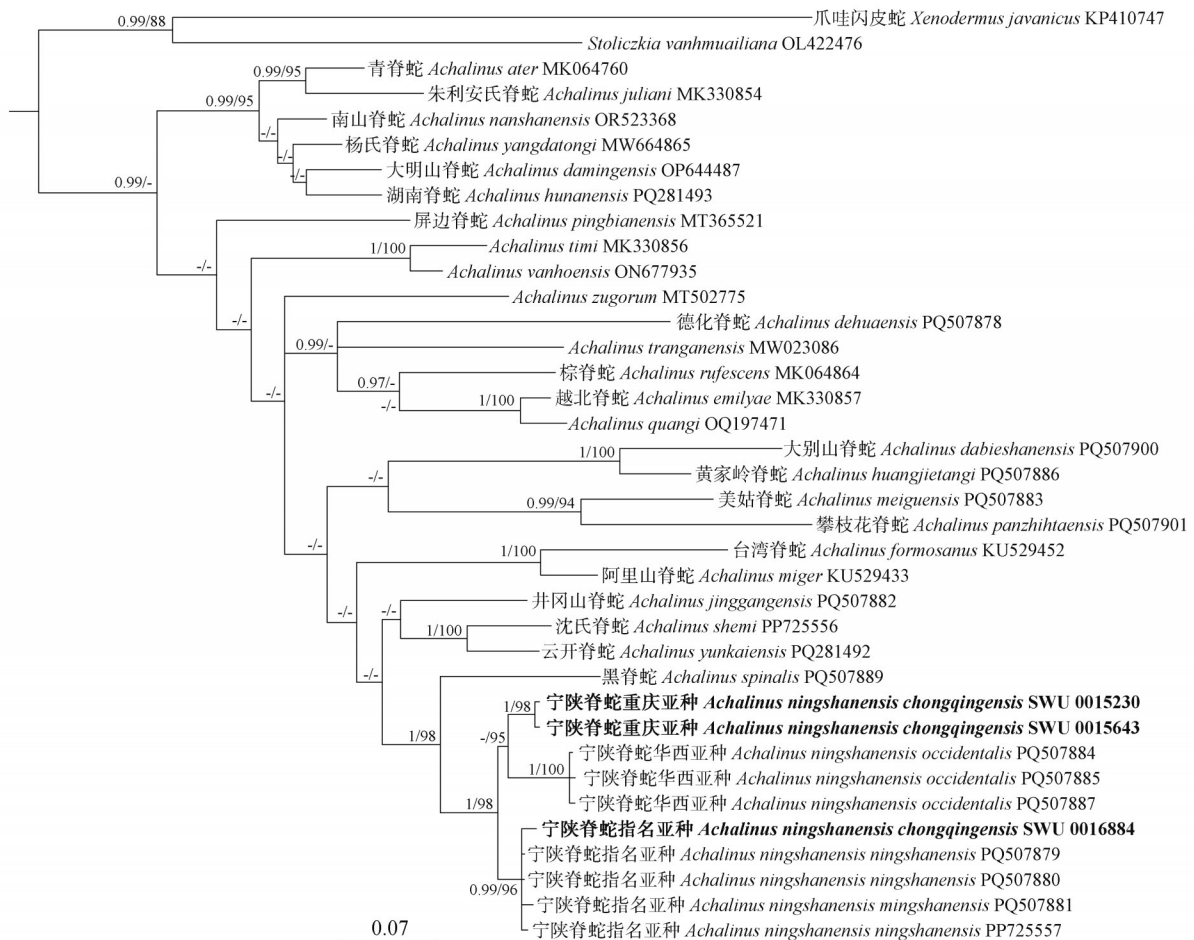
用于构建系统发育树的线粒体 *COI* 基因片段长

度为 616 bp。结果显示, 基于最大似然法与贝叶斯推断所构建的系统发育树具有一致的拓扑结构。分子系统发育分析显示, 此次采集自重庆市的 3 号标本均位于宁陕脊蛇的演化支系内。其中, 2 号标本(SWU 0015230、SWU 0015643)独立成支, 并与宁陕脊蛇华西亚种构成姐妹群关系(图 2)。同时, 这 2 号标本与宁陕脊蛇华西亚种及指名亚种的遗传距离分别为 4.22% 和 2.37%(附录 A)。另 1 号脊蛇属标本(SWU 0016884)在系统发育树中与宁陕脊蛇指名亚种聚为一支(图 2), 且与指名亚种的遗传距离仅为 0.87%(附录 A), 支持将其鉴定为宁陕脊蛇指名亚种。

2.2 新亚种描述

2.2.1 宁陕脊蛇重庆亚种(*Achalinus ningsha-nensis chongqingensis* ssp. nov.)

正模标本: SWU 0015643, 成体雄性, 2025 年



“/”前的数字表示贝叶斯后验概率, 低于0.95用“-”表示; “/”后的数字表示自举支持率, 低于90用“-”表示。

The number before “/” is the Bayesian posterior probability, shown as “-” if below 0.95; the number after “/” is the bootstrap support, shown as “-” if below 90.

图2 基于COI基因构建的贝叶斯系统发育树

Figure 2 Bayesian phylogenetic tree constructed based on COI gene

7月11日采自中国重庆市巫溪县重庆阴条岭国家级自然保护区林口子片区(31°28'29.31"N, 109°53'10.35"E; 海拔1326 m)(表2, 图3)。

副模标本: SWU 0015230, 成体雌性, 2025年5月26日采自中国重庆市巫山县当阳乡(31°24'10.07"N, 110°03'17.28"E; 海拔2052 m)(表2)。

正模和副模标本现保存于西南大学生命科学学院。

词源: 亚种名“chongqingensis”取自其模式产地——重庆市。

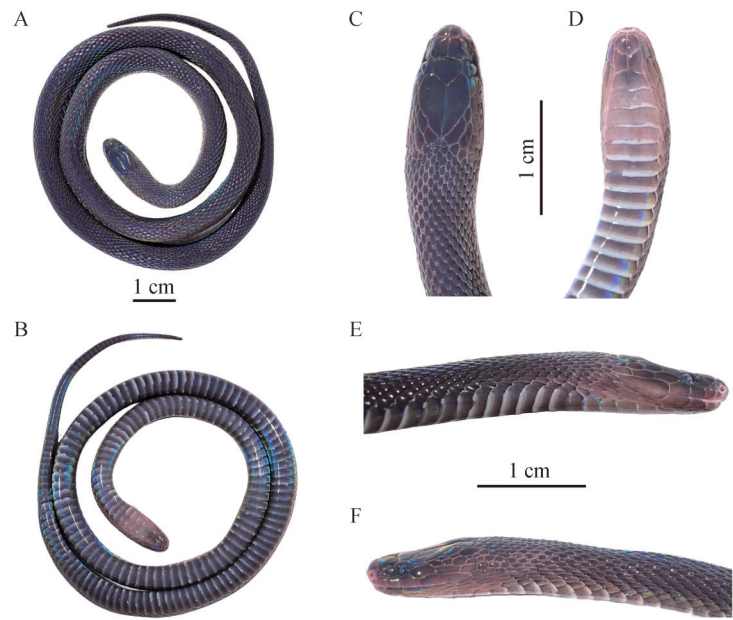
2.2.2 鉴别特征

新亚种可由以下形态特征组合加以界定: (1) 尾相对较短, 尾长与全长之比(TaL/TL)雄性为0.17, 雌性为0.16; (2) 颌片2对; (3) 鼻间鳞缝显著短于前额

鳞缝, 二者长度之比(LSBI/LSBP)为0.62~0.69; (4) 上唇鳞6枚(3+2+1式), 第4、5枚与眼相接; (5) 下唇鳞5或6枚, 第1~3枚与第1对颌片相接; (6) 颊鳞1枚, 呈不规则六边形, 远离眼的一端钝圆, 高长比(LorH/LorL)为0.56~0.63; (7) 前2枚颞鳞与眼相接; (8) 腹鳞, 雄性169枚, 雌性171枚; (9) 尾下鳞均不成对, 雄性52枚, 雌性48枚; (10) 乙醇固定后体背深褐色, 光线照射下具虹彩光泽, 无纵行脊线, 腹部棕黑色。

2.2.3 正模标本描述

SWU 0015643, 雄性成体(图3)。体型较小, 全长378 mm, 尾长65 mm, 尾长与全长之比(TaL/TL)为0.17; 头长10.52 mm, 头宽5.94 mm, 眼径1.10 mm。颊鳞1枚, 眶前鳞与眶后鳞缺失, 眶上鳞1枚。上唇



A. 背面;B. 腹面;C. 头部背面;D. 头部腹面;E. 头部右侧面;F. 头部左侧面。
A. Dorsal view; B. Ventral view; C. Dorsal view of head; D. Ventral view of head; E. Right lateral view of head; F. Left lateral view of head.

图 3 宁陕脊蛇重庆亚种正模标本照(SWU 0015643, 雄性)

Figure 3 Holotype specimen of *Achalinus ningshanensis chongqingensis* ssp. nov. (SWU 0015643, male)

表 2 宁陕脊蛇重庆亚种正、副模标本的形态量度

Table 2 Morphological measurement of holotype and paratype specimens of *Achalinus ningshanensis chongqingensis* ssp. nov. mm

鉴别特征 Diagnostic character	正模 Holotype SWU 0015643(♂)	副模 Paratype SWU 0015230(♀)	鉴别特征 Diagnostic character	正模 Holotype SWU 0015643(♂)	副模 Paratype SWU 0015230(♀)
头体长 SVL	313	389	鼻间鳞 LSB	2	2
尾长 TaL	65	73	上唇鳞 SPL	6	6
全长 TL	378	462	下唇鳞 IFL	5	5 / 6
头长 HL	10. 52	11. 64	颌片 Chin	2 / 2	2 / 2
头宽 HW	5. 94	7. 46	颊鳞 Lor	1	1
眼径 ED	1. 10	1. 16	眶前鳞 PRO	0	0
颊鳞高 LorH	0. 91	1. 21	眶后鳞 PtO	0	0
颊鳞长 LorL	1. 63	1. 92	颞鳞 TMP	2 + 2 + 3 / 2 + 2 + 2	2 + 3 + 3 / 2 + 2 + 3
LorH/LorL	0. 56	0. 63	眶上鳞 SPO	1	1
鼻间鳞缝长 LSBI	1. 22	1. 43	腹鳞 VS	169	171
前额鳞缝长 LSBP	1. 78	2. 29	三段背鳞行数 DSR	23-23-23	25-23-23
LSBI/LSBP	0. 69	0. 62	肛鳞 CP	1	1
额鳞 F	1	1	尾下鳞 SC	52	48
顶鳞 PAR	2	2			

鳞 6 枚(3 + 2 + 1 式),第 4、5 枚与眼相接;下唇鳞 5 枚,第 1 ~ 3 枚与第 1 对颌片相接;颌片 2 对。背鳞隆起,呈不平滑的瓦片状排列,无脊线;背鳞通身 23 行;腹鳞 169 枚,肛鳞完整,尾下鳞 52 枚。活体时体

背呈炭黑色,乙醇固定后为深褐色,具虹彩光泽,腹部棕黑色。

2. 2. 4 形态变异

雌雄形态差异显著。雌性体型(全长 462 mm)



图4 宁陕脊蛇重庆亚种生境

Figure 4 Habitat of *Achalinus ningshanensis chongqingensis* ssp. nov.

较雄性(全长 378 mm)更大;雌性下唇鳞左右不对称(右侧 5 枚,左侧 6 枚),而雄性均为 5 枚;雌性三段背鳞行式为 25-23-23,而雄性背鳞通身 23 行;雌性腹鳞(171 枚)多于雄性(169 枚);雌性尾下鳞数(48 枚)少于雄性(52 枚)(表 2)。

2.2.5 形态比较

新亚种与指名亚种的主要区别:(1)前额鳞缝显著长于鼻间鳞缝 *vs.* 二者长度相近;(2)颌片 2 对 *vs.* 3 对;(3)雌性背鳞前段 25 行 *vs.* 23 行;(4)雄性腹鳞 169 枚 *vs.* 161 ~ 165 枚;(5)雌性尾下鳞 48 枚 *vs.* 41 ~ 47 枚^[1-2]。

新亚种与华西亚种的主要区别:(1)雄性尾部相对较短 $TaL/TL = 0.172$ *vs.* $0.202 \sim 0.226$;(2)雌性背鳞前段 25 行 *vs.* 23(21)行;(3)雄性腹鳞较多,169 枚 *vs.* 155 ~ 160 枚;(4)尾下鳞数较少,雄性 52 枚 *vs.* 60 ~ 65 枚,雌性 48 枚 *vs.* 49 ~ 53 枚^[1-2]。

2.2.6 地理分布与生境

目前该亚种已知分布仅限于重庆市。正模标本采自重庆阴条岭国家级自然保护区林口子片区一条宽 2 ~ 3 m 的土路上,道路两侧植被茂密,主要为草本植物、灌木以及常绿、落叶阔叶混交林(图 4)。该区域属亚热带湿润气候^[22]。副模标本采自重庆市巫山县当阳乡的针阔混交林,其地表覆有较厚枯枝落叶层,海拔 2 052 m。两处产地同属大巴山系,生境类型相似,推测该亚种可能偏好海拔较高、枯枝落叶层深厚的山地森林环境。

3 讨论

本研究基于形态学比较、分子系统发育分析和

遗传距离计算,确定了采自重庆的宁陕脊蛇种群的亚种分类地位。分子系统发育分析表明,重庆亚种与华西亚种聚为姐妹支,该节点的贝叶斯后验概率虽不足 0.95(自举支持率 95),但二者共同构成区别于指名亚种的独立亚支,3 个支系间存在显著的遗传分化。从亚种间遗传距离看,重庆亚种与指名亚种间的遗传距离为 2.37%,该值虽低于 Xu et al.^[2]所报告的种内遗传距离最小值(3.6%),但亚种水平的遗传差异尚缺乏统一的划分标准^[23]。此外,重庆亚种在形态上具备可与指名亚种和华西亚种相区分的鉴定特征,如颌片形态、腹鳞及尾下鳞数目等。上述证据共同支持将其确立为宁陕脊蛇的一个新亚种,即宁陕脊蛇重庆亚种(*Achalinus ningshanensis chongqingensis* ssp. nov.)。

标本 SWU 0016884 遭捕食后仅留存尾部残段,无法获取完整的形态学数据,因此仅依据分子系统发育关系和遗传距离结果,将其鉴定为宁陕脊蛇指名亚种。该发现首次确认了宁陕脊蛇指名亚种在重庆市的分布,为其地理分布范围补充了新的关键记录。该标本被侯氏猬捕食的野外观察记录,也为探究该物种的生态位及食物网关系提供了难得的直接证据。

截至本研究,重庆市有确切记录的脊蛇属物种包括宁陕脊蛇和黑脊蛇(*Achalinus spinalis*)^[24]。宁陕脊蛇与黑脊蛇最显著的鉴别特征在于前者不具黑色脊线。本研究不仅为重庆市脊蛇属增加了一个新记录种,还为该种确立了一个新亚种,从而进一步丰富了重庆地区爬行动物的物种多样性。

参考文献:

- [1] Yang D C, Huang R Y, Jiang K, et al. A new species of the genus *Achalinus* (Squamata: Xenodermidae) from Ningshan County, Shaanxi Province, China[J]. Zootaxa, 2022, 5190(1): 127-140.
- [2] Xu Y H, Ma S, Cai B, et al. Taxonomic revision of Ningshan odd-scaled snake, *Achalinus ningshanensis* (Serpentes, Xenodermidae), with description of a new subspecies from western China [J]. Animals, 2024, 14(23): 3425.
- [3] Ziegler T, Nguyen T Q, Pham C T, et al. Three new species of the snake genus *Achalinus* from Vietnam (Squamata: Xenodermidae)[J]. Zootaxa, 2019, 4590(2): 249-269.
- [4] Uetz P, Freed P, Aguilar R, et al. The reptile database [DB/OL]. [2026-07-16]. <http://www.reptile-database.org/>.
- [5] Che J, Chen H M, Yang J X, et al. Universal *COI* primers for DNA barcoding amphibians [J]. Molecular Ecology Resources,

- 2012, 12(2): 247–258.
- [6] Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2021, 38(7): 3022–3027.
- [7] Minh B Q, Schmidt H A, Chernomor O, et al. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2020, 37(5): 1530–1534.
- [8] 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.
- [9] Rambaut A, Drummond A J, Xie D, et al. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7[J]. *Systematic Biology*, 2018, 67(5): 901–904.
- [10] Xu Y H, Wang S, Ma S, et al. First report of albinism for *Achalinus sheni* (Serpentes: Xenodermidae), with extended diagnosis of the species[J]. *ZooKeys*, 2024, 1209: 1–17.
- [11] Li J N, Liang D, Wang Y Y, et al. A large-scale systematic framework of Chinese snakes based on a unified multilocus marker system[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2020, 148: 106807.
- [12] Yang D C, Xu Y H, Wu J X, et al. A new species of the genus *Achalinus* (Squamata: Xenodermidae) from Nanning, Guangxi, China[J]. *Zootaxa*, 2023, 5319(3): 389–402.
- [13] Li H, Zhu L Q, Xiao B, et al. A new species of the genus *Achalinus* (Squamata, Xenodermatidae) from southwest Hunan Province, China[J]. *ZooKeys*, 2024, 1189: 257–273.
- [14] Li K, Yu M, Wu Y Y, et al. A new species of the genus *Achalinus* (Squamata: Xenodermatidae) from southeastern Yunnan Province, China[J]. *Zootaxa*, 2020, 4860(1): 116–128.
- [15] Pham A V, Pham C T, Le M D, et al. *Achalinus quangii*, a new odd-scaled snake species from Vietnam[J]. *Zootaxa*, 2023, 5270(1): 48–66.
- [16] Luu V Q, Ziegler T, van Ha N, et al. A new species of *Achalinus* (Squamata: Xenodermidae) from Trang An Landscape Complex, Ninh Binh Province, Vietnam[J]. *Zootaxa*, 2020, 4877(1): 174–184.
- [17] Ha N V, Ziegler T, Sy T D, et al. A new species of the genus *Achalinus* (Squamata: Xenodermidae) from Son La Province, Vietnam[J]. *Zootaxa*, 2022, 5168(3): 375–387.
- [18] Hou S B, Wang K, Guo P, et al. Two new species and a new country record of the genus *Achalinus* (Reptilia: Squamata: Xenodermidae) from China[J]. *Zootaxa*, 2021, 4950(3): 528–546.
- [19] Miller A H, Davis H R, Luong A M, et al. Discovery of a new species of enigmatic odd-scaled snake (Serpentes: Xenodermidae: *Achalinus*) from Ha Giang Province, Vietnam[J]. *Copeia*, 2020, 108(4): 796–808.
- [20] Deepak V, Lalronunga S, Lalmingliani E, et al. Phylogenetic relationships of xenodermid snakes (Squamata: Serpentes: Xenodermidae), with the description of a new genus[J]. *Vertebrate Zoology*, 2021, 71: 747–762.
- [21] Teynié A, David P, Lottier A, et al. A new genus and species of xenodermatid snake (Squamata: Caenophidia: Xenodermatidae) from northern Lao People's Democratic Republic[J]. *Zootaxa*, 2015, 3926(4): 523–540.
- [22] 王祥福, 刘晓双, 牛青翠, 等. 重庆阴条岭国家级自然保护区植被初步分析[J]. *林业调查规划*, 2017, 42(6): 104–107; 121.
Wang Xiangfu, Liu Xiaoshuang, Niu Qingcui, et al. Preliminary analysis on vegetation of Yintiaoling Nature Reserve in Chongqing City[J]. *Forest Inventory and Planning*, 2017, 42(6): 104–107; 121.
- [23] 李晓冰, 方来杉, 陈洪博, 等. DNA条形码技术在蛇类鉴别中的应用[J]. *湖南农业大学学报(自然科学版)*, 2024, 50(3): 35–40.
Li Xiaobing, Fang Laishan, Chen Hongbo, et al. Application of DNA barcoding in the identification of snake[J]. *Journal of Hunan Agricultural University (Natural Sciences)*, 2024, 50(3): 35–40.
- [24] 罗键, 刘颖梅, 高红英, 等. 重庆市两栖爬行动物分类分布名录[J]. *西南师范大学学报(自然科学版)*, 2012, 37(4): 130–139.
Luo Jian, Liu Yingmei, Gao Hongying, et al. A classification and distribution of herpetological checklist in Chongqing municipality[J]. *Journal of Southwest China Normal University (Natural Science Edition)*, 2012, 37(4): 130–139.

附录 Supplementary material

附录 A 基于线粒体 *COI* 基因估算的脊蛇属物种间的遗传距离

Supplementary A Mean uncorrected genetic distances among species of *Achalinus* based on the mitochondrial *COI* genes

<https://dx.doi.org/10.12375/ysdwxb.202509013flA>