

云南红河发现南蹼趾壁虎

铁民华^{①②} 曹静^③ 罗旭^{①②} 刘小龙^④ 艾仁达^{①②}
李杨^⑤ 管振华^{①②*}

① 西南林业大学, 西南山地森林资源保育与利用教育部重点实验室 昆明 650224;

② 西南林业大学, 云南生物多样性研究院 昆明 650224; ③ 清迈大学理学院 清迈 50200, 泰国;

④ 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;

⑤ 云南大围山国家级自然保护区管护局科研所 红河 661199

摘要: 2023年7月24日, 在云南省红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县采集到2只壁虎。经形态学特征比较, 这2号标本与南蹼趾壁虎 (*Gekko palmatus*) 的特征相符: 鼻孔与吻鳞相接, 鼻间鳞1或2枚; 体背具疣鳞, 而四肢无疣鳞; 指、趾间蹼发达; 雄性肛前孔21或25个; 尾基部每侧肛疣1个; 枕部有一对深褐色斑块; 颈部至尾基有4或5条深褐色横斑。基于16S rRNA基因序列重建的系统发育关系显示, 其与南蹼趾壁虎聚为一支, 遗传距离仅为0.5%, 而与多疣壁虎亚属内其他物种间的遗传距离则在2.6%~17.6%。综合考虑形态特征和系统发育分析的结果, 鉴定这2号标本为南蹼趾壁虎。且此物种为云南省爬行动物分布新记录种。

关键词: 壁虎属; 南蹼趾壁虎; 红河哈尼族彝族自治州; 生物多样性; 分布新记录种

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2025) 05-783-08

Gekko palmatus Found in Honghe, Yunnan, China

TIE Min-Hua^{①②} CAO Jing^③ LUO Xu^{①②} LIU Xiao-Long^④ AI Ren-Da^{①②}
LI Yang^⑤ GUAN Zhen-Hua^{①②*}

① Key Laboratory for Forest Resources Conservation and Utilization in the Southwest Mountains of China, Ministry of Education, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; ② Yunnan Academy of Biodiversity, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China;

③ Faculty of Science, Chiang Mai University, Chiang Mai 50200, Thailand; ④ Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development, Ministry of Education, School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China; ⑤ Research Institute of Yunnan

Daweishan National Nature Reserve Management and Protection Bureau, Honghe 661199, China

Abstract: This study aims to confirm the taxonomic identity of gecko specimens collected in Yunnan Province, China, and determine whether they represent a new reptile record for the province. On July 24, 2023, two gecko specimens were collected in the Hekou Yao Autonomous County within the Honghe Hani and Yi

* 通讯作者, E-mail: guanzhenhua@swfu.edu.cn;

第一作者介绍 铁民华, 男, 硕士; 研究方向: 野生动植物保护与利用; E-mail: 2161069390@qq.com.

收稿日期: 2024-11-18, 修回日期: 2025-03-24 DOI: 10.13859/j.cjz.202524264 CSTR: 32109.14.cjz.24264

Autonomous Prefecture of Yunnan Province, China. First, they were identified based on morphological characteristics described by Boulenger (1907) and Song et al. (2024). Then, phylogenetic analyses based on maximum likelihood (ML) and Bayesian inference (BI) approaches were performed using the 16S rRNA gene to assess genetic relationships among all the species used in this study. Finally, genetic distances were calculated via the uncorrected pairwise distance (p -distance) model in MEGA X. Morphological comparison suggests that the new specimens are *Gekko palmatus*: nares in contact with the rostral, with 1 or 2 internasals; tubercles present on dorsum but absent on the limbs; webbings between the fingers and toes well developed; 21 or 25 precloacal pores in males; one postcloacal tubercle on each side of the tail base; a pair of dark-brown plaques on the occiput; 4 or 5 dark-brown stripes from the nape to the caudal base (Fig. 2, Table 2). Phylogenetic analyses also reveal that these specimens cluster with *G. palmatus* (Fig. 3), with high node supports (ultrafast bootstrap approximation, UFB 98; Bayesian posterior probability, BPP 1.00). Moreover, the genetic distance between the newly collected specimens from Yunnan and those from other locations is 0.5%, which is significantly lower than the genetic distances (ranging from 2.6% to 17.6%) among other species within the subgenus *Japonigekko* (Table 3). Both the morphological characteristics and phylogenetic insights identify the specimens as *G. palmatus*, which represents the first documented occurrence of this species in Yunnan Province, China. This finding expands the known distribution of *G. palmatus* and contributes to the herpetofaunal diversity records of this region.

Key words: *Gekko*; *Gekko palmatus*; Honghe Hani and Yi Autonomous Prefecture; Biodiversity; New record species

南蹠趾壁虎 (*Gekko palmatus*) 隶属于爬行纲 (Reptilia) 有鳞目 (Squamata) 壁虎科 (Gekkonidae) 壁虎属多疣壁虎亚属 (*Japonigekko*)。其模式产地位于越南北部凉山省 (Lang Son) 茂山 (Mau Son Mountain) (Boulenger 1907)。目前, 这一物种已知的分布范围还包括了越南的安沛省 (Yen Bai)、永福省 (Vinh Phuc)、广宁省 (Quang Ninh) 和广平省 (Quang Binh) (Ota et al. 1995, Nguyen et al. 2009), 以及中国的广东和广西 (Wang et al. 2024)。2023 年 7 月 24 日, 在云南红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县南溪镇采集到 2 号雄性壁虎标本。经过对形态特征的细致比较和系统发育分析, 确认这 2 号标本属于南蹠趾壁虎, 为云南省爬行动物分布新记录种。本文详细描述了分布于云南红河南蹠趾壁虎的形态特征及其分布范围, 并补充了新的分子数据, 为该物种未来的研究提供了

基础资料。

1 材料与方法

1.1 标本采集

2023 年 7 月 24 日晚, 在云南省红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县南溪镇 (103°56'13" E, 22°40'10" N, 海拔 93.8 m) 的阔叶林中, 在喀斯特地貌岩壁和人工建筑物外墙上共采集到了 2 只成年雄性壁虎和 2 只亚成体壁虎 (图 1)。在采集过程中, 亚成体壁虎仅被采集少量尾端组织样本, 并在采集后立即放归自然。2 只成体壁虎进行安乐死处理后, 从每个标本的大腿肌肉中剪取了少量组织样本, 并将其保存于 95%乙醇溶液中, 以备后续分子实验使用。2 号壁虎标本 (编号为 SWU 0003081 和 SWU 0003082) 用 10%福尔马林溶液固定过夜后, 转移到 75%乙醇溶液中进行长期保存。标本被保存于西南大学生命科学学院

标本室。



图 1 南蹠趾壁虎生态照

Fig. 1 Photo of *Gekko palmatus* in the wild

1.2 形态测量

参考 Wang 等 (2024) 的测量方法, 使用德国美纳特电子数显游标卡尺 (量程 0 ~ 150 mm, 精度 0.01 mm) 对采集到的标本进行形态测量。测量指标包括: 头体长、尾长、腋胯距、头长、头宽、头高、尾宽、眼眶直径和耳孔直径。

使用 ZSA0850 连续变倍体视显微镜 (重庆重光实业有限公司) 观察并进行鳞片计数, 以左/右计, 具体包括: 鼻间鳞、上唇鳞、下唇鳞、眶前鳞、体中背部疣鳞行数、雄性肛前孔、肛疣、第 I 指下攀瓣、第 IV 指下攀瓣、第 I 趾下攀瓣和第 IV 趾下攀瓣。

1.3 分子实验和系统发育分析

使用天根生化科技 (北京) 有限公司的血液/细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒 (TIANamp Genomic DNA Kit) 从肌肉和尾组织样本中提取总 DNA。按照 Simon 等 (1994) 设计的引物序列 L3975 (5'-CGC CTG TTT ACC AAA AAC AT-3') 和 H4551 (5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG T-3'), 扩增线粒体 16S rRNA 基因部分片段。PCR 反应体系 25 μ l, 其包含 2 \times Taq Master Mix 12.5 μ l, DEPC 处理水 9.5 μ l, 上下游引物各 1 μ l (10 μ mol/L), DNA

模板 1 μ l (100 μ mol/L)。具体程序: 95 $^{\circ}$ C 预变性 4 min; 35 个循环, 每个循环包括 95 $^{\circ}$ C 变性 40 s, 53 $^{\circ}$ C 退火 34 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。PCR 产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳检测其大小和纯度, 大小符合要求的产物 (600 bp) 送往北京擎科生物科技股份有限公司用扩增引物进行双向测序。获得的原始序列使用 Lasergene v7 软件包中的 SeqMan 工具进行人工校正 (Burland 1999), 所得序列上传到 GenBank。

从 NCBI 数据库的 GenBank 上下载多疣壁虎亚属部分物种的 16S rRNA 序列 (表 1)。参考 Zhang 等 (2023) 的研究, 选取大壁虎 (*G. gecko*) 作为外群进行系统发育分析。所有序列采用 MEGA X (Kumar et al. 2018) 软件的 Clustal W 算法进行比对, 并使用未校正距离模型 (uncorrected pairwise distance, *p*-distance) 计算物种间的遗传距离。随后, 采用最大似然法 (maximum likelihood, ML) 和贝叶斯法 (Bayesian inference, BI) 重建系统发育关系。在建树之前, 使用 jModelTest v2.1.7 软件 (Darriba et al. 2012), 基于赤池信息准则 (Akaike information criterion, AIC) 确定最佳的核苷酸替代模型。利用在线建树软件 IQ-TREE v2 (Nguyen et al. 2015) 构建最大似然树, 选择最佳模型和默认参数, 进行 1 000 次自展以估算节点支持率。超快自举近似值 (ultrafast bootstrap approximation, UFB) 达到 95 及以上的节点被认为是可信的 (Minh et al. 2013)。在 MrBayes v3.1.2 软件 (Ronquist et al. 2012) 中构建贝叶斯树, 从随机树开始, 在默认热值条件下同时运行 4 条马尔可夫链, 进行 1 000 000 代分析, 每 1 000 代抽样一次, 并舍弃最初的 25%。贝叶斯取样是否达到稳定则通过观察分散频率平均标准偏差是否小于 0.01 来确定。贝叶斯后验概率 (Bayesian posterior probability, BPP) 达到 0.95 及以上的节点被认为是高度支持的 (Huelsenbeck et al. 2001, Wilcox et al. 2002)。

表 1 本研究使用的壁虎属样本及其 16S rRNA 基因序列的 GenBank 登录号

Table 1 *Gekko* samples used in this study and GenBank accession numbers of their 16S rRNA gene sequences

编号 ID	物种 Species	采集地 Locality	标本编号 Voucher number	16S rRNA 登录号 GenBank accession number of 16S rRNA gene
1			Yuan 51514 (组织样本 Tissue sample)	PV299956
2		中国云南红河 Honghe, Yunnan, China	Yuan 51515 (组织样本 Tissue sample)	PV299955
3			SWU 0003081	PV299954
4			SWU 0003082	PV299953
5	南蹠趾壁虎 <i>Gekko palmatus</i>	越南凉山 Lang Son, Vietnam	IEBR 2474	KC710234
6		越南北江 Bac Giang, Vietnam	EBR A.0807	KC710233
7		中国广西弄岗 Nonggang, Guangxi, China	SYS r001192	MW451639
8		中国广西那坡 Napo, Guangxi, China	SYS r001185	MW451637
9		中国广东鼎湖山	SYS r002797	OR903156
10		Mt. Dinghu, Guangdong, China	SYS r002804	OR903157
11	成都壁虎 <i>G. cib</i>	中国四川成都 Chengdu, Sichuan, China	CIB 116962	MW451624
12		越南高平 Cao Bang, Vietnam	IEBR A.2012.24	KC700623
13	鹰氏壁虎 <i>G. adleri</i>	中国广西靖西 Jingxi, Guangxi, China	SYS r001400	MW451654
14		中国广西平果 Pingguo, Guangxi, China	SYS r001196	MW451643
15	中国壁虎 <i>G. chinensis</i>	中国广东广州 Guangzhou, Guangdong, China	SYS r000464	KC765079
16	铅山壁虎 <i>G. hokouensis</i>	中国福建武夷山 Mt. Wuyi, Fujian, China	SYS r001290	MW451647
17	广西壁虎 <i>G. kwangsiensis</i>	中国广西武鸣 Wuming, Guangxi, China	SYS r001194	MW451641
18	多疣壁虎 <i>G. japonicus</i>	中国福建武夷山 Mt. Wuyi, Fujian, China	SYS r000672	MW451628
19	大别山壁虎 <i>G. kaiyai</i>	中国河南新县 Xinxian, Henan, China	AHUXXBH03	OQ780320
20	梅氏壁虎 <i>G. melli</i>	中国广东普宁 Puning, Guangdong, China	SYS r001702	MW451660
21	百色壁虎 <i>G. paucituberculatus</i>	中国广西百色 Baise, Guangxi, China	SYS r002806	OR903154
22	海南壁虎 <i>G. similignum</i>	中国海南五指山 Mt. Wuzhi, Hainan, China	SYS r001597	MW451658
23	蹠趾壁虎 <i>G. subpalmatus</i>	中国浙江奉化 Fenghua, Zhejiang, China	SYS r001762	MW451662
24	无蹠趾壁虎 <i>G. swinhonis</i>	中国河北遵化 Zunhua, Hebei, China	SYS r001814	MW451666
25	大壁虎 <i>G. gecko</i>	中国广西南宁 Nanning, Guangxi, China	未给出 Not applicable	AY282753

2 结果

2.1 形态描述

本研究采集到的 2 号雄性壁虎标本的形态测量和鳞片计数结果见表 2。标本身体细长、扁平，尾长几乎等于头体长；头长大于头宽。吻鳞与鼻孔相接，长方形。鼻孔位于吻鳞、第一上唇鳞、上鼻鳞和两枚后鼻鳞之间；鼻间鳞 1 或 2 枚，远小于上鼻鳞。2 号标本的上唇鳞数

略有不同。眼大，眼眶直径约为耳孔直径的 3~4 倍。颊鳞近三角形；后颊鳞一对，长大于宽。体背具疣鳞，过背中部处 9 或 10 列；四肢无疣鳞。指、趾间蹠发达，约达指、趾的二分之一。雄性具肛前孔 21 或 25，且尾基部明显膨大。每侧肛疣 1 个。体腹面鳞片明显大于背部粒鳞，呈覆瓦状排列。生活时，体背浅黄褐色。头部具深色网斑；枕部有一对明显的深色斑块，近似蝴蝶状或倒“八”字形。颈部至尾基有 4 或

5 条深褐色横斑；尾背横斑 6 或 9 条；四肢亦具褐色纹。斑点、横纹之深浅个体之间有变异。体腹面为肉色或奶油色，具小黑点无规则分布（图 2）。

表 2 南蹠趾壁虎标本形态度量（单位：mm）

Table 2 Measurements of *Gekko palmatus* specimens (Unit: mm)

	SWU 0003081 ♂	SWU 0003082 ♂
头体长 Snout-vent length	74.5	73.2
尾长 Tail length	71.7*	71.2
腋胯距 Axilla-groin length	32.2	33.4
头长 Head length	20.1	19.9
头宽 Head width	15.7	15.7
头高 Head height	7.9	7.9
尾宽 Tail width	8.6	8.1
眼眶直径 Maximum eye diameter	4.6	4.4
耳孔直径 Maximum ear opening diameter	1.1	1.3
鼻间鳞 Nasals	1	2
上唇鳞 Supralabials	12/13	13/14
下唇鳞 Infralabials	12/11	11/11
眶前鳞 Preorbitals	15/13	14/14
体中背部疣鳞行数 Dorsal tubercle rows	9	10
雄性肛前孔 Precloacal pores in males	21	25
肛疣 Postcloacal tubercles	1	1
第I指下攀瓣 Subdigital lamellae under entire first finger	12/11	13/13
第IV指下攀瓣 Subdigital lamellae under entire fourth finger	15/15	15/15
第I趾下攀瓣 Subdigital lamellae under the first toe	13/11	15/14
第IV趾下攀瓣 Subdigital lamellae under the fourth toe	13/13	15/15

双侧量表计数以左/右表示；“*”表示再生尾。

Bilateral scale counts are given as left/right; “*” represents regenerated tail.

2.2 系统发育分析和遗传距离

最终用于构建系统发育树的 16S rRNA 基因序列长度为 560 bp，最适合的核苷酸替代模型为 GTR + G4。基于最大似然法（ML）和贝叶斯法（BI）的系统发育分析都重现了相似的

拓扑结构。分析结果表明，采集自中国云南省红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县的壁虎标本与分布在越南以及中国广东、广西的南蹠趾壁虎形成了一个单系群（图 3），并且得到了极高的支持率（超快自举近似值/贝叶斯后验概率：98/1.00）。根据物种间的 p -distance 计算结果，云南的壁虎标本与其他地方的南蹠趾壁虎标本之间的遗传距离非常小，仅为 0.5%（表 3），而与多疣壁虎亚属内其他物种间的遗传距离则在 2.6% ~ 17.6%。系统发育分析和遗传距离的计算结果均支持了采集自云南省红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县的壁虎标本为南蹠趾壁虎。

3 讨论

南蹠趾壁虎最初由 Boulenger 在 1907 年描述，其模式产地位于越南，Poyarkov 等（2021）引用 Nguyen 等（2009）的观点，提出该物种在中国也有分布，但此前一直缺乏确凿的证据支持。这一空白被 Lyu 等（2021）的研究填补，他们基于分子证据确认了广西地区南蹠趾壁虎的存在，但当时并未对其进行详细描述。到了 2024 年，Wang 等（2024）首次报道了该物种在广东省的分布，而宋晗铭等（2024）则基于同一批标本，对其形态特征进行了详细描述，并重新确定了其中文名称为“南蹠趾壁虎”。

在云南省红河哈尼族彝族自治州河口瑶族自治县南溪镇采集的南蹠趾壁虎，形态特征与越南模式标本的描述高度一致，仅在上、下唇鳞的数量上略有差异，比模式标本多出 1 或 2 枚。与宋晗铭等（2024）描述的广东标本相比，云南标本雄性个体体型较大，头体长 73.2 和 74.5 mm，略大于广东的雄性标本 64.8 mm；云南标本均具有鼻间鳞，而有的广东标本则无；云南标本与广东标本在指、趾下攀瓣数上存在 1 ~ 3 枚的差异。鉴于本次采集的标本数量有限，这些差异是否为适应不同环境而产生的形态变异，仍需进一步的标本采集与研究加以证实。系统发育分析显示，中国云南采集到的标

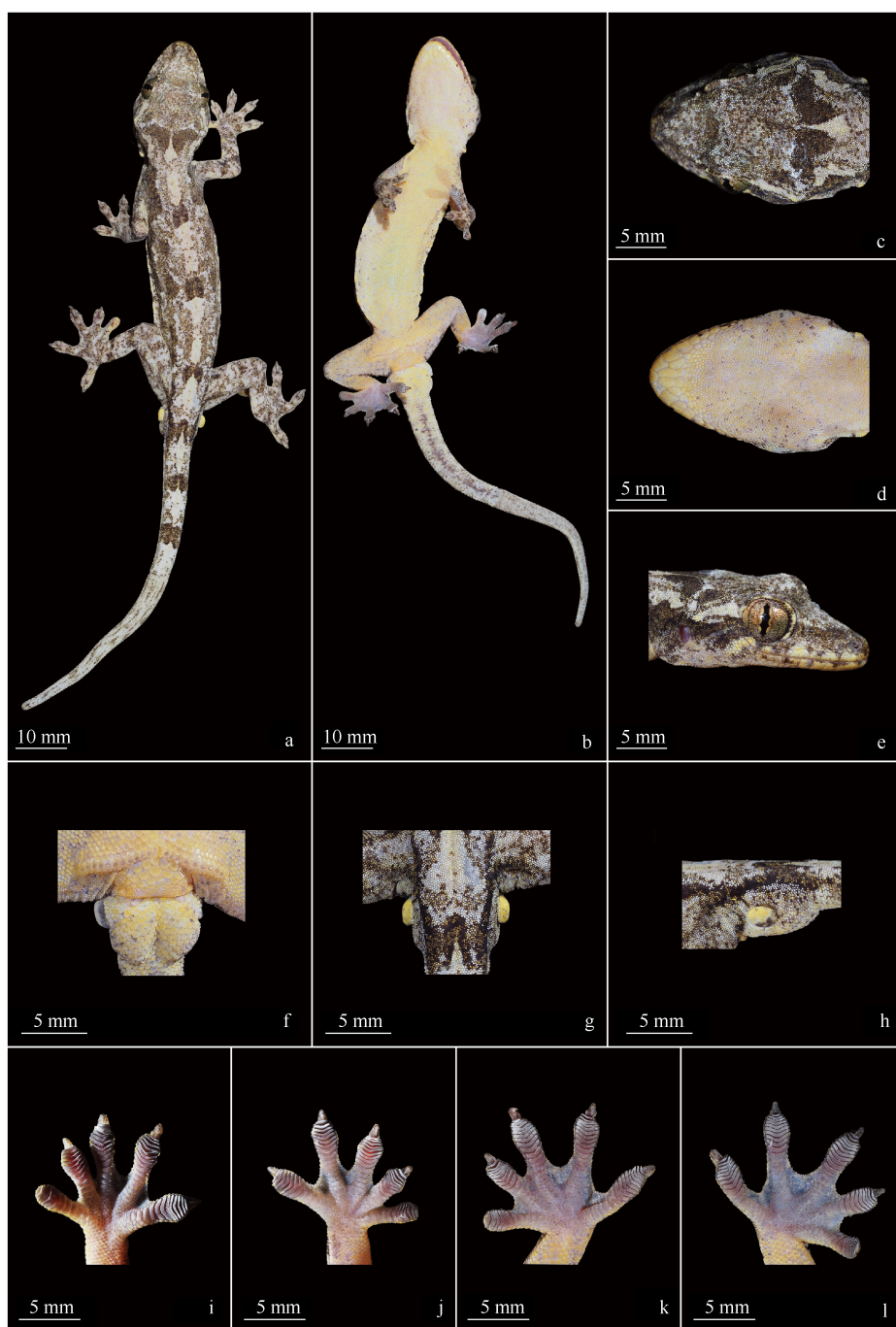


图 2 南蹼趾壁虎形态特征 (SWU 0003081, 雄性, 采集自云南)

Fig. 2 Morphological features of *Gekko palmatus* (SWU 0003081, male; collected from Yunnan, China)

a. 体背面; b. 体腹面; c. 头背面; d. 头腹面; e. 头右侧面; f. 肛前部和尾基部腹面; g. 肛前部和尾基部背面; h. 左侧肛疣; i. 左手腹面; j. 右手腹面; k. 左足腹面; l. 右足腹面。

a. Dorsal view of body; b. Ventral view of body; c. Dorsal view of head; d. Ventral view of head; e. Right side of the head; f. Ventral view of precloacal and caudal base; g. Dorsal view of precloacal and caudal base; h. Left postcloacal tubercle; i. Ventral view of left hand; j. Ventral view of right hand; k. Ventral view of left foot; l. Ventral view of right foot.

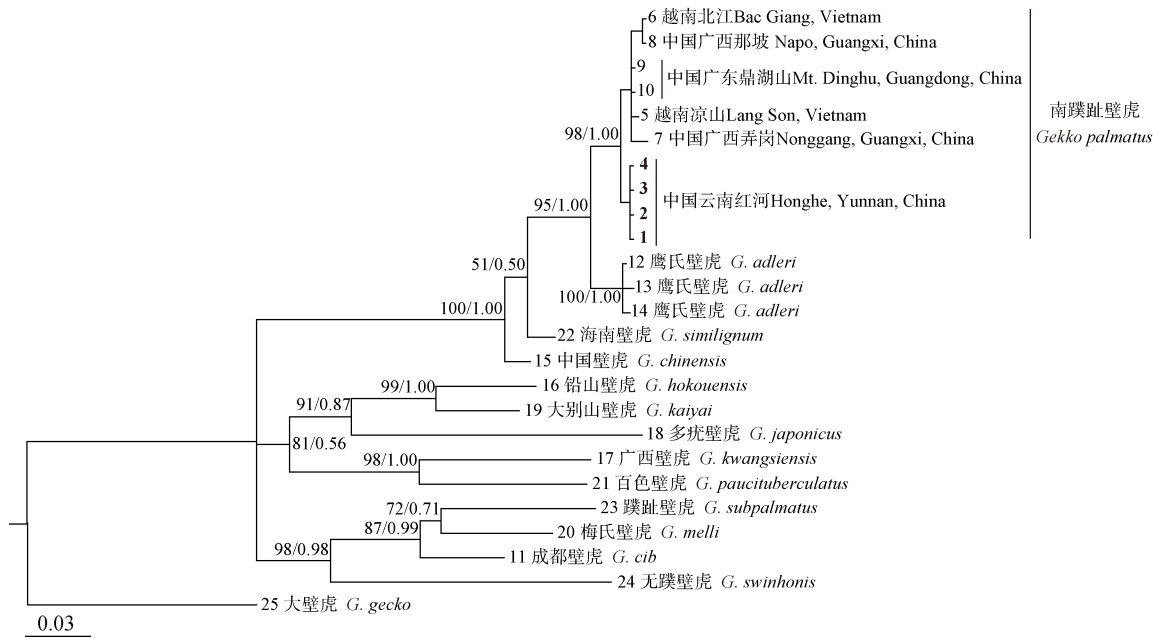


图 3 基于 16S rRNA 基因序列构建的多疣壁虎亚属部分物种贝叶斯树

Fig. 3 Bayesian inference tree of some species of *Japonigekko* based on 16S rRNA gene sequences

节点上的数字代表系统发育树的超快自举近似值和贝叶斯后验概率，标尺表示序列间差异数值的单位长度。物种名前数字与表 1 编号对应。加粗字体为本次采样产生的基因序列。

The numbers on the nodes represent the ultrafast bootstrap approximation and Bayesian posterior probability values for the branches in the phylogenetic tree, while the scale bar indicates the genetic divergence measured by the number of nucleotide differences between sequences (substitutions/site). The numbers preceding each species corresponds to the IDs in Table 1. Gene sequences highlighted in bold were generated from the samples collected in this study.

表 3 多疣壁虎亚属部分物种 16S rRNA 基因序列的未校正的遗传距离表 (%)

Table 3 Uncorrected *p*-distance (%) of the 16S rRNA gene sequences between some species of *Japonigekko*

物种 Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 南蹠趾壁虎 (云南河口) <i>Gekko palmatus</i> (Hekou, Yunnan)													
2 南蹠趾壁虎 <i>G. palmatus</i>	0.5												
3 广西壁虎 <i>G. kwangsiensis</i>	13.4	13.7											
4 成都壁虎 <i>G. cib</i>	13.6	14.0	13.1										
5 蹠趾壁虎 <i>G. subpalmatus</i>	14.6	14.8	13.4	7.3									
6 梅氏壁虎 <i>G. melli</i>	13.4	13.4	12.6	6.4	7.3								
7 无蹠壁虎 <i>G. swinhonis</i>	17.4	17.6	15.2	12.4	13.9	13.1							
8 铅山壁虎 <i>G. hokouensis</i>	14.4	14.8	12.4	13.4	15.2	13.1	15.6						
9 多疣壁虎 <i>G. japonicus</i>	14.5	14.7	14.2	13.9	14.6	13.6	15.2	12.9					
10 鹰氏壁虎 <i>G. adleri</i>	2.6	2.6	14.2	14.4	15.7	12.9	17.4	16.0	15.3				
11 中国壁虎 <i>G. chinensis</i>	4.6	4.9	12.9	12.6	14.1	12.1	16.9	14.4	14.0	4.6			
12 海南壁虎 <i>G. similignum</i>	4.1	4.4	13.7	13.1	14.1	12.6	16.8	14.4	13.4	4.1	1.9		
13 大别山壁虎 <i>G. kaiyai</i>	12.3	12.6	10.9	11.6	12.6	11.8	13.9	5.7	12.1	13.9	12.1	12.3	
14 百色壁虎 <i>G. paucituberculatus</i>	14.1	14.3	10.2	12.7	15.9	13.3	16.3	12.1	15.2	15.1	13.6	14.9	11.6

本构成了一个单倍型，与越南和中国广东、广西的标本之间的遗传距离为 0.5%，显示出不同的地理种群间存在一定的遗传分化。

王凯等（2022）的研究指出，云南省已记录的壁虎属物种共有 6 种，包括大壁虎（*G. gecko*）、黑疣大壁虎（*G. reevesii*）、版纳伞虎（*G. bannaense*）、成都壁虎（*G. cib*）、金江壁虎（*G. jinjiangensis*）和粗疣壁虎（*G. scabridus*）。而鹰氏壁虎（*G. adleri*）和中国壁虎（*G. chinensis*）的分布情况仍存在争议。本研究报道了南蹼趾壁虎在云南省的分布记录，丰富了云南省爬行动物的物种多样性，同时也为未来深入研究南蹼趾壁虎在云南省的种群规模、生态习性、生活史等信息，以及生物多样性的保护工作提供了宝贵的基础资料。

致谢 感谢河口瑶族自治县大围山自然保护区工作人员在野外工作上的帮助。

参 考 文 献

- Boulenger G A. 1907. LV.—Descriptions of new lizards in the British Museum. *Annals and Magazine of Natural History*, 19(114): 486–489.
- Burland T G. 1999. DNASTAR's lasergene sequence analysis software // Misener S, Krawez S A. *Bioinformatics Methods and Protocols*. New Jersey: Humana Press, 71–91.
- Darriba D, Taboada G L, Doallo R, et al. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8): 772.
- Huelsenbeck J P, Ronquist F, Nielsen R, et al. 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology. *Science*, 294(5550): 2310–2314.
- Kumar S, Stecher G, Li M, et al. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6): 1547–1549.
- Lyu Z T, Lin C Y, Ren J L, et al. 2021. Review of the *Gekko* (*Japonigekko*) *subpalmatus* complex (Squamata, Sauria, Gekkonidae), with description of a new species from China. *Zootaxa*, 4951(2): 236–258.
- Minh B Q, Nguyen M A T, von Haeseler A. 2013. Ultrafast approximation for phylogenetic bootstrap. *Molecular Biology and Evolution*, 30(5): 1188–1195.
- Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, et al. 2015. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268–274.
- Nguyen S V, Ho C T, Nguyen T Q. 2009. *Herpetofauna of Vietnam*. Frankfurt am Main: Edition Chimaira, 687.
- Ota H, Lau M W, Weidenhöfer T, et al. 1995. Taxonomic review of the geckos allied to *Gekko chinensis* Gray 1842 (Gekkonidae Reptilia) from China and Vietnam. *Tropical Zoology*, 8(1): 181–196.
- Poyarkov N A, Nguyen T V, Popov E S, et al. 2021. Recent progress in taxonomic studies, biogeographic analysis, and revised checklist of amphibians in Indochina. *Russian Journal of Herpetology*, 28(3A): 1–110.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, et al. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 87(6): 651–701.
- Wang H T, Qi S, Zhou D Y, et al. 2024. Description of a new karst-adapted species of the subgenus *Japonigekko* (Squamata: Gekkonidae: *Gekko*) from Guangxi, southern China. *Vertebrate Zoology*, 74: 121–132.
- Wilcox T P, Zwickl D J, Heath T A, et al. 2002. Phylogenetic relationships of the dwarf boas and a comparison of Bayesian and bootstrap measures of phylogenetic support. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 25(2): 361–371.
- Zhang C W, Wu A F, Cai B, et al. 2023. A new species of the genus *Gekko* (Squamata: Sauria: Gekkonidae) from the Dabie Mountains, China. *Animals*, 13(24): 3796.
- 宋晗铭, 王昊天, 林泽花, 等. 2024. 广东省 8 种两栖爬行动物新记录. *动物学杂志*, 59(5): 658–686.
- 王凯, 吕植桐, 王健, 等. 2022. 云南省爬行动物名录和地理区划更新. *生物多样性*, 30(4): 123–153.