

# Phân bố địa lý của họ Tắc kè Gekkonidae ở miền Bắc Việt Nam: Vai trò của sông Hồng là biên giới tự nhiên

Lê Đức Minh<sup>1\*</sup>, Nguyễn Quảng Trường<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Hồng Vân<sup>1</sup>, Ngô Thị Hạnh<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, Đại học Quốc gia Hà Nội

<sup>2</sup>Viện Sinh thái và Tài nguyên Sinh vật, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

Ngày nhận bài 28/8/2018; ngày chuyển phản biện 30/8/2018; ngày nhận phản biện 28/9/2018; ngày chấp nhận đăng 8/10/2018

## Tóm tắt:

Miền Bắc Việt Nam, vùng địa lý nằm ở phía Bắc của sông Lam thuộc tỉnh Nghệ An, là nơi có nhiều loài mới thuộc họ Tắc kè (Gekkonidae) được mô tả trong những năm gần đây. Tuy nhiên, có nhiều vùng trong khu vực này chưa được nghiên cứu chi tiết như các dãy núi đá vôi ở vùng giáp với biên giới Trung Quốc và Lào thuộc các tỉnh Hà Giang, Lai Châu và Sơn La. Để nghiên cứu mức độ đa dạng của các loài Tắc kè và quá trình tiến hóa của chúng ở miền Bắc Việt Nam, các tác giả đã tiến hành giải trình tự gen ty thể NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2) cho các nhánh tiến hóa khác nhau thuộc nhóm loài "*Gekko palmatus*" và giống *Hemiphyllodactylus* trong họ Gekkonidae. Kết quả nghiên cứu cho thấy có sự phân tách rõ ràng về mặt di truyền giữa các quần thể của hai giống này tại các vùng phân bố khác nhau ở miền Bắc Việt Nam, chứng tỏ còn có nhiều loài ẩn sinh (cryptic species) chưa được mô tả của hai nhóm này. Ngoài ra, các phân tích dựa trên cây phát sinh loài bước đầu cho thấy sông Hồng có thể có vai trò quan trọng trong việc ngăn cản quá trình trao đổi di truyền giữa các quần thể và loài thuộc giống *Hemiphyllodactylus* nằm ở vùng phía Đông và Tây của sông Hồng. Tuy nhiên, sông Hồng lại không có vai trò là ranh giới tự nhiên với các nhánh di truyền và loài thuộc nhóm *Gekko palmatus* vì các quần thể và loài thuộc nhóm này không có sự phân tách rõ ràng giữa vùng phía Đông và Tây của sông Hồng. Như vậy, sông Hồng có thể không phải là biên giới tự nhiên đối với tất cả các loài ở khu vực phía Bắc của Việt Nam.

**Từ khóa:** Gekkonidae, miền Bắc Việt Nam, NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2), sông Hồng.

**Chỉ số phân loại:** 1.6

## Mở đầu

Họ Tắc kè (Gekkonidae) là một trong những họ có nhiều loài nhất trong nhóm Thằn lằn với khoảng gần 1.200 loài đã được mô tả. Trong đó, Thằn lằn ngón, giống *Cyrtodactylus*, là nhóm có mức độ đa dạng cao nhất trong họ Tắc kè (Gekkonidae) với khoảng 260 loài [1]. Số lượng loài Thằn lằn ngón ở Việt Nam đã tăng lên đáng kể từ 3 loài ghi nhận vào năm 1997 lên tới 41 loài hiện ghi nhận ở nước ta. Các loài thuộc giống này có thể thích nghi với nhiều loại sinh cảnh khác nhau, như cây bụi ven biển (*C. kingsadai*), trên cánh cao và núi đá vôi (*C. phongnhakebangensis*), hệ sinh thái rừng thường xanh (*C. cryptus*). Phân chia ổ sinh thái của các loài sống trong cùng một hệ sinh thái đã được ghi nhận ở 3 loài phân bố tại Vườn quốc gia Phong Nha - Kẻ Bàng, có thể để tránh cạnh tranh trực tiếp [2]. Thằn lằn ngón do đó đã được coi là nhóm đối tượng lý tưởng cho nghiên cứu về sinh thái, sinh học tiến hóa và địa sinh học [2-4].

Nhóm loài *Gekko japonicus* là nhóm có nhiều loài nhất trong giống *Gekko* với tổng cộng 19 loài phân bố từ Nhật Bản, toàn bộ vùng phía Đông Trung Quốc xuống phía Nam

Việt Nam [5]. Tại Việt Nam, các quần thể của nhóm loài *Gekko palmatus* có phân bố rộng và có thể có ẩn chứa nhiều loài mới. Một loài mới có quan hệ gần gũi với nhóm này mới được mô tả gần đây ở vùng biên giới giữa Việt Nam và Trung Quốc [6].

Giống *Hemiphyllodactylus* phân bố trong khu vực hiện có 9 loài nhưng chỉ có *H. yunnanensis* trước đây được cho là có phân bố ở Việt Nam [7]. Tuy nhiên, tình trạng phân loại của loài này hiện nay chưa được giải quyết đầy đủ [7]. Bốn phân loài, *H. typus chapaensis* phân bố ở tỉnh Lào Cai, *H. yunnanensis longlingensis* và *H. yunnanensis jinpingensis* [8] ở Vân Nam và *H. yunnanensis dushanensis* [8] ở Quý Châu được Zug (2010) coi là *H. yunnanensis*. Tác giả này sau đó công nhận 2 dạng của *H. yunnanensis*: các quần thể vùng núi ở Nam Trung Quốc và gần phía Bắc Đông Nam Á từ Myanmar tới Việt Nam và 1 dạng khác (các quần thể vùng đất thấp) phân bố ở vùng Đông Nam Á và Hồng Kông. Gần đây 1 loài mới thuộc giống này đã được mô tả có phân bố ở Cao Bằng, thuộc vùng Đông Bắc Việt Nam [9]. Như vậy, Việt Nam còn có thể có nhiều loài mới trong họ Gekkonidae còn chưa được mô tả.

\*Tác giả liên hệ: Tel: 024.38584995; Email: le.duc.minh@hus.edu.vn

# Geographic distribution of the family Gekkonidae in Northern Vietnam: Red River as an important natural barrier

Duc Minh Le<sup>1\*</sup>, Quang Truong Nguyen<sup>2</sup>,  
Thi Hong Van Nguyen<sup>1</sup>, Thi Hanh Ngo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>VNU University of Science, Vietnam National University (VNU), Hanoi

<sup>2</sup>Institute of Ecology and Biological Resources, Vietnam Academy of Science and Technology

Received 28 August 2018; Accepted 8 October 2018

## Abstract:

Northern Vietnam, the geographic region located in the north of Lam River of Nghe An Province, is the place where new species discoveries in the family Gekkonidae have been recorded in recent years. However, many sites in the region have not been studied thoroughly, especially the northern limestone mountains near border areas among Vietnam, Laos, and China which belong to Ha Giang, Lai Chau, and Son La Provinces. To further investigate the gecko diversity and their evolution in the Northern Vietnam, the authors sequenced a mitochondrial gene, NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2), for evolutionary distinct lineages of two karst-adapted groups, *Gekko palmatus* and *Hemiphyllodactylus* in the region. The results showed that several undescribed lineages of both *Gekko palmatus* and *Hemiphyllodactylus* were genetically distinct, illustrating the high level of cryptic diversity within Gekkonidae in the region. In addition, based on the derived phylogenetic hypothesis, the preliminary results suggested that Red River might play an important role in separating lineages of *Hemiphyllodactylus* from western and eastern sides of the river. However, this well-known natural barrier exhibited almost no impact on disrupting gene flows between populations of *Gekko palmatus* from two sides of the river. It is concluded that Red River does not serve as a natural barrier for all species distributed in the Northern Vietnam.

**Keywords:** Gekkonidae, NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2), Northern Vietnam, Red River.

**Classification number:** 1.6

Bên cạnh đó, phân chia tự nhiên giữa khu vực địa lý sinh học Đông Bắc và Tây Bắc ở Việt Nam cũng cần quan tâm đặc biệt [10]. Cụ thể là sông Hồng đóng vai trò là ranh giới tự nhiên giữa 2 giống *Goniurosaurus* và *Cyrtodactylus*. Các loài thuộc giống *Goniurosaurus* chỉ phân bố ở vùng phía Đông của sông Hồng (Đông Bắc), trong khi đó các loài thuộc giống *Cyrtodactylus* lại chỉ bắt gặp ở phía Tây của sông Hồng (Tây Bắc), mặc dù các mô hình phân bố loài cho thấy cả 2 giống đều có môi trường sống hoàn toàn giống nhau [11].

Ngược lại, các loài của 2 giống *Gekko* và *Hemiphyllodactylus* lại phân bố cả ở vùng núi đá vôi Đông Bắc và Tây Bắc của Việt Nam. Nghiên cứu 2 giống tắc kè này sẽ giúp làm sáng tỏ vai trò cách ly địa lý của sông Hồng trong việc định hình các quần xã bò sát ở miền Bắc Việt Nam. Do vậy, cần thiết phải có nghiên cứu về phân loại học, quan hệ phát sinh loài và mối quan hệ về địa sinh học, tức là tìm hiểu mối liên hệ về mặt phân bố của các nhánh tiến hóa, của các giống Tắc kè ở miền Bắc Việt Nam. Nghiên cứu này sẽ sử dụng gen ty thể (NADH dehydrogenase subunit 2 - ND2) để xây dựng cây phát sinh loài đầu tiên tại Việt Nam cho các loài đã mô tả và chưa mô tả dựa trên số liệu sinh học phân tử. Những thông tin này rất quan trọng để tìm hiểu các mối quan hệ về địa sinh học của các loài Tắc kè này.

## Vật liệu, phương pháp và nội dung nghiên cứu

### Vật liệu và phương pháp

Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng 28 mẫu vật thu ở các vùng địa lý khác nhau từ nhiều tỉnh/thành phố ở miền Bắc Việt Nam. Các loại mẫu vật gồm: mẫu mô cơ, gan và mô đuôi của các loài Tắc kè được giữ riêng trong cồn 70% và bảo quản ở nhiệt độ 4°C. Thông tin chi tiết về các mẫu được thể hiện trong bảng 1.

Đoạn gen NADH dehydrogenase subunit 2 (ND2) được lựa chọn để khuếch đại và giải trình tự, từ đó xây dựng cây phát sinh loài. Đây là chỉ thị phân tử đã được sử dụng thành công trong nhiều công trình nghiên cứu trước đây [6, 9]. Cặp mồi để khuếch đại đoạn gen ND2 được đề cập chi tiết trong 2 nghiên cứu này.

Các mẫu được tách chiết sử dụng bộ Kit Dneasy Blood and Tissue (Qiagen, CHLB Đức) và GeneJet Genomic DNA Purification (ThermoFisher, Lithuania). Quá trình tách chiết được tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất. Phản ứng PCR được tiến hành với HotStarTaq Mastermix (Qiagen, CHLB Đức) với những mẫu thu từ lâu và bảo quản trong điều kiện nhiệt độ và dung dịch không đảm bảo (mẫu có nồng độ ADN thấp) và DreamTaq Mastermix (ThermoFisher, Lithuania) với những mẫu mới có chất lượng tốt (mẫu có nồng độ ADN cao). Tổng thể tích của mỗi phản ứng PCR là 21 µl, bao gồm 1-2 µl ADN khuôn (tùy theo nồng độ ADN tổng số), 2 µl mỗi mồi (10µM/µl), 5 µl nước, 10 µl mastermix. Chu trình nhiệt của phản ứng PCR là 95°C ở 15'

**Bảng 1. Thông tin các trình tự sử dụng trong nghiên cứu.**

| Tên loài                                            | Mã Genbank | Số hiệu mẫu    | Ký hiệu mẫu ở PTN | Nơi thu mẫu          |
|-----------------------------------------------------|------------|----------------|-------------------|----------------------|
| <i>Gekko adleri</i>                                 | KP205389   | IEBR A.2012.24 | -                 | Cao Bằng, Việt Nam   |
| <i>Gekko adleri</i>                                 | -          | -              | Gk 7              | Cao Bằng, Việt Nam   |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 1              | Hà Nội, Việt Nam     |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 2              | Hà Nội, Việt Nam     |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 6              | Hải Phòng, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 18             | Hà Nội, Việt Nam     |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 20             | Hà Nội, Việt Nam     |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 21             | Quảng Ninh, Việt Nam |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 22             | Lạng Sơn, Việt Nam   |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 23             | Bắc Giang, Việt Nam  |
| <i>Gekko cf. palmatus</i>                           | -          | -              | Gk 24             | Hải Phòng, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 26             | Thanh Hóa, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 27             | Bắc Giang, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 43             | Ninh Bình, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 48             | Ninh Bình, Việt Nam  |
| <i>Gekko palmatus</i>                               | -          | -              | Gk 49             | Ninh Bình, Việt Nam  |
| <i>Gekko truongi</i>                                | KP205398   | IEBR A.2011.1  | -                 | Khăm Muộn, Lào       |
| <i>Hemiphyllodactylus aurantiacus</i>               | JN393933   | AMB            | -                 | Tamil Nadu, Ấn Độ    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis dushanensis</i>   | FJ971017   | N2             | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis dushanensis</i>   | cf. -      | -              | Hd 29             | Hà Giang, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis dushanensis</i>   | cf. -      | -              | Hd 30             | Hà Giang, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis dushanensis</i>   | cf. -      | -              | Hd 31             | Hà Giang, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis dushanensis</i>   | cf. -      | -              | Hd 32             | Hà Giang, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus ganokionis</i>                | JN393950   | USNM 563671    | -                 | Ngercheu, Palau      |
| <i>Hemiphyllodactylus harterti</i>                  | FJ971050   | LLG7208        | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis jinpingensis</i>  | FJ971048   | LLL15          | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus kiziriani</i>                 | -          | -              | HdL4              | Luang Prahang, Lào   |
| <i>Hemiphyllodactylus kiziriani</i>                 | -          | -              | HdL6              | Luang Prahang, Lào   |
| <i>Hemiphyllodactylus kiziriani</i>                 | -          | -              | HdL7              | Luang Prahang, Lào   |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis longlinhensis</i> | FJ971049   | BS6            | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis longlinhensis</i> | cf. -      | -              | Hd 18             | Sơn La, Việt Nam     |
| <i>Hemiphyllodactylus sp</i>                        | JN393936   | LSHC 5797      | -                 | Johor, Malaysia      |
| <i>Hemiphyllodactylus titiwangsaensis</i>           | JN393934   | LSHC 7208      | -                 | Pahang, Malaysia     |
| <i>Hemiphyllodactylus typus</i>                     | GQ257745   | ABTC32736      | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis1</i>              | FJ971044   | LC2            | -                 | -                    |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis1</i>              | cf. -      | -              | Hd 15             | Sơn La, Việt Nam     |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis1</i>              | cf. -      | -              | Hd 16             | Sơn La, Việt Nam     |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis1</i>              | cf. -      | -              | Hd 17             | Sơn La, Việt Nam     |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis1</i>              | cf. -      | -              | Hd 19             | Sơn La, Việt Nam     |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis2</i>              | JN393935   | FMNH 258695    | -                 | Champasak, Lào       |
| <i>Hemiphyllodactylus yunnanensis3</i>              | JN393949   | USNMFS 36836   | -                 | Mandalay, Myanmar    |
| <i>Hemiphyllodactylus zugi</i>                      | -          | -              | Hd 1              | Cao Bằng, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus zugi</i>                      | -          | -              | Hd 2              | Cao Bằng, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus zugi</i>                      | -          | -              | Hd 3              | Cao Bằng, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus cf. zugi</i>                  | -          | -              | Hd 11             | Hòa Bình, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus cf. zugi</i>                  | -          | -              | Hd 12             | Hòa Bình, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus cf. zugi</i>                  | -          | -              | Hd 13             | Hòa Bình, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus cf. zugi</i>                  | -          | -              | Hd 14             | Hòa Bình, Việt Nam   |
| <i>Hemiphyllodactylus cf. zugi</i>                  | -          | -              | Hd 20             | Sơn La, Việt Nam     |

đối với Mastermix của Qiagen và 5' đối với Mastermix của Thermo; 35 chu kỳ phản ứng ở 95°C trong 30", 48°C trong 45", 72°C trong 1'; bước kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 6'. Đối chứng âm được tiến hành song song trong mỗi lần tách chiết cũng như từng phản ứng PCR. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng phương pháp điện di trên gel agarose 1%, 2 pg/ml ethidium-bromide, trong đệm TBE 1X (Tris base, boric acid, EDTA pH8) ở 90V trong 30', và sau đó được hiển thị bằng tia cực tím.

Các sản phẩm PCR thành công sau đó được tinh sạch sử dụng kit GeneJet PCR Purification (Thermo Fisher Scientific, Lithuania) và gửi giải trình tự hai chiều tại Công ty FirstBase (Malaysia). Kết quả giải trình tự được xác thực bằng công cụ BLAST (NCBI) trước khi tiến hành các phân tích tiếp theo về cây quan hệ di truyền.

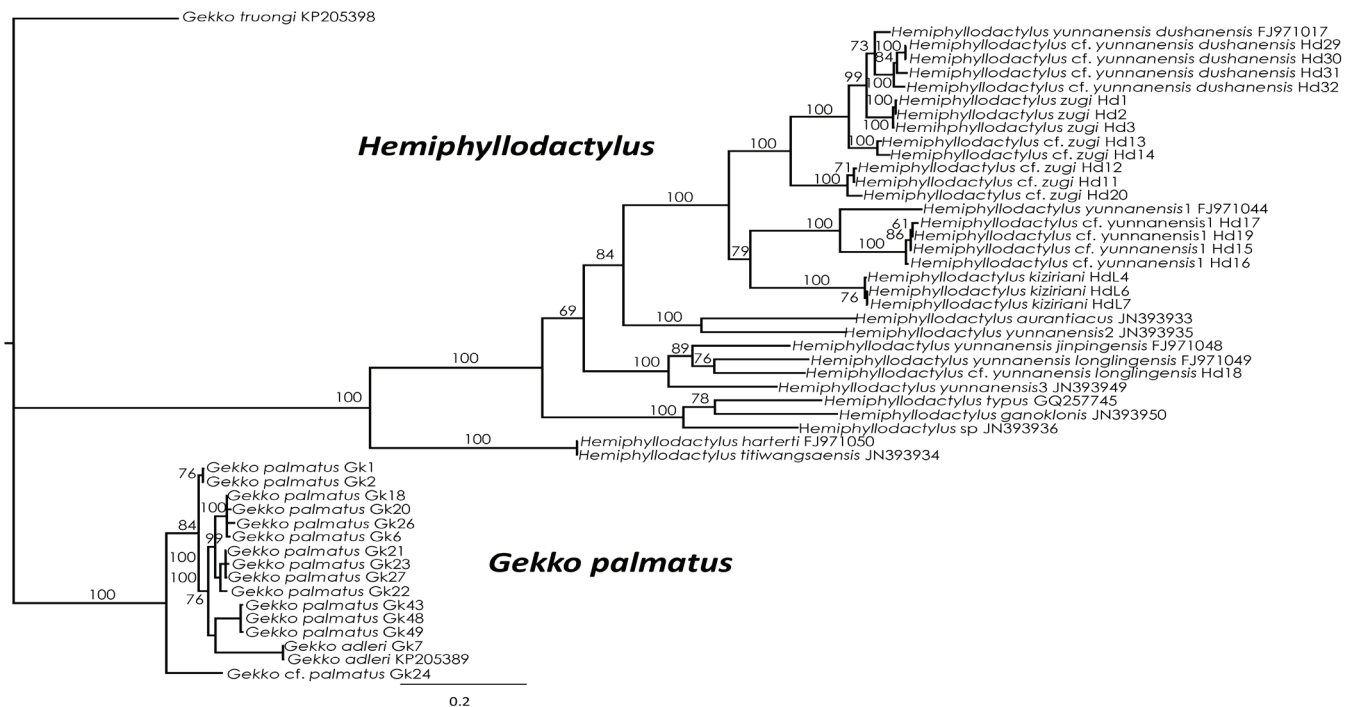
### *Xây dựng cây quan hệ di truyền*

Kết quả giải trình tự được kiểm tra bằng phần mềm Sequencher v4.1.4 (Gene Codes Corp, Ann Arbor, MI, USA). Sau đó, các trình tự đã giải mã cùng với các trình tự từ Ngân hàng gen (Genbank) được giống cột bằng phần mềm ClustalX [12] với các lựa chọn mặc định cho chức năng sắp xếp hoàn chỉnh. Cây quan hệ di truyền được xây dựng dựa trên phương pháp Bayesian sử dụng phần mềm MrBayes v3.2 [13]. Mô hình tiến hóa tối ưu được xác định bằng phần mềm Modeltest v3.7 [14] với các thông số khác được phần mềm MrBayes xác định. Các phân tích được thực hiện dựa trên cây lựa chọn ngẫu nhiên và chạy trong  $1 \times 10^7$  thế hệ, tần số lấy mẫu được thực hiện sau 1.000 thế hệ. *Gekko adleri* và *Gekko truongi* được lựa chọn là nhóm ngoài. Giá trị của gốc nhánh được coi là đáng tin cậy khi xác suất hậu nghiệm (PP)  $\geq 95\%$ . Khoảng cách di truyền giữa các mẫu được xác định bằng phần mềm PAUP v4.0b10 [15].

### *Kết quả và thảo luận*

Dựa trên kết quả giải trình tự, nghiên cứu đã xây dựng thành công cây phát sinh loài bao gồm trình tự gen ND2 từ 29 mẫu mới thu được của các loài thuộc 2 giống *Gekko* và *Hemiphyllodactylus* trong nghiên cứu này, đồng thời sử dụng 13 trình tự đã công bố trên Ngân hàng gen từ các nghiên cứu trước đây (hình 1). Chiều dài của đoạn gen sử dụng trong phân tích quan hệ di truyền là 696 bp. Mô hình GTR + I + G được xác định là mô hình tiến hóa tối ưu cho hệ thống dữ liệu trong nghiên cứu. Chúng tôi loại bỏ 18.000 cây ra khỏi phân tích cuối cùng vì trước đó chỉ số -Ln Likelihood chưa đạt tới ngưỡng cân bằng bằng cách sử dụng chức năng Burnin trong phần mềm MrBayes v3.2.

Đối với nhóm *Gekko palmatus*, cây phát sinh loài của nghiên cứu này cho thấy loài *G. adleri* có sự khác biệt đáng kể về mặt di truyền so với các nhánh di truyền khác của nhóm *G. palmatus*. Kết quả này cũng đã được thể hiện trong nghiên cứu của Nguyễn và cộng sự (2013) và Lưu và cộng sự (2014) [6, 16]. Tuy nhiên, một số nhánh có sự khác



Hình 1. Cây quan hệ di truyền của 2 nhóm *Gekko palmatus* và *Hemiphyllodactylus* được xây dựng bằng phương pháp Bayesian. Chiều dài nhánh thể hiện khoảng cách di truyền giữa các taxon. Giá trị xác suất hậu nghiệm của gốc nhánh được coi là đạt độ tin cậy khi  $\geq 95\%$ .

biệt lớn khoảng cách di truyền với các nhóm khác của *G. palmatus* hiện vẫn chưa được mô tả như quần thể từ Ninh Bình (mẫu Gk43, Gk48 và Gk49) và đặc biệt là quần thể tại Cát Bà (mẫu Gk24) (hình 1, bảng 2). Như vậy, nhóm *G. palmatus* có mức độ đa dạng di truyền cao và còn có nhiều loài ẩn sinh chưa được mô tả.

Xét về khía cạnh địa sinh học, sự phân tách các nhóm/ nhánh di truyền trong *G. palmatus* chưa thể hiện rõ tầm quan trọng của sông Hồng với vai trò là biên giới địa lý. Cụ thể là các quần thể phân bố ở phía Đông của sông Hồng như Hà Nội, Phú Thọ, Quảng Ninh, Bắc Giang, Lạng Sơn, Cao Bằng không có sự phân tách rõ ràng với các quần thể nằm phía Tây của sông Hồng như Ninh Bình và Thanh Hóa (hình 1).

Trong khi đó các nhánh di truyền khác biệt thuộc giống *Hemiphyllodactylus* được thể hiện khá rõ ràng. Ngoài 2 loài *H. zugi* và *H. kizirian* đã được mô tả gần đây [6, 9], còn có ít nhất 4 quần thể khác biệt đáng kể về mặt di truyền nhưng chưa được mô tả. Đó là các nhóm: 1. Bao gồm các mẫu thu ở Sơn La (Hd17, Hd19, PAT95, PAT188); 2. Bao gồm các mẫu thu ở Hòa Bình và Sơn La (HB 2014.44, HB 2014.45, Hd20); 3. Bao gồm các mẫu thu ở Hòa Bình (HB 2014.52, HB 2014.98); 4. Bao gồm các mẫu thu ở Hà Giang (Hd29-32) (hình 1). Kết quả này cho thấy đây là nhóm còn nhiều loài ẩn sinh và cần có nhiều nghiên cứu tiếp tục trong tương lai để tìm ra các loài mới cho khoa học.

Sự phân tách địa lý của các nhóm *Hemiphyllodactylus* phân bố ở phía Tây và phía Đông của sông Hồng cũng rất rõ ràng. Cụ thể là, nhánh có 2 mẫu HB 2014.52 và HB 2014.98 thu tại Hòa Bình, phía Tây của sông Hồng, phân tách hoàn toàn với nhóm *H. zugi* ở Cao Bằng, các mẫu ở Hà Giang (Hd29-32) và *H. dushanensis* ở Độc Sơn, Quý Châu, Trung Quốc đều nằm ở phía Đông của sông Hồng. Như vậy, khác với nhóm *Gekko palmatus*, sông Hồng đóng vai trò là biên giới tự nhiên rất rõ ràng đối với các loài hoặc các nhánh di truyền khác biệt của giống *Hemiphyllodactylus*. Ngoài ra, với nhiều nhánh di truyền và loài phân bố ở vùng phía Tây của sông Hồng như *H. kizirian* ở Lào, nhánh có các mẫu Hd17, Hd19, PAT95 và PAT188 thu ở Sơn La, *H. yunnanensis* và nhánh gồm các mẫu HB 2014.45, HB 2014.44 và Hd20 thu ở Sơn La và Hòa Bình, có thể kết luận phía Tây sông Hồng là nơi có đa dạng loài lớn hơn và là vùng bắt nguồn (ancestral area) của nhiều nhóm thuộc giống *Hemiphyllodactylus* trước khi chúng phát tán sang phía Đông của sông Hồng.

## Kết luận

Kết quả của nghiên cứu này cho thấy cả hai nhóm tắc kè là *Gekko palmatus* và giống *Hemiphyllodactylus* đều có mức độ đa dạng di truyền cao. Hai nhóm này cần có thêm những nghiên cứu chi tiết trong tương lai, đặc biệt là phân tích về mặt hình thái để phát hiện các loài ẩn sinh. Bên cạnh đó, cây phát sinh chủng loài dựa trên gen ty thể

**Bảng 2. Khoảng cách di truyền giữa các mẫu trong nghiên cứu.**

|                                                | 1    | 2    | 3    | 4    | 5    | 6    | 7    | 8    | 9    | 10   | 11   | 12   | 13   | 14   | 15   | 16   | 17   | 18   | 19   | 20   | 21   | 22   | 23   | 24   | 25   |
|------------------------------------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 1. <i>H.yunnanensis dushanensis</i> FJ971017   | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 2. <i>H.yunnanensis</i> 1 FJ971044             | 0.23 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 3. <i>H.yunnanensis jinpingensis</i> FJ971048  | 0.30 | 0.28 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 4. <i>H.yunnanensis longlinhensis</i> FJ917049 | 0.26 | 0.25 | 0.18 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 5. <i>H.ganoklonis</i> JN393950                | 0.30 | 0.28 | 0.29 | 0.28 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 6. <i>H.typus</i> GQ257745                     | 0.30 | 0.28 | 0.28 | 0.29 | 0.30 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 7. <i>G.palmatus</i> Gk1                       | 0.39 | 0.38 | 0.37 | 0.37 | 0.33 | 0.37 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 8. <i>G.palmatus</i> Gk18                      | 0.40 | 0.38 | 0.37 | 0.38 | 0.33 | 0.38 | 0.04 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 9. <i>G.palmatus</i> Gk2                       | 0.39 | 0.39 | 0.37 | 0.37 | 0.33 | 0.37 | 0.00 | 0.04 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 10. <i>G.palmatus</i> Gk20                     | 0.40 | 0.39 | 0.37 | 0.39 | 0.34 | 0.38 | 0.04 | 0.01 | 0.04 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 11. <i>G.palmatus</i> Gk21                     | 0.39 | 0.38 | 0.37 | 0.37 | 0.33 | 0.38 | 0.03 | 0.03 | 0.03 | 0.03 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 12. <i>G.palmatus</i> Gk22                     | 0.38 | 0.35 | 0.33 | 0.34 | 0.30 | 0.34 | 0.03 | 0.03 | 0.04 | 0.03 | 0.02 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 13. <i>G.palmatus</i> Gk23                     | 0.39 | 0.39 | 0.37 | 0.38 | 0.34 | 0.38 | 0.04 | 0.03 | 0.04 | 0.03 | 0.00 | 0.02 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 14. <i>G.cf.palmatus</i> Gk24                  | 0.39 | 0.36 | 0.32 | 0.35 | 0.31 | 0.33 | 0.09 | 0.11 | 0.09 | 0.12 | 0.10 | 0.11 | 0.11 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 15. <i>G.palmatus</i> Gk26                     | 0.39 | 0.35 | 0.33 | 0.36 | 0.31 | 0.34 | 0.04 | 0.01 | 0.04 | 0.02 | 0.04 | 0.03 | 0.04 | 0.10 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 16. <i>G.palmatus</i> k27                      | 0.40 | 0.39 | 0.37 | 0.38 | 0.34 | 0.39 | 0.03 | 0.03 | 0.04 | 0.03 | 0.00 | 0.02 | 0.00 | 0.10 | 0.04 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 17. <i>G.palmatus</i> Gk43                     | 0.38 | 0.37 | 0.35 | 0.36 | 0.33 | 0.35 | 0.05 | 0.06 | 0.05 | 0.06 | 0.06 | 0.05 | 0.07 | 0.11 | 0.05 | 0.06 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 18. <i>G.palmatus</i> Gk48                     | 0.39 | 0.37 | 0.34 | 0.36 | 0.33 | 0.35 | 0.05 | 0.06 | 0.05 | 0.06 | 0.06 | 0.05 | 0.06 | 0.11 | 0.05 | 0.06 | 0.00 | -    |      |      |      |      |      |      |      |
| 19. <i>G.palmatus</i> Gk49                     | 0.39 | 0.37 | 0.35 | 0.36 | 0.33 | 0.35 | 0.05 | 0.06 | 0.05 | 0.06 | 0.06 | 0.06 | 0.07 | 0.11 | 0.05 | 0.06 | 0.00 | 0.00 | -    |      |      |      |      |      |      |
| 20. <i>G.palmatus</i> Gk6                      | 0.40 | 0.38 | 0.37 | 0.38 | 0.33 | 0.38 | 0.04 | 0.00 | 0.04 | 0.01 | 0.03 | 0.03 | 0.04 | 0.12 | 0.01 | 0.03 | 0.07 | 0.06 | 0.07 | -    |      |      |      |      |      |
| 21. <i>G.palmatus</i> Gk7                      | 0.39 | 0.35 | 0.33 | 0.35 | 0.31 | 0.34 | 0.09 | 0.10 | 0.09 | 0.10 | 0.08 | 0.09 | 0.09 | 0.11 | 0.10 | 0.08 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | -    |      |      |      |      |
| 22. <i>H.cf.zugi</i> Hd12                      | 0.15 | 0.21 | 0.25 | 0.26 | 0.29 | 0.29 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.34 | 0.36 | 0.32 | 0.34 | 0.37 | 0.35 | 0.34 | 0.35 | 0.37 | 0.33 | -    |      |      |      |
| 23. <i>H.cf.zugi</i> Hd13                      | 0.09 | 0.23 | 0.29 | 0.26 | 0.30 | 0.30 | 0.37 | 0.38 | 0.37 | 0.38 | 0.37 | 0.33 | 0.37 | 0.34 | 0.34 | 0.38 | 0.34 | 0.34 | 0.34 | 0.38 | 0.34 | 0.13 | -    |      |      |
| 24. <i>H.cf.zugi</i> Hd14                      | 0.10 | 0.24 | 0.30 | 0.28 | 0.31 | 0.30 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.36 | 0.39 | 0.35 | 0.36 | 0.35 | 0.39 | 0.36 | 0.15 | 0.02 | -    |      |
| 25. <i>H.cf.zugi</i> Hd11                      | 0.15 | 0.21 | 0.25 | 0.26 | 0.29 | 0.29 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.34 | 0.36 | 0.32 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.34 | 0.35 | 0.37 | 0.33 | 0.01 | 0.14 | 0.15 | -    |
| 26. <i>H.zugi</i> Hd1                          | 0.06 | 0.23 | 0.30 | 0.26 | 0.30 | 0.30 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.34 | 0.36 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.34 | 0.14 | 0.09 | 0.09 | 0.15 |
| 27. <i>H.cf.yunnanensis</i> 2 Hd17             | 0.25 | 0.14 | 0.28 | 0.26 | 0.30 | 0.30 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.36 | 0.34 | 0.29 | 0.35 | 0.32 | 0.30 | 0.35 | 0.30 | 0.31 | 0.31 | 0.35 | 0.31 | 0.21 | 0.21 | 0.23 | 0.21 |
| 28. <i>H.cf.yunnanensis</i> 2 Hd19             | 0.25 | 0.14 | 0.29 | 0.26 | 0.30 | 0.30 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.34 | 0.29 | 0.35 | 0.32 | 0.30 | 0.35 | 0.30 | 0.31 | 0.31 | 0.35 | 0.32 | 0.22 | 0.21 | 0.23 | 0.21 |
| 29. <i>H.zugi</i> Hd2                          | 0.06 | 0.23 | 0.30 | 0.26 | 0.30 | 0.29 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.34 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.34 | 0.14 | 0.08 | 0.09 | 0.15 |
| 30. <i>H.cf.zugi</i> Hd20                      | 0.16 | 0.22 | 0.26 | 0.27 | 0.30 | 0.29 | 0.37 | 0.37 | 0.37 | 0.38 | 0.37 | 0.34 | 0.37 | 0.32 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.38 | 0.34 | 0.03 | 0.14 | 0.16 | 0.03 |
| 31. <i>H.zugi</i> Hd3                          | 0.06 | 0.23 | 0.30 | 0.26 | 0.30 | 0.30 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.34 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.37 | 0.34 | 0.14 | 0.08 | 0.09 | 0.15 |
| 32. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd30   | 0.05 | 0.22 | 0.29 | 0.26 | 0.29 | 0.29 | 0.37 | 0.38 | 0.37 | 0.38 | 0.37 | 0.35 | 0.38 | 0.36 | 0.36 | 0.38 | 0.36 | 0.36 | 0.37 | 0.38 | 0.36 | 0.15 | 0.08 | 0.09 | 0.15 |
| 33. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd31   | 0.06 | 0.22 | 0.29 | 0.27 | 0.29 | 0.28 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.35 | 0.39 | 0.36 | 0.35 | 0.39 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.39 | 0.36 | 0.15 | 0.08 | 0.09 | 0.15 |
| 34. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd32   | 0.06 | 0.22 | 0.28 | 0.26 | 0.29 | 0.28 | 0.37 | 0.37 | 0.37 | 0.37 | 0.37 | 0.34 | 0.37 | 0.36 | 0.35 | 0.37 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.38 | 0.35 | 0.14 | 0.08 | 0.09 | 0.14 |
| 35. <i>H.kiziriani</i> HdL4                    | 0.21 | 0.22 | 0.27 | 0.26 | 0.32 | 0.28 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.34 | 0.39 | 0.36 | 0.34 | 0.39 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.20 | 0.20 | 0.21 | 0.20 |
| 36. <i>H.kiziriani</i> HdL6                    | 0.21 | 0.22 | 0.28 | 0.26 | 0.32 | 0.28 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.34 | 0.39 | 0.37 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.21 | 0.21 | 0.21 | 0.20 |
| 37. <i>H.kiziriani</i> HdL7                    | 0.21 | 0.22 | 0.28 | 0.26 | 0.32 | 0.28 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.39 | 0.38 | 0.34 | 0.39 | 0.37 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.35 | 0.35 | 0.39 | 0.35 | 0.21 | 0.21 | 0.21 | 0.20 |
| 38. <i>H.aurantiacus</i> JN393933              | 0.32 | 0.30 | 0.25 | 0.27 | 0.29 | 0.25 | 0.33 | 0.33 | 0.33 | 0.33 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.33 | 0.32 | 0.31 | 0.31 | 0.32 | 0.34 | 0.32 | 0.26 | 0.28 | 0.29 | 0.27 |
| 39. <i>H.titiwangsaensis</i> JN393934          | 0.30 | 0.28 | 0.29 | 0.28 | 0.00 | 0.30 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.33 | 0.32 | 0.30 | 0.33 | 0.29 | 0.30 | 0.33 | 0.32 | 0.31 | 0.32 | 0.32 | 0.30 | 0.29 | 0.30 | 0.31 | 0.29 |
| 40. <i>H.yunnanensis</i> 2 JN393935            | 0.29 | 0.28 | 0.28 | 0.28 | 0.29 | 0.29 | 0.34 | 0.35 | 0.34 | 0.36 | 0.35 | 0.32 | 0.35 | 0.33 | 0.33 | 0.35 | 0.32 | 0.32 | 0.33 | 0.36 | 0.32 | 0.25 | 0.27 | 0.29 | 0.25 |
| 41. <i>H.sp</i> JN393936                       | 0.27 | 0.26 | 0.27 | 0.29 | 0.19 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.32 | 0.36 | 0.30 | 0.32 | 0.37 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.36 | 0.30 | 0.26 | 0.25 | 0.26 | 0.26 |
| 42. <i>H.yunnanensis</i> 3 JN393949            | 0.28 | 0.26 | 0.19 | 0.20 | 0.28 | 0.26 | 0.34 | 0.35 | 0.34 | 0.35 | 0.35 | 0.32 | 0.35 | 0.30 | 0.32 | 0.35 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.35 | 0.32 | 0.25 | 0.25 | 0.27 | 0.25 |
| 43. <i>H.ganoklonis</i> JN393950               | 0.30 | 0.28 | 0.28 | 0.29 | 0.28 | 0.18 | 0.34 | 0.34 | 0.34 | 0.35 | 0.35 | 0.32 | 0.35 | 0.33 | 0.32 | 0.36 | 0.32 | 0.32 | 0.32 | 0.34 | 0.32 | 0.29 | 0.29 | 0.29 | 0.28 |
| 44. <i>G.adleri</i> KP205389                   | 0.39 | 0.35 | 0.33 | 0.35 | 0.31 | 0.34 | 0.09 | 0.10 | 0.09 | 0.10 | 0.08 | 0.09 | 0.09 | 0.11 | 0.10 | 0.08 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.00 | 0.33 | 0.34 | 0.36 | 0.33 |
| 45. <i>G.truongi</i> KP205398                  | 0.36 | 0.34 | 0.31 | 0.34 | 0.32 | 0.31 | 0.21 | 0.22 | 0.21 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.23 | 0.23 | 0.22 | 0.22 | 0.22 | 0.34 | 0.34 | 0.35 | 0.34 |
| 46. <i>H.cf.yunnanensis</i> 1 Hd16             | 0.24 | 0.14 | 0.28 | 0.27 | 0.30 | 0.30 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.29 | 0.36 | 0.32 | 0.29 | 0.36 | 0.30 | 0.30 | 0.30 | 0.36 | 0.31 | 0.21 | 0.21 | 0.23 | 0.21 |
| 47. <i>H.cf.yunnanensis longlinhensis</i> Hd18 | 0.27 | 0.27 | 0.18 | 0.18 | 0.30 | 0.25 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.34 | 0.36 | 0.33 | 0.34 | 0.37 | 0.34 | 0.34 | 0.34 | 0.36 | 0.35 | 0.25 | 0.26 | 0.26 | 0.25 |
| 48. <i>H.cf.yunnanensis</i> 1 Hd15             | 0.24 | 0.14 | 0.28 | 0.27 | 0.30 | 0.30 | 0.36 | 0.36 | 0.36 | 0.37 | 0.36 | 0.29 | 0.36 | 0.32 | 0.30 | 0.36 | 0.30 | 0.30 | 0.31 | 0.36 | 0.32 | 0.21 | 0.22 | 0.23 | 0.21 |
| 26. <i>H.zugi</i> Hd1                          | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 27. <i>H.cf.yunnanensis</i> 2 Hd17             | 0.23 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 28. <i>H.cf.yunnanensis</i> 2 Hd19             | 0.23 | 0.01 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 29. <i>H.zugi</i> Hd2                          | 0.00 | 0.23 | 0.23 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 30. <i>H.cf.zugi</i> Hd20                      | 0.15 | 0.21 | 0.22 | 0.15 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 31. <i>H.zugi</i> Hd3                          | 0.01 | 0.23 | 0.23 | 0.00 | 0.15 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 32. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd30   | 0.08 | 0.22 | 0.22 | 0.08 | 0.16 | 0.07 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 33. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd31   | 0.08 | 0.22 | 0.23 | 0.08 | 0.16 | 0.08 | 0.03 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 34. <i>H.cf.yunnanensis dushanensis</i> Hd32   | 0.08 | 0.22 | 0.22 | 0.07 | 0.15 | 0.07 | 0.03 | 0.03 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 35. <i>H.kiziriani</i> HdL4                    | 0.20 | 0.22 | 0.22 | 0.20 | 0.20 | 0.20 | 0.21 | 0.21 | 0.20 | -    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 36. <i>H.kiziriani</i> HdL6                    | 0.21 | 0.22 | 0.22 | 0.20 | 0.20 | 0.2  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |

ND2 đã bước đầu cho thấy sông Hồng có thể là ranh giới tự nhiên đối với các nhánh di truyền khác biệt và các loài đã mô tả của giống *Hemiphyllodactylus*. Tuy nhiên, biên giới tự nhiên này lại không có vai trò trong việc ngăn cản sự trao đổi giữa các quần thể của nhóm *Gekko palmatus*. Cụ thể là không có sự phân tách rõ ràng về mặt di truyền giữa các quần thể của nhóm này ở phía Đông và phía Tây của sông Hồng. Hiện tượng này xảy ra có thể do khả năng phát tán cao của nhóm *Gekko palmatus* và khả năng thích nghi nhanh chóng với các môi trường sống mới của nhóm có phân bố rộng này. Ngoài ra, mức độ đa dạng loài và di truyền của giống *Hemiphyllodactylus* cao ở phía Tây sông Hồng cho thấy khu vực này là vùng bắt nguồn của nhiều nhánh di truyền và loài của giống này trước khi chúng phát tán sang phía Đông của sông Hồng.

### LỜI CẢM ƠN

Chúng tôi xin cảm ơn GS.TS Thomas Ziegler, TS Lưu Quang Vinh, TS Phạm Thế Cường đã tham gia khảo sát thực địa và cung cấp mẫu vật. Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ Phát triển Khoa học và Công nghệ Quốc gia thông qua đề tài mã số 106-NN.06-2016.59.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] P. Uetz & J. Hosek (2017), *The Reptile Database*, <http://www.reptile-database.org>.
- [2] J. Loos, H. Von Wehrden, K.N. Dang, T. Ziegler (2012), "Niche segregation in microhabitat use in of three sympatric *Cyrtodactylus* in the Phong Nha - Ke Bang National Park, central Vietnam", *Herpetological Conservation and Biology*, **7**, pp.101-108.
- [3] L.L. Grismer, P.L. Jr. Wood, E.S.H. Quah, A. Shahrul, M.A. Muin, M. Sumontha, A. Norhayati, A.M. Bauer, S. Wangkulangkul, J.L. Grismer, O.S.G. Pauwels (2012), "A phylogeny and taxonomy of the Thai-Malay Peninsula Bent-toed Geckos of the *Cyrtodactylus pulchellus* complex (Squamata: Gekkonidae): combined morphological and molecular analyses with descriptions of seven new species", *Zootaxa*, **3520**, pp.1-55.
- [4] N. Schneider, T.M. Phung, M.D. Le, T.Q. Nguyen & T. Ziegler (2014), "A new *Cyrtodactylus* (Squamata: Gekkonidae) from Khanh Hoa Province, southern Viet Nam", *Zootaxa*, **3785**, pp.518-532.
- [5] H. Rösler, A.M. Bauer, M. Heinicke, E. Greenbaum, T. Jackman, Q.T. Nguyen & T. Ziegler (2011), "Phylogeny, taxonomy, and zoogeography of the genus *Gekko* Laurenti, 1768 with the revalidation of *G. reevesii* Gray, 1831 (Sauria: Gekkonidae)", *Zootaxa*, **2989**, pp.1-50.
- [6] T.Q. Nguyen, T. Lehmann, M.D. Le, H.T. Duong, M. Bonkowski, T. Ziegler (2013), "A new species of *Hemiphyllodactylus* (Reptilia: Gekkonidae) from northern Vietnam", *Zootaxa*, **3736**, pp.89-98.
- [7] G.R. Zug (2010), "Speciation and dispersal in a low diversity taxon: The Slender Geckos *Hemiphyllodactylus* (Reptilia, Gekkonidae)", *Smithsonian Contributions to Zoology*, **631**, pp.1-70.
- [8] K.-Y. Zhou, Y.-Z. Liu, G.-P. Yang (1981), "Three new subspecies of *Hemiphyllodactylus yunnanensis* (Boulenger) from China", *Acta Zootaxonomica Sinica*, **6**, pp.202-209.
- [9] T.Q. Nguyen, Y.-Y. Wang, J.-H. Yang, T. Lehmann, M.D. Le, T. Ziegler, M. Bonkowski (2013), "A new species of the *Gekko japonicus* group (Squamata: Sauria: Gekkonidae) from the border region between China and Vietnam", *Zootaxa*, **3652**, pp.501-518.
- [10] R.H. Bain, M.M. Hurley (2011), "A biogeographic synthesis of the amphibians and reptiles of Indochina", *Bulletin of the American Museum of Natural History*, **360**, pp.1-138.
- [11] F. Günther (2013), *Which importance has the Red River in Vietnam for the distribution of Goniurosaurus (Squamata: Eublepharidae) and Cyrtodactylus (Squamata: Gekkonidae)? A survey based on SDMs and niche comparisons*, Master thesis, University of Bonn, Germany.
- [12] J.D. Thompson, T.J. Gibson, F. Plewniak, F. Jeanmougin & D.G. Higgins (1997), "The ClustalX windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools", *Nucleic Acids Research*, **25**, pp.4876-4882.
- [13] F. Ronquist, M. Teslenko, P. van der Mark, D.L. Ayres, A. Darling, S. Höhna, B. Larget, L. Liu, M.A. Suchard & J.P. Huelsenbeck (2012), "MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space", *Systematic Biology*, **61**, pp.539-542.
- [14] D. Posada & K.A. Crandall (1998), "MODELTEST: testing the model of DNA substitution", *Bioinformatics*, **14**, pp.817-818.
- [15] D.L. Swofford (2001), *PAUP\*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and other methods), version 4*, <http://www.tsu.edu/PDFFiles/CBER/Miranda/PAUP%20Manual.pdf>.
- [16] V.Q. Luu, T. Calame, T.Q. Nguyen, M.D. Le, M. Bonkowski, T. Ziegler (2014), "A new species of the *Gekko japonicus* group (Squamata: Gekkonidae) from central Laos", *Zootaxa*, **3895**, pp.73-88.