

**BỔ SUNG DẪN LIỆU VỀ HÌNH THÁI VÀ DI TRUYỀN CỦA LOÀI  
*Cyrtodactylus bichnganae* (REPTILIA: GEKKONIDAE)**

**Phạm Văn Anh<sup>1</sup>, Phạm Văn Nhã<sup>1</sup>, Nguyễn Đặng Thùy Linh<sup>1</sup>, Lê Đức Minh<sup>2</sup>,  
Đỗ Hạnh Quyên<sup>2</sup>, Phạm Duy Nghĩa<sup>2</sup>, Nguyễn Quảng Trường<sup>3,4</sup>**

<sup>1</sup>Trường Đại học Tây Bắc

<sup>2</sup>Trường Đại học Khoa học Tự nhiên,  
Đại học Quốc gia Hà Nội

<sup>3</sup>Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật,  
Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

<sup>4</sup>Học viện Khoa học và Công nghệ,  
Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

Sơn La là tỉnh miền núi Tây Bắc Việt Nam, với diện tích 14.125 km<sup>2</sup>, độ che phủ rừng khoảng 40%, trong đó rừng tự nhiên khoảng 439.592 ha (UBND tỉnh Sơn La, 2007). Các khoảnh rừng tái sinh trên núi đá vôi quanh khu vực thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc mặc dù đã bị tác động nhưng chất lượng còn khá tốt, là sinh cảnh sống phù hợp cho các loài thằn lằn ngón thuộc giống *Cyrtodactylus*. Loài Thạch sùng ngón bích ngân *C. bichnganae* mới được công bố bởi Ngo & Grismer (2010) với hai mẫu chuẩn thu ở thành phố Sơn La. Phạm Văn Anh và cs. (2015) ghi nhận lại loài này ở thành phố Sơn La. Tuy nhiên, các dẫn liệu về hình thái của loài này còn rất hạn chế ngoại trừ mô tả gốc của loài từ năm 2010. Bên cạnh đó, hiện chỉ có một mẫu của *C. bichnganae* thu từ thành phố Sơn La được đưa vào phân tích quan hệ di truyền trong nghiên cứu của Nguyen et al. (2015).

Trong các chuyến khảo sát gần đây, chúng tôi đã thu thập bổ sung 11 mẫu của loài *C. bichnganae* ở khu vực rừng xung quanh thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu. Dựa vào các mẫu trên chúng tôi đã bổ sung dẫn liệu về đặc điểm hình thái và di truyền của loài này ở tỉnh Sơn La.

**I. NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU**

Thời gian và địa điểm nghiên cứu: Các đợt khảo sát thực địa được thực hiện trong các tháng 7/2014, 9/2014, 3/2015, 4/2015 và 9/2015. Địa điểm khảo sát thuộc phường Chiềng Sinh, các xã Chiềng Xôm, Chiềng Ngần ở thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu, tỉnh Sơn La. Các tuyến khảo sát được thiết lập dọc theo đường mòn trong rừng, các vách và hang núi đá vôi. Mẫu vật được thu thập bằng tay từ 18 giờ 30 phút đến 22 giờ 00 phút. Các mẫu thu được đựng trong túi vải, sau khi chụp ảnh, mẫu được gây mê, đeo nhãn, định hình trong cồn 90% trong vòng 8-10 giờ và bảo quản trong cồn 70%.

Mẫu vật nghiên cứu: Chúng tôi đã phân tích đặc điểm hình thái của 11 mẫu vật và 4 mẫu sử dụng trong phân tích di truyền của loài *C. bichnganae* đại diện cho 4 quần thể (phường Chiềng Sinh, xã Chiềng Xôm, Chiềng Ngần thuộc thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu). Các mẫu vật hiện đang được lưu giữ tại Khoa Sinh-Hóa, trường Đại học Tây Bắc (TBU) và Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật (IEBR). Để xây dựng cây quan hệ di truyền, chúng tôi sử dụng trình tự của các loài thuộc nhóm loài *Cyrtodactylus wayakonei* (Luu et al. 2016) từ Ngân hàng gen. Hai loài, *C. elok* và *C. pulchellus*, được sử dụng làm nhóm ngoài.

Phân tích các đặc điểm hình thái: Các chỉ số đo với độ chính xác đến 0,1 mm bao gồm: Dài đầu và thân (SVL), từ nút mõm đến lỗ huyệt; dài đuôi (TaL), từ lỗ huyệt tới nút đuôi; dài nách - bẹn (AG), từ phần sau của cánh tay đến trước đùi; dài đầu (HL), từ nút mõm đến mép sau gờ

xương hàm trên; rộng nhất của đầu (HW); cao nhất của đầu (HH); đường kính lớn nhất của ổ mắt (OD); khoảng cách mút mõm - mắt (SE), từ mút mõm tới góc trước của mắt; khoảng cách tai - mắt (EyeEar), từ góc sau mắt đến góc trước lỗ tai; đường kính tai (ED), đo phần lớn nhất; khoảng cách gian mũi (IND); rộng nhất thân ở giữa (BW); dài cẳng tay (ForeaL) từ củ bàn đến khuỷu tay; dài ống chân (CrusL), từ góc chân đến đầu gối. Các chỉ số đếm bao gồm: vảy môi trên (SL); vảy môi dưới (IL); vảy xung quanh lỗ mũi (N); vảy gian mũi (IN); vảy xung quanh mí mắt (CIL); vảy sau cằm (PM); số hàng nốt sần trên lưng (DTR); vảy xung quanh nốt sần trên lưng (GST); số hàng vảy bụng tính ở giữa hai nếp gấp bên sườn (V); số vảy ở giữa cơ thể tính từ sau vảy cằm đến trước lỗ huyết (SLB); vảy đuôi nở rộng (EFS); lỗ đuôi (FP); lỗ trước huyết (PP); nốt sần sau huyết (PAT); số bản móng dưới ngón tay (NSF); số bản móng dưới ngón chân (NST). Các số vảy hai bên thể hiện trái/phải.

Phân tích quan hệ di truyền: Gen ty thể COI được lựa chọn để khuếch đại và xây dựng cây phát sinh loài. Đây là chỉ thị phân tử đã được sử dụng trong nhiều công trình nghiên cứu của giống thằn lằn ngón *Cyrtodactylus*. Cặp mồi được sử dụng để khuếch đại đoạn gen COI là VF1-d và VR1-d (Ivanova et al., 2006). Sử dụng bộ Kit Dneasy Blood and Tissue (Quiagen, CHLB Đức) để tách chiết DNA. Quá trình tách chiết được tiến hành theo hướng dẫn của nhà sản xuất, có chỉnh lý dựa trên phương pháp của Le et al. (2006). Phản ứng PCR được tiến hành với HotStarTaq mastermix (Qiagen) đối với những mẫu có nồng độ DNA thấp và Dream Taq PCR Mastermix (Thermo Fisher Scientific) đối với những mẫu có nồng độ DNA cao. Tổng thể tích của mỗi phản ứng PCR là 21  $\mu$ l, bao gồm 1-2  $\mu$ l DNA khuôn (tùy theo nồng độ DNA), 2  $\mu$ l mỗi chiều mồi (10  $\mu$ mol/ $\mu$ l), 5  $\mu$ l nước, 10  $\mu$ l mastermix. Điều kiện của phản ứng PCR là: 95°C ở 15 phút đối với Taq của Qiagen và 5 phút đối với Taq của Thermo; 35 chu kỳ phản ứng ở 95°C trong 30 phút, 48°C trong 45 phút, 72°C trong 1 phút; bước kéo dài cuối cùng ở 72°C trong 6 phút. 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 phút 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) và gửi giải trình tự hai chiều tại công ty 1<sup>st</sup>Base (Malaysia). Kết quả giải trình tự được xác thực bằng công cụ BLAST trên Ngân hàng gen (GenBank) trước khi tiến hành các phân tích sâu hơn về cây phát sinh chủng loại.

Các trình tự gen thu nhận được từ nghiên cứu này cùng với các trình tự sẵn có trên GenBank được giống cột bằng phần mềm ClustalX (Thompson et al. 1997) với các lựa chọn mặc định cho chức năng sắp xếp hoàn chỉnh. Cây phát sinh loài được xây dựng dựa trên ba phương pháp, phương pháp tiết kiệm tối đa (maximum parsimony) và thích hợp tối đa (maximum likelihood) sử dụng phần mềm PAUP (Swofford 2001) và Bayes sử dụng phần mềm MrBayes v3.2 (Ronquist et al. 2012). Mô hình tiến hóa tối ưu được xác định bằng phần mềm Modeltest v3.7 (Posada & Crandall 1998) với các thông số khác được phần mềm MrBayes v3.2 xác định. Các phân tích được thực hiện dựa trên cây ngẫu nhiên lúc ban đầu và chạy trong  $1 \times 10^7$  thế hệ. Bốn chuỗi Markov, 1 lạnh và 3 nóng (sử dụng giá trị có sẵn), được thực hiện tần số lấy mẫu cây được tạo ra sau 1000 thế hệ. Các loài nhóm ngoài được lựa chọn theo Luu et al. (2016). Giá trị của gốc nhánh được coi là đáng tin cậy khi xác suất hậu nghiệm  $\geq 95\%$ . Việc ước tính khoảng cách di truyền giữa các mẫu được thực hiện trên phần mềm PAUP.

## II. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

### Đặc điểm hình thái

*Mẫu vật nghiên cứu (n = 11):* 1 mẫu đực (TBUPAT.250) thu trong tháng 7/2014 ở xã Chiềng Ngần, thành phố Sơn La (21°18'N, 103°56'E, 660 m); 2 mẫu đực (CS.2015.2&3) thu

trong tháng 3/2015 ở phường Chiềng Sinh, thành phố Sơn La (21°17'N, 103°57'E, 630 m); 1 mẫu cái (CN.2015.1) thu trong tháng 3/2015 ở xã Chiềng Ngần, thành phố Sơn La (21°18'N, 103°56'E, 660 m); 2 mẫu đực (CP.2015.61, 67) và 1 mẫu cái (CP.2015.66) thu trong tháng 3/2015 và 1 mẫu cái khác (CP.2015.113) thu trong tháng 4/2015 ở xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu (21°24'N, 103°46'E, 860 m); 2 mẫu đực (CX.2015.2&3) và 1 mẫu cái (CX.2015.14) thu trong tháng 9/2015 ở xã Chiềng Xôm, thành phố Sơn La (21°39'N, 103°92'E, 520 m). So với vùng phân bố trong mô tả gốc của Ngo & Grismer (2010), nghiên cứu này đã bổ sung thêm địa điểm phân bố của loài ở phường Chiềng Sinh, xã Chiềng Xôm, thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu.

Mẫu vật có đặc điểm nhận dạng phù hợp với mô tả của Ngo & Grismer (2010): Kích cỡ lớn SVL 93,0-101,4 mm (TB  $\pm$  SD 96,1  $\pm$  3,2, n = 7) ở con đực; 75,0-99,3 mm (TB  $\pm$  SD 87,1  $\pm$  10,0, n = 4) ở con cái; đầu dài (HL/SVL 0,27-0,29 ở con đực; 0,27-0,30 ở con cái), hẹp (HW/HL 0,59-0,71 ở con đực; 0,60-0,67 ở con cái), dẹp (HH/HL 0,35-0,42 ở con đực; 0,34-0,39 ở con cái), phân biệt rõ với cổ; mút mõm dài (SE/HL 0,38-0,44 ở con đực; 0,40-0,43 ở con cái), hơi nhọn và dài hơn đường kính ổ mắt (OD/SE 0,55-0,64 ở con đực; 0,55-0,60 ở con cái); mắt lớn (OD/HL 0,22-0,28 ở con đực; 0,22-0,25 ở con cái), con ngươi ngang, hơi đỏ cam; mí mắt với các vảy gai nhỏ ở phía sau; lỗ tai hình ô van, nhỏ (ED/HL 0,06-0,09 ở con đực; 0,09-0,10 ở con cái); khoảng cách tai mắt lớn hơn đường kính ổ mắt (EE/OD 1,09-1,28 ở con đực; 1,17-1,29 ở con cái); vảy mõm lớn gần giống hình chữ nhật, ở giữa có đường sáng từ mép trên xuống khoảng  $\frac{1}{2}$  vảy, rộng hơn cao, tiếp xúc với vảy môi trên thứ nhất, lỗ mũi và vảy gian mũi; hai vảy gian mũi tiếp xúc với nhau phần lớn hoặc chỉ tiếp xúc một phần ở phía trước, phía sau tách biệt nhau bởi một vảy nhỏ; lỗ mũi hình ô van, bao quanh bởi vảy trên mũi, vảy mõm, vảy môi trên thứ nhất và ba hoặc bốn vảy nhỏ phía sau; vảy cằm hình tam giác, gần bằng vảy mõm, rộng hơn cao; 9-12 vảy môi trên; 9-10 vảy môi dưới (Hình 1).

Cơ thể thon dài (AG/SVL 0,40-0,44 ở con đực; 0,38-0,46 ở con cái); nếp da bên sườn không thật rõ ràng; nốt sần trên lưng hình nón, lớn gấp 3-4 lần vảy nhỏ khác, bao quanh từ 8-10 vảy nhỏ, có 12-15 hàng nốt sần giữa hai nếp gấp sườn; vảy họng nhỏ, đều nhau, nhẵn; vảy ở bụng lớn hơn vảy lưng, nhẵn, hơi tròn, các vảy lớn nhất ở phần sau của bụng, có 30-38 hàng vảy giữa hai nếp da bên sườn; mỗi bên đùi có từ 11-15 vảy lớn; có 7-19 lỗ đùi ở con đực và thiếu ở con cái; trước huyệt có 7-9 lỗ ở đực và 0-8 lỗ ở con cái.

Chi thon, hơi mảnh, mặt trên lưng chi trước không có các nốt sần hay vảy lớn; mặt trên chi sau có một vài nốt sần ở vùng đùi và ống chân; mặt dưới các chi vảy nhẵn; giữa các ngón tay và ngón chân không có màng, số bản móng dưới ngón tay thứ IV: 16-20; số bản móng dưới ngón chân thứ IV: 17-21.

Đuôi dài, TaL 106,1-111,4 mm (n = 2, ở con đực), 92,5-93,2 mm (n = 2, ở con cái), mút đuôi nhọn; ở mỗi bên gốc đuôi có nốt sần trắng (1-3 ở con đực và 1-4 ở con cái); mặt trên đuôi có nhiều nốt sần ở gốc đuôi, nốt sần rải rác từ sau gốc đuôi tới giữa đuôi; hàng vảy bên dưới giữa đuôi lớn, nhẵn.

*Màu sắc mẫu ngâm:* Mặt trên đầu vùng trán mũi và đỉnh đầu màu vàng nhạt, có đốm nâu sẫm; hai bên thái dương có sọc sẫm màu lớn chạy từ sau mắt vòng về phía gáy; môi trên nâu xám; vùng gáy có dải màu nâu nổi liền hoặc gián đoạn; bên cổ với các đốm nâu lớn, sẫm màu. Trên lưng từ giữa hai chi trước đến giữa hai chi sau có 5-6 dải nâu đen, mép xung quanh sáng, các băng nổi liền hoặc gián đoạn, ở một số cá thể băng chi kéo dài đến giữa lưng, cá biệt có một cá thể các băng tách nhau rời rạc tạo thành cách đốm nâu lớn trên lưng; mặt trên chi trước nâu xám; mặt trên chi sau có các vân ngang nâu rõ; mặt trên đuôi có 7-9 khoanh nâu lớn xen với 7-9 khoanh trắng nhỏ. Mặt dưới: cằm, họng, bụng và bên dưới các chi trắng; mặt dưới đuôi nâu (Hình 1).

**Đặc điểm phân biệt giới tính:** Ở con đực có một số đặc điểm khác con cái: có lỗ đuôi (7-19 so với không có); lỗ trước huyết (7-9 lỗ so với 0-8); gốc đuôi con đực phình to.

**Đặc điểm sinh thái:** Các mẫu vật được thu và bắt gặp vào khoảng thời gian từ 18h00-22h00, bám trên các vách đá nhỏ, hang đá nhỏ, cây bụi, dây leo trên mỏm đá nhỏ, trên thân cây ven vách đá. Sinh cảnh chính là núi đá vôi đã bị tác động mạnh bởi các hoạt động làm nương rẫy của người dân.

**So sánh với mô tả gốc:** Do số lượng mẫu vật trong nghiên cứu này nhiều hơn nên chúng tôi bổ sung thêm các đặc điểm hình thái so với mô tả của Ngo & Grismer (2010): Số hàng vảy dọc bụng nhiều hơn (V: 30-38 so với 30-31); số lỗ đuôi ở con đực có sự dao động lớn hơn (7-19 so với 18), số lỗ đuôi ở con cái không có so với 1; số lỗ trước huyết ở con đực ít hơn (7-9 so với 10); số lỗ trước huyết ở con cái dao động từ 0-8 (đa số cá thể không có) so với 8; số nốt sần bên huyết dao động từ 1-4 so với 1-2; số hàng nốt sần trên lưng ít hơn (12-15 so với 16-18), các chỉ số khác xem bảng 1.



Hình 1: Loài *C. bichnganae* ở tỉnh Sơn La (1. Mẫu đực; Vùng lỗ huyết của các quần thể: 2- Chiềng Ngần, 3- Chiềng Pắc, 4- Chiềng Sinh và 5- Chiềng Xôm)

**So sánh giữa các quần thể:** Mẫu cái ở Chiềng Xôm có vết sẫm màu trên lưng đứt quãng so với vết trên lưng rõ ràng ở các quần thể khác và có 8 lỗ trước huyết, so với thiếu ở mẫu cái của các quần thể khác. Mẫu đực ở Chiềng Ngần có số lỗ trước huyết nhiều hơn so với các quần thể khác (9 so với 8 ở Chiềng Pắc và Chiềng Sinh, 7-8 ở Chiềng Xôm); các mẫu ở Chiềng Ngần có số gai sần bên lỗ huyết nhiều hơn so với các mẫu ở Chiềng Pắc (3-4 so với 1-2).

Bảng 1

**Đặc điểm hình thái các mẫu vật mới thu thập của loài *Cyrtodactylus bichnganae* so với mô tả của Ngo & Grismer (2010)**

Chỉ số	Mẫu đực (n = 7)					Mẫu cái (n = 4)			
	CN (n=1)	CS (n=2)	CP (n=2)	CX (n=2)	Holo type	CN (n=1)	CP (n=2)	CX (n=1)	Para type
SVL	95,5	96,0-101,4	93,7-99,4	93,0-93,5	95,3	99,3	85,6-88,6	75	99,9
TaL	82,9*	106,1	111,4	-	96,3*	76,2*	93,2	92,5	115,6
HL	26,6	27,2-27,2	27,4-27,4	25,2-25,5	25,6	26,6	24,4	21,4	24,5
HW	18,0	17,3-18,8	16,2-16,3	18,0-18,1	17,3	16,4	15,1-16,3	13,2	16,9
HH	11,3	9,4-10,6	9,5-10,3	9,2-10,2	9,5	10,2	8,6-9,0	8,3	8,2
OD	7,5	6,1-6,3	6,4-6,6	6,2-6,2	6,3	6,3	5,5-6,1	5,3	6,1

TIÊU BAN ĐA DẠNG SINH HỌC VÀ BẢO TỒN

SE	11,7	11,1-11,3	10,5-11,6	10,4-10,6	10,3	11,1	10,0-10,1	9,2	9,8
EE	8,2	7,5-8,0	7,2-8,2	7,2-7,8	7,4	8,1	6,6-7,3	6,2	6,8
NE	7,9	8,0-8,3	7,5-8,4	7,4-7,7	7,3	8,6	7,0-7,2	6,6	7,1
ED	2,1	2,1-2,1	2,2-2,4	1,6-2,4	2,1	2,4	2,2-2,4	2,1	2,3
ForeaL	15,0	15,0-16,3	16,3-16,7	13,7-15,0	14,2	15,1	14,4-14,8	11,8	14,3
CrusL	19,3	17,6-19,1	18,5-19,0	18,0-18,5	18	18,5	17,6-17,7	14,3	17,7
AG	41,0	40,7-41,6	40,7-42,2	39,1-41,1	39,3	41,7	32,6-35,6	34,2	39,9
BW	14,3	15,7-17,4	14,2-18,2	16,3-16,7	12,8	17,4	11,5-16,4	15	15,5
IND	3,3	2,2-2,7	2,4-2,5	2,3-2,6	2,6	2,6	2,3-2,5	2,5	2,4
IOD	4,1	3,7-4,1	3,2-3,6	3,4-3,4	6,8	2,9	3,4-3,5	2,7	7,6
AG/SVL	0,43	0,40-0,43	0,42-0,43	0,42-0,44	0,41	0,42	0,38-0,40	0,46	0,40
HL/SVL	0,28	0,27-0,28	0,28-0,29	0,27-0,27	0,27	0,27	0,28-0,30	0,29	0,25
HW/HL	0,68	0,64-0,69	0,59-0,59	0,71-0,71	0,68	0,62	0,60-0,67	0,62	0,69
HH/HL	0,42	0,35-0,39	0,35-0,38	0,36-0,40	0,37	0,38	0,34-0,37	0,39	0,33
SE/HL	0,44	0,41-0,42	0,38-0,42	0,41-0,42	0,40	0,42	0,40-0,41	0,43	0,40
OD/SE	0,64	0,54-0,57	0,55-0,63	0,58-0,60	0,61	0,57	0,55-0,60	0,58	0,62
OD/HL	0,28	0,22-0,23	0,23-0,24	0,24-0,25	0,25	0,24	0,22-0,25	0,25	0,25
ED/HL	0,08	0,08-0,08	0,08-0,09	0,06-0,09	0,08	0,09	0,09-0,10	0,10	0,09
EE/OD	1,09	1,23-1,27	1,09-1,28	1,16-1,26	1,17	1,29	1,2-1,2	1,17	1,11
SPL	12/12	9-11	9-11	10-12	10/11	11/10	10-11	9/9	11/12
IFL	10/10	9-10	9-10	9-9	10/9	10/10	9-10	10/9	11/10
N	4/5	4-4	4-4	4-4	?	4/4	4-4	4/4	?
IN	1	1	1	1-1	1	1	1-1	1	1
CIL	33/36	27-32	26-32	30-34	?	27/28	26-32	28/30	?
PM	2	2-2	2-2	2-2	?	2	2-2	2	?
GST	9/8/9	8-9	9-10	9-10	?	9/9/9	9-10	9/10/9	?
V	35-37	32-38	30-32	35-38	30	35-37	35-37	36-37	31
SLB	183-184	180-187	181-187	186-189	?	180-182	175-183	174-176	?
FP	7+7	9-17	7-19	12-16	9+9	0	0	0	1/1 pitted
PP	9	8-8	8-8	7-8	10	0	0	8-pitted	8-pitted
PAT	3/3	2-3	1-2	2-3	2/2	4/4	1-2	3/3	2/1
TubR	13-14	12-14	12-13	13-15	16	12-13	13-15	12-13	18
EFS	11/11	13-14	12-13	13-15	12/11	13/13	12-15	14/12	13/13
NSF									
I	13	13-14	12-16	14-15	16	14/14	12-14	13/13	18
II	14	15-17	14-18	16-17	16	16/17	16-16	16/16	18
III	19	18-19	16-18	18-19	17	18/18	18-19	16/17	19
IV	16	17-19	18-18	18-19	18	18/19	17-18	18/17	20
V	17	19-19	18-19	16-18	18	18/19	18-18	19/19	19
NST									
I	14	14-16	13-15	12-17	21	15/16	13-16	14/15	22
II	16	13-17	16-18	13-18	19	17/18	16-17	16/18	21
III	17	17-20	15-17	15-20	17	19/20	17-18	18/17	17
IV	18	18-20	17-18	18-22	16	19/19	18-20	21/21	20
V	20	18-20	18-20	18-21	16	20/20	19-20	21/21	16

**Ghi chú:** (? = số liệu không được nêu trong mô tả của Ngo & Grismer 2010; CN: Chiềng Ngần, CP: Chiềng Pắc, CS: Chiềng Sinh, CX: Chiềng Xôm)

### Quan hệ di truyền

Kết quả phân tích quan hệ di truyền cho thấy loài Thạch sùng ngôn bích ngân được ghép nhóm với các loài *C. cf. martini* và *C. wayakonei* trong phân tích Bayes và thích hợp tối đa. Tuy nhiên, chỉ số thống kê cho nhóm này thấp lần lượt là 56 và 80 đối với phân tích thích hợp tối đa và Bayes (Hình 2). Như vậy, kết quả này chưa thể khẳng định chắc chắn vị trí của loài *C.*

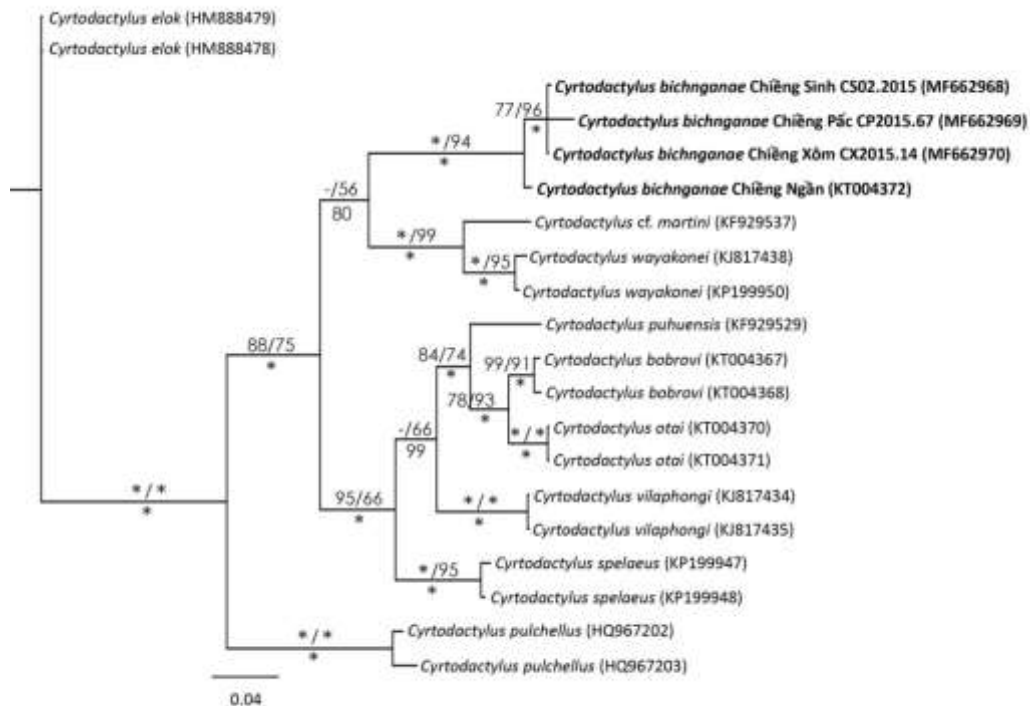
*bichnganae*. Các nghiên cứu trong tương lai cần đưa thêm dẫn liệu từ gen nhân để xây dựng cây quan hệ di truyền có chỉ số xác suất cao hơn đặc biệt đối với vị trí của loài Thạch sùng ngón bích ngân. Ngoài ra, các mẫu của loài này được chia thành 2 nhóm với chỉ số xác suất cao trong cả 3 phân tích, tiết kiệm tối đa, thích hợp tối đa và Bayes. Nhóm 1 gồm 1 mẫu thu từ Chiềng Ngần và Nhóm 2 gồm 3 mẫu thu từ Chiềng Sinh, Chiềng Pắc và Chiềng Xôm (Hình 2).

Về khoảng cách di truyền, kết quả so sánh của Luu et al. (2016) dựa trên gen COI cho thấy loài *Cyrtodactylus bichnganae* có sự khác biệt thấp nhất là 14,8-14,9% và 15,9% lần lượt đối với loài *C. wayakonei* và *C. cf. martini*. Các mẫu thuộc loài Thạch sùng ngón bích ngân có sự khác biệt về mặt di truyền. Đặc biệt là mẫu thu từ Chiềng Ngần khác với mẫu thu từ Chiềng Pắc tới 3,2% (Bảng 2). Tuy nhiên, giữa các mẫu này chưa thấy có sự khác biệt lớn về mặt hình thái (Bảng 1).

Bảng 2

**Khoảng cách di truyền (%) giữa các mẫu của loài Thạch sùng ngón bích ngân**

Mẫu	1	2	3	4
1. Chiềng Ngần	-			
2. Chiềng Pắc	3,2	-		
3. Chiềng Sinh	1,8	1,7	-	
4. Chiềng Xôm	1,7	1,5	0,2	-



Hình 2: Cây phát sinh chủng loại sử dụng phương pháp Bayes (Các chỉ số phía trên và phía dưới nhánh lần lượt này Bootstrap của phương pháp tiết kiệm tối đa /Bootstrap của phương pháp thích hợp tối đa và chỉ số hậu nghiệm của phân tích Bayes, ký hiệu \* được sử dụng khi chỉ số xác suất đạt 100%)

### III. KẾT LUẬN

Đã ghi nhận bổ sung địa điểm phân bố của loài *C. bichnganae* ở xã Chiềng Xôm, Phường Chiềng Sinh thành phố Sơn La và xã Chiềng Pắc, huyện Thuận Châu. Các mẫu vật mới thu thập được có đặc điểm nhận dạng phù hợp với mô tả của Ngo & Grismer (2010). Tuy nhiên, cũng có sai khác nhất định do số lượng mẫu vật thu thập được nhiều hơn so với hai mẫu chuẩn: số hàng vảy dọc bụng (V) hơi lớn hơn (30-38 so với 30-31); số lỗ đuôi ở con đực có sự dao động lớn hơn (7-19 so với 18), số lỗ đuôi ở con cái không có so với 1; số lỗ trước huyệt ở con đực hơi nhỏ hơn (7-9 so với 10); số hàng nốt sần trên lưng ít hơn (12-15 so với 16-18).

Về hình thái, các mẫu vật thu được ở bốn địa điểm Chiềng Xôm, Chiềng Ngần, Chiềng Sinh và Chiềng Pắc có những sai khác nhỏ như về màu sắc các dải băng trên lưng và số lỗ trước huyệt. Tuy nhiên, những sai khác này có thể coi là sai khác giữa các quần thể của cùng một loài.

Các mẫu có sự khác biệt về mặt di truyền đặc biệt là giữa mẫu thu từ Chiềng Ngần và Chiềng Pắc (3,2%). Tuy vậy, trong cây phát sinh loài mẫu thu từ Chiềng Pắc lại nằm cùng nhóm với các mẫu thu được từ Chiềng Sinh và Chiềng Xôm. Các mẫu này chỉ khác biệt với mẫu thu được từ Chiềng Ngần từ 1,7-1,8%. Như vậy, có thể coi đây là những khác biệt ở mức độ quần thể giữa các mẫu thu được từ các địa điểm khác nhau.

**Lời cảm ơn:** Cảm ơn các sinh viên Từ Văn Hoàng, Khăm Đi Pheng Ki Chur, Sòng Bà Nênh, Đậu Văn Triều, Giảng A Hừ (Trường Đại học Tây Bắc) và Nguyễn Văn Tân (Viện Sinh thái và Tài nguyên sinh vật) đã cùng tham gia khảo sát thực địa. Nghiên cứu này được tài trợ bởi Quỹ phát triển khoa học và công nghệ quốc gia (NAFOSTED) trong Đề tài mã số: 106-NN.06-2016.59.

### TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Phạm Văn Anh, Từ Văn Hoàng, Khăm Đi Pheng Ki Chur, Nguyễn Quảng Trường, Nguyễn Lâm Hùng Sơn, Nguyễn Kim Tiến, 2015. Đa dạng thành phần loài lưỡng cư, bò sát ở thành phố Sơn La. Kỷ yếu Hội nghị toàn quốc về sinh thái và tài nguyên sinh vật, 671-678.
2. Ivanova, N. V., de Waard, J., Hebert, P. D. N., 2006. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*, 6: 998-1002.
3. Le, M., Raxworthy, C.J., McCord, W. P., Mertz, L., 2006. A molecular phylogeny of tortoises (Testudines: Testudinidae) based on mitochondrial and nuclear genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40: 517-531.
4. Luu, V. Q., Bonkowski, M., Nguyen, T. Q., Le, M. D., Schneider, N., Ngo, H. T. & Ziegler, T., 2016. Evolution in karst massifs: Cryptic diversity among bent-toed geckos along the Truong Son Range with descriptions of three new species and one new country record from Laos. *Zootaxa*, 4107: 101-140.
5. Ngo, V. T., Grismer, L. L., 2010. A new karst dwelling *Cyrtodactylus* (Squamata: Gekkonidae) from Son La Province, north-western Vietnam. *Hamadryad*, 35(1): 84-95.
6. Nguyen, T. Q., Le, M.D., Pham, A. V., Ngo, H. N., Hoang, C. V., Pham, C. T. & Ziegler, T., 2015. Two new species of *Cyrtodactylus* (Squamata: Gekkonidae) from the karst forest of Hoa Binh Province, Vietnam. *Zootaxa*, 3985: 375-390.
7. Posada, D., Crandall, K. A., 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, 14: 817-818.

8. **Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A. & Huelsenbeck, J. P., 2012.** MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61: 539-542.
9. **Swofford, D. L., 2001.** PAUP\*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (\* and Other Methods), version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
10. **Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. & Higgins, D. G., 1997.** The ClustalX windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25: 4876-4882.
11. Ủy ban nhân dân tỉnh Sơn La, 2007. Cổng thông tin điện tử tỉnh Sơn La, <http://sonla.gov.vn/> (cập nhật ngày 20/4/2017).

**ADDITIONAL MORPHOLOGICAL CHARACTERS  
AND MOLECULAR DIVERGENCE OF *CYRTODACTYLUS BICHNGANAE*  
(REPTILIA: GEKKONIDAE)**

**Pham Van Anh, Pham Van Nha, Nguyen Dang Thuy Linh, Le Duc Minh,  
Do Hanh Quyen, Pham Duy Nghia, Nguyen Quang Truong**

SUMMARY

Based on the collection of *Cyrtodactylus bichnganae* from Son La City and Thuan Chau District we recorded three new localities of the species in Son La Province. Additional results from morphological and molecular analyses of the samples are also presented in the study. The newly collected specimens slightly differ from the original description of Ngo & Grismer (2010) in the number of precloacal pores in males and dorsal tubercle rows. Phylogenetic analyses show that the samples of *C. bichnganae* are grouped in two distinct clades, one consists of a sample collected from Chieng Ngan and the other includes samples from Chieng Pac, Chieng Sinh, and Chieng Xom. Samples from Chieng Ngan and Chieng Pac are most divergent (3.2%), but others are only separated by 1.7-1.8% in terms of pairwise molecular distance. We conclude that the molecular and morphological divergences of the samples of *C. bichnganae* from Son La Province show characteristics of population rather than specific variations.