MUSÉUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE

Département Systématique et Évolution
Unité Origine, Structure et Évolution de la Biodiversité
Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux

THÈSE

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DU MUSÉUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE

Discipline : Zoologie

Présentée et soutenue publiquement

le 12 Juin 2003

par

Philippe Gaubert

SYSTÉMATIQUE ET PHYLOGÉNIE DU GENRE *GENETTA* ET DES ÉNIGMATIQUES « GENET-LIKE TAXA » *PRIONODON, POIANA* ET *OSBORNICTIS* (CARNIVORA, VIVERRIDAE) : CARACTÉRISATION DE LA SOUS-FAMILLE DES VIVERRINAE ET ETUDE DES PATRONS DE DIVERSIFICATION AU SEIN DU CONTINENT AFRICAIN

Directeur de thèse: Pr Michel Tranier
Directeur scientifique: Dr Géraldine Veron

Devant le jury composé de :

M. Michel Tranier, Professeur, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France	Directeur de thèse
M. François Catzeflis, Directeur de Recherche, Université de Montpellier 2, France	Rapporteur
Mr. Warren Johnson, Dr, Staff Scientist, National Cancer Institute, Frederick, United States of America	Rapporteur
Mr. Peter J. Taylor, Dr, Curator, Natural Science Museum, Durban, Republic of South Africa	Examinateur
M. Simon Tillier, Professeur, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France	Examinateur
Mme Géraldine Veron, Maître de Conférence, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France	Examinateur

REMERCIEMENTS ET AUTRES GRATIFICATIONS

Je tiens tout d'abord à remercier Christiane Denys pour m'avoir accueilli au sein du feu Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux (désormais intégré à l'Unité Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité, au sein du Département Systématique et Evolution) depuis 1999 et le début de mon stage de DEA.

Je remercie également Simon Tillier et les membres de la commission du Service de Systématique Moléculaire (CNRS FR 1541) pour m'avoir permis de réaliser mon travail moléculaire deux années durant au sein du Service.

Toute ma reconnaissance va vers Michel Tranier, mon directeur de thèse, qui a su se rendre disponible pour répondre à mes requêtes lorsque les situations le nécessitaient.

Je tiens à exprimer mon extrême gratitude envers Géraldine Veron, mon directeur scientifique, sans qui l'accomplissement de ce travail n'aurait pas pu être possible. De par ses qualités humaines et ses compétences scientifiques, elle a su me prodiguer une qualité d'encadrement que je souhaite à tout étudiant.

Je remercie également Eric Pasquet, Jean-Marc Pons et Alexandre Hassanin (Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux) pour m'avoir fait bénéficier de leurs lumières ainsi que pour leurs encouragements tout au long de ce travail de thèse.

Annie Tillier, Céline Bonillo et Josie Lambourdière (Service de Systématique Moléculaire) m'ont gentiment assisté tout au long de mes activités de séquençage. Qu'elles soient ici remerciées pour leurs compétences et leur bonne humeur quotidienne (indispensable !).

Les conservateurs des différents muséums visités au cours de mes investigations ont fait montre d'une grande disponibilité à mon égard, et je leur en suis chaleureusement reconnaissant : Georges Lenglet (Institut Royal des Sciences Naturelles de Bruxelles), Wim Van Neer (Musée Royal d'Afrique Centrale de Tervuren), Daphne Hills (British Museum of Natural History, London), Rainer Hutterer (Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig, Bonn), Manfred Ade (Museum fur Naturkunde, Humboldt University, Berlin) et Chris Smeenk (National Museum of Natural History, Leiden).

Un grand merci également à Peter J. Taylor (Natural Science Museum, Durban) pour m'avoir procuré l'accès à un matériel crucial pour mon étude, pour sa gentillesse et pour son entrain à collaborer.

Je suis de plus extrêmement reconnaissant envers Marc Colyn (Station Biologique de Paimpont, Université de Rennes 1) pour m'avoir fait partager son expérience de la faune africaine, m'avoir autorisé à prélever sur les collections de la Station Biologique quelques dents provenant de taxons extrêmement rares, et aussi pour ses généreux dépôts de spécimens dans les collections du Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux.

Je tiens aussi à remercier Yves Laissus, Raymond Pujol et la Société des Amis du Muséum, ainsi que Michel Van Praët et la Cellule de Préfiguration des Galeries d'Anatomie Comparée et de Paléontologie, pour avoir financé notre mission au Parc National de Taï , en Côte d'Ivoire.

Je suis en outre heureux de pouvoir remercier ici Carlos A. Fernandes (Cardiff School of Biosciences), lui aussi doctorant en genettes, avec qui des collaborations fructueuses ont pu être établies.

Je tiens également à remercier Chris W. Wozencraft, Joao Crawford-Cabral, Harry Van Rompaey, ainsi que Jonathan Kingdon et Mike Hoffmann (dans le cadre des «Mammals Of Africa »), pour les discussions enrichissantes, parfois passionnées, concernant la systématique des Viverrinae.

La participation d'un ensemble de collaborateurs m'a permis de constituer un échantillonnage taxinomique exhaustif pour mon étude. Ces nombreuses personnes sont ici dûment remerciées, et leurs noms seront retrouvés dans les articles et les annexes de cette thèse.

J'ai partagé la rédaction de ma thèse avec une activité d'enseignement en tant qu'ATER à l'Université Paris VII. Que les membres du BL111 soient tous remerciés (un merci particulier à Véronique Birraux -ma « tutrice » !- ainsi qu'à Domenico Flagiello et Violaine Mottier) pour m'avoir fait passer une année aussi enrichissante d'un point de vue humain et prolixe en moments chaleureux.

Je remercie également l'ensemble des membres du Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux, pour l'ambiance de travail chaleureuse qu'ils auront su instaurer au cours de mes quatre années (et des poussières) passées au Laboratoire. La gentillesse de Jocelyne Da Graça et de Suzanne Marchand fut d'une aide de tous les instants, merci ! Spéciale dédicace à Alain Benz, Guy Le Corvec, Géraldine Pothet, Christophe Voisin, Jacques Cuisin, Rémi Bruckert, Laurent Defendini, Anne Préviato et Julien Norwood pour leur aide -relative aux affaires de collection, ou pas- et les forts éclats de rire.

Mes frères et sœurs de paillasse, avec lesquels je passai tant de moments joyeux mais non moins studieux, sont ici sincèrement remerciés : Anne-Sophie Delmas, Jacques Dubois, Jawad Abdelkrim, Jean-Marc *SneaR*, Magali Delorme, Nicolas Vidal, Régis Debruyne, Renaud Burrowes, Richard Jovelin, Thomas Haevermans et Vincent Rousset. Mes colocataires du 55, rue Buffon sont aussi remerciés pour leur bonne humeur et les moments de partage : Anne Ropiquet, Bruno Mériguet, Elena Lux, Emilie Lecompte, Jérôme Fuchs, Mélanie Perez, Olivier Eyraud, Paco Cardenas et Pedro Cordeiro (mammifères & poules !), François Chiron (piaf du CRBPO !) et Jean-Michel Bichain (bythinelle du BIMM !).

Merci également à Amy Dunham (Munguz Queen !), qui fut une guide généreuse… la prochaine genette sera zébrée !

Enfin, merci du fond du cœur à Adou Yao, Cédric Crémière, Fabrice Grognet & Marina Lafay, Frédéric & Bruno Bodji, Jean-Pierre Vacher, Marjorie Weltz (reine bleue de la relecture !), Sébastien Lavoué et Stéphanie Le Gleut, pour leur amitié bienfaitrice, et à ma Grande sœur Valérie, tous solidaires de chaque instant.

Une pensée particulière à Mme Marion Guy-Grand, pour m'avoir montré le chemin, sur toutes les terres du monde.

Merci aux étoiles filantes qui ont illuminé ma vie au cours de cette phase d'apprentissage.

A celle qui dure.

Et qu'on nous épargne à toi et moi
Si possible très longtemps
D'avoir à choisir un camp

J.-J. Goldman – *Né en 17 à Leidenstadt*

A mes parents, pour leur bienveillante compréhension,
et sans lesquels la concrétisation de ce travail n'aurait pas été possible.

A Philippe.

AVANT-PROPOS

Je tiens tout d'abord à remercier les membres du jury pour avoir accepté de participer à l'évaluation de mon travail de thèse. Qu'ils sachent tous que je suis très honoré par leur participation.

Notre mémoire de thèse est constitué d'une partie introductive et d'un chapitre Matériels & Méthodes détaillés. Le lectorat pourra trouver la seconde partie du texte atypique puisqu'elle combine les résultats et la discussion. Ceci s'explique par le fait que notre mémoire intègre neuf articles couvrant l'ensemble des champs d'investigation abordés au cours de notre thèse. La partie Résultats & Discussion s'organise en deux sous-chapitres. Le premier sous-chapitre traite des investigations taxinomiques basées sur l'observation morphologique et la délimitation des aires de répartition (cinq articles). Cette partie est complétée par des données supplémentaires -non incluses dans les articles- concernant la révision des aires de distribution de l'ensemble des taxons appartenant à la sous-famille des Viverrinae. Le second sous-chapitre aborde quant à lui les questions d'ordre phylogénétique (quatre articles), dans le cadre desquelles sont testées les hypothèses issues des résultats de la première partie. Enfin, notons que la bibliographie finale inclut uniquement les références citées dans le texte du mémoire, et non dans les articles.

PLAN

INTRODUCTION 1

I- PRESENTATION DE LA SOUS-FAMILLE DES VIVERRINAE ET PROBLEMATIQUE 4

1. Le contexte « Viverridae » 4

1.a. Les relations phylogénétiques au sein des Feliformia 5

1.b. Les données fossiles : les Viverridae, un groupe « primitif » ? 5

1.c. Les Viverridae : un groupe polyphylétique 10

2. Histoire naturelle de la sous-famille des Viverrinae 16

2.a. Systématique du groupe 16

2.b. L'apport des données fossiles 17

2.c. Diagnoses morphologiques et sous-divisions au sein des Viverrinae 18

2.d. Les taxons problématiques 23

-Le genre *Prionodon* Horsfield, 1821 25

-Le genre *Poiana* Thomson, 1842 26

-Le genre *Osbornictis* Allen, 1919 27

-Le genre *Genetta* Cuvier, 1816 28

-Le sous-genre *Paragenetta* Kuhn, 1960 30

-Le sous-genre *Pseudogenetta* Dekeyser, 1949 30

-Le sous-genre *Genetta* Cuvier, 1816 33

-Section I. Les genettes servalines 33

-Section II. Le groupe des genettes « évoluées » (sensu Crawford-Cabral, 1981) 34

a. Le cas du « Large-spotted Genet complex » 34

b. Les genettes de milieux ouverts 37

-Les Civettes terrestres 38

-L'espèce *Viverra civettina* Blyth, 1862 38

-L'espèce *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov
& Pham Trong Anh, 1997 39
2.e. Biogéographie, éco-éthologie et statuts de conservation 39

3. Intérêt du modèle et problématique 44

II- MATERIELS & METHODES 47

1. Acquisition et production des données 47

1.a. Deux phases d'investigation, une même optique 47
1.b. L'analyse morphologique 47
-Matériel étudié 48
-Les caractères pris en compte 51
1.c. Répartition biogéographique 57
-Acquisition des données 57
-Transformation et « plotting » des données 59
1.d. L'analyse moléculaire 59
-Obtention du matériel 60
-ADN mitochondrial : le gène du cytochrome *b* 62
-ADN nucléaire : intron I de la transthyrétine 63
-Obtention des séquences 65
-Extraction 65
-Amplification 66
-Séquençage 68

2. Analyses phylogénétiques 70

2.a. Traitement des matrices de caractères 70
2.b. Algorithmes de reconstruction et modèles d'évolution 70
2.c. Estimation de l'homoplasie et du signal phylogénétique,
et combinaison des différents jeux de données 72
2.d. Recherche d'aires et d'états de caractères ancestraux,
et test des corrélations caractères – habitat 75

2.e. Estimation des temps de divergence 78

III- RESULTATS & DISCUSSION 79

1. Taxinomie et répartition : délimitations interspécifiques et limites d'aires géographiques au sein des Viverrinae 79

1.a. Article 1 : An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the Aquatic Genet 82

. *Synthèse et commentaires* 92

1.b. Article 2 : Case 3204. *Viverra maculata* Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; Mammalia, Carnivora): proposed conservation of the specific name 94

1.c. Article 3 : Nomenclatural comments on the Rusty-spotted Genet (Carnivora, Viverridae) and designation of a neotype 98

. *Synthèse et commentaires* 113

1.d. Article 4 : Description of a new species of genet (Carnivora; Viverridae; genus *Genetta*) and taxonomic revision of forest forms related to the Large-spotted Genet complex 115

. *Synthèse et commentaires* 149

1.e. Article 5 : A reassessment of the distribution of the rare *Genetta johnstoni* (Viverridae, Carnivora) with some newly discovered specimens 151

. *Synthèse et commentaires* 165

1.f. Résultats complémentaires : caractérisation morphologique et biogéographique des Viverrinae 165

. *Le genre* Genetta 166

-Le sous-genre *Pseudogenetta* 166

-*Genetta thierryi* 166

-*Genetta abyssinica* 168

-Le sous-genre *Paragenetta* 168

-*Genetta johnstoni* 168

-Le sous-genre *Genetta* 169

-Les genettes servalines 169

-*Genetta servalina* 169
-*Genetta cristata* 171
-*Genetta victoriae* 172
-Le « Large-spotted Genet complex » 173
-*Genetta pardina* 173
-forme *genettoides* 173
-*Genetta bourloni* 173
-*Genetta poensis* 177
-*Genetta maculata* 177
-forme *schoutedeni* 179
-*Genetta tigrina* 179
-Les genettes de milieu ouvert 180
-*Genetta genetta* 180
-*Genetta angolensis* 184
. *Les « Genet-like taxa »* 186
-Le genre *Osbornictis* 186
-*Osbornictis piscivora* 186
-Le genre *Poiana* 186
-*Poiana richardsonii* 186
-*Poiana leightoni* 188
-Le genre *Prionodon* 188
-*Prionodon pardicolor* 188
-*Prionodon linsang* 190
. *Les Civettes terrestres* 190
-*Le genre* Viverra 190
-*Viverra zibetha* 190
-*Viverra megaspila* 191
-*Viverra civettina* 192
-*Viverra tangalunga* 194
-Le genre *Viverricula* 196
-*Viverricula indica* 196
-Le genre *Civettictis* 197
-*Civettictis civetta* 197
1.g. Conclusions préliminaires 199

2. Relations phylogénétiques au sein de la sous-famille des Viverrinae : implications systématiques et scenarii évolutifs 204

2.a. Position taxinomique du genre *Genetta* et des « Genet-like taxa » au sein des Viverrinae 204

2.a.1. Article 6 : Genets and 'genet-like' taxa (Carnivora, Viverrinae): phylogenetic analysis, systematics and biogeographical implications 206

. *Synthèse et commentaires* 225

2.a.2. Article 7 : First molecular evidence for reassessing phylogenetic affinities between Genets (*Genetta*) and the enigmatic Genet-like taxa *Osbornictis, Poiana* and *Prionodon* (Carnivora, Viverridae) 226

. *Synthèse et commentaires* 253

2.a.3. Article 8 : Exhaustive sample set among Viverridae reveals the sister-group of felids: the Linsangs as a case of extreme morphological convergence within Feliformia 254

. *Synthèse et commentaires* 273

2.b. Phylogénie du genre *Genetta* et délimitations interspécifiques 274

2.b.1. Article 9 : Genets (Carnivora, Viverridae) in Africa: an evolutionary synthesis based on cytochrome *b* sequences and morphological characters 276

. *Synthèse et commentaires* 317

2.c. Vers une redéfinition de la sous-famille des Viverrinae et l'élaboration d'un scenario évolutif pour les genettes et les « Genet-like taxa » 318

-Redéfinition de la sous-famille des Viverrinae : une proposition de classification 319

-Relations Asie - Afrique, et diversification du morphotype « genette » au sein du continent africain 320

2.d. Conclusions et perspectives 325

CONCLUSION GENERALE 328

BIBLIOGRAPHIE 331

TABLE DES TABLEAUX, FIGURES ET ENCARTS

Tableau 1. Liste des sous-familles et des espèces de Viverridae d'après Wozencraft (1993). **p.13**

Tableau 2. Les dix principales classifications proposées pour le genre *Genetta* au cours des 150 dernières années, avec le nombre d'espèces et de sous-genres. **p.29**

Tableau 3. Récapitulatif des modifications apportées à la matrice morphologique depuis le travail de DEA de 1999. **p.56**

Tableau 4. Liste des couples de sondes utilisés pour l'amplification du cytb. **p.67**

Tableau 5. Liste des couples de sondes utilisés pour l'amplification de TR-i-I. **p.69**

Figure 1. Illustration de quelques hypothèses concernant les relations phylogénétiques de la famille des Viverridae au sein des Feliformia. **pp.6-7**

Figure 2. Illustration de la variabilité des morphotypes et des patrons de pelage entre les membres de la famille des Viverridae. **p.12**

Figure 3. Evolution de la bulle tympanique chez les Feliformia d'après Hunt (1987; modifié). **p.15**

Figure 4. Illustration du gigantisme observé chez certains fossiles viverrinés du Pliocène. **p.19**

Figure 5. Représentants des genres constituant la sous-famille des Viverrinae. **p.21**

Figure 6. Illustration de certains caractères diagnostiques relatifs aux coussinets pour les genres regroupés au sein de la sous-famille des Viverrinae **p.22**

Figure 7. Illustration de certains caractères diagnostiques relatifs au crâne et à la denture pour les genres regroupés au sein de la sous-famille des Viverrinae. **p.24**

Figure 8. Caractérisation morphologique du sous-genre *Paragenetta* (espèce *Genetta johnstoni*). **p.31**

Figure 9. Illustration des principales caractéristiques morphologiques diagnostiques du sous-genre *Pseudogenetta* Dekeyser, 1949. **p.32**

Figure 10. Illustration du pelage caractéristique des genettes servalines. **p.33**

Figure 11. Illustration du morphotype caractérisant le « Large-spotted Genet complex ». **p.35**

Figure 12. Illustration du pelage caractéristique des espèces *G. genetta* (a) et *G. angolensis* (b). **p.37**

Figure 13. Répartition géographique des genres de Viverrinae. **p.40**

Figure 14. Courbes de production de musc et du revenu total issu de la civiculture en Ethiopie de 1985 à 1999 (à partir d'Abebe, 2000). **p.43**

Figure 15. Nombre de spécimens de Viverrinae étudiés au cours de nos observations morphologiques dans les collections de sept muséums européens. **p.49**

Figure 16. Figuration du matériel utilisé pour l'extraction d'ADN et l'obtention des séquences de cytb et TR-i-I. **p.56**

Figure 17. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta thierryi* et **(b)** *Genetta abyssinica*. **p.167**

Figure 18. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta johnstoni* et **(b)** des genettes servalines. **p.170**

Figure 19. Cartes illustrant la répartition des taxons du « Large-spotted Genet complex ». **p.174**

Figure 20. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta pardina* et **(b)** *genettoides*. **p.175**

Figure 21. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta bourloni* et **(b)** *Genetta poensis*. **p.176**

Figure 22. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta maculata* et **(b)** *schoutedeni*. **p.178**

Figure 23. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta genetta* (« type1 » et « type 2 ») et **(b)** *Genetta angolensis*. **p.182**

Figure 24. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Osbornictis piscivora* et de **(b)** *Poiana* spp. **p.187**

Figure 25. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Prionodon* spp. et **(b)** *Viverra zibetha*. **p.189**

Figure 26. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Viverra megaspila* et **(b)** *Viverra civettina*. **p.193**

Figure 27. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Viverra tangalunga* et **(b)** *Viverricula indica*. **p.195**

Figure 28. Carte illustrant la répartition de *Civettictis civetta*. **p.198**

Figure 29. Arbre « linéarisé » synthétisant les résultats issus des différentes analyses phylogénétiques, et illustrant les relations de parenté au sein des Viverrinae. **p.321**

Encart 1. Fiche technique concernant la mission effectuée au Parc National de Taï (Côte d'Ivoire). **p.50**

Encart 2. Un exemple de diffusion de demande de matériel relatif aux Viverridae. **p.61**

ANNEXES

.Annexe I. Liste par taxons des spécimens observés au cours des analyses morphologiques. **I**

.Annexe II. Liste des localités, par taxons, répertoriées pour l'ensemble des Viverrinae. **X**

.Annexe III. Liste des échantillons, pour chaque espèce, utilisés pour le séquençage du cytochrome *b* et de l'intron I de la transthyrétine. **LIII**

.Annexe IV. Protocole d'extraction ADN (Kocher et al., 1989 ; modifié) pour substrats « frais » (tissus, poils, lignées cellulaires). **LX**

.Annexe V. Protocole de purification "Gene-Clean" (modifié) de l'ADN. **LX**

.Annexe VI. Protocole d'extraction ADN pour matériel dentaire ou osseux, modifié à partir de Hardy et al. (1994). **LXI**

.Annexe VII. Protocole de purification des PCRs directement à partir de l'amplifiat (MinElute PCR). **LXII**

.Annexe VIII. Protocole de purification des PCRs à partir des bandes découpées sur gel (MinElute Gel). **LXII**

.Annexe IX. Protocole de séquençage automatique. **LXIII**

.Annexe X. Protocole de séquençage manuel. **LXIV**

.Annexe XI. Matrice d'alignement des séquences de cytochrome *b* utilisées dans l'article 7. **LXV**

.Annexe XII. Matrice d'alignement des séquences de l'intron I de la transthirétine utilisées dans l'article 8. **LXXX**

.Annexe XIII. Matrice d'alignement des séquences de cytochrome *b* utilisées dans l'article 9 . **XCIV**

INTRODUCTION

L'ordre des Carnivora constitue un groupe à la systématique intensément étudiée. Depuis l'avènement des nouvelles méthodes d'analyse phylogénétique et la mise à disposition de grandes quantités de séquences nucléotidiques, des hypothèses de relations de parenté solides ont été établies pour une partie des taxons carnivores (e.g., Vrana et al., 1994 ; Ledje & Arnason, 1996a et b; Flynn & Nedbal, 1998 ; Flynn et al., 2000 ; Veron & Heard, 2000 ; Yoder et al., 2003). Curieusement, deux familles appartenant au sous-ordre des Feliformia, à savoir les Herpestidae et les Viverridae, n'ont pas fait l'objet d'une attention aussi poussée (cf Bininda-Emonds et al., 1999). Les premiers travaux concernant la phylogénie moléculaire des Viverridae *sensu lato* ont été effectués par Veron & Catzeflis (1993), puis plus tard par Flynn & Nedbal (1998), Veron & Heard (2000) et Yoder et al. (2003). Ces travaux se sont toutefois principalement focalisés sur les taxons problématiques (*incertae sedis*) que sont les « Viverridae » malgaches et la civette palmiste africaine (*Nandinia binotata*).

Dans un tel contexte, il a été envisagé d'aborder, dès le D.E.A., une problématique concernant plus particulièrement une sous-famille de Viverridae, les Viverrinae, à la systématique extrêmement débattue et encore non étudiée par les méthodes phylogénétiques modernes. Les Viverrinae sont représentatifs de l'imbroglio taxinomique que constitue l'ensemble des Viverridae, un taxon que l'on peut qualifier, d'un point de vue historique, de « groupe poubelle ». La sous-famille des Viverrinae est constituée d'espèces aux morphotypes très hétéroclites, et distribuées sur les continents africain et asiatique (cf Nowak, 1999) : les civettes terrestres (*Civettictis, Viverra, Viverricula*), massives et digitigrades, les genettes (*Genetta*), plus petites, d'apparence plus élancées, et semi-digitigrades, et des taxons à la morphologie atypique, les « Genet-like taxa » (*Prionodon, Poiana*, *Osbornictis*). Nous avons choisi de focaliser nos investigations sur les relations de parenté entre les genettes, africaines, et les énigmatiques « Genet-like taxa », africains (*Poiana* et *Osbornictis*) et asiatiques (*Prionodon*), pour plusieurs raisons. Tout d'abord, la systématique du groupe est des plus confuses, en particulier pour le genre *Genetta* (cf Crawford-Cabral, 1981a, Schlawe, 1981 et Wozencraft, 1993), et se prête particulièrement aux questions concernant les délimitations interspécifiques. Ensuite, les relations de parenté entre ces taxons, difficiles à reconstruire en raison de la morphologie très divergente des « Genet-like taxa » mais aussi de la confusion taxinomique régnant au sein du genre *Genetta,* n'ont pas été abordées de façon exhaustive depuis les travaux de Gregory & Hellman (1939). En outre, la répartition géographique des

taxons considérés permet d'envisager l'élaboration de scenarii évolutifs entre l'Asie et l'Afrique ainsi que de tester les hypothèses relatives à la diversification spécifique au sein du continent africain par l'intermédiaire du « modèle *Genetta* ». Enfin, un certain nombre de taxons composant le groupe étudié sont concernés par un intérêt de conservation (Schreiber et al., 1989). Dans un tel contexte, la clarification taxinomique et la caractérisation des taxons constituent une étape en amont, majeure, du processus de mise en place de mesures de conservation adéquates.

Nous nous proposons donc, dans le cadre de ce travail de thèse, de clarifier tout d'abord la taxinomie des Viverrinae, et plus particulièrement des genettes et « Genet-like taxa ». Sur cette base, nous avons tenté d'établir, pour la première fois, les relations de parenté entre ces taxons en les resituant dans le cadre de la phylogénie des Feliformia, et, enfin, d'élaborer des scenarii évolutifs relatifs à leur morphologie et leur biogéographie. Afin de répondre à cet ensemble de questions, nous avons adopté une stratégie d'investigation basée sur une approche comparative combinant l'observation morphologique, l'établissement d'aires de répartition et l'analyse de séquences nucléotidiques. Les conclusions taxinomiques issues de nos investigations morphologiques et des délimitations d'aires de répartition ont été confrontées aux données moléculaires, avec le séquençage d'un gène mitochondrial entier (cytochrome *b*) et d'un fragment de gène nucléaire (transthyrétine intron I). Le matériel d'extraction ADN a été majoritairement constitué de tissus obtenus grâce à un réseau dynamique de collecteurs ainsi qu'une mission de terrain. Les collections des musées d'histoire naturelle ont toutefois joué un rôle important puisque de l'ADN a pu être extrait à partir de spécimens représentant des taxons cruciaux pour notre étude.

Dans une première partie, nous aborderons la présentation du groupe des genettes et des « Genet-like taxa », tout d'abord en la replaçant dans le contexte plus large de la systématique des Viverridae *sensu lato*. Puis, une description argumentée de l'historique de la taxinomie des Viverrinae, incluant les données fossiles, ainsi qu'une caractérisation détaillée des taxons problématiques étudiés, seront données avant l'énoncé de notre problématique. Le deuxième chapitre traitera de l'acquisition des diverses données, puis plus spécifiquement des procédures liées à l'analyse phylogénétique et à l'élaboration des scenarii évolutifs. Le troisième et dernier chapitre, combinant résultats et discussion est, quant à lui, scindé en deux parties : un premier sous-chapitre traitant de nos investigations relatives à la caractérisation morphologique des taxons (nomenclature et taxinomie) et à l'établissement de leurs aires de

répartition respectives, et un deuxième sous-chapitre abordant la phylogénie des genettes et des « Genet-like taxa » au moyen d'une approche comparant molécules et morphologie. Cette dernière partie proposera une redéfinition de la sous-famille des Viverrinae ainsi que des hypothèses de scenarii évolutifs entre l'Asie et l'Afrique, puis au sein de l'Afrique.

I- PRESENTATION DE LA SOUS-FAMILLE DES VIVERRINAE ET PROBLEMATIQUE

1. Le contexte « Viverridae »

L'ordre des Carnivores se subdivise en deux groupes monophylétiques, que nous nommerons, suivant la terminologie définie par Kretzoi (1945), Caniformia et Feliformia (respectivement, « Arctoidea et Cynoidea », et « Aeluroidea » selon Flower, 1869 ; Simpson (1945) emploie les termes « Canoidea » et « Feloidea »). Cette terminologie est en effet utilisée par les auteurs récents (Flynn et al., 1988 ; Wayne et al., 1989 ; Hunt & Tedford, 1993 ; Wyss & Flynn, 1993). Ces deux sous-ordres sont principalement définis sur la base de caractères relatifs à la bulle tympanique et à la denture (carnassières et molaires), et regroupent chacun quatre familles actuelles, qui sont : les Canidae, les Mustelidae, les Ursidae et les Procyonidae (Caniformia), et les Felidae, les Hyaenidae, les Herpestidae et les Viverridae (Feliformia).

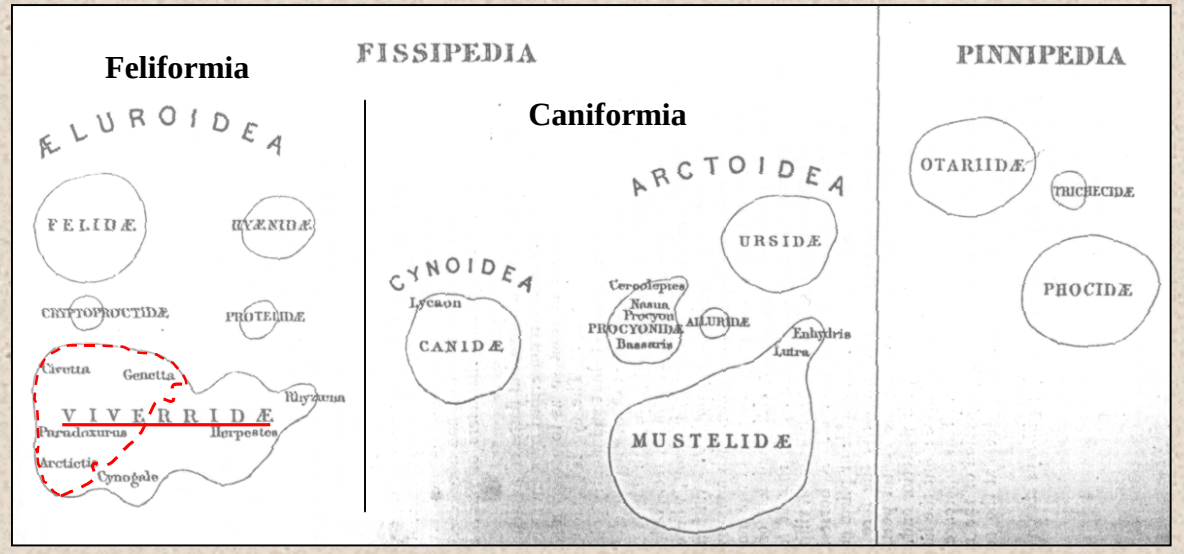
La famille des Viverridae, incluant la sous-famille des Viverrinae présentement étudiée, représente un regroupement taxinomique constitué de morphotypes très hétéroclites (Nowak, 1999) et dont la validité fut maintes fois remise en cause (cf Bininda-Emonds et al., 1999). En effet, suite à une tendance générale, chez les auteurs spécialistes des Carnivores, à considérer tout taxon non rapproché des Felidae ou des Hyaenidae comme appartenant aux Viverridae (Pocock, cité par Simpson, 1945), cette dernière famille n'a cessé de constituer un imbroglio systématique, que les travaux évolutionnistes « traditionnels » n'ont pas contribué à éclaircir. Les Viverridae ont longtemps inclus le groupe des mangoustes en tant que sous-famille des Herpestinae (Flower, 1869 ; Mivart, 1882 ; Allen, 1924 ; Simpson, 1945), mais il est évident que dorénavant, sur la base à la fois de caractères morpho-anatomiques (bulles tympaniques et parties molles), chromosomiques et moléculaires, le groupe des mangoustes doit occuper un statut de famille à part entière (Pocock, 1919 ; Gregory & Hellman, 1939 ; Wurster & Benirschke, 1967 ; Fredga, 1972 ; Hunt, 1987 ; Wozencraft , 1989 ; Hunt & Tedford, 1993 ; Wyss & Flynn, 1993 ; Flynn & Nedbal, 1998). Toutefois, l'inclusion des mangoustes au sein des Viverridae a longtemps persisté (Ewer, 1973 ; Petter, 1974 ; Rosevear, 1974 ; Kingdon, 1977 ; Couturier & Dutrillaux, 1986 ; Stains, 1987 ; Taylor, 1988) et demeure encore prégnante dans les ouvrages mammalogiques encyclopédiques (Grzimek, 1990 ; Nowak, 1991).

1.a. Les relations phylogénétiques des Viverridae au sein des Feliformia

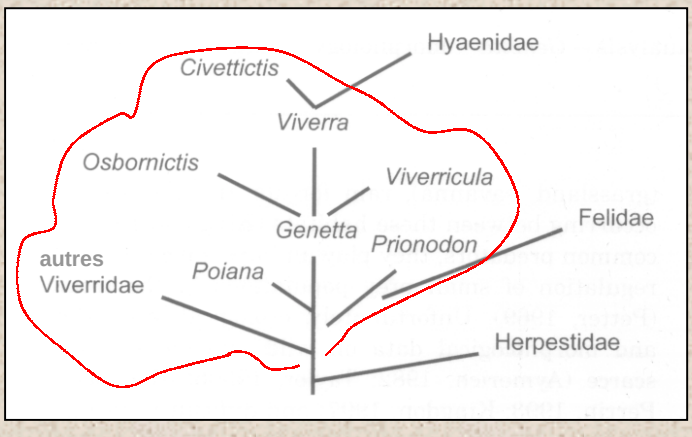
Les relations phylogénétiques au sein des Feliformia restent difficiles à établir, autant d'un point de vue morphologique que moléculaire (Wyss & Flynn, 1993 ; Veron, 1995 ; Flynn & Nedbal, 1998). Ainsi, des hypothèses phylogénétiques nombreuses et contradictoires ont été proposées pour les Viverridae (Fig. 1). Traditionnellement considérés comme un groupe basal ("stem group") par les travaux d'approche gradualiste (Flower, 1869 ; Gregory & Hellman, 1939 ; Ewer, 1973 ; Kingdon, 1977) ou encore qualifiés de Carnivores « primitifs » (Martin, 1989), ils ont également été rapprochés des Felidae (Flower, 1869; Hunt, 1987; 1989; 1991 - morphologie de la base du crâne, données fossiles), des Hyaenidae (Wurster & Benirschke, 1968 - données chromosomiques), voire des Herpestidae (Kingdon, 1977 – morphologie et biogéographie; Wayne *et al*., 1989 - hybridation ADN/ADN ; Bininda-Emonds *et al*., 1999 – compilation par MRP -Matrix Representation by using Parsimony analysis- de l'ensemble des données phylogénétiques sur le groupe). Wozencraft (1989) propose quant à lui, sur la base d'une analyse phylogénétique morphologique, le cladogramme suivant : (Herpestidae, (Viverridae, (Hyaenidae, Felidae))), en conflit avec les hypothèses précédemment énoncées. Wyss & Flynn (1993) proposent, toujours sur la base de caractères morphologiques mais en incluant cette fois-ci les taxons fossiles à l'analyse, un schéma évolutif similaire avec toutefois une irrésolution « Herpestidae – Viverridae » à la base du cladogramme des Feliformia, alors que Werdelin (1996) suggère les relations de parenté (Felidae (Viverridae (Hyaenidae + Herpestidae))). Une période de radiation très rapide ayant eu lieu à l'Eocène (estimée à 40 Ma par Wayne et al. (1989) sur la base de données d'hybridation ADN/ADN) est souvent évoquée afin de justifier les difficultés rencontrées lors de la reconstruction des relations phylogénétiques entre les familles de Feliformia (Zhang & Ryder, 1993 ; Wyss & Flynn, 1993 ; Veron & Heard, 2000). De plus, l'homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques (Flower, 1869; Wyss & Flynn, 1993), couplée à l'absence de marqueurs moléculaires adéquats, fait que la phylogénie des Feliformia, au contraire de celle des Caniformia (Vrana et al., 1994 ; Ledje & Arnason, 1996a et b ; Flynn & Nedbal, 1998 ; Flynn et al., 2000), reste encore largement irrésolue.

1.b. Les données fossiles : les Viverridae, un groupe « primitif » ?

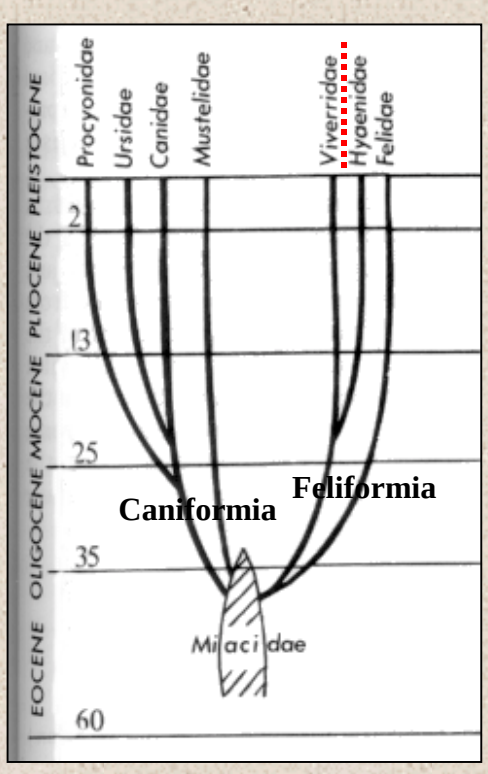
Les données fossiles relatives aux Feliformia et, dans notre cas, aux Viverridae, sont par trop fragmentaires pour permettre de jeter une lumière sur la naissance et l'évolution du groupe (Ewer, 1973 ; Martin, 1989). Les Viverridae, comme évoqué ci-dessus, ont longtemps été considérés comme une famille basale au sein des Feliformia, en ce sens où ils partagent



A- Flower (1869; modifié). Les Viverridae sont considérés comme un groupe basal au sein des Feliformia (= « Aeluroidea ») et incluent le groupe des mangoustes (actuellement Herpestidae).

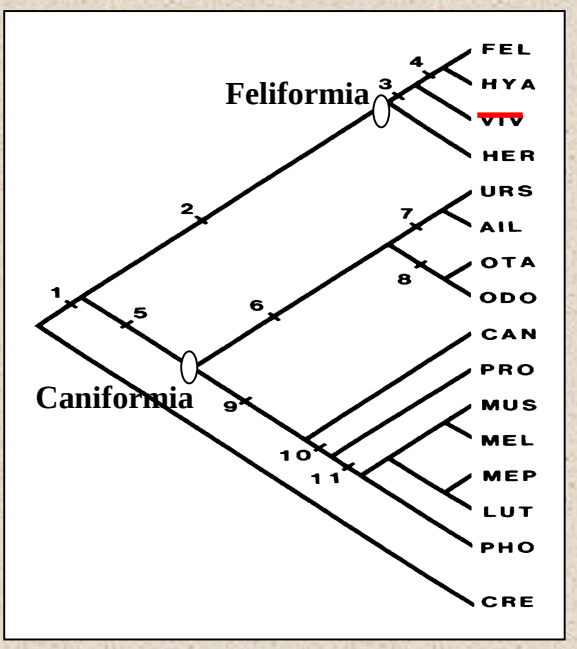


B- Gregory & Hellman (1939; modifié). Les Viverridae apparaissent basaux mais paraphylétiques. La lignée constituée par la sous-famille des Viverrinae aboutit à la famille des Hyaenidae.

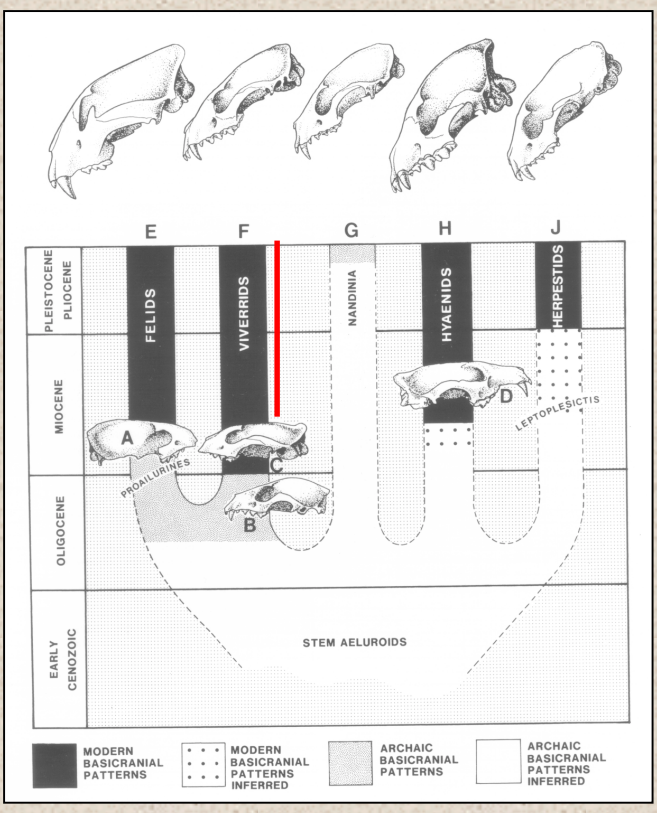


C- Ewer (1973; modifié). Les Viverridae, incluant les actuels Herpestidae, sont rapprochés des Hyaenidae.

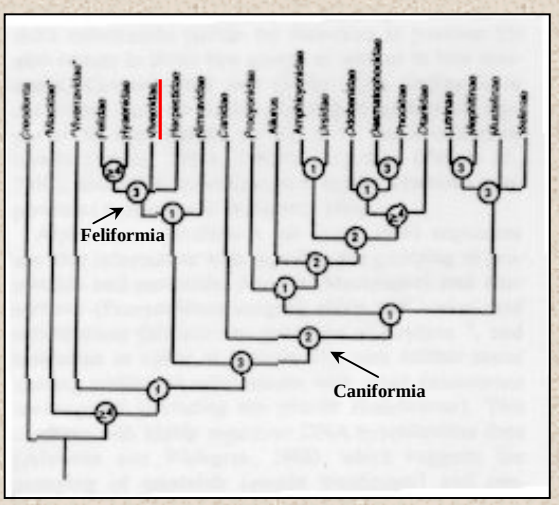
Fig. 1. Illustration de quelques hypothèses concernant les relations phylogénétiques de la famille des Viverridae au sein des Feliformia. Les Viverridae sont indiqués par un surlignement ou un entourage rouge.



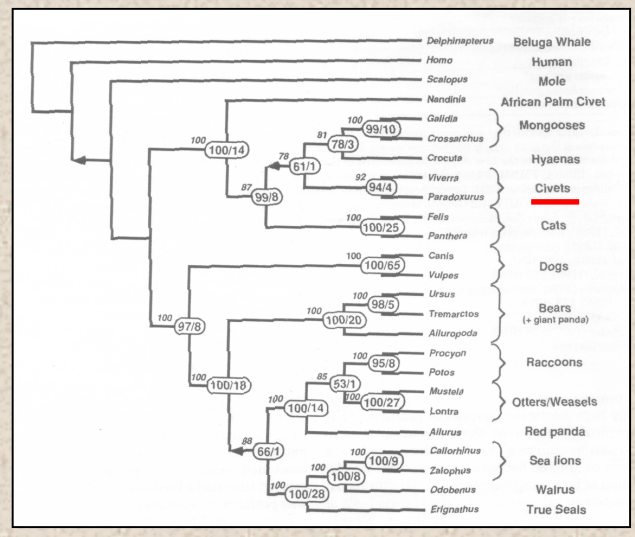
D- Wozencraft, (1989; modifié). Les Viverridae sont groupe-frère des Felidae + Hyaenidae. *Légende* : FEL - Felidae ; HYA - Hyaenidae ; VIV - Viverridae ; HER - Herpestidae ; URS - Ursidae ; AIL - *Ailurus* - OTA - Otariidae ; ODO - Odobeninae ; CAN - Canidae ; PRO - Procyonidae ; MUS - Mustelidae ; MEL - Melinae ; MEP - Mephitinae ; LUT - Lutrinae ; PHO - Phocidae ; CRE - *Creondonta*. Les chiffres indiqués sur les branches correspondent aux synapomorphies (cf Wozencraft, 1989).



E- Hunt (1991; modifié). Les Viverridae sont groupe-frère des Felidae. Les formes « ancestrales » du groupe sont caractérisées par une structure archaï que de la base du crâne, partagée avec les taxons fossiles rattachés aux Felidae.



F- Wyss & Flynn (1993; modifié). Les Viverridae occupent une position irrésolue avec les Herpestidae. Les Felidae et Hyaenidae sont groupes-frères. Les valeurs aux nœuds correspondent aux indices de Bremer.



G- Flynn & Nedbal (1998; modifié). Les Viverridae sont groupe-frère des Herpestidae. Les valeurs aux nœuds correspondent aux valeurs de bootstrap et d'indice de Bremer pour l'arbre issu de l'analyse de parcimonie. Les valeurs en italique au dessus de chaque nœud représentent les valeurs de bootstrap pour l'arbre issu de l'analyse de maximum de vraisemblance.

Fig. 1 (suite)**.** Illustration de quelques hypothèses concernant les relations phylogénétiques de la famille des Viverridae au sein des Feliformia.

des similitudes morphologiques avec des groupes fossiles de carnivores arboricoles et forestiers que sont les familles des Viverravidae et des Miacidae, apparus au Paléocène en Amérique du Nord et en Europe (Gregory & Hellman, 1939 ; Ewer, 1973 ; Mc Kenna & Bell, 1997). Cependant, l'affiliation directe des Viverridae à ces familles fossiles a été fortement mise en doute par les études morphologiques de Gingerich & Winkler (1985), Martin (1989) et Wyss & Flynn (1993). Les Miacidae sont d'ailleurs maintenant considérés comme une famille éteinte de Caniformia (McKenna & Bell, 1997).

Par contre, la similarité morphologique (forme générale du crâne, bulles tympaniques et denture) du taxon fossile *Paleoprionodon lamandini* Filhol, 1880, avec certaines formes actuelles de Viverridae (genres *Prionodon* et *Poiana*) fait encore considérer les Viverridae comme le groupe à l'émergence la plus ancienne chez les Feliformia (Teilhard de Chardin, 1915 ; Gregory & Hellman, 1939 ; Hunt, 1989 ; 2001). En effet, *Paleoprionodon* est retrouvé dans les fissures phosphoritiques du Quercy (France), ainsi que sur le site de Hsanda Gol (Mongolie), ces deux dépôts étant datés du début de l'Oligocène (Hunt, 1989 ; Hunt & Tedford, 1993 ; Hunt, 1996). Le genre *Paleoprionodon* a été récemment inclus dans la sous-famille des Prionodontinae, au sein des Viverridae, par Hunt (2001). Toutefois, les états de caractères plésiomorphes caractérisant la base du crâne chez *Paleoprionodon* et retrouvés dans une série de taxons provenant des mêmes gisements fossiles (*Proailurus, Stenogale, Haplogale, Stenoplesictictis* et *Anictis* ; Teilhard de Chardin, 1915 ; Hunt, 1998) suggèrent qu'un morphotype commun était partagé par les « proto- » Feliformia d'Europe au cours de l'Oligocène (Hunt, 2001), remettant ainsi en cause la filiation directe du genre *Paleoprionodon* aux Viverridae actuels.

Le plus ancien taxon fossile assimilable au morphotype des Viverridae modernes semble être *Herpestides antiquus* (Blainville, 1842), tel que diagnostiqué par Hunt (1991) sur la base d'une analyse détaillée de la région postérieure du crâne et l'ontogénie comparée de la bulle tympanique chez les féliformes actuels. *Herpestides* est daté de l'Aquitanien (France ; début du Miocène), ce qui fixe la stabilisation du morphotype « Viverridae actuels » à une période estimée entre 21 et 23 Ma (Hunt, 1991 ; Hunt, 1996 ; mais cf Flynn (1996) pour une estimation plus récente). Notons toutefois que les résultats de Peigné (2000) aboutissent à inclure *Herpestides* au sein du clade constitué de taxons fossiles assimilés aux Hyaenidae (*Plioviverrops* et *Tungurictis*).

Les gisements fossiles du Miocène sont ensuite représentés par des fragments de mandibules, des dents et quelques os post-crâniens, sur une période étalée entre 13 et 20 Ma, et qui voit l'apparition de genres tels que *Viverra* (sous-genre *Viverrictis* de Beaumont, 1973)

et *Jourdanictis* Viret, 1951, pour l'Europe, et *Semigenetta* Helbing, 1927, pour l'Europe et l'Asie. Les genres *Herpestides* et *Semigenetta* (= *Stenoplesictis,* selon Schmidt-Kittler, 1987) sont également signalés en Afrique pour la première fois à cette époque sur les sites de Rusinga et de Songhor, entre approximativement 17 et 20 Ma (Schmidt-Kittler, 1987 ; Hunt, 1996). En Europe, Petter (1976) décrit un petit viverridé daté du Vallésien (environ 15 Ma), à Can Llobateres, en Espagne, sous le nom de genre *Semigenetta.* Récemment, Morales et al. (2001) ont décrit un nouveau genre du début du Miocène africain (environ 17,5 Ma), *Orangictis gariepensis,* sur la base de mandibules provenant du site d'Arrisdrift, en Namibie. Ce taxon partage une structure du talonide des molaires inférieures très similaire à celle des civettes terrestres actuelles. Toutefois, le type de matériel disponible, fragmentaire et quasi-exclusivement constitué de dents (caractères hautement sujets à convergence ; cf Van Valkenburg, 1989), rendent délicates l'identification et la mise en rapprochement de la majorité de ces taxons avec les Viverridae actuels (Hunt, 1996).

La deuxième période du Miocène (6 à 13 Ma) est quant à elle caractérisée par un manque de matériel fossile. En Asie, les faunes chinoises, datées du Miocène - Pliocène, ont produit une série de taxons assimilés aux Viverridae, mais devant encore être décrits (Chow, 1991 ; Hunt, 1996). Le genre *Viverra*, qui est représenté par des espèces actuelles, est signalé dans le site des Siwaliks, au nord de l'Inde, aux alentours de 8 Ma.

Mais c'est au cours de la période Plio-Pléistocène (à partir de 5 Ma) qu'est recensée l'extrême majorité des taxons fossiles directement assimilables aux Viverridae actuels ainsi que les genres actuels (*Viverra* étant aussi signalé à une période antérieure ; cf ci-dessus), à la fois en Afrique (*Civettictis, Viverra, Genetta*), en Europe et en Asie (*Viverra, Vishnuictis, Megaviverra* Kretzoi & Fejfar, 1982), qui forment un « complexe » fossile témoin de la diversité du groupe à cette époque (Hunt, 1996). Certaines lignées présentent un gigantisme associé à une denture soit hypocarnivore (*Pseudocivetta* Petter, 1967 ; cf Hunt, 1996, pour la description détaillé d'un spécimen à Langebaanweg, Afrique du Sud) soit hypercarnivore (*Vishnuictis durandi* Pilgrim, 1932 (Siwaliks, Inde) et *Viverra leakeyi* Petter, 1963 (Laetoli, Bassin de l'Omo et Langebaanweg, Afrique)), avec des morphotypes crâniens très similaires à ceux des civettes terrestres actuelles. Les taxons fossiles directement assimilables aux Viverridae actuels (*Orangictis*, *Pseudocivetta, Vishnuictis, Megaviverra*) sont donc d'origine relativement « récente » (absents de l'Oligocène) et peuvent être rapprochés de la sous-famille des Viverrinae, objet particulier de notre étude. Toutefois, les travaux de Morales et al. (2000) concluent à l'identification d'un taxon fossile plus ancien, *Kelba quadeemae* Savage, 1965, et très similaire aux Hemigalinae, sous-famille de Viverridae strictement asiatique et constituée

de taxons actuels. Les gisements fossiles de *Kelba* sont situés en Afrique, à savoir au Kenya (Songhor, Rusinga et Mfwanganu) et au Burundi (Napak), et sont datés du début du Miocène, mais ne sont hélas constitués que de molaires, ce qui rend leur identification et leur affiliation taxinomique hautement délicates (cf Savage, 1965 ; Schmidt-Kittler, 1987 ; Mac Kenna & Bell, 1997).

La période d'origine de la famille des Viverridae demeure ainsi encore à préciser, et reste en attente de la découverte de nouveaux restes fossiles (Hunt, 1996 ; 2001). Hunt & Tedford (1993) proposent une séparation « Viverridae – Felidae » à 37 - 40 Ma (données fossiles), différente de l'estimation de Flynn (1996) basée sur des séquences de cytochrome *b* et un ensemble de calibrations fossiles, avançant une divergence « Viverridae – Herpestidae » entre 18 et 36 Ma. Wayne et al. (1989) estiment sur la base de données d'hybridation ADN/ADN la période de divergence des taxons actuels « civettes terrestres – genettes – civettes palmistes » à 30 Ma, mais la documentation fossile est encore par trop insuffisante, notamment pour les périodes couvrant l'Oligocène et le Miocène, pour aider à l'élaboration de scenarii évolutifs argumentés (Hunt, 1996). Schmidt-Kittler (1987) et Morales et al. (2000) suggèrent tout de même une origine sud-est asiatique du groupe, puis une colonisation de l'Afrique au Miocène inférieur.

1.c. Les Viverridae : un groupe polyphylétique

Si l'on considère la délimitation de la famille des Viverridae la plus couramment acceptée depuis une vingtaine d'années (i.e., Mangoustes exclues ; cf § I.1.), d'importantes remises en cause concernant la monophylie du groupe ont depuis été avancées.

La famille des Viverridae représente un taxon morphologiquement très diversifié, ses représentants étant constitués de carnivores de petite taille occupant les divers habitats de la zone intertropicale asiatique et africaine (Grzimek, 1990). Les Viverridae ont toujours constitué une famille problématique en terme de taxinomie. Mivart, en 1882, propose de scinder le groupe en quatre sous-familles : les Viverrinae (groupe hétéroclite de douze genres), les Galidictinae (trois genres), les Euplerinae et les Cryptoproctinae (monogénériques), les trois derniers taxons étant strictement malgaches. De nombreuses classifications ont par la suite été proposées, témoignant de la difficulté des systématiciens à regrouper les différentes formes de Viverridae en ensembles « naturels ». Par exemple, Pocock, en 1929, suggère de diviser le groupe en neuf sous-familles, élevant par là même le genre *Nandinia* au rang de famille, alors que Gregory & Hellman (1939) tendent de leur côté

à attribuer quatre «sections » (ou grades) aux Viverridae, le genre *Nandinia* s'y trouvant cette fois-ci inclus.

La classification actuelle la plus communément admise reste celle de Wozencraft (1989), qui considère quatre sous-familles propres aux Viverridae : les Cryptoproctinae (trois genres ; Madagascar), les Viverrinae (sept genres ; Afrique, Europe et Asie), les Hemigalinae (trois genres ; Asie du sud-est) et les Paradoxurinae (cinq genres ; Asie). Les genres *Nandinia* et *Cryptoprocta* y occupent toutefois un statut incertain. Dans une classification plus récente (Wozencraft, 1993), le même auteur attribue respectivement à ces deux derniers taxons le statut de sous-famille, portant au nombre de six les sous-familles de Viverridae (Tableau 1).

Toutefois, il demeure difficile d'attribuer des caractères diagnostiques à la famille telle que définie par Wozencraft (1993), tant les morphotypes entre et même au sein des sous-familles sont variés. Les Viverridae sont des Carnivores de petite à moyenne taille, dont la longueur tête + corps peut varier de 330 mm (*Poiana*) jusqu'à 950 mm (*Civettictis*), pour des masses allant de 0,6 à 20 kg (Haltenorth & Diller, 1980 ; Nowak, 1999). Le pelage est également très variable puisque l'on retrouve aussi bien des patrons rayés, tachetés ou uniformes pour le corps, et annelés ou uniformes pour la queue (Fig. 2). La proportion longueur tête + corps / longueur de la queue varie énormément suivant les groupes (rapports d'environ 1 à 1,5 ; obs. pers.). Les membres sont caractérisés par un port digitigrade (*Prionodon*), semi-digitigrade (civettes terrestres, genettes) ou plantigrade (civettes palmistes), et la capacité de rétractabilité des griffes est très variable (de rétractile à non-rétractile) (Taylor, 1988 ; Veron, 1999). Le nombre de paires de mamelles varie lui aussi, de un à trois, et ce notamment au sein des sous-familles (Nowak, 1999). La formule dentaire n'est pas non plus diagnostique puisqu'elle est variable selon les taxons (I3/3 - C1/1 - P3-4/3-4 - M 1-2/1-2 = 36-40). Le type de denture est extrêmement labile puisque lié au type d'alimentation, et l'on trouve aussi bien des taxons caractérisés par une hypercarnivorie (*Cryptoprocta*, *Prionodon, Poiana*) que présentant une hypocarnivorie (*Civettictis, Viverra*, civettes palmistes).

C'est par l'analyse comparée des caractéristiques de la bulle tympanique, initiée par Flower (1869) puis reprise par Hunt à partir des années 1970, qu'une première caractérisation diagnostique des Viverridae *sensu stricto* a pu être envisagée. L'entotympanique caudal est bien enflé, ovoïde et long, et forme un septum oblique avec la paroi postérieure de l'ectotympanique (cf Fig. 3), permettant ainsi de distinguer les Viverridae des Herpestidae et des Hyaenidae (Hunt, 1974). La conformation de la bulle tympanique des Felidae est, quant à elle, proche de celle des Viverridae. Les Felidae se distinguent toutefois par une

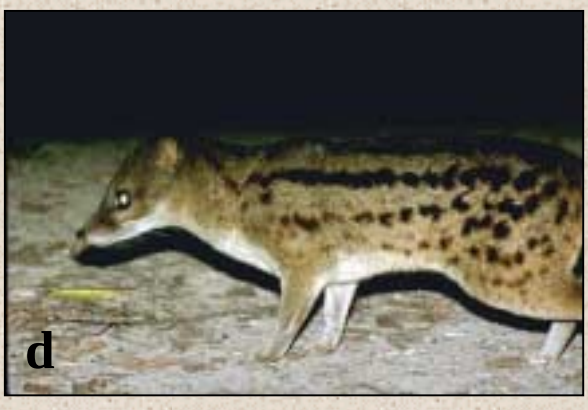


Fig. 2. Illustration de la variabilité des morphotypes et des patrons de pelage entre les membres de la famille des Viverridae. a: *Cryptoprocta ferox* (J.-F. Lagrot, in *Terre sauvage*, 150) ; b: *Paradoxurus hermaphroditus* ; c: *Hemigalus derbyanus* (http://www.lioncrusher.com/animal.asp) ; d: *Fossa fossana* (http://www.sunysb.edu/doit/icte/Mammals/Fossa-fossana/index.fr.html) ; e: *Civettictis civetta* ; f: *Arctictis binturong* (http://www.lioncrusher.com/animal.asp) (modifiés).

sous-famille	espèce	aire de répartition
Cryptoproctinae (Fossa)	*Cryptoprocta ferox* Bennett, 1833	Madagascar
Euplerinae (Euplère et Fossane)	*Eupleres goudotii* Doyère, 1835	Madagascar
	Fossa fossana (Muller, 1776)	Madagascar
Hemigalinae (Civette-loutre et Civettes palmistes à bandes)	*Chrotogale owstoni* Thomas, 1912	SE Asie
	Cynogale benettii Gray, 1837	SE Asie
	Diplogale hosei (Thomas, 1892)	SE Asie
	Hemigalus derbyanus (Gray, 1837)	SE Asie
Paradoxurinae (Civettes palmistes asiatiques)	*Arctictis binturong* (Raffles, 1821)	Asie
	Arctogalidia trivirgata (Gray, 1832)	Asie
	Macrogalidia musschenbroekii (Schlegel, 1877)	SE Asie
	Paguma larvata (C.E.H. Smith, 1827)	Asie
	Paradoxurus hermaphroditus (Pallas, 1777)	Asie
	Paradoxurus jerdoni Blanford, 1885	S Inde
	Paradoxurus zeylonensis (Pallas, 1777)	Sri Lanka
Viverrinae * (Genettes, Civettes terrestres et Linsangs)	*Civettictis civetta* (Schreber, 1776)	Afrique sub-saharienne
	Genetta abyssinica (Rüppel, 1836)	E Afrique
	Genetta angolensis Bocage, 1882	SW Afrique
	Genetta genetta (Linné, 1758)	Afrique et SW Europe
	Genetta johnstoni Pocock, 1908	W Afrique
	Genetta maculata (Gray, 1830)	Afrique sub-saharienne
	Genetta servalina Pucheran, 1855	C Afrique
	Genetta thierryi Matschie, 1902	W Afrique
	Genetta tigrina (Schreber, 1776)	S Afrique
	Genetta victoriae Thomas, 1901	C Afrique
	Osbornictis piscivora J.A. Allen, 1919	C Afrique
	Poiana richardsonii (Thomson, 1842)	W et C Afrique
	Prionodon linsang (Hardwicke, 1821)	SE Asie
	Prionodon pardicolor Hodgson, 1842	Asie
	Viverra civettina Blyth, 1862	S Inde
	Viverra megaspila Blyth, 1862	SE Asie
	Viverra tangalunga Gray, 1832	SE Asie
	Viverra zibetha Linné, 1758	Asie
	Viverricula indica (Desmarest, 1804)	Asie
Nandiniinae (Civette palmiste africaine)	*Nandinia binotata* (Gray, 1830)	Afrique sub-saharienne

.Tableau 1. Liste des sous-familles et des espèces de Viverridae d'après Wozencraft (1993). Les noms vernaculaires des membres de chaque sous-famille sont indiqués dans la première colonne, entre parenthèses. *Légende :* SE = sud-est ; S = sud ; E = est ; SW = sud-ouest ; W = ouest ; C = centre.
* Les débats concernant la classification de la sous-famille des Viverrinae sont traités en § I-2.

migration antérieure de l'entotympanique caudal allant jusqu'à recouvrir une partie de la chambre ectotympanique de la bulle (Hunt, 1987 ; Hunt & Tedford, 1993) (Fig. 3). C'est sur la base de ces observations que Hunt (1987) a proposé d'exclure de la famille des Viverridae le genre *Nandinia*, caractérisé par une structure plésiomorphique de la bulle tympanique, avec notamment un entotympanique caudal non ossifié (similaire aux Carnivores fossiles tels que *Creodonta* ; Wyss & Flynn, 1993 ; Veron, 1995). Il réhabilita ainsi la famille des Nandiniidae, monospécifique, créée par Pocock (1929).

Des études phylogénétiques sont venues confirmer le statut de « non-Viverridae » de la nandinie, qu'elles soient basées sur des caractères morphologiques (Hunt, 1987 ; Wyss & Flynn, 1993 ; Veron, 1995) ou moléculaires (Flynn & Nedbal, 1998 ; Veron & Heard, 2000), et tendent à suggérer une position de groupe-frère de toutes les autres familles de Feliformia actuels. La position systématique d'autres taxons problématiques tels que les « Viverridae » malgaches a également fait l'objet d'investigations récentes. Ainsi, des travaux basés sur la méthode d'hybridation ADN/ADN (Veron & Catzeflis, 1993) rapprochent *Cryptoprocta ferox* des Herpestidae. Une analyse cladistique basée sur des caractères morphologiques et incluant des taxons fossiles suggère quant à elle une relation de groupe-frère avec les Felidae actuels (Veron, 1994 ; 1995). Ce regroupement est toutefois supporté par des caractères dentaires liés à l'hypercarnivorie, et de nombreux caractères dérivés sont retrouvés en commun entre *Cryptoprocta* et les Herpestidae actuels (notamment le sulcus présylvien, qui délimite le gyrus orbitaire chez les autres féliformes, et est absent ou très réduit chez *Cryptoprocta* et les Herpestidae ; cf Radinsky, 1975, et Veron, 1994). Des études moléculaires récentes (Yoder et al., 2003) confirment la position de *Cryptoprocta*, constituant un clade avec les autres taxons malgaches, ce dernier étant groupe-frère des Herpestidae. Les études morphologiques de Veron (1994 ; 1995) suggèrent également un éclatement de la famille des Viverridae, restreignant cette dernière aux civettes terrestres, Paradoxurinae et Hemigalinae. Ceci va dans le sens des premiers scenarii évolutifs qui avançaient la non-monophylie de la famille (Gregory & Hellman, 1939), et confirme par là même la difficulté de trouver des synapomorphies pour le groupe des Viverridae (Hunt, 1987 ; 1991 ; Wyss & Flynn, 1993). Les relations phylogénétiques entre les sous-familles et les taxons traditionnellement apparentés aux Viverridae restent, dans leur majorité, confuses, d'autant plus que les phylogénies moléculaires récentes concernant les Feliformia n'ont pas inclus un échantillonnage taxinomique exhaustif des représentants de la famille (Flynn & Nedbal, 1998 ; Veron & Heard, 2000 ; Yoder et al., 2003).

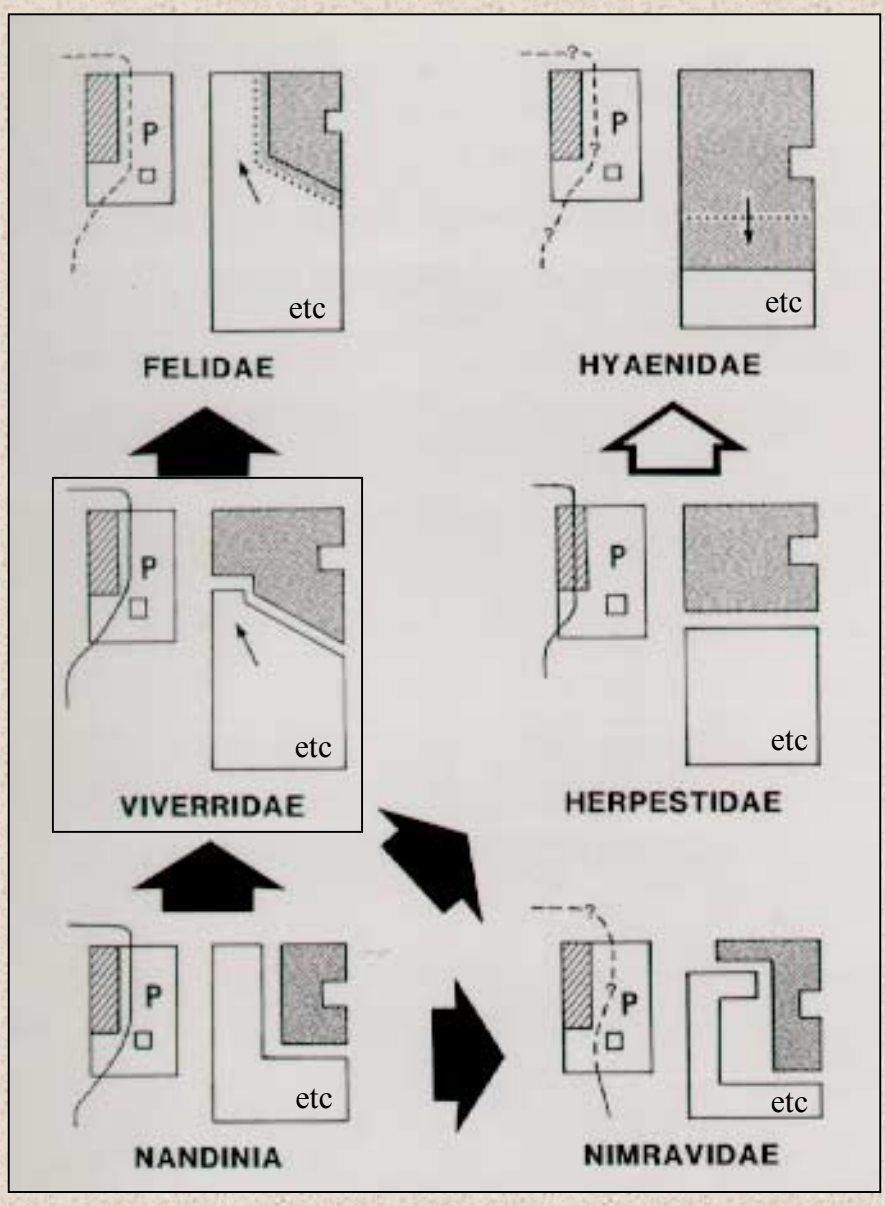


Fig. 3. Evolution de la bulle tympanique chez les Feliformia d'après Hunt (1987; modifié). Le genre *Nandinia* est supposé exhiber un morphotype féliforme ancestral duquel serait issu tous les autres morphotypes féliformes. La distinction Viverridae / Felidae réside dans le prolongement antérieur de l'os entotympanique caudal (etc).

Les diagrammes représentent la région auditive gauche en vue ventrale, partie antérieure vers le haut. Les flèches larges noires indiquent le sens de la transformation de taxon à taxon. La flèche large blanche indique une incertitude dans le sens de la transformation. Les flèches noires fines indiquent le sens de déformation de l'os entotympanique caudal ou de l'os ectotympanique au cours de l'ontogénie.

Légende: P: promontoire du pétrosal. Partie hachurée: os entotympanique rostral; courbe pleine: sillon de l'artère carotide interne (réduite ou absente si courbe en pointillés); partie grisée: os ectotympanique; etc: os entotympanique caudal.

2. Histoire naturelle de la sous-famille des Viverrinae Gray, 1821

2.a. Systématique du groupe :

La situation systématique des Viverrinae reflète l'imbroglio taxinomique que constitue la famille des Viverridae. Comme nous l'avons vu précédemment (cf § I-1.c.), la classification des Viverridae proposée par Mivart (1882) regroupe au sein de la sous-famille des Viverrinae un ensemble de douze genres aux affinités très vite contestées. Ainsi, Pocock (1915a) choisit, sur la base de caractères relatifs au rhinarium, aux coussinets plantaires et aux glandes périnéales, de réduire au nombre de trois les genres de Viverrinae (*Viverra*, *Viverricula* et *Genetta*), et en exclut *Poiana* et *Prionodon*, qu'il regroupe dans une nouvelle sous-famille, les Prionodontinae. Le même auteur distingue à l'intérieur de la sous-famille des Viverrinae deux groupes « naturels », soit les genettes (semi-plantigrades), « primitives », et les civettes (digitigrades), « évoluées ». Ces considérations seront d'ailleurs reprises par les travaux morphométriques de Taylor (1988) concernant les os métapodiaux, les genres *Poiana* et *Prionodon* étant dans ce cas associés aux genettes. Simpson, en 1945, propose une classification des Viverrinae qui semble de nos jours toujours acceptée. Il scinde la sous-famille en deux tribus : d'une part les Viverrini, regroupant les civettes et les genettes, et d'autre part les Prionodontini, monogénériques. La classification de Wozencraft (1993), qui fait référence chez les mammalogistes, est quasiment similaire. La sous-famille des Viverrinae y comprend dix-neuf espèces regroupées en sept genres (cf Tableau 1), les divergences entre les auteurs concernant principalement le genre *Genetta*, problématique de par l'ambiguï té de la délimitation de certaines de ses espèces. Ce dernier genre demeure traditionnellement considéré comme le stock primitif duquel sont issues les civettes terrestres (Pocock, 1915a ; Gregory & Hellman, 1939 ; Kingdon, 1977). A partir du registre fossile, Kingdon (1977) avance l'hypothèse d'une séparation entre ces deux groupes antérieure à leur arrivée en Afrique.

Les relations phylogénétiques au sein de la sous-famille n'ont jamais été abordées de façon exhaustive depuis Gregory & Hellman (1939), ces auteurs distinguant la sous-famille des Viverrinae des autres Viverridae, en la considérant comme un groupe ancestral aboutissant directement aux Hyaenidae (les Viverrinae sont dans ce cas paraphylétiques). L'analyse morphologique de Veron (1995), bien qu'axée sur une autre problématique, a permis d'obtenir, grâce à un échantillonnage taxinomique exhaustif (niveau générique), des résultats informatifs. Il apparaît ainsi que les Viverrinae sont paraphylétiques, le genre *Prionodon* semblant devoir être rapproché des Felidae (*Panthera*, *Felis*, *Acinonyx*), tandis que

le genre *Genetta* est exclu du clade des Viverridae formé dans ce cas par les genres *Civettictis*, *Viverra*, *Paradoxurus* et *Hemigalus*. Une récente étude moléculaire (Veron & Heard, 2000) basée sur des séquences de cytochrome *b* tend à suggérer la polyphylie de la sous-famille, les Viverrinae étant dans ce cas restreints aux civettes terrestres. Il demeure de plus difficile de définir des caractères morphologiques diagnostiques propres à la sous-famille, ce qui témoigne ainsi de la diversité des morphotypes qui constituent le groupe et laisse présager des phénomènes de convergence importants entre les taxons.

2.b. L'apport des données fossiles

Nous avons vu ci-avant que *Viverra,* le premier genre actuel de la sous-famille des Viverrinae à apparaître dans les données fossiles, est signalé en Europe (sous-genre « *Viverrictis* » ; éteint) aux alentours de 20 Ma, avec le genre *Jourdanictis*, supposé proche de *Viverra* (de Beaumont, 1973 ; Hunt, 1996). Morales et al. (2001) ont en outre récemment décrit *Orangictis gariepensis* du début du Miocène africain (17.5 Ma), dans le site d'Arrisdrift, en Namibie. Ces auteurs reconnaissent l'entoconide développé des molaires inférieures et sa séparation distincte des autres cuspides comme critère diagnostique permettant d'assimiler ce fossile aux civettes terrestres actuelles (*Civettictis, Viverra* et *Viverricula*). Ils rapprochent ainsi sur la base du même critère le genre *Kichechia* Savage, 1965, de la sous-famille des Viverrinae, mais le considèrent comme un taxon primitif. L'ensemble des données fossiles du Miocène inférieur tendent à faire estimer la date d'apparition de la sous-famille des Viverrinae aux alentours de 20 Ma. Wayne et al. (1989), appliquant l'horloge moléculaire à partir de données d'hybridation ADN/ADN, estiment quand à eux la période de divergence de l'ensemble «civettes terrestres – genettes – civettes palmistes » à 30 Ma.

Toutefois, les affinités taxinomiques débattues de certains taxons fossiles datés de l'Oligocène troublent, comme dans le cas de la famille des Viverridae, l'estimation de la période d'apparition de la sous-famille des Viverrinae. Gregory & Hellman (1939) incluent dans les Viverrinae les genres fossiles *Viverravus* et *Didymictis* (Eocène inférieur d'Amérique du Nord), qu'ils reconnaissent comme présentant des états de caractères plésiomorphes au niveau de la bulle tympanique et de la denture (par exemple, un entotympanique caudal non ossifié), mais devant être rapprochés des Viverrinae actuels. Ce rapprochement n'est toutefois plus admis actuellement (cf McKenna & Bell, 1997). Récemment, Hunt (2001) inclut le taxon fossile *Paleoprionodon* (Oligocène inférieur) dans la sous-famille des Prionodontinae, avec les genres actuels *Prionodon, Poiana* et *Genetta*. Sur la base d'une étude comparée de la

conformation de l'os pétreux et de l'os entotympanique caudal, Hunt détermine une gradation entre *Paleoprionodon*, *Prionodon* et *Poiana*. Ainsi, si nous devons adopter le point de vue consensuel qui consiste à considérer les genettes, civettes terrestres et linsangs comme un groupe monophylétique (Wozencraft, 1993), alors leur date d'apparition pourrait être beaucoup plus ancienne et approcherait les 38 Ma.

Comme vu précédemment (cf § I-1.b.), la période Plio-Pléistocène voit apparaître une grande diversité de taxons directement assimilables aux Viverrinae actuels, répartis à la fois en Afrique (*Civettictis, Viverra, Genetta*), en Europe et en Asie (*Viverra, Jourdanictis, Vishnuictis, Megaviverra*) (Hunt, 1996). La diversification du groupe y atteint son apogée avec la présence d'espèces «géantes » telles que *Pseudocivetta ingens* Petter, 1967 (Olduvai, Tanzanie), *Viverra leakeyi* Petter, 1963 (Laetoli, Tanzanie ; Langebaanweg, Afrique du Sud (Hendey, 1974); Ahl al Oughlam, Maroc (Geraads, 1997) ; cf Fig. 4) et *Vishnuictis durandi* (Siwaliks, Inde). Le genre *Genetta* est, quant à lui, connu par des restes fossiles plus rares au Pliocène africain, à Langebaanweg (Hendey, 1974). Il est également retrouvé sur le site de Ahl al Oughlam, Maroc, dont l'âge est estimé à environ 2,5 Ma (Geraads, 1997). Toutefois, la documentation fossile est inexistante pour les autres taxons appartenant aux Viverrinae que sont la genette aquatique *Osbornictis piscivora* et les linsangs africains (*Poiana*) et asiatiques (*Prionodon*), communément regroupés sous le nom de « Genet-like taxa ».

Ce manque de données fossiles, couplé à l'apparition quasi-simultanée des taxons fossiles clairement rattachés aux Viverrinae (*Paleoprionodon* exclu) sur les continents africain, européen et asiatique, ne permet pas de proposer un scénario évolutif clair pour l'ensemble de la sous-famille. Ces mêmes données fossiles permettent toutefois de fixer l'apparition des civettes terrestres à environ 20 Ma (Hunt, 1996), ce qui va à l'encontre des hypothèses évolutives courantes tendant à considérer le genre *Genetta*, plus récent eu égard aux données fossiles, comme stock « primitif » duquel découleraient ces mêmes civettes (Pocock, 1915a ; Gregory & Hellman, 1939 ; Kingdon, 1977 ; mais cf Petter (1969) pour une hypothèse de radiation pratiquement simultanée des deux groupes).

2.c. Diagnoses morphologiques et sous-divisions au sein des Viverrinae

La sous-famille des Viverrinae a depuis sa création regroupé des taxons aux morphotypes hétéroclites (cf Mivart, 1882), et il existe un lien direct entre le phénomène de « taxon poubelle » caractérisant les Viverridae et l'amoncellement taxinomique que constituent les Viverrinae. Pocock (1915a) est l'un des premiers à proposer des caractères

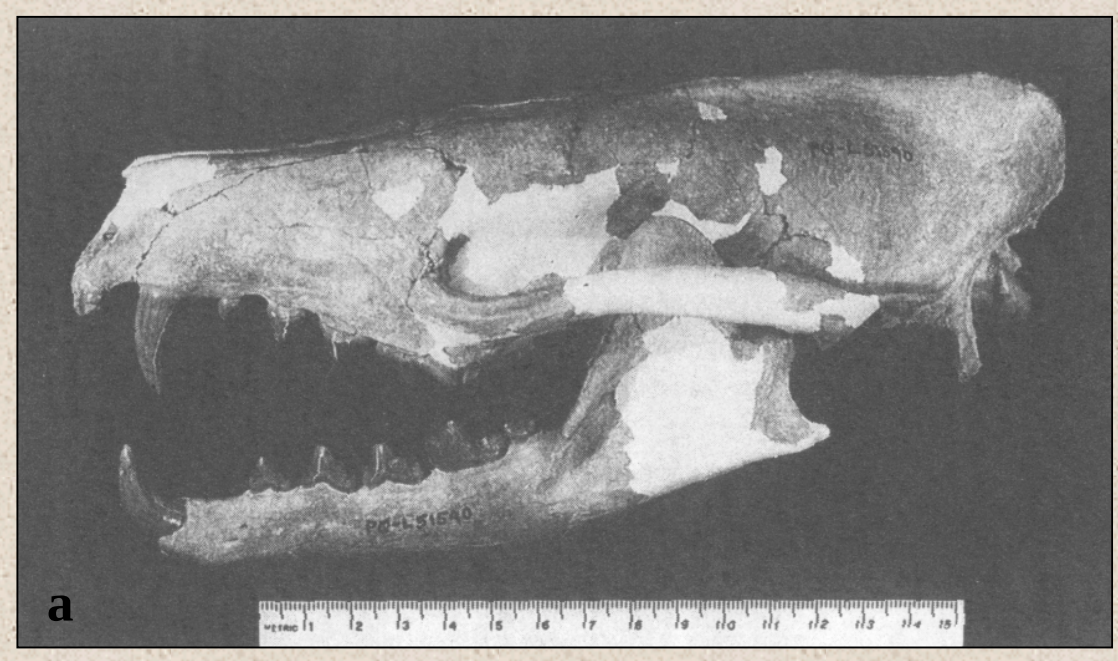


Fig. 4. Illustration du gigantisme observé chez certains fossiles viverrinés du Pliocène. a: crâne fossile de *Viverra leakeyi* (Hunt, 1996; modifié); b: crânes de *Civettictis civetta* (gauche; MNHN 1977-548) et *Genetta genetta* (droite; MNHN 1960-3903).
Les crânes sont à la même échelle.

diagnostiques pour la sous-famille, à savoir la présence de glandes périnéales à la structure relativement complexe, et la conformation particulière des coussinets métatarsiens et digitaux (taille réduite et non-fusion des coussinets carpaux et plantaires, présence de poils entre les coussinets). Il en exclut par là même les linsangs asiatiques et africains (*Prionodon* et *Poiana*), chez lesquels les glandes périnéales sont absentes (mais cf Pocock (1933) pour une remise en doute de ses observations chez *Poiana*) et les regroupe dans la sous-famille des linsanginae (Pocock, 1915b). Un regroupement identique est suivi par Gregory & Hellman (1939) sur la base d'un travail morphologique concernant les taxons fossiles et actuels. Toutefois, les continuels « chassés-croisés » de regroupements taxinomiques au sein des Viverrinae, certains groupes allant jusqu'à en être parfois exclus (cf §I-2.a.), témoignent de la difficulté d'établir des caractères diagnostiques forts pour la sous-famille. Tout au plus, un patron de pelage généralement tacheté est avancé comme trait commun, bien qu'il ne caractérise pas tous les taxons. La denture est très variable, allant de l'omnivorie (=hypocarnivorie) chez *Civettictis* et *Viverra*, jusqu'à l'hypercarnivorie (*Prionodon, Poiana*) et même une adaptation à la piscivorie (*Osbornictis*). La formule dentaire n'est pas non plus diagnostique puisqu'elle varie entre 38 (*Poiana, Prionodon*) et 40 (I3/3 - C1/1 - P4/4 - M 1-2/2). Le nombre de mamelles est lui aussi variable, allant d'une à trois paires (Nowak, 1999 ; obs. pers.). Les Viverrinae tels que classiquement définis (Wozencraft, 1989 ; 1993) regroupent ainsi des taxons aux caractéristiques morphologiques très hétéroclites parmi lesquels se distinguent toutefois deux groupes, les civettes terrestres et les genettes. Le rapprochement des « Genet-like taxa » aux autres membres des Viverrinae reste problématique (Fig. 5).

Tout d'abord, les civettes terrestres, afro-asiatiques, constituées des genres *Civettictis, Viverra* et *Viverricula*, et qui sont des animaux relativement massifs (*Civettictis civetta* peut atteindre 950 mm de longueur tête + corps pour une masse de 20 kg ; *Viverricula* n'atteint toutefois que 630 mm pour 4 kg ; cf Kingdon, 1997, et Nowak, 1999). Leurs membres sont totalement digitigrades et caractérisés par une longueur relative des os métacarpiens importante (environ 15,9 % de la longueur du membre), et des coussinets thénaires et hypothénaires réduits (Taylor, 1988 ; Veron, 1999 ; cf Fig. 6). Le rapport tête + corps / queue est important (en général supérieur à 1,5) et ces animaux s'identifient aisément de par leur « collier » noir et blanc au niveau de la gorge. Les civettes terrestres possèdent également une paire de glandes périnéales très développées, avec un espace interglandulaire formant une large poche capable de stocker une quantité relativement importante de « musc » (Pocock, 1915a). L'os entotympanique caudal est très enflé, et le processus paroccipital est fort et de

Viverricula indica (Grzimek, 1974; modifié)

Civettictis civetta (Dorst & Dandelot, 1976; modifié)

Viverra tangalunga (Grzimek, 1974; modifié)

Civettes terrestres

Genetta angolensis (Kingdon, 1997; modifié)

Genettes

Genetta servalina (Kingdon, 1997; modifié)

Osbornictis piscivora (Dorst & Dandelot, 1976; modifié)

Poiana richardsonii (Kingdon, 1997; modifié)

« Genet-like taxa »

Prionodon linsang (Payne et al., 1985; modifié)

Fig. 5. Représentants des genres constituant la sous-famille des Viverrinae, avec les groupes des civettes terrestres et des genettes. Les « Genet-like taxa » ne constituent pas un groupement reconnu au sein des Viverrinae, mais simplement une commodité de langage.

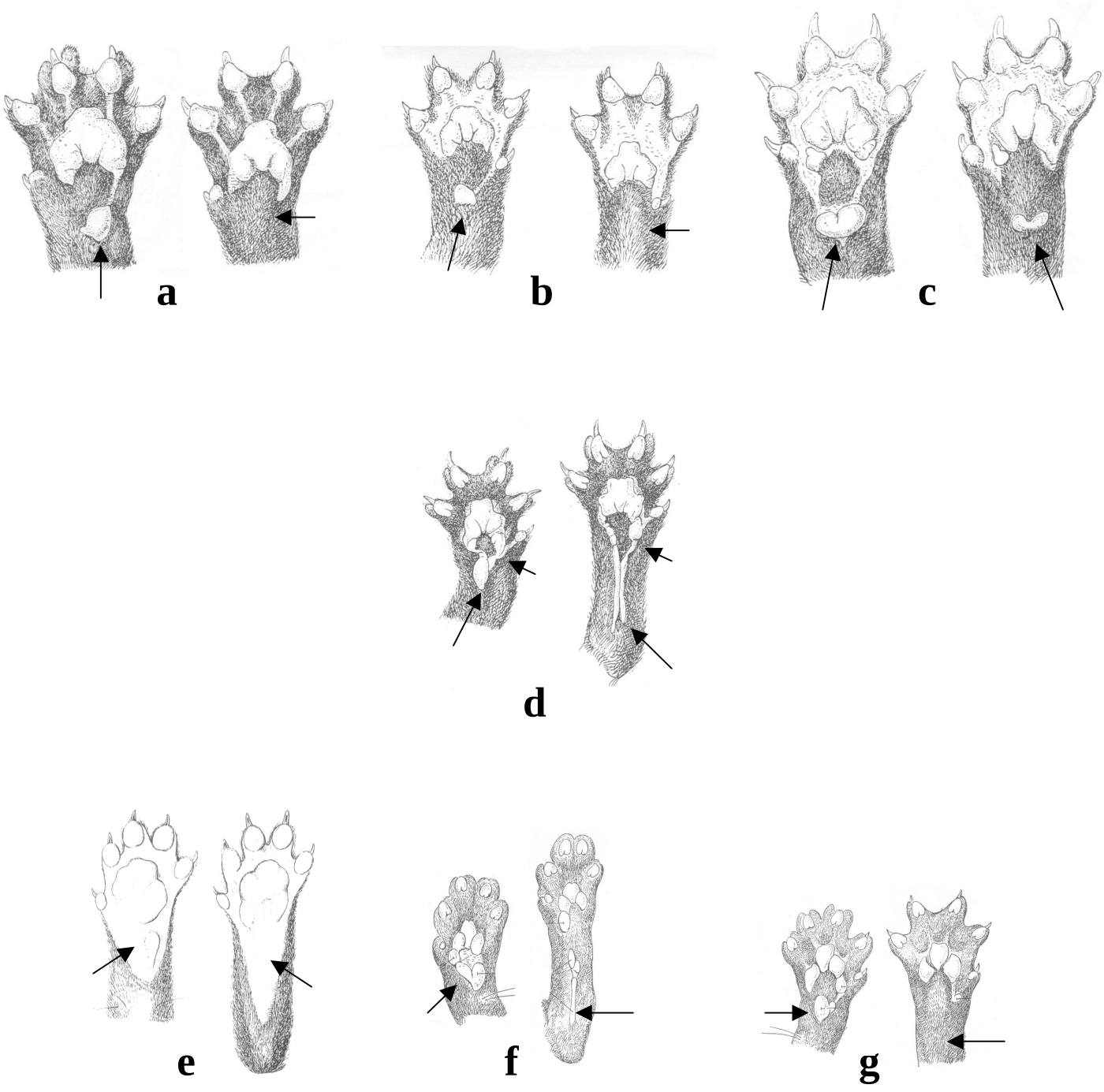


Fig. 6. Illustration de certains caractères diagnostiques relatifs aux coussinets pour les genres regroupés au sein de la sous-famille des Viverrinae.

Membre antérieur à gauche et membre postérieur à droite; les flèches indiquent les caractères diagnostiques

.Haut de la page: membres digitigrades, coussinets thénaires et hypothénaires réduits, coussinets métatarsiens réduits ou absents chez les civettes terrestres (a: *V. zibetha*; b: *Viverricula indica*; c: *C. civetta*; Pocock (1915a), modifié).

.Milieu de la page: membre antérieur plantigrade et membre postérieur digitigrade, coussinets thénaires, hypothénaires et métatarsiens bien développés chez les genettes (d: *G. maculata*; Pocock (1915a), modifié).

.Bas de la page: les "Genet-like taxa", des morphotypes hétéroclites: soles plantaires glabres (e: *O. piscivora*; Allen (1924), modifié), coussinets métatarsiens relativement bien développés (*P. richardsonii*; Pocock (1915b), modifié), absence des coussinets métatarsiens (g: *P. linsang*; Pocock (1915b), modifié).

forme triangulaire (Petter, 1974). La denture est forte et adaptée à l'omnivorie. M_1 est caractérisée par un talonide très développé, et P^3 ne présente quasiment pas de cuspide linguale (Petter, 1969 ; cf Fig. 7).

Vient ensuite le groupe des genettes à proprement parler, constitué de l'unique genre *Genetta*. Ce genre est représenté par des espèces de petite à moyenne taille, et au morphotype élancé (longueur tête + corps entre 420 et 570 mm, pour une masse de 1 à 3 kg ; cf Kingdon, 1997, et Nowak, 1999). Le rapport tête + corps / queue est inférieur à 1,5, et ce genre est aisément reconnaissable grâce au masque facial –taches claires supra-labiales, sous- et supra-orbitaires– qui les caractérise. Les membres antérieurs sont plantigrades alors que les membres postérieurs sont digitigrades (Taylor, 1988 ; Veron, 1999), et c'est pourquoi ces animaux ont souvent été qualifiés de « semi-digitigrades ». Les coussinets métatarsiens sont fins mais bien développés (Rosevear, 1974 ; Veron, 1999). L'os entotympanique caudal est peu enflé, et la denture est moins forte et plus tranchante que chez les civettes terrestres (Petter, 1969). Le talonide de M_1 est réduit et la cuspide linguale de P^3 est généralement présente. Le rétrécissement interorbitaire est bien marqué (Rosevear, 1974).

Enfin, les « Genet-like taxa » (genres *Prionodon*, *Poiana* et *Osbornictis*), dont les affinités avec les genettes restent très discutées suivant les auteurs et les caractères considérés. Les linsangs, africains (*Poiana* spp.) et asiatiques (*Prionodon* spp.), partagent une similarité morphologique globale concernant par exemple la forme générale du crâne, la denture hypercarnivore et l'absence de M^2, ainsi qu'une petite taille et une longue queue (longueur tête + corps entre 350 et 450 mm, pour une masse très souvent inférieure à 1 kg ; rapport tête + corps / queue avoisinant 1 ; cf Rosevear, 1974, et Nowak, 1999). Toutefois, divers auteurs ont émis l'hypothèse que les similarités observées entre les linsangs africains et asiatiques sont issues de convergences morphologiques (cf ci-après). La genette aquatique *Osbornictis piscivora* est, quant à elle, une espèce adaptée à la vie semi-aquatique, dont la denture, la forme générale du crâne, les coussinets et le pelage sont modifiés par rapport aux autres Viverrinae (Van Rompaey, 1988). Sa morphologie ainsi que sa corpulence le font toutefois ressembler à une genette (tête + corps environ 450 mm ; masse = 1,5 kg). Les «Genet-like taxa » regroupent ainsi trois genres dont les affinités restent très controversées, ce dernier point étant examiné en détail dans le sous-chapitre suivant.

2.d. Les taxons problématiques

Certains membres de la sous-famille des Viverrinae, tels que les « Genet-like taxa », quelques espèces forestières de genettes et quelques civettes terrestres rares, ont une biologie

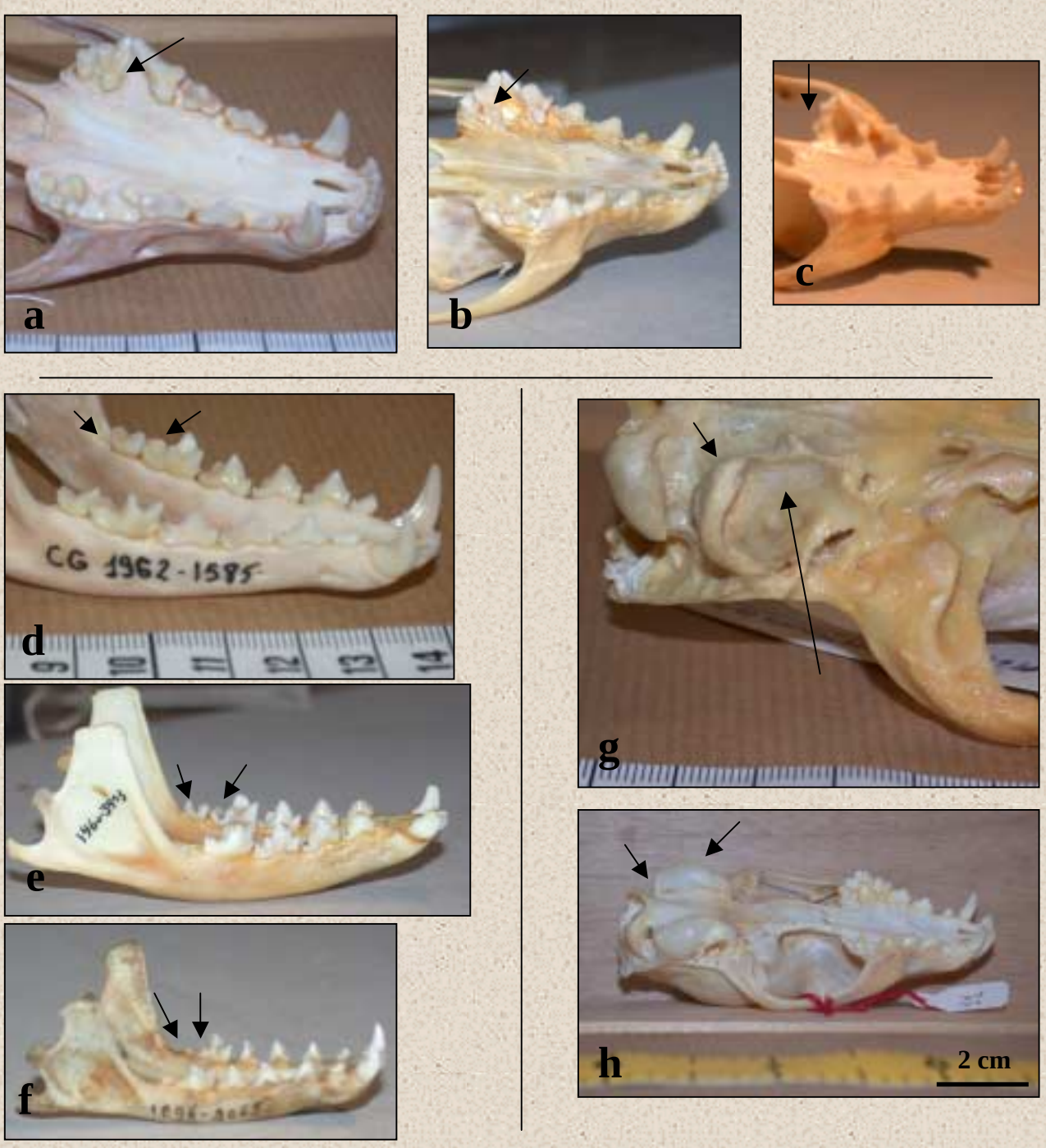


Fig. 7. Illustration de certains caractères diagnostiques relatifs au crâne et à la denture pour les genres regroupés au sein de la sous-famille des Viverrinae.
Les flèches indiquent les caractères diagnostiques
.Haut de la page: M^1 au talonide très développé chez les civettes terrestres (a: *V. tangalunga*; MNHN 1962-1585), puis de plus en plus réduit chez les genettes (b: *G. genetta*; MNHN 1960-3903) et les « Genet-like taxa », avec absence de M^2 chez les linsangs (c: *P. richardsonii*; MNHN 1976-389);
.Colonne de gauche: M_1 (carnassière) au talonide très développé, et M_2 proportionnellement très grande chez les civettes terrestres (d: *V. tangalunga*; MNHN 1962-1585), puis de plus en plus réduits chez les genettes (e: *G. genetta*; MNHN 1960-3903) et les « Genet-like taxa » (f: *Pr. pardicolor*; MNHN 1896-2065);
.Colonne de droite: os entotympanique caudal très enflé et de forme pyramidale chez les civettes terrestres, avec un processus paraoccipital fort et triangulaire (g: *C. civetta*; MNHN 1977-548); os entotympanique caudal peu enflé et en « haricot » chez les genettes et « Genet-like taxa », avec un processus paraoccipital moins développé et plus arrondi (h: *G. thierryi*; MNHN 1977-676).

très peu connue et sont représentés par un très faible nombre de spécimens en collection (Schreiber et al., 1989 ; Grzimek, 1990 ; Kingdon, 1997 ; Nowak, 1999). Cette carence en données comparatives (anatomie, éco-éthologie) contribue évidemment aux difficultés rencontrées par le systématicien lorsqu'il tente de clarifier les limites interspécifiques et les relations phylogénétiques entre ces taxons et les autres Viverrinae / Viverridae.

-Le genre *Prionodon* Horsfield, 1821

Lorsque Hardwicke (1821) décrit pour la première fois l'actuel *Prionodon linsang*, il lui attribue un nom de genre illustrant de façon très frappante les hésitations à venir concernant la position des linsangs vis-à-vis des Viverrinae : *Viverra ? linsang*. En effet, le genre *Prionodon* présente un ensemble de caractéristiques à la fois communes aux Viverrinae (conformation élancée du crâne, coussinets interdigitaux distincts, aspect externe des bulles tympaniques) et à la famille des Felidae (griffes complètement rétractiles, absence des coussinets métatarsiens et des glandes périnéales, denture adaptée à l'hypercarnivorie) (Pocock, 1915b ; Teilhard de Chardin, 1915 ; Gregory & Hellman, 1939 ; Hunt, 2001). Aussi, Horsfield, en 1824 (cité par Mivart, 1882), propose de créer la section des « Prionodontidae » (dixit l'auteur) appartenant au genre *Felis*. Plus récemment, l'analyse morphologique de Veron (1995) place *Prionodon* en tant que groupe-frère d'un clade constitué de *Proailurus, Cryptoprocta* et des Felidae actuels, cette association étant principalement soutenue par des caractères dentaires, suspectés homoplasiques. Mais la classification consensuellement usitée de nos jours intègre *Prionodon* à la famille des Viverridae, soit en tant que sous-famille (Pocock, 1933 ; Gregory & Hellman, 1939), soit comme tribu des Viverrinae (*Prionodontini* Gray, 1864 ; repris par Simpson en 1945), la classification de référence chez les mammalogistes intégrant ce dernier statut (Wozencraft, 1989). Toutefois, Taylor (1988) rapproche *Prionodon* et *Poiana* du genre *Genetta* et les regroupe dans un ensemble « naturel » sur la base de caractères partagés tels que des os métacarpiens courts (plantigradie) et des os métatarsiens longs (digitigradie). Hunt (2001) considère, quant à lui, que l'anatomie de la base du crâne et des bulles tympaniques observée dans la série *Paleoprionodon – Prionodon - Poiana* peut être interprétée comme un morphocline traduisant la transformation progressive de la forme de l'os du pétreux et de la bulle tympanique d'un état plésiomorphe chez les Feliformia vers une condition dérivée typique de *Prionodon, Poiana,* et enfin, *Genetta.* Il réhabilite par là même la sous-famille des Prionodontinae, en y incluant *Paleoprionodon* (fossile de l'Oligocène), *Poiana* et *Genetta*, qu'il distingue des Viverrinae. Une récente étude moléculaire (Veron & Heard, 2000) ne résout pas la question des relations phylogénétiques du

genre *Prionodon* mais suggère, pour la première fois sur la base de caractères non morphologiques, son exclusion de la sous-famille des Viverrinae telle que définie par Wozencraft (1993).

Nous voyons donc que la position systématique de *Prionodon*, genre asiatique, est loin d'être clarifiée à ce jour et nécessite des investigations plus poussées. La relation *Prionodon* – Viverrinae / Viverridae pose ainsi un problème systématique, ce qui est également le cas pour la relation *Prionodon – Poiana* (linsangs asiatiques et africains).

-Le genre *Poiana* Thomson, 1842

La poiane, ou linsang africain, est tout d'abord regroupée avec le genre *Prionodon* dans la tribu des Prionodontini (Gray, 1864 ; Mivart, 1882), puis dans la tribu des « Linsanginae » par Pocock (1915b). Elle présente en effet des traits de caractères partagés à la fois avec les genettes et les linsangs asiatiques. Gray (1864) déclare à ce propos : « *very like* Prionodon *in external appearance, but with the feet of* Genetta ». Nommée lors de sa description par Thomson (1842) *Genetta richardsonii*, la poiane s'est vue attribuée le nom de genre *Poiana* par Gray dès 1864, mais est toutefois restée « rattachée » au groupe des genettes (Gregory & Hellman, 1939 ; Simpson, 1945 ; Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981b ; 1993). La poiane est plus ou moins explicitement considérée comme une genette « ancestrale » (Gregory & Hellman, 1939) ayant acquis des états de caractères identiques à ceux du genre *Prionodon* par un phénomène de convergence, lié à un mode de vie adapté aux forêts tropicales humides (Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1993). Rosevear (1974) ne trouve aucune similarité entre les caractéristiques de la région supra-occipitale et du zygomatique concernant les crânes des deux genres de linsangs. Il observe également des différences au niveau de la denture, P^1 portant trois cuspides et M_2 étant plus tranchante et latéralement plus comprimée chez *Prionodon*, alors que *Poiana* exhibe un patron très similaire à certaines espèces de genettes. L'absence présumée de glandes périnéales chez la poiane fut un argument pour la rapprocher du genre *Prionodon* (Pocock, 1915b), à l'époque seul Viverrinae dont l'absence de glandes avait été diagnostiquée avec certitude. Pocock (1933), après ré-examen des peaux du British Museum of Natural History de Londres, semble persuadé de la présence relictuelle de glandes périnéales chez *Poiana*, excluant par là même le genre de la sous-famille des « Linsanginae » et le rapprochant de *Genetta*. Toutefois, aucune preuve concrète n'a pu être à ce jour avancée quant à la présence ou non de ces glandes chez *Poiana*. Wozencraft (1984) évoque un spécimen en peau (« Humboldt Museum 19748 ») sur lequel, après réhydratation, il apparut qu'une glande était présente près de l'anus.

Malheureusement, l'état de conservation du spécimen (la zone concernée était rasée et avait subi une incision au cours de sa préparation originale) ne permet pas de confirmer de façon certaine la présence de glandes périnéales chez la poiane, d'autant plus que cette «trace » de glande pourrait également correspondre à une glande anale (les glandes anales sont présentes chez l'extrême majorité des Carnivores).

Crawford-Cabral (1993) va jusqu'à mettre en doute l'opportunité d'attribuer à la poiane un nom de genre différent de celui de *Genetta*. Aucune analyse phylogénétique, depuis Gregory & Hellman (1939), n'avait encore envisagé d'établir les relations de parenté entre *Poiana, Prionodon* et le reste des Viverrinae / Viverridae. Les dernières investigations de Hunt (2001), basées sur l'observation de la structure des bulles tympaniques entre taxons fossiles et actuels, l'ont toutefois fait conclure à une gradation allant du genre *Paleoprionodon* (fossile), à *Prionodon* et *Poiana*, puis enfin *Genetta,* ces genres se retrouvant groupés dans la même sous-famille des Prionodontinae. Cette dernière hypothèse est en contradiction avec le schéma classiquement défini de nos jours « *Prionodon* d'une part / autres Viverrinae d'autre part », mais est congruente avec les résultats de Taylor (1988).

Un autre problème taxinomique réside dans la reconnaissance ou non de deux espèces chez la poiane. *Poiana richardsonii* (Thomson, 1842) a longtemps été et est encore souvent considérée comme l'unique espèce du genre (cf Wozencraft, 1993). Toutefois, *Poiana leightoni* (Pocock, 1908), dont la répartition est restreinte au Bloc forestier guinéen, exhibe des caractères discriminants liés au pelage pouvant la faire considérer comme une espèce distincte : présence d'une bande médio-dorsale plus ou moins marquée et continue, et anneaux sombres de la queue en forme de chevrons (Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1993 ; Van Rompaey & Colyn, sous presse a). Toutefois, *P. leightoni* n'est pas encore reconnue comme espèce distincte par les grands organismes de conservation (UICN ; WWF). Kingdon (1997) suggère une divergence très ancienne entre les deux taxons, mais ne fournit aucune indication concernant les bases d'une telle supputation.

-Le genre *Osbornictis* Allen, 1919

La genette (ou civette) aquatique est une espèce à la biologie très mal connue (Hart & Timm, 1978) et dont le nombre de spécimens collectés et déposés dans les muséums demeure extrêmement faible (Wozencraft, 1984 ; Kingdon, 1997). Allen (1919) lui attribue le genre *Osbornictis*, en considérant toutefois son appartenance au « groupe » des genettes comme effective. *Osbornictis piscivora* semble en fait devoir être considéré comme une genette aux caractères fortement dérivés (soles plantaires glabres, denture adaptée à la piscivorie, pelage

corporel brun-roux et queue totalement noire, migration distale des narines), causés par l'adaptation à un mode de vie entièrement ou partiellement aquatique et piscivore (Allen, 1924 ; Gregory & Hellman, 1939). Toutefois, Crawford-Cabral (1981b) choisit de ne pas inclure la genette aquatique au sein du « groupe » des genettes auquel il restreint seulement les genres *Genetta* et *Poiana,* alors que Wozencraft (1984) la considère comme groupe-frère des genettes, et Hunt (2001), au contraire, la rapproche des civettes terrestres. Il reste délicat, en effet, d'envisager d'un point de vue morphologique les relations phylogénétiques du genre *Osbornictis* vis-à-vis des autres taxons de la sous-famille, et en particulier des « linsangs » africains et asiatiques, eu égard aux transformations liées à son mode de vie particulier. De plus, l'attribution d'un genre propre est contestée. Verheyen (1962) considère que la similarité entre les crânes d'*Osbornictis* et de *Genetta* ne justifie pas que le nom de genre *Osbornictis* soit conservé. Il est suivi dans sa démarche par Stains (1983) et ses résultats basés sur l'analyse comparée des calcanea de Viverridae. Van Rompaey (1988) réaffirme toutefois, sur la base de critères morphologiques crâniens, dentaires et liés au pelage, que le nom de genre *Osbornictis* doit être maintenu.

-Le genre *Genetta* Cuvier, 1816

Il serait bien trop fastidieux d'exposer ici l'historique de la classification des genettes. En effet, les membres du groupe ont été et sont encore, pour certains, sujets à de nombreuses spéculations quant aux statuts taxinomiques à leur attribuer. Comme le remarque Rosevear (1974), l'établissement de caractères diagnostiques de nature très labile basés sur le pelage (couleur, forme des taches, longueur des poils), associé à une faible variabilité des caractères crâniens, a largement contribué à multiplier le nombre d'espèces et par là même, à rendre confuses les limites interspécifiques. Toutefois, des études crâniométriques et morphologiques prenant en compte un grand nombre de spécimens (Crawford-Cabral, 1969 ; 1970 ; 1981a ; Crawford-Cabral & Pacheco, 1992), ainsi que la révision du genre par Schlawe (1980 ; 1981), ont permis de clarifier la taxinomie du genre.

La classification actuelle des genettes tend à subdiviser le groupe en trois sous-genres (Craword-Cabral, 1981b et c ; Wozencraft , 1993) : *Paragenetta* (monospécifique), *Pseudogenetta* (deux espèces) et *Genetta* (nombre d'espèces débattu). Le travail compilatoire le plus récent faisant autorité pour la systématique du genre (Wozencraft, 1993) comptabilise neuf espèces au total, mais les études ayant porté particulièrement sur les genettes aboutissent à reconnaître un nombre plus élevé d'espèces (par exemple, Matschie (1902) reconnaît jusqu'à 25 espèces distinctes ; cf Tableau 2).

Auteur	**Nombre total d'espèces et sous-genres**
Gray (1864)	Cinq espèces – pas de sous-genre
Matschie (1902)	25 espèces – pas de sous-genre
Allen (1939)	Six espèces – pas de sous-genre
Wenzel & Haltenorth (1972)	11 espèces – sous-genres *Pseudogenetta, Paragenetta* et *Genetta*
Rosevear (1974)	Huit espèces (Afrique de l'Ouest seulement), mais certaines reconnues comme discutables – sous-genres *Paragenetta* et *Genetta*
Coetzee (1977)	Sept espèces – sous-genres *Pseudogenetta, Paragenetta* et *Genetta*
Crawford-Cabral (1981c)	11 espèces, ainsi que six taxons au statut incertain – sous-genres *Pseudogenetta, Paragenetta* et *Genetta*
Schlawe (1981)	Dix espèces – pas de sous-genre
Wozencraft (1993)	Neuf espèces – sous-genres *Pseudogenetta, Paragenetta* et *Genetta*
Kingdon (1997)	Sept espèces – sous-genres *Pseudogenetta, Paragenetta* et *Genetta*

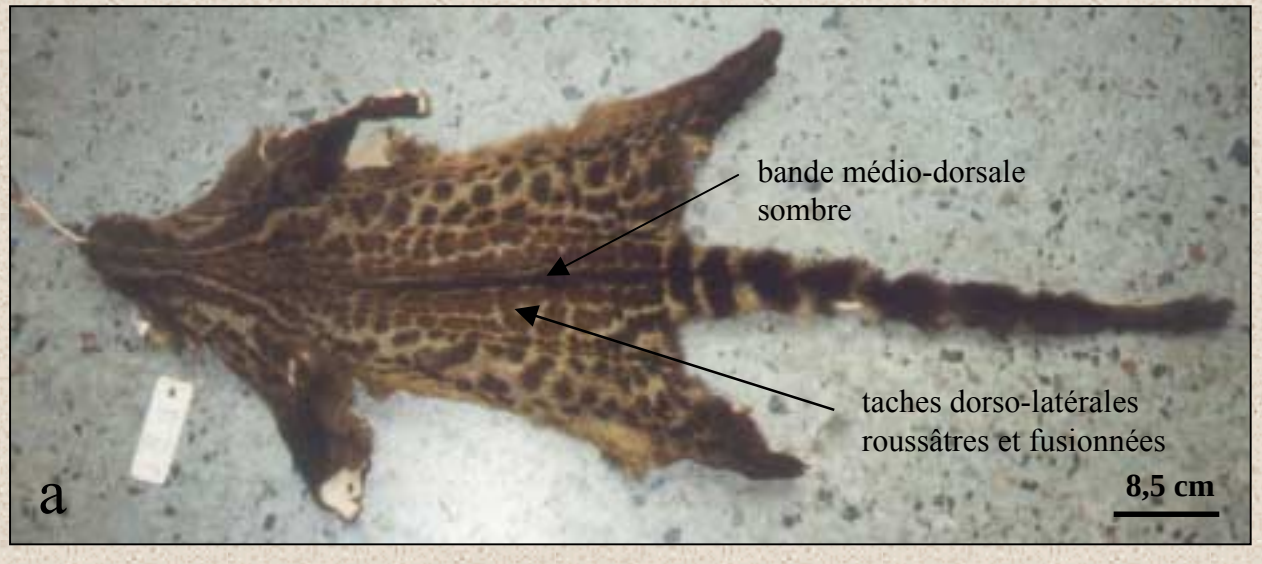
Tableau 2. Les dix principales classifications proposées pour le genre *Genetta* au cours des 150 dernières années, avec le nombre d'espèces et de sous-genres.

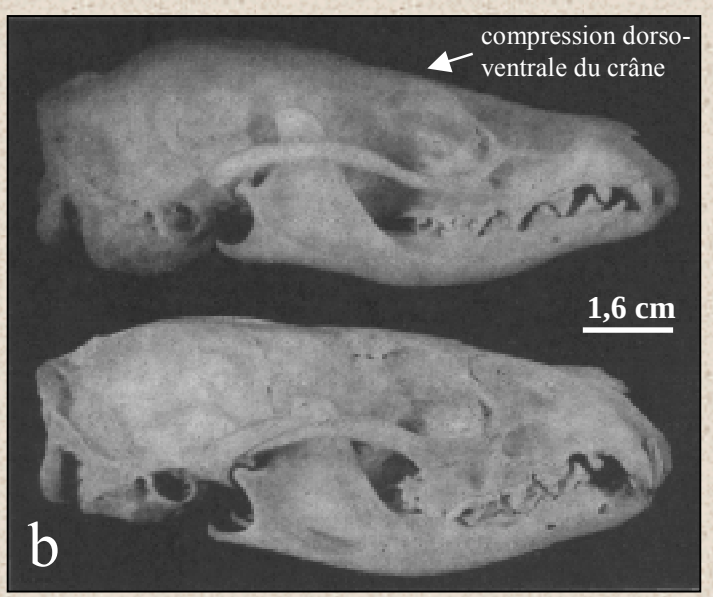
-Le sous-genre *Paragenetta* Kuhn, 1960

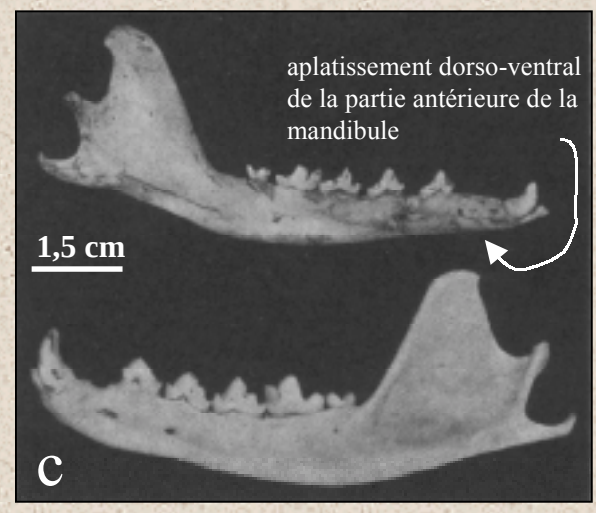
Le sous-genre *Paragenetta* est constitué d'une unique espèce, *Genetta johnstoni* (Fig. 8), très peu représentée dans les collections muséales (Schreiber et al., 1989) et dont la biologie reste inconnue (Taylor, 1989). D'un pelage caractéristique (les taches dorsales roussâtres sont souvent fusionnées et contrastent avec la bande médio-dorsale sombre) et possédant les coussinets typiques du genre *Genetta* (Pocock, 1908), la genette de Johnston exhibe toutefois des caractères crâniens et dentaires si particuliers (compression dorso-ventrale du crâne, denture évoquant une adaptation à l'insectivorie ; Kuhn, 1960) que l'attribution d'un sous-genre propre semble justifiée (Rosevear, 1974 ; Lamotte & Tranier, 1983 ; Crawford-Cabral, 1981c ; Wozencraft, 1993). Elle présente en outre un ensemble de caractères la rapprochant à la fois du groupe des « Large-spotted Genets » (patron du pelage) et des genettes servalines (annellation de la queue), ne permettant pas d'établir sa position systématique au sein du genre *Genetta* (Pocock, 1908 ; Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981c). La situation est rendue encore plus difficile par le manque de matériel en collection.

-Le sous-genre *Pseudogenetta* Dekeyser, 1949

La validité du sous-genre *Pseudogenetta* demeure acceptée de façon moins consensuelle. Les espèces *Genetta thierryi* et *G. abyssinica* y sont toutefois regroupées sur la base de caractères diagnostiques forts (Fig. 9), comme les apophyses post-orbitaires très prononcées, une zone glabre au niveau de la dépression centrale des coussinets des pattes antérieures, une bande médio-dorsale traversée longitudinalement d'une ligne claire ainsi qu'une petite taille corporelle (Matschie, 1902 ; Dekeyser, 1949 ; Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981a et b). Bien que reconnaissant les traits de caractères partagés cités précédemment, de Beaufort (1965a) et Rosevear (1974) mettent en doute le bien-fondé du sous-genre *Pseudogenetta.* Grzimek (1990) suggère que *G. thierryi* et *G. abyssinica* pourraient en fait ne constituer qu'une seule et même espèce. Crawford-Cabral (1981c) est le seul auteur à avoir proposé une hypothèse évolutive pour le sous-genre. Se basant sur ses similarités morphologiques avec le genre *Poiana* (dépression centrale glabre, petite taille corporelle, crâne mésosténomique -i.e. constriction inter-orbitale moyennement marquée- moins spécialisé et réduit en taille), cet auteur suggère que le sous-genre *Pseudogenetta* est le plus primitif des trois sous-genres regroupés au sein de *Genetta.*







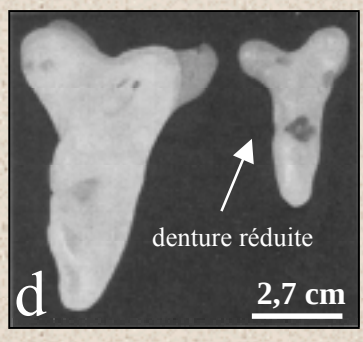


Fig. 8. Caractérisation morphologique du sous-genre *Paragenetta* (espèce *Genetta johnstoni*). a: spécimen en peau (MFNB 44532); b: vue latérale de crânes de *G. johnstoni* (haut) et *G. pardina* (bas); c: vue latérale de mandibules de *G. johnstoni* (haut) et *G. pardina* (bas); d: vue dorsale des prémolaires P^4 chez *G. pardina* (gauche) et *G. johnstoni* (droite). [b, c et d in Kuhn (1960; modifié)]

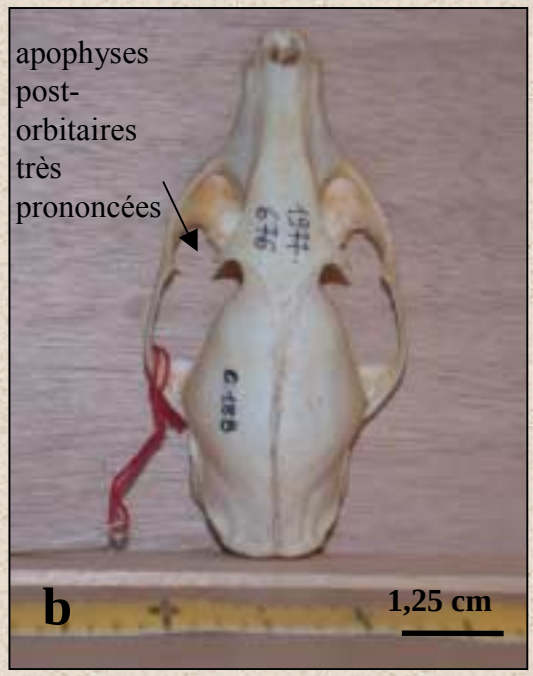


Fig. 9. Illustration des principales caractéristiques morphologiques diagnostiques du sous-genre *Pseudogenetta* Dekeyser, 1949. a: peau de *G. abyssinica* (MFNB 36746); b: crâne de *G. thierryi* (MNHN 1977-676); c: G. caractéristiques des coussinets des pattes antérieures chez *G. thierryi* (MNHN 1977-682).

-Le sous-genre *Genetta* Cuvier, 1816

Le sous-genre *Genetta* demeure le plus sujet à controverses en ce qui concerne la délimitation, et par là même, le nombre de ses espèces (Crawford-Cabral, 1981c ; Schlawe, 1981). Ainsi, les classifications relativement récentes sont encore largement divergentes, le nombre d'espèces pouvant varier de six (Wozencraft, 1993) à dix (Rosevear, 1974). Le sous-genre est communément partagé en deux sections (Crawford-Cabral, 1981c) correspondant à des morphotypes bien caractérisés et occupant des milieux particuliers.

-Section I. Les genettes servalines

Les espèces de cette section sont toutes restreintes à la forêt tropicale humide et exhibent un patron de pelage caractéristique des genettes forestières (pelage densément tacheté et membres sombres ; cf Rosevear, 1974, et Crawford-Cabral, 1981c). La section est traditionnellement constituée de deux espèces, à savoir *Genetta victoriae,* la genette géante, et *Genetta servalina*, la genette servaline (Fig. 10).

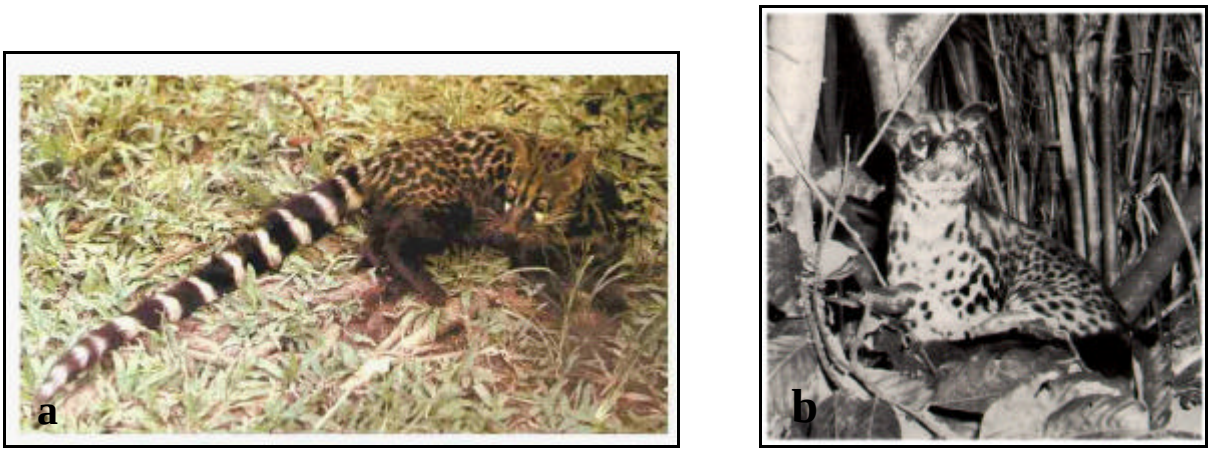


Fig. 10. Illustration du pelage caractéristique (densément tacheté, membres sombres, annellation de la queue « anneaux blancs – anneaux noirs » regulière) des genettes servalines. a: *G. servalina* (Depierre & Vivien, 1992 ; modifié) ; b: *G. victoriae* (Schreiber et al., 1989 ; modifié).

Le statut taxinomique de certains membres du groupe reste très débattu, avec notamment les questions de mise en synonymie de *Genetta cristata* (Hayman, 1940) et *Genetta bini* Rosevear, 1974, par rapport à *G. servalina*. Tout d'abord décrite comme une sous-espèce de *G. servalina*, *G. cristata* fut ensuite élevée au rang d'espèce sur la base d'analyses morphométriques (Crawford-Cabral, 1981b et c) et de caractères liés au pelage tels que la présence d'une bande médio-dorsale continue et surtout, la présence d'une « crête » nucale caractéristique constituée de longs poils érectiles (absents chez *G. servalina* ; Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981c). Ce dernier statut est d'ailleurs accepté par l'UICN

(2002) afin d'éviter toute négligence en ce qui concerne les priorités de conservation à appliquer au taxon (Schreiber et al., 1989). Toutefois, les classifications de Coetzee (1977) et de Wozencraft (1993) maintiennent le statut de sous-espèce de *cristata*, et Happold (1987) la considère même comme une probable « race » de *G. poensis* (groupe des « Large-spotted Genets » ; cf ci-après). Les derniers travaux focalisés sur les genettes servalines tendent toutefois à confirmer son statut d'espèce (Heard & Van Rompaey, 1990 ; Powell & Van Rompaey, 1998 ; Van Rompaey & Colyn, 1998). *G. bini* est un taxon décrit par Rosevear (1974) sur la base d'une unique peau collectée à environ 750 km du plus proche lieu de collecte de *G. cristata*, cette grande distance étant l'unique argument de l'auteur pour justifier une élévation au statut d'espèce. *G. bini* a par la suite été considéré comme un synonyme soit de *G. servalina sensu lato* (Schlawe, 1981), soit de *G. maculata*, espèce appartenant au « Large-spotted Genet complex » (Wozencraft, 1993).

Crawford-Cabral (1981c) considère le groupe des genettes servalines comme « primitif » par rapport au groupe suivant constituant la *Section II*.

-Section II. Le groupe des genettes « évoluées » (sensu Crawford-Cabral, 1981c)

Au sein de cette deuxième section, Crawford-Cabral (1981c) distingue deux sous-groupes constitués sur la base d'habitus et de biotopes partagés.

a. Le « Large-spotted Genet complex »

Le cas d'imbroglio taxinomique le plus exacerbé est celui du « Large-spotted Genet complex » (Crawford-Cabral & Pacheco, 1992). Ce groupe occupe les forêts et les zones boisées de l'Afrique sub-saharienne, et est constitué de taxons aux patrons de pelage et à la morphologie crânienne très similaires (Fig. 11). Les noms les plus couramment utilisés dans la littérature pour désigner les taxons reconnus au sein du complexe sont *Genetta maculata* (Gray, 1830), *Genetta tigrina* (Schreber, 1776), *Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832, et *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855. Les travaux de Crawford-Cabral (1981c), Schlawe (1981) et Crawford-Cabral & Pacheco (1992) ont permis de clarifier le statut taxinomique de certaines genettes, en reconnaissant, sur la base de l'observation des caractères morphologiques, trois espèces distinctes : *G. pardina* (de la Gambie au Dahomey Gap; limite est de distribution incertaine), *G. tigrina* (région côtière de l'ancienne Province du Cap et du KwaZulu-Natal, en Afrique du Sud) et *G. « rubiginosa » / maculata* (du Dahomey Gap au nord-est de l'Afrique du Sud ; limites d'aire incertaines). Cette dernière espèce est

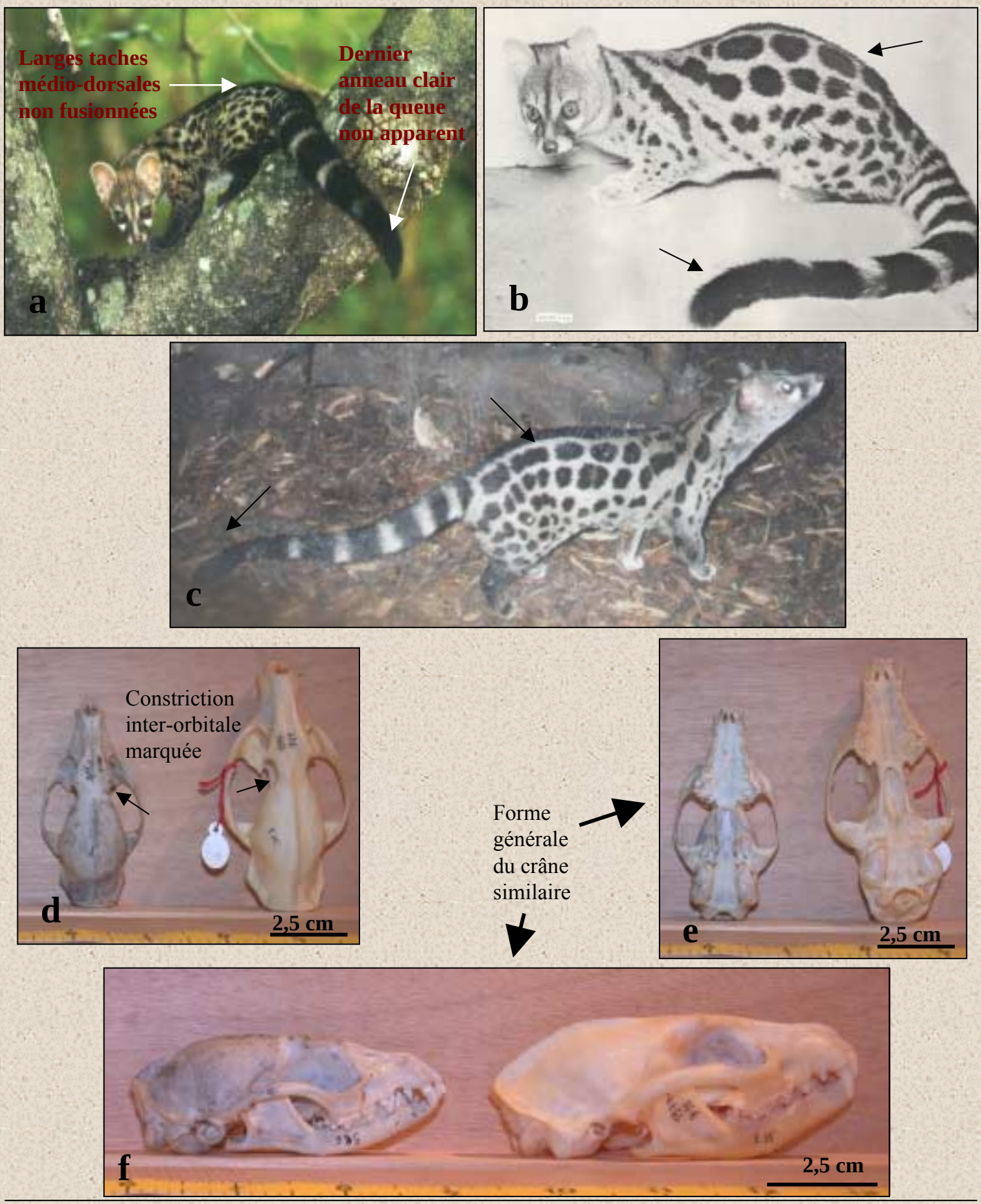


Fig. 11. Illustration du morphotype caractérisant le « Large-spotted Genet complex ». a: *G. pardina* juvénile (photo R. Hutterer); b: *G. maculata* (Nowak, 1999; modifié); c: *G. tigrina* (Zoo d'Anvers); d, e et f: vues dorsale, ventrale et latérale des crânes de *G. maculata* (gauche; MNHN 1907-586) et *G. pardina* (droite; MNHN 1977-711).

sujette, outre aux incertitudes d'ordre taxinomique, à un problème de nomenclature relativement complexe.

En effet, le nom le plus couramment usité pour désigner l'espèce au cours des 30 dernières années fut *G. rubiginosa* (e.g., Coetzee, 1977 ; Ansell, 1978 ; Crawford-Cabral, 1981a et b ; Powell & Van Rompaey, 1998). Toutefois, Schlawe (1981) démontra que le spécimen type de *G. rubiginosa* appartenait en fait à une espèce complètement différente, *G. thierryi*. Aussi, Crawford-Cabral & Pacheco (1992) et Crawford-Cabral & Fernandes (1999) décidèrent de nommer l'espèce *G. « rubiginosa »,* en attendant une prochaine clarification systématique du groupe afin de pouvoir déterminer une espèce type appropriée parmi les anciens synonymes. Car en effet, l'autre nom encore disponible et ayant été utilisé pour désigner l'espèce est *G. maculata* (e.g., Schlawe, 1981 ; Wozencraft, 1993). Toutefois, ce nom souffre d'une absence de spécimen type, et d'une localité type « Afrique boréale » erronée (si l'on considère la description de l'espèce type donnée par Gray) qui l'ont rendu invalide aux yeux de nombre d'auteurs (Crawford-Cabral, 1970, 1973, 1981c; Rosevear, 1974; Coetzee, 1977; Ansell, 1978; Grubb et al., 1998). Il est toutefois encore usité actuellement (Fuller et al., 1990 ; Angelici et al., 1999a et b ; Angelici, 2000) et est présent dans la classification de Wozencraft (1993) qui fait référence chez les mammalogistes, l'espèce *G. maculata* incluant dans ce cas *G. pardina*. Nous choisirons d'utiliser au cours de notre travail le nom *G. maculata* pour désigner les populations situées entre l'est du Dahomey Gap et le nord du Kwazulu-Natal, afin de respecter la logique de notre raisonnement concernant la résolution du problème nomenclatural posé par ce taxon (cf § III-1.b. et c.).

Des phénomènes d'hybridation en captivité (Gray, 1954 ; 1971) et d'intergradation *in situ* (Pringle, 1977) ont été reportés entre les trois espèces, et les clines morphologiques couplés à une variabilité infraspécifique parfois importante rendent délicates l'identification et la délimitation des taxons au sein du complexe (Crawford-Cabral, 1970 ; 1981b et c).

De plus, l'existence de « formes » de forêt rattachées au complexe complique encore un peu plus la situation. Les formes de forêt usuellement rapprochées de *G. pardina* sont présentes au sein du Bloc forestier Guinéen (« Upper Guinean Block ») et Congolais (« Lower Guinean Block ») : elles montrent un pelage plus sombre, les taches dorsales sont souvent fusionnées longitudinalement et la majorité de la deuxième moitié de la queue est sombre (Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981c). Elles sont désignées sous une variété de noms tels que *Genetta poensis* Waterhouse, 1838, *Genetta genettoides* (Temminck, 1853), et parfois *Genetta dubia* Matschie, 1902 et *Genetta bini* Rosevear, 1974. Beaucoup de confusions relatives à leur statut entourent ces taxons, et aucune étude n'a jusque là réussi à apporter des

éléments d'information suffisamment discriminants pour clarifier la situation. Les formes de forêt rapprochées cette fois-ci de *G. maculata* occupent le Bloc Forestier Congolais ainsi que le centre et le nord du Zaï re. Ces formes incluent *Genetta schoutedeni* (Crawford-Cabral, 1970), *Genetta stuhlmanni* Matschie, 1902, *Genetta insularis* Cabrera, 1921, et *Genetta fieldiana* Du Chaillu, 1861. Contrairement aux formes rattachées à *G. pardina*, leur patron de pelage est très similaire à celui de *G. maculata* et s'inscrit dans le panel de variabilité caractéristique de l'espèce (Crawford-Cabral, 1970 ; 1981c).

b. Les genettes de milieux ouverts

Crawford-Cabral (1981c) caractérise ce groupe par une évolution du crâne tendant à l'oligosténomie et une importante longueur des poils, y incluant par là même *G. tigrina*, alors que l'auteur reconnaît dans le même travail et dans une publication ultérieure (Crawford-Cabral & Pacheco, 1992) que *G. tigrina* est une espèce très proche de *G. maculata.* Nous considérerons donc ici les deux espèces *G. angolensis* et *G. genetta* seulement, qui occupent les milieux ouverts : bois de « Miombo » (*Brachystegia*) et savanes pour *G. angolensis*, et savanes et milieux encore plus arides pour *G. genetta.* Ces deux espèces sont caractérisées par un pelage relativement long, la présence d'un crête médio-dorsale, des taches dorsales fines, allongées et partiellement fusionnées, ainsi que des membres sombres (Crawford-Cabral, 1981c ; cf Fig. 12).

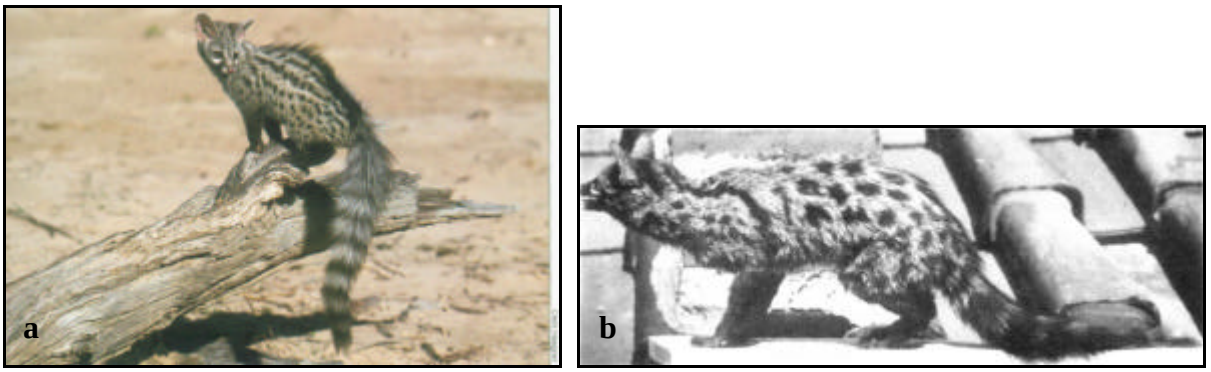


Fig. 12. Illustration du pelage caractéristique des espèces *G. genetta* (a) et *G. angolensis* (b ; Schlawe (1981), modifié) : crête médio-dorsale, membres sombres et longs poils de la queue.

La taxinomie au sein de ce groupe est également sujette à controverse, notamment en ce qui concerne *G. genetta*, parfois scindée en deux ou trois espèces distinctes. En effet, la large aire de répartition et la variabilité des patrons du pelage observée entre les populations font parfois considérer que nous somme en présence d'une super-espèce (Cabral, 1966 ; Crawford-Cabral, 1981c), constituée de *G. genetta*, restreinte au pourtour méditerranéen

(Schlawe, 1981), *Genetta senegalensis* (Fischer, 1829) pour l'Afrique sub-saharienne « du nord » (Rosevear, 1974) et *Genetta felina* (Thunberg, 1811) pour l'Afrique sub-saharienne « du sud » (Schwarz, 1930 ; mais cf Schlawe (1981) et Harrison & Bates (1991) pour l'emploi de *G. felina* en tant qu'espèce répartie dans toute l'Afrique sub-saharienne). Toutefois, l'analyse crâniométrique de Crawford-Cabral (1981b) est discordante avec ce premier point de vue, puisqu'elle tend à considérer deux OTUs au sein de *G. genetta* (« Méditerranée – Afrique de l'ouest » et « Péninsule arabe – Afrique de l'est – Afrique du sud »), et suggère que l'ensemble de ces taxons form une espèce polytypique à regrouper sous le nom *G. genetta.*

La mise en synonymie ou non de *Genetta mossambica* Matschie, 1902, avec *G. angolensis,* est également un point taxinomique débattu, le premier taxon arborant un patron de pelage identique à celui du second mais aux poils plus courts, et avec un crâne hypersténomique (Crawford-Cabral, 1973 ; 1981b et c). Toutefois, les classifications récentes ont toujours synonymisé *G. mossambica* à *G. angolensis* (Crawford-Cabral, 1981c ; Schlawe, 1981 ; Wozencraft, 1989 ; 1993).

En guise de conclusion, nous avons vu que les questions de délimitations interspécifiques au sein du genre *Genetta* peuvent être très problématiques, les diagnoses succinctes des premiers descripteurs, très souvent uniquement basées sur quelques caractéristiques du pelage, permettant d'envisager moult regroupements ou éclatements d'espèces. Tout reste donc à faire pour traiter la question par l'utilisation de nouveaux caractères (morphologiques discrets et moléculaires) et de l'outil phylogénétique.

-<u>Les civettes terrestres</u>

-L'espèce *Viverra civettina* Blyth, 1862

La civette de Malabar *V. civettina* est une des espèces les plus rares de Viverrinae (Schreiber et al., 1989). Elle a longtemps été mise en synonymie avec *V. megaspila* (cf Ellerman & Morrison-Scott, 1951, et Honacki et al., 1982), avec laquelle elle partage un patron de pelage et des caractéristiques crâniennes très similaires (premier tiers antérieur du corps sans taches distinctes ; deuxième partie du corps portant des taches larges et de forme « carrée » ; deuxième moitié de la queue (partie distale) entièrement sombre ; crête sagittale du crâne large et non surélevée ; cf Wozencraft, 1984). Son aire de répartition est limitée au sud de l'Inde, alors que *V. megaspila* est cantonnée à la péninsule indochinoise. C'est cette

disjonction dans l'aire de répartition des deux civettes, couplée à quelques caractères discriminants tels que le non-alignement régulier des taches médio-dorsales et la présence de processus supra-orbitaires bien différenciés chez *V. civettina*, qui fait reconnaître cette dernière comme espèce valide par Wozencraft (1984 ; 1989), confirmant par là même les assertions de Pocock (1933). Toutefois, le matériel en collection reste si rare qu'il est difficile de confirmer la stabilité des différences morphologiques entre les deux taxons.

-L'espèce *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov & Pham Trong Anh, 1997

La dernière espèce de Viverrinae à avoir été décrite est *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov & Pham Trong Anh, 1997, une civette dont le spécimen type provient des plateaux de l'Annam, au Vietnam. Toutefois, et ce malgré une note, deux ans plus tard, détaillant plus avant ses caractéristiques morphologiques (Rozhnov & Pham Trong Anh, 1999), le statut spécifique de *V. tainguensis* a été très vite remis en cause par Walston & Veron (2001). En effet, ces auteurs ont mis en évidence des erreurs dans la description des caractères considérés comme diagnostiques pour l'espèce (notamment la présence de « fourreaux » à griffes aux troisième et quatrième doigts de la patte avant). Ils ont également constaté que les trois caractères diagnostiques de *V. tainguensis* liés au pelage, à savoir les taches dorsales en « demi-lune », la bande marron clair longeant la crête médio-dorsale et la coloration des membres, étaient présents séparément sur des spécimens appartenant à l'espèce *V. zibetha*. La question reste donc en attente d'une révision systématique exhaustive du genre, afin de ré-évaluer le statut taxinomique de *V. tainguensis*.

Il est à noter que le groupe des civettes terrestres, actuellement moins diversifié que celui des genettes et « Genet-like taxa », et aux genres et espèces morphologiquement bien délimités, pose beaucoup moins de problèmes taxinomiques relatifs aux questions de limites interspécifiques.

2.d. Biogéographie, éco-éthologie et statuts de conservation

Les Viverrinae sont des meso-prédateurs occupant une grande diversité d'habitats, allant des milieux très ouverts (savanes, lisières de forêt, pelouse des hauts plateaux) aux forêts sèches et tropicales humides du continent africain (*Genetta*, *Poiana*, *Osbornictis* et *Civetticis*) et du sud-est asiatique (*Prionodon*, *Viverra* et *Viverricula*). Il n'existe toutefois pas de continuum entre les aires des espèces asiatiques et africaines (Fig. 13).

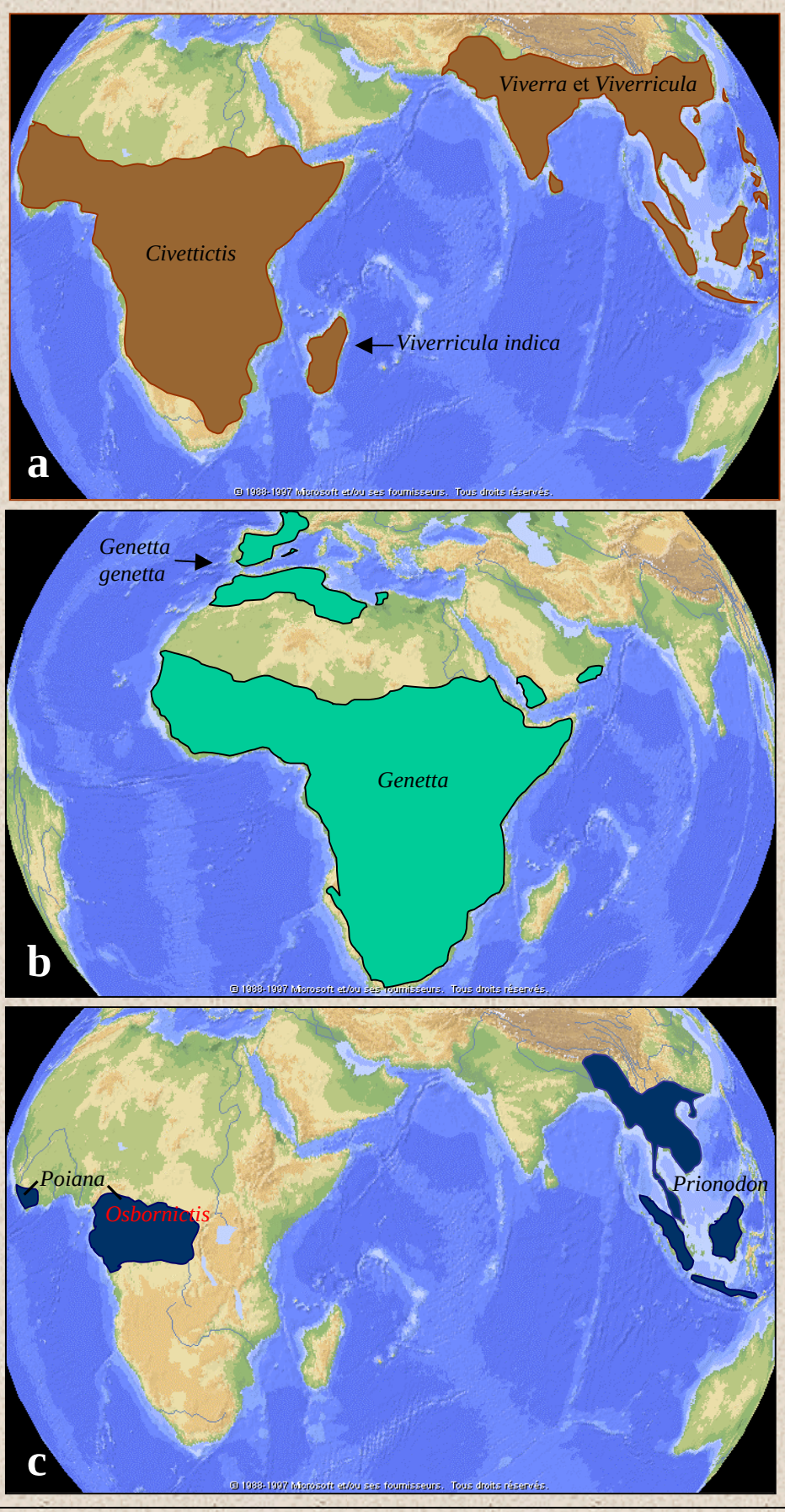


Fig. 13. Répartition géographique des genres de Viverrinae: a- Civettes terrestres (*Civettictis, Viverra, Viverricula*); b- Genettes (*Genetta*); c- « Genet-like taxa » (*Poiana, Osbornictis, Prionodon*). Les flèches indiquent des espèces introduites.

Discrets et solitaires, leurs moeurs crépusculaires et arboricoles (excepté *Civettictis civetta*) en font des animaux difficiles à étudier *in situ.* La répartition géographique de certaines espèces rares demeure souvent établie à partir d'un très faible échantillon d'individus, à partir duquel est envisagé une aire par défaut (Schreiber et al., 1989). En outre, les individus sont souvent collectés directement sur les marchés autochtones (Van Rompaey, 1988 ; Taylor, 1989 ; Angelici et al., 1999b), ce qui peut biaiser l'estimation de leur aire de répartition. Les questions de délimitation interspécifique rejoignent ainsi les problèmes relatifs aux délimitations d'aires de répartition, les deux questionnements étant dans certains cas inter-dépendants.

Le groupe des civettes terrestres est à la fois présent en Asie (*Viverra, Viverricula*) et en Afrique (*Civettictis*). Certains de ses membres démontrent un fort ubiquisme, notamment l'espèce *Civettictis civetta*, capable d'occuper une variété d'habitats allant de la forêt primaire aux savanes arborées (Ray, 1995).

Le genre *Genetta* est quant à lui endémique au continent africain, exception faite de *G. genetta* que l'on retrouve au Maghreb, en Péninsule arabe et dans le sud-ouest de l'Europe, la genette ayant été probablement introduite dans cette dernière région au cours de la période historique (Lever, 1985 ; Morales, 1994 ; Amigues, 1999). Les espèces du genre occupent à peu près tous les milieux disponibles, exception faite des habitats désertiques (Kingdon, 1997).

Les « Genet-like taxa » se répartissent entre l'Asie et l'Afrique, puisque le genre *Prionodon* est asiatique et les genres *Poiana* et *Osbornictis* sont africains. *Pr. linsang, P. richardsonii, P. leightoni* et *O. piscivora* sont des espèces strictement forestières, alors que *Pr. pardicolor* se retrouve également dans des milieux plus ouverts (Wozencraft, 1993 ; Van Rompaey, 1993 ; 1995).

Les informations relatives à l'éco-éthologie des membres de la sous-famille restent en majorité très insuffisantes, en particulier pour les taxons inféodés aux milieux forestiers (Schreiber et al., 1989 ; Kingdon, 1997). Les espèces de milieux ouverts sont par contre plus étudiées (Wemmer (1977), Rautenbach & Nel (1978), Duckworth (1995), Sillero-Zubiri & Marino (1997), Angelici et al. (1999a), Engel (2000) pour *Civettictis civetta* ; Rabinowitz & Walker (1991), Ramakantha (1994), Austin & Tewes (1999) pour *Viverra zibetha* ; Colon (1996 ; 2002) pour *V. tangalunga* ; Carpenter (1970), Rowe-Rowe (1978), Fuller et al. (1990), Maddock & Perrin (1993), Duckworth (1995), Engel (1998 aet b), Angelici et al. (1999 a et b) pour *Genetta maculata* ; Rautenbach & Nel (1978), Aymerich (1982), Roeder (1984),

Desmet & Hamdine (1988), Palomares & Delibes (1988), Clevenger (1993), Duckworth (1995), Sillero-Zubiri & Marino (1997) pour *G. genetta* ; Stuart (1981), Skinner & Smithers (1990) pour *G. tigrina*). La plupart des Viverrinae peuvent être qualifiés d'omnivores « opportunistes », avec toutefois les vertébrés (et plus particulièrement les rongeurs) comme source énergétique principale. Cependant, des régimes alimentaires spécialisés existent. C'est le cas de la genette aquatique *(O. piscivora)*, qui se nourrit strictement de crustacés et de poissons (Hart & Timm, 1978 ; Kingdon, 1997). Le genre *Prionodon* est quant à lui caractérisé par un régime très carnivore (pour une revue, cf Van Rompaey, 1993 ; 1995). L'espèce *G. johnstoni*, exhibant une denture fine et peu tranchante, est supposée être insectivore. Mais encore une fois, cette hypothèse n'a pu être confirmée (cf Kuhn, 1960 ; Lamotte & Tranier, 1983 ; Kingdon, 1997). Les Viverrinae chassent très souvent au sol. Leur régime alimentaire peut extrêmement varier suivant les saisons, les habitats et les espèces avec lesquelles ils vivent en sympatrie (Rautenbach & Nel, 1978 ; Delibes et al., 1989 ; Clevenger, 1996 ; Corlett, 1998 ; Engel, 1998a ; Virgos et al. 1999 ; Engel, 2000) (NB : ceci concerne les taxons pour lesquels les données sont disponibles, c'est-à-dire ceux des biotopes ouverts).

Leur mode de vie peut être strictement terrestre (*Civettictis, Viverra*), semi-arboricole (*Genetta, Viverricula*), principalement arboricole (*Poiana, Prionodon*), voire semi-aquatique (*Osbornictis*). Mis à part *Civettictis civetta*, qui peut avoir une activité diurne (Ray, 1995), les Viverrinae sont principalement actifs au crépuscule et à l'aube, et passent la journée à l'abri, dans des vieux arbres creux, des crevasses et des terriers abandonnés, ou en hauteur sur les larges branches des arbres (Nowak, 1999). Ils sont en général solitaires, mais peuvent être signalés par paire. Ils ont un répertoire comportemental complexe basé sur une combinaison de signaux visuels (les marques de la face et du dos semblent jouer un rôle important), auditifs et olfactifs (Ewer, 1973 ; Wemmer, 1977 ; Nowak, 1999). L'utilisation de sites de défécation multiples mais spécifiques, les latrines, est une caractéristique de certains membres du groupe comme *Civettictis* et *Genetta* (Wemmer, 1977 ; Roeder, 1980 ; Engel, 1998b). Pour les taxons africains, les périodes de mise-bas sont généralement inclues dans la principale période de saison humide, les naissances étant corrélées à l'apparition d'un pic d'abondance de nourriture. Cependant, plusieurs espèces (*G. genetta, G. maculata, C. civetta*) peuvent donner naissance tout au long de l'année.

Quelques Viverrinae africains sont considérés comme commensaux et ont joué un rôle notable dans l'économie de certains peuples et dans la lutte « biologique » contre les

rongeurs. Ainsi, *Civettictis civetta* est depuis les temps historiques maintenue dans des fermes de civiculture exploitant le musc produit par ses glandes périnéales (le musc en tant que produit de luxe est déjà mentionné dans des tablettes de la Reine de Sabbah, environ 1000 ans avant JC ; cf Abebe, 2000). La civette africaine demeure encore de nos jours élevée en Afrique sub-saharienne suivant des méthodes utilisées depuis des siècles, notamment au Niger (Dekeyser, 1955) et en Ethiopie, où la civiculture a rapporté en 1999, pour 1131 kg de production, 508950 $ de revenu (Abebe, 2000 ; cf Fig. 14). *Viverricula indica* fait également l'objet de civiculture en Inde (Mohan, 1994) et en Chine (De-Sheng, 1986 ; Xu & Sheng, 1994).

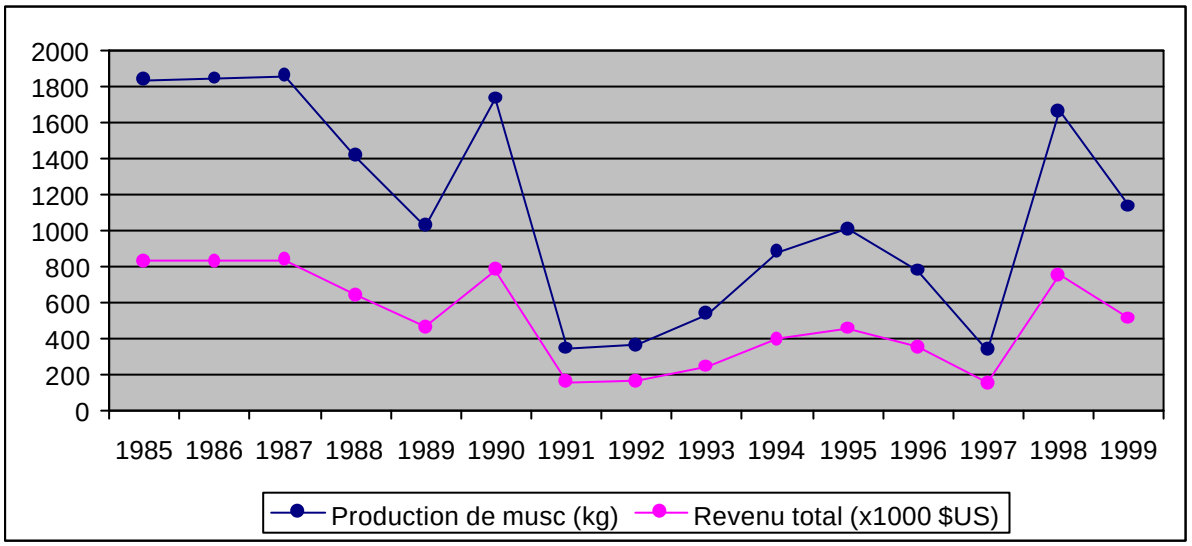


Fig. 14. Courbes de production de musc et du revenu total issu de la civiculture en Ethiopie de 1985 à 1999 (à partir d'Abebe, 2000).

Le cas de la genette est différent, puisqu'elle semble avoir été utilisée de l'Antiquité au Moyen-Âge, notamment par les peuples du Maghreb (Rosevear, 1974) et les Egyptiens des temps pharaoniques (Osborn & Osbornova, 1998), comme espèce régulatrice des populations de rongeurs (Livet & Roeder, 1987). Ceci concerne uniquement l'espèce *Genetta genetta*, sa présence en Péninsule Arabe, aux Baléares et en Europe pouvant s'expliquer par l'implantation d'individus « accompagnateurs » des migrations humaines ou des échanges commerciaux (Heim de Balsac, 1936 ; Lever, 1985 ; Morales, 1994 ; Amigues, 1999).

Certaines espèces de Viverrinae sont menacées par la destruction de leurs habitats (exploitation des forêts tropicales humides, brûlis des zones de savanes), les destructions directes par les chasseurs et les fermiers, la consommation de viande de brousse, le commerce touristique (animaux de compagnie, peaux utilisées pour fabriquer des « souvenirs »), ainsi

que par le commerce du musc pour les civettes (Schreiber et al., 1989). Toutefois, il demeure délicat d'évaluer le statut de certaines espèces, tant les données concernant les populations naturelles restent difficiles à se procurer (Van Rompaey, 1988 ; Schreiber et al., 1989 ; Taylor, 1989). Voici ci-dessous la liste des espèces et sous-espèces actuellement prises en compte par la Liste Rouge UICN (2002) et la Convention de la CITES :

-*Viverra civettina* (CRitically endangered - UICN ; Annexe III (Inde) - CITES).

-*Genetta cristata* (ENdangered - UICN).

-*Genetta genetta isabelae* (VUlnerable - UICN).

-*Poiana leightoni* (Data Deficient - UICN; l'UICN lui attribue le statut de sous-espèce et la nomme de façon erronée "*P. richardsonii liberiensis"*).

-*Genetta abyssinica* (Data Deficient - UICN).

-*Genetta johnstoni* (Data Deficient - UICN).

-*Prionodon pardicolor* (Annexe I - CITES).

-*Prionodon linsang* (Annexe II - CITES).

-*Civettictis civetta* (Annexe III (Botswana) - CITES).

-*Viverra zibetha* (Annexe III (Inde) - CITES).

-*Viverricula indica* (Annexe III (Inde) - CITES).

L'UICN a retiré de cette dernière liste *O. piscivora*, classé « Data Deficient » dans la Liste Rouge de 1996, et n'ayant pourtant pas fait l'objet d'études de terrain permettant d'évaluer le statut de ses effectifs depuis lors.

Le problème de la délimitation interspécifique apparaît crucial en ce qui concerne les priorités d'actions de conservation. Le cas est ici illustré par les taxons *Genetta cristata* et *Poiana leightoni*, parfois considérés comme sous-espèces, parfois élevés au rang d'espèces.

3. Intérêt du modèle et problématique

Nos investigations portent sur un groupement taxinomique déterminé, la sous-famille des Viverrinae. Ce taxon, réparti sur les continents africain et asiatique, est supposé suffisamment « ancien » pour nous permettre d'aborder des questions relatives aux évènements de migrations et de spéciation ayant eu lieu entre les deux continents et en leur sein, et ce, à différentes échelles géologiques (de l'Oligocène à l'Holocène). Ce groupe « fourre-tout » constitue également un cas d'imbroglio taxinomique (nomenclature,

délimitations interspécifiques, polyphylie probable) qui se prête tout particulièrement aux investigations d'ordre systématique et phylogénétique, desquelles vont dépendre et découler les hypothèses de scenarii évolutifs. Les Viverrinae ont en outre jusqu'à ce jour été très peu étudiés au moyen des méthodes d'investigation systématique modernes. Les résultats de Bininda-Emonds et al. (1999), souvent considérés comme proposant une phylogénie « établie » des Viverrinae, alors que cette dernière est issue d'une analyse par MRP (Matrix Representation using Parsimony analysis) de l'ensemble des hypothèses phylogénétiques émises pour le groupe depuis Gregory & Hellman (1939), se doivent en outre d'être confrontés à un questionnement nouveau concernant la phylogénie des Viverrinae.

La sous-famille des Viverrinae constitue donc un modèle particulièrement intéressant pour 1/ tester le pouvoir discriminant de la combinaison d'outils diagnostiques tels que les caractères morphologiques discrets et les séquences d'ADN appliquée aux questions de délimitations interspécifiques et 2/ élaborer des scénarii évolutifs faunistiques entre et au sein des continents africain et asiatique, et réévaluer l'apport des données fossiles, souvent ambigu, au travers de l'outil moléculaire (estimation des temps de divergence et de l'homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques). Enfin, pour ce groupe de petits Carnivores « cryptiques » et souvent mal connus, l'enjeu est également d'établir les fondements systématiques aux mesures de conservation à venir.

La problématique de ce travail s'articule autour du genre *Genetta,* et des «Genet-like taxa » que sont *Prionodon, Poiana* et *Osbornictis*, et s'inscrit dans la continuité de notre travail de DEA (Gaubert, 1999). Elle consiste tout d'abord en un questionnement de la position systématique et de l'émergence du genre *Genetta* par rapport aux «Genet-like taxa », ce qui permettra d'aborder la phylogénie de la sous-famille des Viverrinae dans son ensemble, et par là même, les hypothèses de scénarii évolutifs entre les continents africain et asiatique. Puis, la systématique et les patrons de diversification au sein du genre *Genetta* seront étudiés, avec pour objectif de tester certaines hypothèses de barrières biogéographiques proposées pour expliquer la répartition des faunes actuelles sur le continent africain.

Notre questionnement se fera par le biais d'une combinaison de supports, morphologiques et moléculaires, afin d'estimer les contributions et les conflits entre les différents jeux de données et mettre en évidence de possibles phénomènes d'homoplasie. Le travail moléculaire est basé en partie sur du matériel prélevé à partir de spécimens de collection, ce pour des taxons extrêmement rares tels la genette aquatique *Osbornictis*

piscivora, les linsangs africains (*Poiana richardsonii*) et asiatiques (*Prionodon pardicolor*), et quelques représentants des genettes.

II- MATERIELS & METHODES

1. Acquisition et production des données

Nous avons tenté dans la majorité des cas de tester les hypothèses taxinomiques et évolutives par la confrontation de jeux de données de nature et d'origine différentes, l'emploi d'un seul jeu de données pouvant aboutir à des conclusions systématiques erronées (Pamilo & Nei, 1988 ; Degnan, 1993 ; Cao et al., 1994 ; Page & Charleston, 1997 ; Wiens, 1998 ; Corneli & Ward, 2000). Ainsi, l'observation des caractères discrets liés au crâne, aux coussinets, au pelage, à l'ultrastructure des poils et à deux autres caractères externes, a servi à constituer une matrice morphologique (morpho). Un gène mitochondrial entièrement séquencé, le cytochrome *b,* ainsi qu'un fragment de gène nucléaire, l'intron I de la transthyrétine, ont également été utilisés afin de constituer deux matrices moléculaires (respectivement cytb et TR-i-I). Les résultats issus des différents jeux de données ont été confrontés de diverses manières pour les cas suivants : phylogénie de la sous-famille des Viverrinae (morpho, cytb, TR-i-I), délimitations interspécifiques au sein du genre *Genetta* et phylogénie du genre *Genetta* (morpho, cytb).

1.a. Deux phases d'investigation, une même optique

Nous avons envisagé de diviser notre travail en deux phases d'investigation, complémentaires et visant à répondre à la même problématique. Tout d'abord, une approche que nous qualifierons de diagnostique, puisque nous tenterons d'apporter une clarification concernant les délimitations interspécifiques au sein des Viverrinae par une révision préliminaire de la sous-famille (axée sur le genre *Genetta*, le plus problématique) et la réévaluation des aires de distribution basée sur l'apport des spécimens en collection. Ensuite, l'analyse phylogénétique à proprement parler, concernant le genre *Genetta* et les «Genet-like taxa », qui se base sur les unités taxinomiques morphologiques préalablement définies, et desquelles découleront les hypothèses biogéographiques finales. Les unités taxinomiques seront elles-mêmes testées par le biais de l'analyse des données moléculaires, dans un cadre phylogénétique.

1.b. L'analyse morphologique

Malgré l'avènement de la phylogénie moléculaire et la multitude de séquences nucléotidiques produites ces dernières années (e.g., BioTech Resources Web Project, 1998 ;

Baker et al., 2000), les caractères morphologiques continuent d'être utilisés dans le cadre de l'analyse cladistique, notamment parce qu'ils reflètent l'expression « visible » du génome (le phénotype ; e.g., Buck-Sorlin & Bachmann, 2000) et que cette expression est codable, même si la subjectivité de la délimitation des caractères reste critiquable (Pogue & Mickevich, 1990 ; Wiens, 2001). L'observation morphologique des spécimens n'est jamais complète (contraintes liées à la conservation des spécimens, à la lourdeur des moyens d'investigation à mettre en œuvre –microscopie, physiologie comparée- mais aussi à la définition du caractère lui-même) mais devrait tendre vers l'exhaustivité pour éviter de donner trop d'importance à une partie particulière du phénotype.

La partie morphologique de notre travail de thèse consiste tout d'abord en l'évaluation des limites interspécifiques au sein des Viverrinae, et en particulier du genre *Genetta* et affiliés, sur la base de caractères morphologiques discrets. Cette clarification systématique servira ensuite à définir les entités taxinomiques (dans notre cas, espèces) pour l'analyse phylogénétique. Cette dernière reprend l'étude morphologique menée en DEA (Gaubert, 1999), mais, à la lumière du nouveau et riche matériel de collection examiné, participe à une réévaluation de la phylogénie des genettes basée sur une matrice modifiée et agrémentée de nouveaux caractères. L'espèce *Poiana richardsonii* servira de groupe externe pour orienter les caractères (cf § III-2.b.1. pour le choix du groupe externe).

-Matériel étudié

L'ensemble des espèces de Viverrinae reconnues par Wozencraft (1993) ainsi que la majorité des taxons problématiques (*incertae sedis*) ont été pris en compte afin d'évaluer la variabilité morphologique des Viverrinae, juvéniles et sub-adultes inclus, dans un cadre le plus exhaustif et le moins biaisé par la représentativité de l'échantillonnage taxinomique possible. Deux critères ont été appliqués à la sélection des spécimens destinés à être observés : leur bon état de conservation et la non ambiguïté des lieux de collecte (les animaux captifs ont été exclus).

Le matériel étudié provient d'un ensemble de collections de sept muséums d'histoire naturelle européens dont les spécimens ont tous été directement observés (Fig. 15) :

-Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris (MNHN), France

-Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig de Bonn (ZFMK), Allemagne

-Museum fur Naturkunde (Humboldt University) de Berlin (MFNB), Allemagne

-British Museum of Natural History de Londres (BMNH; une *bourse Sys-Resource* (IHP Programme) a été fournie par le BMNH pour financer notre travail sur les collections), Royaume-Uni

-Musée Royal d'Afrique Centrale de Tervuren (MRAC), Belgique

-Institut royal des Sciences naturelles de Belgique de Bruxelles (IRSNB), Belgique

-National Museum of Natural History de Leiden (RMNH), Pays-Bas

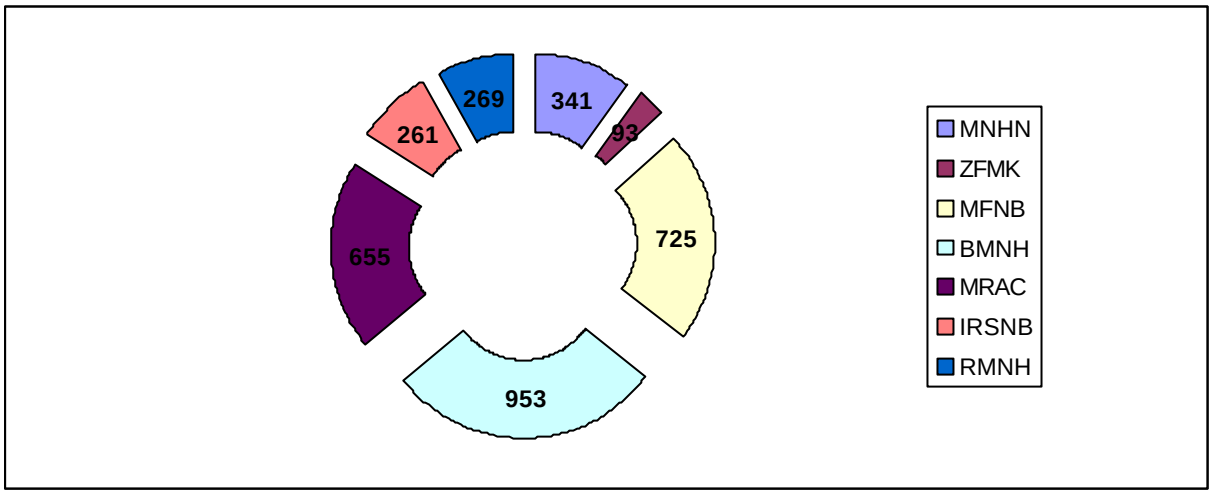


Fig. 15. Nombre de spécimens de Viverrinae étudiés au cours de nos observations morphologiques dans les collections de sept muséums européens (les séries d'individus provenant d'une même localité n'ont pas été prises en compte).

L'emprunt de spécimens supplémentaires auprès d'autres musées concernant l'espèce *Genetta tigrina*, sous-représentée dans les collections européennes mais exhaustivement collectée par les institutions de son pays d'origine, a également été effectué (Durban Natural Science Museum (DNSM), et the Natal Museum of Pietermaritzburg (NM), en République d'Afrique du Sud). Certains taxons restent malgré tout sous-échantillonnés puisque très mal représentés en collection (*Genetta abyssinica, G. johnstoni, Poiana leightoni, Osbornictis piscivora, Viverra civettina*).

Une mission de terrain (cf Encart 1), organisée en collaboration avec le Centre de Recherche en Ecologie Tropicale (CRET), le Ministère de l'Environnement, de l'Eau et Forêt de Côte d'Ivoire, et le Centre Suisse de Recherches Scientifiques (CSRS) d'Abidjan, et financée par *la Société des Amis du Muséum, les Laboratoires de Zoologie : Mammifères & Oiseaux et d'Anatomie Comparée, et la Cellule de Préfiguration des Galeries d'Anatomie Comparée et de Paléontologie de Paris*, a été également mise en place afin de collecter des échantillons de tissus et de nouvelles données morphologiques sur les espèces forestières mal

Mission de terrain au Parc National de Taï , Côte d'Ivoire

(station de recherche du CRET)

Période : 08/02 au 22/03/2001

Organisation : Philippe Gaubert (Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux – MNHN) et Cédric Crémière (Centre Alexandre Koyré d'Histoire des Sciences et Laboratoire d'Anatomie Comparée – MNHN)

Collaboration sur le terrain : Amy E. Dunham (Department of Ecology and Evolution – State University of New York – Stony Brook – USA), Susanne Shultz (Population and Evolutionary Biology Research Group – School of Biology – University of Liverpool – UK) et Ernest Kamy (Centre de Recherche en Ecologie Tropicale – Taï – Côte d'Ivoire)

Matériel et méthodes de capture : 13 pièges BTS « Mustélidés » (100 x 20 x 20), 6 pièges BTS «Ragondins » (80 x 30 x 30) et 25 pièges Tomahawks «squirrel size » (60 x 20 x 20), tous pliants. Les pièges ont été disposés perpendiculairement le long de barrières constituées de branches de raphia, et appâtés de façon variable (vers de terre en plastique, restes de repas carnés, poisson fumé et banane douce). Les animaux capturés ont été anesthésiés à l'aide d'un tranquillisant à base de kétamine (Imalgène).

Prélèvement des échantillons : La partie de peau devant être prélevée pour analyse cytologique est au préalable rasée (par exemple, haut de la cuisse), puis désinfectée durant quelques minutes avec un antiseptique (chlorexidine). Elle est ensuite conservée dans un milieu nutritif en condition stérile. Les prélèvements de tissus et de poils (avec bulbes racinaires) destinés aux analyses moléculaires (ADN) sont conservés dans des tubes remplis d'alcool.

Résultat des captures : deux spécimens de *Genetta johnstoni*. Outre les prélèvements effectués, des observations morphologiques inédites ont pu être faites, notamment en ce qui concerne les coussinets et les glandes périnéales.

.Encart 1. Fiche technique concernant la mission effectuée au Parc National de Taï (Côte d'Ivoire).

connues. Elle a eu lieu à la station de recherche du CRET, au Parc National de Taï , en Côte d'Ivoire, du 08/02 au 22/03/2001.

La liste complète des spécimens étudiés est fournie en Annexe I. Pour des raisons de temps relatif à la collecte des données, certains « relevés » n'ont pu être que partiels. Par exemple, la liste concernant les espèces à large aire de répartition pour des collections importantes comme le MRAC, le BMNH et le MFNB, ne comporte parfois pas les données relatives au numéro de catalogue, et n'inclut pas les séries de spécimens issus d'une même localité (BMNH, MRAC).

-Les caractères pris en compte

Les caractères pris en compte au cours du travail de DEA, au nombre de 60 pour l'analyse concernant le genre *Genetta,* incluaient des traits relatifs au crâne (22 caractères), à la denture (7), aux coussinets et griffes (4), à l'ultrastructure des poils (4), au pelage (22) et à la longueur relative de la queue (1). Ils ont été revus à la lumière des grandes séries de spécimens observées au cours de notre travail de thèse et des nouvelles délimitations taxinomiques établies.

En résulte une matrice de 50 caractères, répartis comme suit : crâne (11), denture (6), coussinets (1), ultrastructure des poils (4), pelage (26), longueur relative de la queue (1) et nombre de paires de mamelles (1). Certains caractères polymorphiques ont été pris en compte, le polymorphisme étant codé en tant qu'état propre (« unscaled method » ; Wiens, 1995) :

[Crâne]

1- *Crêtes d'insertion des muscles temporaux* : forment une large aire, légèrement surélevée sur la partie supérieure du pariétal 0 - forment une aire moins large, sans crête 1 – forment une aire étroite et en crête 2 – forment une aire étroite et sans crête 3.

2- *Contact prémaxillaire - frontal* : absent 0 - variable 1 - présent 2.

3- *Apophyses post-orbitaires* : inclinées 0 - peu inclinées 1.

4- *Extension postérieure du frontal :* recouvre quasiment toute la largeur du rétrécissement inter-orbitaire 0 – recouvrement moyen 1 – étroite et recouvrant seulement la partie médiane 2.

Le développement apparent des apophyses post-orbitaires, difficile à caractériser (cf Gaubert, 1999), est en fait exprimé par ce caractère.

5- *Rétrécissement inter-orbitaire* : marqué 0 (< 1 - 0,12) – intermédiaire 1 (1 ± 0,12) – peu marqué 2 (> 1 + 0,12).

La valeur 0,12 correspond à la moyenne des écarts-types des moyennes concernant l'ensemble des mesures (groupes externe et interne) du rétrécissement inter-orbitaire. Ce caractère s'apparente aux notions de crânes hyper-, méso- et oligosténomiques, qui correspondent à un indice « constriction inter-temporale + largeur inter-ptérygoï dale» (Crawford-Cabral, 1981c).

6- *Recouvrement ventral du ptérygoïde* : faible 0 - important 1.

7- *Scissure staphyline* : échancrée 0 - peu marquée 1.

8- *Courbe de la partie antéro-externe de l'os entotympanique caudal :* subit une cassure 0 - continue 1.

9- *Position de la suture prémaxillo-maxillaire par rapport à* P^1 : en avant 0 - au même niveau 1.

10- *Position de la suture maxillo-palatine par rapport à la cuspide principale de* P^3 : en arrière 0 - au même niveau 1 - en avant 2.

Devant la légère variabilité constatée au sein de certaines espèces, nous avons choisi d'appliquer un codage « majoritaire », consistant à maintenir comme état de caractère valide l'état retrouvé dans un minimum de 90 % des observations.

11- *Prolongement de l'entotympanique caudal - partie antérieure* : court 0 - long (arrive jusqu'au ou recouvre le méat auditif) 1.

[Dents]

12- M_2 : réduite 0 - développée 1.

13- M^2 : absente 0 - présente 1.

14- *Canines inférieures* : faibles 0 - fortes 1.

15- *Talonide de* M_1 : réduit 0 - développé 1.

16- *Première cuspide postérieure accessoire de* P_2 : absente (ou à peine marquée) 0 - marquée 1. Suivant le même principe que dans le cas du caractère 10, le codage est ici aussi « majoritaire ».

17- *Cuspide linguale de* P^3 : absente (ou très peu marquée) 0 – présente 1.

[Queue]

18- Rapport (corps + tête) / queue : [> 1.5] 0 – [entre 1.3 et 1.4] 1 – [1.2] 2 – [1.1] 3 - [1] 4.

[Coussinets]

19- *Dépression centrale (membre antérieur)* : glabre 0 - velue 1.

[Mamelles]

20- *Nombre de mamelles* : une paire 0 – deux paires 1.

[Ultrastructure des poils]

21- *Cortex de la spatule du poil de jarre primaire* : mince 0 - épais 1.

22- *Coupe transversale du poil de jarre primaire à la base de la spatule* : oblongue 0 - ronde ou légèrement ovoï de 1.

23- *Bordure des écailles situées au milieu de la spatule du poil de jarre primaire* : lisse 0 - crénelée 1 - très crénelée 2.

24- *Forme des écailles de la zone de transition située entre la base et le milieu de la spatule du poil de jarre primaire* : triangulaire 0 - rhomboï de 1 - pétaloï de (comprimée base distalement) 2.

[Pelage]

25- *Bande médio-dorsale* : suggérée (taches alignées mais non fusionnées) 0 – marquée (continue) 1.

Poiana richarsonii a été codée 0 bien que certaines variations de son morphotype ne présentent pas de bande médio-dorsale.

26- *Bande médio-dorsale (bis)* : divisée en deux bandes longitudinales sombres 0 – pleine 1.

27- *Taches dorso-latérales* : larges 0 – étroites 1.

28- *Coalescence (sens longitudinal) de la première rangée de taches dorso-latérales bordant l'échine* : aucune 0 - partielle 1 - importante 2 – totale (forme une bande) 3.

29- *Répartition des taches dorso-latérales* : lâchement tacheté 0 – densément tacheté 1.

30- *Bande sombre traversant longitudinalement les anneaux de la queue* : très marquée 0 – marquée 1 – à peine marquée 2.

Le phénomène d'assombrissement de la queue chez certaines espèces n'est pas dû à l'élargissement de cette bande caudale, mais à l'assombrissement d'un ou plusieurs anneaux clairs dans leur ensemble, la composition relative en poils sombres de ces derniers tendant à augmenter.

31- *Paire de larges bandes nucales médianes* : absente 0 - présente 1.

32- *Bandes nucales (autres)* : bien définies 0 - confuses 1.

33- *Robe des pieds* : entièrement sombre 0 - partie antérieure claire et partie postérieure foncée 1 - claire 2.

34- *Robe de la partie supérieure des jambes* : entièrement foncée 0 - partie postérieure foncée 1 - claire et unie 2.

35- *Robe de l'intérieur des cuisses :* claire 0 – sombre 1.

36- *Taches de la partie supérieure des jambes* : non fusionnées 0 – fusionnées 1.

37- *Robe des mains* : entièrement sombre 0 - partie antérieure claire et partie postérieure sombre 1 - claire 2.

38- *Robe de la partie supérieure des bras* : entièrement foncée 0 - partie postérieure foncée 1 - claire et unie 2.

39- *Motifs de la partie supérieure des bras* : nombreuses taches 0 - peu de taches 1 - aucune tache 2.

40- *Taches de la partie supérieure des bras* : non fusionnées 0 – fusionnées 1.

41- *Taches sous-oculaires* : contrastantes (claires) 0 - absentes 1.

42- *Taches labiales supérieures* : très contrastantes (claires) 0 - peu contrastantes (réduites et plus foncées) 1.

43- *Poils de la bande médio-dorsale (par rapport aux poils dorsaux adjacents)* : courts (environ même longueur) 0 – longs (au moins deux fois plus longs) 1.

44- *Poils de la queue (par rapport aux poils dorsaux)* : courts (environ même longueur) 0 - longs (au moins deux fois plus longs) 1.

45- *Nombre d'anneaux clairs de la queue* : quatre 0 – cinq 1 – six 2 – sept 3 – huit 4 – neuf 5 – dix 6 – onze 7 – douze 8.

Le dernier anneau clair présent entre les deux anneaux foncés terminaux n'est dans ce cas pas pris en compte puisqu'il peut être, chez certains taxons, plus ou moins recouvert de poils sombres. Ce caractère est constitué de neuf états et est hautement polymorphe.

46- *Partie distale de la queue* : alternance d'anneaux clairs et foncés 0 - le dernier anneau clair est à peine visible 1 - plusieurs anneaux clairs terminaux sont à peine visibles 2.

47- *Couleur du bout de la queue* : à dominance sombre 0 - à dominance claire 1.

48- *Menton* : babines inférieures recouvertes d'une large bande sombre 0 – babines inférieures recouvertes d'une bande sombre très fine 1 – partie ventrale uniformément claire 2.

49- *Crête sagittale :* présente 0 - absente 1.

La crête sagittale est ici considérée comme présente lorsque les poils sont à contre-sens ou à la verticale par rapport aux poils avoisinants. La crête sagittale n'est donc pas définie par la longueur des poils mais par leur orientation.

50- *Taille relative des anneaux blancs par rapport aux anneaux noirs (milieu de la queue)* : [<20 %] 0 – [entre 50 et 75 %] 1 – [100 %] 2 – [200 %] 3.

La réduction du nombre de caractères constituant la matrice finale s'explique par plusieurs raisons (cf Tableau 3). Tout d'abord, nombre de caractères, principalement relatifs au crâne, se sont avérés être par trop polymorphes suite à l'examen d'une grande série de spécimens. De plus, l'observation d'un nombre important d'individus nous a permis d'identifier des artéfacts dus à la préparation des spécimens et codés comme des états de caractères valables chez des espèces faiblement représentées en collection, comme ce fut le cas pour *Genetta johnstoni*. Par exemple, la supposée absence, chez cette espèce, de foramen supracondylien sur l'humérus, s'est révélée être une fausse assertion suite à l'examen d'un squelette entier provenant du Parc National de Taï (MNHN2001-523). La baisse du nombre final de caractères s'explique également par la prise en compte d'un seul taxon en tant que groupe externe (*Poiana richardsonii*), ce qui diminue la variabilité morphologique globale, potentiellement codable, de l'ensemble de l'échantillon taxinomique (cas des coussinets). Nos observations morphologiques ont ainsi permis d'éluder certains caractères par trop variables au sein des taxons et de délimiter des caractères stables sur la base de grandes séries de spécimens. Elles ont aussi permis de redéfinir des caractères et d'en découvrir de nouveaux, notamment liés au pelage (par exemple, les contrastes du menton et de l'intérieur des cuisses, visibles uniquement sur les spécimens montés) ou relatifs au nombre de paires de mamelles.

De façon générale, les régions morphologiques fournissant les caractères diagnostiques traditionnellement utilisés chez les Carnivores (foramens crâniens, bulle tympanique, coussinets, denture ; cf Turner, 1848 ; Flower, 1869 ; Petter, 1974 ; Wozencraft, 1984 ; Hunt, 1987 ; Wozencraft, 1989 ; Hunt & Tedford, 1993 ; Wyss & Flynn, 1993 ; Veron, 1995) se sont révélées peu discriminantes au niveau infra-générique (genre *Genetta*) comparativement aux caractères liés au pelage.

Les traits liés au pelage peuvent constituer des caractères « favorisant » l'homoplasie, et sont souvent sujets à de nombreuses convergences évolutives au sein d'une même famille (e.g., Werdelin & Olsson (1997) pour les Felidae). Seuls les motifs et les contrastes de la robe ont été retenus dans le cadre de notre étude. La couleur du pelage, pourtant souvent utilisée comme critère diagnostique d'une espèce, n'a pas été prise en compte, et ce pour plusieurs raisons. Tout d'abord, la détermination et la délimitation d'une couleur demeure délicate et subjective (Endler, 1990). De plus, la coloration du pelage peut varier suivant les saisons (Stangl & Grimes, 1987) et le type de biotope (Hadley, 1972 ; Ortolani & Caro, 1996). Le cas

de *Cynictis penicillata*, mangouste d'Afrique du Sud, confirme les observations précédentes, cette fois-ci au niveau infra-spécifique, à savoir l'existence d'une variation saisonnière de la pigmentation ainsi que de gradients longitudinal et latitudinal caractérisant la couleur du pelage (Taylor et al., 1990). Ajoutons enfin que le pelage des spécimens en collection tend à subir une dégradation de son panel de coloration provoquée par l'exposition à la lumière et les divers modes de préparation (M. Tranier, comm. pers.). Au contraire, les motifs de la robe résultent d'un compromis établi entre les différentes pressions de sélection et l'inertie phylogénétique des caractères (Booth, 1990), les études tentant d'établir une corrélation « motifs - biotopes » s'étant heurtées au caractère phylogénétique des variations du pelage (Dubost, 1991 ; Ortolani & Caro, 1996). De plus, la valeur éthologique de l'agencement des motifs au sein des genettes (Roeder, 1984) impose une contrainte phylogénétique aux contrastes du pelage, cas non réciproque en ce qui concerne sa coloration, les genettes ne distinguant pas les couleurs (Grzimek, 1990).

Nous avons favorisé l'emploi de caractères directement vérifiables sur les spécimens en collection, le contexte taxinomique complexe du genre *Genetta* nécessitant de vérifier la validité de chaque caractère. Les caractères relatifs à l'ultrastructure des poils déterminés en DEA ont été intégrés dans cette présente étude malgré le fait qu'ils n'aient pu être vérifiés pour certains taxons nouvellement reconnus.

	Matrice totale	**crâne**	**denture**	**coussinets**	**ultrastructure des poils**	**pelage**	**queue / mamelles**
Matrice DEA (11 taxons, incluant 2 outgroups)	60	22	7	4	4	22	1 / 0
matrice finale (17 taxons, incluant 1 outgroup)	50	11	6	1	4	26	1 / 1
caractères supprimés de la matrice DEA	27	16	2	3	1	5	0
caractères en commun avec la matrice DEA (analyses inter- et intra-génériques)	19	4	3	1	4	7	0
caractères redéfinis / nouveaux	20 / 11	5 / 2	3 / 0	0 / 0	0 / 0	11 / 8	1 / 1

.Tableau 3. Récapitulatif des modifications apportées à la matrice morphologique depuis le travail de DEA de 1999 (aucune nouvelle investigation concernant l'ultrastructure des poils n'a été entreprise).

L'estimation des délimitations interspécifiques s'est quant à elle principalement axée sur les taxons problématiques que sont le genre *Poiana* et le « Large-spotted Genet complex ». L'établissement de caractères diagnostiques s'est basé sur l'observation d'espèces de Viverrinae morphologiquement bien définies, c'est-à-dire dont le morphotype est très discriminant vis-à-vis des autres espèces, la variabilité de ces caractères ayant été testée par la suite au sein des taxons problématiques (cf § III-1.d.). Les caractères utilisés pour l'analyse phylogénétique ne sont pas les mêmes ou ont leurs définitions parfois modifiées par rapport aux caractères diagnostiques (définition relative des caractères et échantillonnage taxinomique différent), ces derniers n'étant pas forcément utilisables dans le cadre d'une analyse cladistique.

1.c. Répartition biogéographique :

L'évaluation de la répartition biogéographique des membres de la sous-famille des Viverrinae, dans ce cas strictement basée sur les données contenues au sein des principales collections européennes (collections de tissus incluses), a été envisagée pour deux raisons. Premièrement, malgré le biais représenté par notre choix des collections visitées et l'histoire des stratégies de collecte de chaque muséum, nous avons voulu estimer l'apport que pouvaient constituer les collections d'histoire naturelle dans l'établissement des aires de répartition (données souvent non publiées) par rapport aux données de terrain et « atlas » publiés par exemple, et estimer ainsi leur reflet d'une « réalité », à savoir l'aire de distribution d'un taxon. Deuxièmement, cette approche permet d'accompagner nos estimations de limites interspécifiques par des données biogéographiques fines, notamment pour des taxons n'ayant jusque-là pas bénéficié d'une telle attention (statuts taxinomiques incertains), et de proposer une aire de répartition préliminaire à vérifier et compléter par des études sur le terrain.

-Acquisition des données

Les noms des localités ont été collectés directement sur le spécimen en collection, l'étiquette constituant dans ce cas la source de l'information. Un ensemble de données, parfois exhaustif, est présent sur chaque étiquette, et contient presque toujours le numéro de catalogue, le nom du collecteur, la période de collecte et le lieu de collecte. Des informations supplémentaires telles que le type d'habitat, les mensurations standard (tête + corps, queue, pied, oreille, poids) et quelques commentaires (notamment sur le nombre de mamelles compté sur l'individu au moment de la capture) sont parfois disponibles. Pour des raisons liées à un manque de temps, le strict minimum des données a été récolté lors de l'examen des grandes

séries de spécimens représentant les espèces communes et à large aire de répartition (*Civettictis civetta, Viverra zibetha, Viverricula indica, Genetta genetta, G. maculata, G. servalina, G. « pardina schoutedeni »*). Dans ce cas, seules les informations relatives à l'identification du spécimen, le muséum, la localité et le « matériel » (crâne, peau, etc…) ont été relevées. De plus, les séries de spécimens provenant de la même localité ont été réduites à un représentant (matériel type excepté) afin d'éviter les doublons lors de la représentation graphique finale de l'aire de répartition.

Bien sûr, des erreurs liées à l'écriture même des noms de localité (par le collecteur, la personne enregistrant les spécimens (erreurs de typographie), et par le collecteur de ces mêmes informations) peuvent entraîner des difficultés dans l'identification correcte du nom initial. Nous avons donc effectué des recherches croisées afin de vérifier et corriger si nécessaire la validité des noms de localité, et enfin leur attribuer des coordonnées (en degré-minute). Nous avons pour cela consulté différents atlas et gazettiers : *Gazetteer of collecting localities of African rodents* (Davis & Misonne, 1964), *Times Atlas of the World* (1987), *Atlas mondial Encarta* (1998) et *Global Gazetteer* (http://www.calle.com/world). A la suite de ces recherches, la liste des localités accompagnées de leurs coordonnées respectives a été renvoyée à chaque muséum pour vérification. Les muséums concernés ne possédant généralement ni catalogue informatisé de leurs collections de Carnivores ni gazetteer compilatoire relatif aux sites de collecte de leurs spécimens (IRSNB et MRAC exceptés), l'efficacité de cette vérification fut variable. Les noms de localité ont été répertoriés suivant quatre colonnes, la première (localité 1) correspondant à la localité exacte où le spécimen a été collecté, les deux suivantes (localités 2 et 3) constituant des indications de lieux proches du site de collecte ou de la région dans laquelle est inclus le site de collecte, et la quatrième (localité 4) correspondant au pays d'origine. Lorsque la localité 1 n'a pas été identifiable ou était non disponible, nous avons décalé d'un rang la localité pour laquelle la recherche de coordonnées devait être effectuée. Des localités telles que des régions ou des pays, sans autres précisions, ont été retenues si elles représentaient des données cruciales (nouvelles ou uniques pour la région considérée).

Un tel procédé nous a permis de retrouver et de resituer environ 92% des lieux de collecte d'origine, et d'établir une liste totale de 2093 localités (doublons entre taxons compris) pour 29 taxons (Annexe II).

. Transformation et « plotting » des données

Les coordonnées ont dans un premier temps été enregistrées sous le format degré-minute, puis transformées en degré-décimal afin de pouvoir être utilisées par le logiciel de cartographie ArcView GIS 3.2a (Applegate, 2000) et projetées sur un fond de carte. La formule de conversion en degré-décimal est telle que X ou Y = deg + (min / 60) où X (latitude) et Y (longitude) sont les valeurs des coordonnées exprimées en degré-décimal, deg la valeur des degrés et min la valeur des minutes. Dans le cas des localités imprécises (régions ou pays), nous avons opté pour le choix d'un point, en général occupant une position centrale.

Le « plotting » des coordonnées, effectué sur un fond de carte standard fourni par ArcView GIS 3.2a, a été effectué sans projections particulières (option « Projection : None »), ce qui est un avantage de l'utilisation des valeurs en degré-décimal. Un retour aux coordonnées a ensuite été effectué lorsque des points nous sont apparus localisés dans des endroits inattendus par rapport à l'aire de répartition ou le type d'habitat traditionnellement supposé pour le taxon. Les aires de répartition ainsi établies ont ensuite été sauvées en format .EPS puis calquées sur des fonds de carte illustrant les types de biotopes et la variété du relief sous les logiciels Photoshop 6.0 et Adobe Illustrator 9.0 (Adobe Systems Incorporated, 2000). Le fond de carte d'Afrique a été téléchargé à partir du site Bodleian Library Map Room (http://www.bodley.ox.ac.uk/guides/maps/mi_data.htm), fournissant un accès gratuit à une vaste cartothèque. La répartition des taxons asiatiques a été illustrée par un fond extrait de l'Atlas Mondial Encarta (1998).

1.d. L'analyse moléculaire

Deux gènes ou fragments de gènes appartenant chacun à l'un des deux types d'ADN contenus dans les cellules eucaryotes ont été séquencés : un gène mitochondrial, le cytochrome *b* (cytb), et un fragment de gène nucléaire, l'intron I de la transthyrétine (TR-i-I). Ces deux gènes, de par leur nature, sont régis par des contraintes d'ordre différent, et constituent par là même des ensembles de données dont l'analyse et la confrontation peuvent aider à la compréhension des phénomènes évolutifs relatifs aux taxons étudiés. Ainsi, le génome mitochondrial, intensivement séquencé dans le cadre d'analyses phylogénétiques et populationnelles, est un outil « pratique » pour plusieurs raisons. Citons notamment la facilité relative d'amplification (nombre élevé de copies par cellules, structure « super-enroulée » facilitant son isolement) et la non-recombinaison du génome (transmission par lignée maternelle uniquement) (Clayton, 1982 ; Lansman et al., 1981 ; pour une revue, cf Rand, 2001). Le génome nucléaire, au contraire, est caractérisé par un nombre relativement plus

faible de copies, une conformation linéaire et une recombinaison lors de sa transmission. La teneur relative en bases est variable (biais de composition ; Irwin et al., 1991) et les pressions de sélection sur les deux types d'ADN (mitochondrial et nucléaire) sont de différentes natures. Ces pressions peuvent influer sur le taux d'évolution de certaines parties des génomes, l'ADN mitochondrial étant en général considéré, au moins chez les mammifères, comme évoluant plus rapidement que l'ADN nucléaire (Brown et al., 1979). Toutefois, des interactions génomes nucléaire - mitochondrial (e.g., évolution concertée) rendent la situation plus complexe et moins tranchée (Rand, 2001). Les gènes séquencés dans le cadre de notre étude ont également une fonction différente, puisque cytb est un gène codant, alors que TR-i-I est une portion non codante du gène de la transthyrétine.

-Obtention du matériel

Le matériel utilisé pour les analyses moléculaires est constitué de deux types de substrats, à savoir les tissus « frais », poils et lignées cellulaires, prélevés sur des animaux vivants ou fraîchement morts, ainsi que des extraits d'ADN issus de banques moléculaires, et des échantillons de dents, de tissus et de peau provenant de spécimens en collection. La matériel frais a été obtenu par l'intermédiaire d'un réseau international de collaborateurs (cf Encart 2) et d'une mission de terrain au Parc National de Taï , Côte d'Ivoire (cf Encart 1). Tous les échantillons appartiennent à la banque de tissus du Laboratoire de Zoologie : Mammifères & Oiseaux. Le matériel de collection a été prélevé sur des spécimens appartenant aux collections du MNHN et de la Station Biologique de Paimpont, Université de Rennes 1 (SBPUR1). Les racines des canines supérieures ont été utilisées (une par spécimen) pour l'extraction d'ADN à partir de dents (collections du SBPUR1). Les échantillons de peau à partir desquels l'extraction d'ADN a été couronnée de succès ont tous été prélevés sur des spécimens du MNHN arrivés en état de peaux salées ou séchées, avant traitement et tannage. Les restes de tissus connectifs présents sur certains crânes en apparence non traités (simplement séchés) ont également été utilisés avec succès (Fig. 16).

Request for hair and tissue samples

Despite their diversity, scientific and ecological importance, the viverrids remain the least known carnivores. In order to maintain their biological diversity, an improved understanding of their phylogeny and evolution is of major importance.

In order to pursue our clarification of the phylogeny of the Viverridae (Veron & Catzeflis, 1993; Veron 1995; Gaubert et al., 1999; Veron & Heard, submitted; Yoder et al., in prep.), we are searching for hair and tissue samples suitable for molecular analyses.

Hairs (with root bulbs) and tissues of living or freshly dead animals could provide DNA for our studies. They must be put in alcohol but hairs can also be sent dry. Biopsies could also be of great interest for chromosomal studies as well as for molecular analyses (material to preserve biopsies could be sent on request).

A great number of researchers doing field studies provide us with samples, particularly hairs samples, so that, added to those coming from several other sources, we have material for most of the viverrids species, but we hope to enlarge our sampling by new contributions coming from all the parts of the viverrids range, in order to initiate new molecular phylogenetic studies. Anyone who has access to viverrids hairs or tissues is welcome to collaborate.

References :

Veron, G. & Catzeflis, F., 1993. Phylogenetic relationships of the endemic Malagasy Carnivore *Cryptoprocta ferox* (*Aeluroidea*): DNA/DNA hybridization experiments. *J. Mamm. Evol.*, 1 :169-185.

Veron, G., 1995. La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (*Carnivora*). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores *Aeluroidea* actuels et fossiles. *Mammalia* 59: 551-582.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M., 1999. Phylogeny of the Viverrinae (Carnivora, Viverridae) and interspecific discrimination within the genus *Genetta*: new morphological characters contribution (poster). Abstracts of the 8th international Symposium on Small African Mammals, Paris 4-9 July 1999, p.51.

For further information please contact:

Géraldine Veron or Philippe Gaubert
Laboratoire de Zoologie, Mammifères et Oiseaux
Museum National d'Histoire Naturelle
55, rue Buffon 75005 Paris France
Fax: (33)1.40.79.30.63
e-mail: veron@mnhn.fr or gaubert@mnhn.fr

Encart 2. Un exemple de diffusion de demande de matériel relatif aux Viverridae. Publié en 1999 dans *Small Carnivore Conservation*, 21 (p. 25).

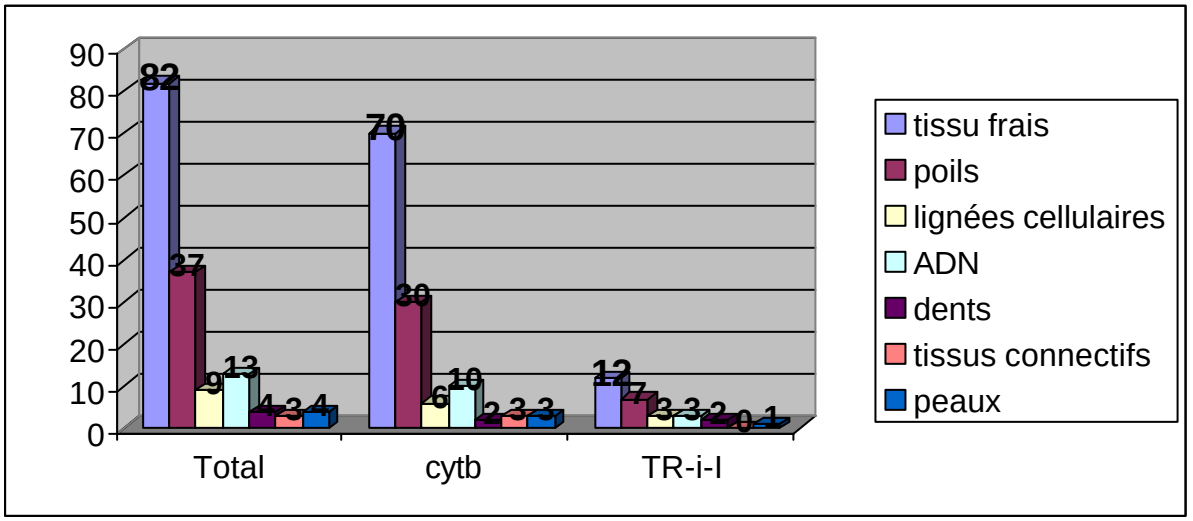


Fig. 16. Représentation du matériel utilisé pour l'extraction d'ADN et l'obtention des séquences de cytb et TR-i-I.

Un total de 125 nouveaux échantillons ont été récoltés au cours de notre thèse, parmi lesquels 91 firent l'objet d'une extraction ADN (Annexe III). Il faut rajouter à cela 18 extractions et séquençages partiels (cytb) déjà effectués par Géraldine Veron (Veron & Heard, 2000) dont les séquences furent complétées. Au final, 107 nouvelles séquences ont été produites pour le gène entier du cyt b (1140 pb ; environ 1000 pb à partir des ADN de collection) et 28 pour TR-i-I (802 (*Chrotogale owstoni*) à 840 pb (*Cryptoprocta ferox*)). Dix-sept séquences entières de cytb produites par Géraldine Veron ont également été utilisées (cf Annexe III).

-ADN mitochondrial : le gène du cytochrome *b*

Le gène du cytochrome *b* code pour une protéine intervenant dans la chaîne respiratoire de la mitochondrie en tant que transporteur d'électrons (Mitchell, 1976). Le cytochrome *b* est une protéine comportant huit hélices hydrophobes transmembranaires (dans la membrane interne de la mitochondrie) et neuf régions extramembranaires (quatre dans l'espace intermembranaire et cinq du côté matriciel) (Howell, 1989 ; Xia et al., 1998).

Le gène du cytochrome *b* est l'un des plus séquencés dans le cadre de la phylogénie appliquée au champ zoologique, et en particulier aux Vertébrés (Kocher et al., 1989). Le cytb est caractérisé par un taux d'évolution relativement rapide (Moore & DeFilippis, 1997) et une saturation au niveau des sites synonymes pour des niveaux d'investigation phylogénétique « anciens » (Hassanin, 1999). Par exemple, les transitions au troisième codon sont souvent diagnostiquées comme saturées lors d'études traitant de la phylogénie de familles de Mammifères (e.g., Zhang & Ryder, 1993 ; Halanych et al., 1999) et en particulier la transition C-T (Hassanin & Douzery, 1999).

Toutefois, nous avons choisi d'utiliser le cytb car le nombre de séquences produites dans le cadre d'études phylogénétiques relatives aux Carnivores, tous niveaus taxinomiques confondus (e.g., Zhang & Ryder, 1993; Masuda *et al*., 1994; Vrana *et al*., 1994; Ledje & Arnason, 1996a; Masuda *et al*., 1996; Dragoo & Honeycutt, 1997; Flynn & Nedbal, 1998; Koepfli & Wayne, 1998 ; Veron & Heard, 2000 ; Yoder et al., 2003), a permis de composer un jeu de données exhaustif pour les Feliformia. De plus, l'utilisation du cytb se justifie pour des niveaux d'investigation phylogénétique relativement récents, l'apparition du genre *Genetta* étant estimée au début ou au milieu du Pliocène (Geraads, 1997 ; Bininda-Emonds et al., 1999). Enfin, l'amplification d'un gène mitochondrial, dans le cas de l'utilisation d'échantillons issus de spécimens en collection et de matériel dentaire, augmente potentiellement les chances de réussite de la manipulation, bien que le génome mitochondrial

soit supposé plus sensible que le génome nucléaire aux dommages provoqués par les réactions d'oxydation post-mortem (Lindhal, 1993).

La production de séquences de cytb a donc été appliquée à la résolution des relations phylogénétiques entre le genre *Genetta* et les « Genet-like taxa », en combinaison avec les séquences de TR-i-I ou en comparaison avec la morphologie (travail de DEA). Le cytb a également servi à l'établissement de la phylogénie moléculaire des taxons du genre *Genetta*, combiné cette fois-ci à une matrice de caractères morphologiques (morpho). La variabilité du cytb entre les taxons définis sur la base de caractères morphologiques a enfin servi de test aux délimitations interspécifiques au sein du genre *Genetta*. Ainsi, comme indiqué ci-dessus, 107 nouvelles séquences complètes de cytb ont été produites, ce jeu de données étant exploité diversement suivant les niveaux d'investigation (NB : toutes les séquences n'ont pas été utilisées pour notre travail de thèse).

-ADN nucléaire : intron I de la transthyrétine

La transthyrétine est une protéine de 55-kDa constituée de quatre sous-unités identiques de 127 acides aminés chacune (Kanda et al., 1974 ; Blake et al., 1978). Elle est impliquée dans le fonctionnement du système immunitaire, du développement et de la croissance des Vertébrés (pour une revue, cf Schreiber & Richardson, 1997). Chez les animaux adultes, la transthyrétine est synthétisée à la fois dans le foie et le plexus choroïdien (Dickson et al., 1985 ; Martone et al., 1988), à partir desquels elle est secrétée dans le plasma et le fluide cérébrospinal, respectivement. L'expression du gène et le rôle de la protéine dans le système organique des Mammifères sont activement étudiés (e.g., Episkopou et al., 1993 ; Date et al., 1997 ; Peterson et al., 1998 ; Jiang et al., 2001 ; Purkey et al., 2001 ; Schreiber et al., 2001 ; Sousa & Saraiva, 2001 ; White & Kelly, 2001 ; Zheng et al., 1999), la transthyrétine étant impliquée dans le transport des hormones thyroïdes T3 et T4 du sang au cerveau (Chang et al., 1999) et du rétinol (Vitamine A) du sang maternel à celui du fœtus (Blake et al., 1978 ; Monaco et al., 1995). De plus, quelques mutations d'acides aminés peuvent entraîner un changement de conformation de la protéine, changement responsable de deux maladies héréditaires (allèle dominant) neurodégénératives chez les humains (polyneuropathie amyloïdotique familiale et amyloïdose systémique sénile), consistant en l'accumulation de la protéine sous forme de fibrilles amyloïdes insolubles dans les tissus (Colon & Kelly, 1992 ; Lai et al., 1996).

Au cours de l'évolution des Vertébrés, la transthyrétine a subi des changements relatifs aux tissus dans lesquels son gène est exprimé. Ainsi, la protéine n'est pas retrouvée

dans le sang des marsupiaux polyprotodontes, des monotrèmes, des lépidosauriens, des amphibiens et des ostéichthyens (chez les individus adultes ; cf Achen et al., 1993, et Richardson et al., 1994, 1997). L'expression du gène de la transthyrétine dans le foie des animaux adultes semble être apparue relativement tardivement au sein des Vertébrés et de façon indépendante chez les mammifères euthériens, les marsupiaux diprotodontes et les oiseaux (Schreiber & Richardson, 1997). Toutefois, durant le développement du stade juvénile, c'est-à-dire lorsque le niveau d'hormones thyroï des est élevé, le gène de la transthyrétine est également exprimé dans le foie des amphibiens (Yamauchi et al., 1998) et des poissons (Santos & Power, 1999).

Des analyses en «Southern blot » d'ADN génomique et le clonage de la transthyrétine à partir d'ADN complémentaire (ADNc) ont montré que le gène de la transthyrétine était très probablement présent chez les rats comme un gène à copie unique (Fung et al., 1988). La présence d'un seul locus contenant le gène chez l'humain (Wallace et al., 1985 ; Yankowitz et al., 1998), la souris (Qiu et al., 1992) et chez les bovins domestiques (Larsen et al., 1996) confirme cette assertion, tout comme les séquences identiques obtenues à partir de tissus provenant du cerveau ou du foie chez le rat (Duan et al., 1989). Le séquençage exhaustif du gène chez les mammifères n'a pas révélé de problèmes de paralogie (Duan et al., 1995 ; Schreiber & Richardson, 1997 ; Flynn et Nedbal, 1998 ; Flynn et al., 2000 ; Prapunpoj et al., 2000 ; Zehr et al., 2001 ; Rowe & Honeycutt, 2002).

Le gène de la transthyrétine est constitué de quatre exons (E1-E4) séparés par trois introns (Blake et al., 1978 ; Episkopou et al., 1993). Nous avons choisi de séquencer le premier intron du gène (TR-i-I) et les premières paires de bases de ses parties flanquantes (Exon 1 en 3' et Exon 2 en 5') car des études précédentes ont montré son utilité dans la résolution des branchements basaux au sein des taxons de Mammifères (sous-ordre des Hystricognathes : Walton et al., 2000, et super-famille des Cavioidea, Rodentia : Rowe & Honeycutt, 2002) et en particulier des Carnivores (Flynn & Nedbal, 1998 ; Flynn et al., 2000). En outre, l'orthologie de l'intron 1 a été démontrée de façon indirecte, chez les Carnivores, par l'analyse de Zehr et al. (2001) relative à la phylogénie de *Can* SINE (SINEs : Short Interspersed Repetitive Elements ; Singer, 1982), une insertion courte de motifs répétés présente dans la région terminale (3') de l'intron 1 chez les Caniformia. Comme pour le cytb, les séquences de TR-i-I déjà produites pour certaines espèces de Feliformia offrent ainsi un référentiel nucléotidique, auquel nous comparerons nos séquences nouvellement produites. Nous avons ainsi « doublé » les séquences des espèces *Nandinia binotata* et *Paradoxurus hermaphroditus*, déjà disponibles sur GenBank, afin de vérifier la validité des amplifications

obtenues par nos amorces. La séquence de *Viverra tangalunga* disponible (Flynn & Nedbal, 1998) a également permis de créer des sondes spécifiques aux Viverrinae. Enfin, les investigations phylogénétiques au sein des Carnivores semblent indiquer que TR-i-I ne présente pas de saturation à ses sites (Flynn et Nedbal, 1998).

Le jeu de données produit pour TR-i-I a donc servi à tester les relations phylogénétiques entre le genre *Genetta* et les «Genet-like taxa », les estimations de temps de divergence entre les membres de ces groupes n'étant pas connues et étant parfois supposées très anciennes (cf I-2.d.). Vu l'échantillonnage exhaustif effectué au sein des Viverridae (28 nouvelles séquences), les relations phylogénétiques entre les sous-familles, resituées au sein des Feliformia, seront également réévaluées. Les contributions respectives, en ce qui concerne la phylogénie de *Genetta* et des « Genet-like taxa », des jeux de données issus de l'analyse morphologique, du cytb et de TR-i-I seront confrontées. Comme indiqué ci-dessus, 28 nouvelles séquences ont été produites pour les Feliformia, certaines, partielles, visant simplement à vérifier, par répétabilité, la validité des séquences obtenues.

-Obtention des séquences

-Extraction

Les échantillons de tissus frais, de poils et de lignées cellulaires ont subi une extraction ADN suivant un protocole modifié à partir de Kocher et al. (1989) (cf Annexe IV). Brièvement, le principe d'extraction repose sur une lyse enzymatique du substrat (CTAB), puis une purification de l'extrait génomique total par déprotéinisation (Chloroforme-Isoamyle). L'extrait d'ADN purifié est ensuite précipité (Isopropanol), nettoyé (Ethanol) et remis en suspension (H_2O) pour être conservé à une température de –20°C.

L'ADN extrait à partir du matériel de collection a fait l'objet de deux protocoles distincts. Les tissus connectifs ainsi que les échantillons de peaux salées ou séchées ont subi un protocole d'extraction quasi similaire à celui des échantillons frais, le matériel utilisé étant, dans la majorité des cas, disponible en quantité suffisante. Toutefois, quelques modifications ont été apportées afin d'optimiser la lyse enzymatique (temps d'incubation dans le CTAB entre 24 et 48h, avec ajout régulier de Protéinase K) et d'empêcher l'action d'inhibiteurs potentiels (dilution H_2O finale deux à dix fois supérieure à la normale). De plus, certains extraits d'ADN pour lesquels la présence d'inhibiteurs a été diagnostiquée ont subi une purification par fixation sur des microbilles de silice, les impuretés et les inhibiteurs potentiels

ne se fixant pas sur ces microbilles et étant éliminés avec le surnageant (protocole Gene-Clean, modifié ; cf Annexe V).

Le matériel dentaire (racine de canine) a, quant à lui, fait l'objet d'une extraction ADN suivant un protocole modifié de Hardy et al. (1994) (cf Annexe VI). Eu égard à la faible quantité de matériel disponible (méthodes invasives sur taxons rares), le protocole établi par Hassanin et al. (1998a) était difficilement utilisable, car nécessitant environ un gramme de poudre d'os comme matériel de départ. L'extraction s'est effectuée dans un box isolé consacré à l'ADN ancien eu égard aux risques de contamination encourus face à la faible quantité d'ADN contenue dans le matériel dentaire. Le protocole d'extraction ADN consiste tout d'abord en une phase de lavage (Na_2EDTA + NaOH) puis de digestion dans 2,5 ml de tampon (Na_2EDTA 0.5M, NaOH 0.79M, N-Lauryl Sarcosine 0.5%, Proteinase K 0.1mg/ml) à 37°C et agitation constante. Après une semaine de phase de digestion et ajouts de protéinase K journaliers, les racines de canines, ramollies, sont écrasées au pilon puis remises dans le tampon de digestion pour dix jours supplémentaires. La purification de l'extrait d'ADN se fait ensuite au phénol-chloroforme (1:1). L'ADN purifié est récupéré par centrifugation et concentré à l'aide de centricons (Centricons Amicon 30), et est enfin conservé à une température de -20°C.

-Amplification

La majorité des paramètres utilisés pour nos PCRs (Polymerase Chain Reaction ; cf Mullis et al., 1986, et Saiki et al., 1988) sont constants, et ce malgré l'obtention d'ADN à partir de substrats différents. Ainsi, les phases de dénaturation (93°C – 4 min, puis 93°C – 30 sec par cycle) et d'élongation (72°C – 40 sec par cycle, puis une élongation finale de 7 min) sont toujours restées les mêmes. Seuls le nombre de cycles « dénaturation – hybridation – élongation » et les températures d'hybridation des sondes ont été variables, et modifiées parfois par tâtonnement selon les résultats préliminaires obtenus. Dans le cas de l'ADN de « collection », une Taq polymérase moins stringeante a été utilisée (Q Bio Taq) et le nombre de cycles a été plus élevé (40 à 50 cycles). Pour une économie de matériel, les réactions de PCRs ont été effectuées dans un volume total de 25 µl, au lieu des 50 µl usuels.

L'amplification du cytb a été effectuée à l'aide d'un jeu de sondes constitué à la fois de sondes «universelles » issues de la littérature (Kocher et al., 1989 ; Edwards et al., 1991 ; Irwin et al., 1991 ; Ducroz et al., 1998) et de sondes spécifiques et très souvent dégénérées, amplifiant des fragments de cytb inférieurs à 180 pb, et élaborées à partir des séquences de Viverrinae déjà disponibles (Veron & Heard, 2000 ; G. Veron, in litt.) (Tableau 4). Le jeu de

sondes spécifiques a été élaboré via le logiciel Oligo 4.0 (Rychlik, 1992) de façon à produire des fragments d'ADN (amplifiats) chevauchants, afin de valider mutuellement les séquences

Couple de sondes	Séquence nucléotidique (5'® 3')	Source	Température d'hybridation (°C)
GV-L14724	GATATGAAAAACCATCGTTG	Irwin *et al*. (1991), modifié	50
H15149	CTCAGAATGATATTTGTCCTCA	Kocher *et al*. (1989), modifié	
L15146	CATGAGGACAAATATCATTCTGAG	inverse de H15149 (Kocher *et al*., 1989)	50
H15553	TAGGCAAAATAGGAAATATCATTCTGGT	Ducroz *et al*., 1998	
H15767	ATGAAGGGATGTTCTACTGGTTG	Edwards *et al*., 1991	50
L15408	TCAGACAAAATCCCATTCCA	Irwin *et al*., 1991	51
L15513	CTAGGAGACCCAGACAACTA	Irwin *et al*., 1991	52
H15915	TTCATCTCTCCGGTTTACAAGAC	Irwin *et al*., 1991	
PG-L106	CTCTCTACTAGGAGTCTGCCTYAT	notre étude	52
PG-H239	GGCTCCATTGGCGTGTATNTATCG	notre étude	
PG-H311	TCTGTGAAGGYRWATGAGCCGTA	notre étude	51
PG-L217	CGTTAANTATGGNTGAATCATTCG	notre étude	51
PG-H311	TCTGTGAAGGYRWATGAGCCGTA	notre étude	
PG-L309	CTACGGCTCATTCACCTTC	notre étude	51
PG-H479	TCCTCAGATTCATTCTACCA	notre étude	
PG-L447	TTTTATCAGCCATTCCCTAC	notre étude	51
PG-H525	GAAGGCAAAGAATCGTGTTA	notre étude	
PG-L495	GAGGAGGCTTTTCAGTAGA	notre étude	50
PG-H641	AGGGGATTTTGTCTGAGTC	notre étude	
PG-L602	CACGAAACAGGNTCCAACA	notre étude	52
PG-H736	TCCTAAAAGNTCGGGTGAG	notre étude	
PG-L679	TAAAGACATTCTAGG	notre étude	48
PG-H805	NTATCATTCGGGTTT	notre étude	
PG-L794	CCACCCCATATNAAAC	notre étude	49
PG-H968	TAANAGTCAGAATAAGCA	notre étude	
PG-L932	AAACAACGAAGCATAATA	notre étude	49
PG-H1087	GGGNATTAGGATNAGG	notre étude	

Tableau 4. Liste des couples de sondes utilisés pour l'amplification du cytb. Les lettres L et le H correspondent respectivement au brin léger (Light) et au brin lourd (Heavy) de l'ADN mitochondrial. Pour les sondes issues de la littérature, les numéros indiquent la position de la terminaison 3' de l'oligonucléotide suivant la numérotation basée sur la séquence mitochondriale humaine (Anderson *et al*., 1981). Pour les sondes spécifiques (PG-), les numéros indiquent la position en 5' de l'oligonucléotide suivant une numérotation établie à partir de la première base de la séquence du cytb. Les lignes horizontales pleines définissent les couples de sondes. Les lignes horizontales en pointillés indiquent que le couple de sondes est en fait constitué d'un triolet (par exemple, PG-L106 a été employé à la fois avec PG-H239 et PG-H311, suivant les cas).

obtenues et de déceler toute amplification éventuelle de fragments d'ADN exogènes ou de pseudogènes. Ces sondes ont bien sûr été particulièrement employées dans le cas des amplifications effectuées à partir d'extrait d'ADN issus de matériel de collection (ADN fragmenté), mais ont également contribué à amplifier et vérifier quelques fragments du gène qui posaient problème pour certains taxons représentés par des tissus frais.

L'amplification de TR-i-I a nécessité l'élaboration de 16 sondes spécifiques dégénérées sur la base des séquences déjà disponibles pour les Feliformia (Flynn & Nedbal, 1998). Les séquences ayant des motifs très spécifiques suivant les groupes taxinomiques, il a fallu créer des paires de sondes spécifiques pour chaque grand « groupe » concerné par l'amplification (Herpestidae (incluant *Cryptoprocta*) / Viverridae *sensu stricto* / *Nandinia*) (Tableau 5). Toutefois, certains couples de sondes ayant fonctionné pour un ensemble de taxons n'ont pas fonctionné pour d'autres alors qu'ils appartenaient au même «groupe » (cas des espèces représentant *Civettictis* et *Viverra*, toutes amplifiées sans difficulté majeure, alors que le premier fragment pour *Viverricula indica* n'a jamais pu être amplifié). L'unique paire de sondes indiquée par Flynn & Nedbal (1998) comme « sondes originales d'amplification » de leur travail ne s'est pas révélée fonctionnelle.

Les produits d'amplification ont été visualisés sur gel d'agarose (1,5 %) puis purifiés soit directement à partir de l'amplifiat obtenu soit à partir des bandes découpées sur gel (MinElute PCR Kit ; cf Annexes VII et VIII).

-Séquençage

Nous avons utilisé la méthode de séquençage direct pour les deux gènes, y compris dans le cas des ADN extraits à partir de spécimens de collection, des études antérieures ayant démontré que le séquençage direct était tout à fait fiable dans ce type de contexte (e.g., Hassanin, 1999 ; Debruyne et al., 2003).

La quasi-totalité de nos séquences a été obtenue par séquençage automatique (séquenceur automatique à huit capillaires ; CEQ^{TM} 2000 DNA Analysis System, Beckman). Cette technique fait appel à la méthode de Sanger (Sanger et al., 1977), tout comme le séquençage manuel, mais diffère de cette dernière par le marquage des amorces qui se fait par fluorescence plutôt que par radioactivité (Annexe IX). Les fragments sont détectés au cours de l'électrophorèse par un laser et la séquence est lue «en direct » et retranscrite directement sous forme de chromatographe dans l'ordinateur.

Couple de sondes	Séquence nucléotidique (5' ® 3')	Température d'hybridation (°C)	Groupe taxinomique
VIVN1U VIVN504L	GAT GAA GTA GAA GTG CCT CAC AGG ACC AAA TAG TT	48	Viverridae *sensu stricto*
VIVN504U VIVN807L	ACA AAC TAT TTG GTC CTG TG CAG TGA GAG GTC AAC GAA	50	Viverridae *sensu stricto* + Herpestidae
VIVN28U	TCT GCC AGY CAG CTT GTG T	51	Civettes terrestres
VIVN30U VIVN543L	GCC AGC CAG CTT GTG TAM T GCC TTG CCA TTT GAG TGG A	52	Viverridae *sensu stricto*
VIVN486U VIVN750L	AAA WGT TCT CAG GAA AAA CA AAC AAG GCA ARA AGT CCA T	48	Viverridae *sensu stricto*
VIVN2U VIVN812L	GAC GAA GGA GAA GTG CCA GTG ACA GGT CAA	50	*Nandinia*
OSB175U OSB341L	CAC TGR GTT TMC CGT GCC T GTW GTC CRT CCA GCC TTT C	50	*Genetta* + *Osbornictis*
OSB339U OSB508L	TTG AAA GGC TGG AYG GAC TGC CAC ARG ACC AAR TAG	48	*Genetta* + *Osbornictis*
HERP5U HERP459L	AAG TAG CAR TGY CTT MCT C ACT GCY GCT RTA GTA ATT C	50	Herpestidae

.Tableau 5. Liste des couples de sondes utilisés pour l'amplification de TR-i-I. Les lettres U et L correspondent respectivement au brin haut (Upper) et au brin bas (Low) de l'ADN nucléaire. Les numéros indiquent la position en 5' de l'oligonucléotide suivant une numérotation établie à partir de la première base des séquences alignées sous ClustalX (Thompson et al., 1997), puis à l'œil sous BioEdit version 5.0.6 (Hall, 1999). Les lignes horizontales en pointillés indiquent que le couple de sondes est en fait constitué d'un triolet (par exemple, PG-L106 a été employé à la fois avec PG-H239 et PG-H311, suivant les cas).

Le séquençage manuel a été utilisé afin d'obtenir les séquences partielles de TR-i-I pour les spécimens de collection (racines dentaires) de *Osbornictis piscivora* et *Genetta victoriae*, leurs amplifiats respectifs demeurant illisibles par séquençage automatique. Le protocole classique de marquage radioactif des amorces au [ä^{33}P] dATP, puis de traitement des produits de PCR par exonucléase avant la réaction de séquence (équivalante à une PCR simple brin), a été appliqué (Annexe X). Une température d'hybridation « consensuelle » de 50°C (série d'amplifiats issus de plusieurs couples d'amorces) a été utilisée.

Les séquences issues du séquençage automatique ont été lues sous le logiciel CEQ^{TM} Sequencing software (Beckman, 1998), l'ensemble des séquences étant ensuite intégré et géré sous BioEdit version 5.0.6 (Hall, 1999).

2. Analyses phylogénétiques

2.a. Traitement des matrices de caractères

Les différents caractères, de quelque nature qu'ils soient, ont été traités comme non ordonnés, non orientés (le groupe externe servant à l'orientation des caractères) et non pondérés, afin de ne pas introduire d'hypothèses évolutives *a priori*.

Les séquences de cytb ont été alignées manuellement sous BioEdit. Les séquences de TR-i-I ont d'abord été alignées par l'intermédiaire du logiciel ClutalX (Thompson et al., 1997) en utilisant les paramètres par défaut, puis ajustées à la main, les indels (suivant la définition de Simmons & Ochoterena, 2000) ne posant pas de problèmes d'alignement particulier (cf Walton et al., 2000).

Certaines séquences incomplètes (dont trois avoisinent 50 % de données manquantes pour TR-i-I) ont été conservées pour l'analyse car concernant des taxons cruciaux, parfois uniquement représentés par du matériel de collection.

2.b. Algorithmes de reconstruction et modèles d'évolution moléculaire

Le jeu de données morphologiques a été analysé suivant la méthode de parcimonie (Hennig, 1950 ; 1969), qui repose sur un principe d'économie d'hypothèses. L'arbre phylogénétique est reconstruit en favorisant les histoires évolutives qui minimisent le nombre de transformations (pas). L'approche cladiste vise à identifier les états plésiomorphes (primitifs) et apomorphes (dérivés), le partage de ces derniers entre taxons (synapomorphies) servant à identifier les groupes monophylétiques (Darlu & Tassy, 1993). L'algorithme de

parcimonie reste le seul réellement valable pour reconstruire la phylogénie des taxons à partir de caractères morphologiques discrets, même si des modèles de maximum de vraisemblance commencent à être proposés (Lewis, 2001).

Les jeux de données moléculaires ont, quant à eux, fait l'objet d'analyses de parcimonie, de distance et de maximum de vraisemblance.

La méthode phénétique (ressemblance globale) dite du « Neighbor-joining » (NJ ; cf Saitou & Nei, 1987) a été utilisée dans le cadre de l'analyse des données moléculaires. Cette méthode d'agglomération consiste à reconstruire l'arbre de longueur minimum, c'est-à-dire l'arbre minimisant la somme des longueurs estimées entre les unités évolutives (Saitou & Nei, 1987 ; Studier & Keppler, 1988). Cette méthode est largement employée dans le cadre des analyses de jeu de données moléculaires car 1/ elle n'impose pas l'hypothèse d'horloge moléculaire (à la différence de l'UPGMA, par exemple) et 2/ de par son algorithme de reconstruction, elle permet une analyse rapide de larges jeux de données.

La méthode du maximum de vraisemblance (ML ; cf Edwards, 1972, Felsenstein, 1973 et 1981) a également été utilisée dans le cadre de l'analyse des données moléculaires. Cette méthode suppose que les évènements évolutifs se déroulent de façon stochastique et que les transformations de caractères obéissent à certains modèles d'évolution définis *a priori*. La finalité du processus est de sélectionner l'arbre et les longueurs de branches les plus probables eu égard aux observations effectuées sur l'ensemble du jeu de données et au modèle fixé en amont de l'analyse heuristique (Darlu & Tassy, 1993).

Les trois méthodes de reconstruction ont été exécutées sous PAUP* Beta version 4.0b2 (Swofford, 2001). L'analyse de parcimonie a été effectuée en utilisant les options « ACCTRAN » (ACCelerated TRANsformation ; optimisation des transformations ambiguës le long de l'arbre en favorisant les réversions par rapport aux parallélismes), « TBR branch-swapping » (Tree Bisection-Reconnection ; réarrangement en deux sous-arbres disjoints durant la recherche de l'arbre le plus parcimonieux) et « random Stepwise Addition » (10 réplicats ; permutation aléatoire des taxons à chaque nouvelle recherche de l'arbre le plus parcimonieux). La vraisemblance des 56 modèles d'évolution moléculaire (méthode ML) implémentés dans le logiciel ModelTest version 3.06 (Posada & Crandall, 1998) a été testée par rapport à nos différents jeux de données, puis le modèle et les paramètres sélectionnés ont été utilisés dans le cadre de l'analyse heuristique et du NJ.

2.c. Estimation de l'homoplasie et du « signal » phylogénétique, et combinaison des différents jeux de données

Un ensemble de procédures a été envisagé afin d'estimer l'homoplasie et le «signal» phylogénétique des jeux de données respectifs. Les méthodologies employées sont variées, dépendantes qu'elles sont des caractéristiques de l'ensemble des jeux de données à combiner et de la problématique traitée. Concernant les analyses phylogénétiques, nous renvoyons le lectorat à la partie III-RESULTATS & DISCUSSION afin qu'il dispose d'une méthodologie détaillée au cas par cas.

L'estimation de l'homoplasie a été effectuée dans le but d'identifier les jeux de données véhiculant une information phylogénétique « fiable » de ceux pouvant induire des reconstructions phylogénétiques erronées. Pour ce faire, un ensemble de procédures a été utilisé. L'indice de Cohérence (« Consistency index » de Kluge & Farris, 1969), qui équivaut au rapport entre le nombre minimum de pas nécessaires à expliquer les états de l'ensemble des caractères sur l'arbre et le nombre observé de pas, a été utilisé. Cet indice a aussi été employé afin d'estimer l'homoplasie des caractères. Il représente dans ce cas le rapport (nombre d'états du caractère – 1) / (nombre de pas observés sur l'arbre pour le caractère).
L'indice de Rétention (« Retention index » de Farris, 1989), qui représente le rapport entre le nombre total d'homoplasies observables et le nombre total d'homoplasies observées, a également été utilisé pour l'estimation de l'homoplasie globale de l'arbre. Ce dernier indice corrige le biais induit par les autapomorhies et le nombre de taxons inclus dans l'analyse auquel l'indice de Cohérence est sensible.

Pour les jeux de données moléculaires, nous avons estimé la saturation absolue (Philippe et al., 1994) de façon «grossière», c'est-à-dire en ne distinguant que deux types de substitutions, à savoir d'une part les transitions, et d'autre part les transversions. La mesure de la saturation absolue consiste en la comparaison des matrices de distances patristiques (inférées) et observées, le nombre de substitutions inférées continuant à augmenter grandement alors que le nombre de substitutions observées devient constant lorsque le jeu de donnée est saturé. Nous n'avons pas appliqué une analyse des courbes de saturation pour chaque type de substitution, bien que les courbes ont été démontrées non homogènes au sein des transitions mêmes, la transition C-T étant caractérisée par une forte saturation par rapport à A-G (pour un exemple chez les Bovidae, cf Hassanin *et al*., 1998b, et Hassanin & Douzery, 1999). Toutefois, notre approche ne vise pas à estimer la saturation des substitutions afin d'élaborer des stratégies de pondération *a posteriori*, mais simplement à estimer la fiabilité d'un jeu de données (bruit *versus* information phylogénétique). En outre, les positions

(codons pour les gènes codants) ou les substitutions saturées sont souvent porteuses de la majorité de l'information pour la reconstruction de l'arbre phylogénétique (Björklund, 1999; Källersjo *et al*., 1999).

L'estimation du « signal » phylogénétique a été également entreprise. Sous la dénomination de « signal » phylogénétique, terme couramment usité pour désigner la partie de l'information phylogénétique qui apporte une structuration solide à l'arbre reconstruit (au contraire du « bruit »), nous entendrons plutôt définir une structuration du signal qu'un signal phylogénétique à proprement parler. Pour ce faire, nous avons notamment utilisé l'option « Random trees » de PAUP* afin d'évaluer la fréquence de distribution des longueurs des arbres pour un sous-ensemble d'arbres échantillonnés au hasard à partir de l'ensemble des arbres possibles (Hillis, 1991). L'asymptotie de la fréquence des distributions reflète la structuration du signal. Plus la distribution est « biaisée » vers la partie des arbres les plus longs (« left-skewed »), plus la structuration du signal (= « phylogenetic signal » de Hillis, 1991) est importante pour le jeu de données.

L'utilisation de contraintes topologiques reflétant une topologie inférée à partir d'un jeu de données défini et imposée à un autre jeu de données peut également servir à évaluer la structuration du signal d'un jeu de données par rapport à un autre, et par là même, le conflit entre les signaux véhiculés par ces mêmes jeux de données. Par exemple, un nombre de pas supplémentaires significatif pour obtenir l'arbre contraint par rapport à l'arbre le plus parcimonieux signifie que les deux jeux de données sont incongruents (cf III.2. pour la nature des tests employés). Par contre, l'absence de conflit peut signifier tout simplement l'absence d'une structuration forte du signal chez l'un des jeux de données.

Aussi, l'estimation du « signal » phylogénétique et des conflits entre les jeux de données est liée. Le conflit entre les jeux de données n'a pas été évalué afin de servir d'outil de décision à la combinaison des données ou non en une analyse de Total Evidence (Kluge, 1989), mais plutôt dans le but d'estimer le degré de conflit entre les jeux de données, comme recommandé par Liu & Miyamoto (1999). Le test ILD (« Incongruence Length Difference » de Farris et al., 1995) a été utilisé via l'option « Partition Homogeneity Test » implémentée dans PAUP*. Ce test estime de façon statistique le conflit entre les jeux de données, et repose sur l'estimation de la différence entre la longueur de l'arbre le plus parcimonieux issu de la combinaison des deux jeux de données originaux et la longueur de l'arbre le plus parcimonieux issu de la combinaison de matrices de même taille mais constituées par ré-échantillonnage au hasard à partir des deux matrices initiales. Ce test est sensible à la

présence des caractères non variables, qui doivent être exclus, surtout dans le cas où le nombre de caractères variables entre les deux matrices est différent (Cunningham, 1997).

Dans la même optique, l'indice de Bremer partitionné (« Partitioned Bremer support » (PBS) de Baker & DeSalle, 1997) a été estimé pour les jeux de données combinés via le logiciel TreeRot. V2 (Sorenson, 1997). Le PBS permet de visualiser la contribution respective des différentes partitions du jeu de données aux nœuds, et ainsi de mettre en évidence les conflits entre partitions et leur « comportement » lors de l'analyse combinée (DeSalle & Brower, 1997 ; Baker et al., 1998). La méthode de calcul des PBS repose sur le même principe que celle de l'indice de Bremer (Bremer, 1988). Le support au nœud d'une partition est estimé en comparant le nombre de pas caractérisant ladite partition sur l'arbre le plus parcimonieux issu de l'analyse combinée au nombre de pas sur l'arbre le plus parcimonieux ne contenant pas le nœud en question. La différence entre ces deux longueurs représente le support de la partition pour ce nœud.

L'incongruence entre les jeux de données a aussi été estimée en comparant les supports des nœuds entre les différents arbres phylogénétiques obtenus. Les supports des nœuds ont été estimés via l'indice de Bremer (Bremer, 1988) et les valeurs de bootstrap (Felsenstein, 1985), en supposant que les valeurs de bootstrap reflètent le signal phylogénétique (Mason-Gammer & Kellog, 1996; Flynn & Nedbal, 1998). Le support des nœuds a également été estimé en pratiquant le test de significativité des longueurs de branches (« likelihood ratio test of branch length » implémenté sous PAUP* ; Felsenstein, 1993). De plus, la répétabilité des clades suivant les différentes méthodes de reconstruction (parcimonie, phénétique et maximum de vraisemblance) est considérée ici comme un critère de fiabilité des nœuds (Russo et al., 1996; Springer et al., 2001).

Aussi, notre approche a consisté en l'estimation de l'homoplasie véhiculée par les différents jeux de données, la caractérisation de la structuration du signal, et l'évaluation du support des nœuds pour les topologies issues des différents algorithmes de reconstruction. L'arbre phylogénétique final représentant l'histoire des taxons est dans notre cas une représentation des relations phylogénétiques dont les nœuds sont soutenus soit par l'ensemble de l'information phylogénétique (congruence globale), soit par le jeu de données le plus pertinent pour le niveau de résolution considéré. Dans le cas où des jeux de données donneraient des relations phylogénétiques incongruentes et fortement soutenues, l'arbre final ne devrait pas proposer de branchements résolus pour les taxons impliqués à ces nœuds. Notre approche est donc une méthode différente de celles proposées pour tenter de « gérer » les incongruences entre jeux de données et / ou topologies (e.g., « Conditional Data

Combination » de Bull et al., 1993; repris par Flynn & Nedbal, 1998 ; et « Combinable-Component consensus » de Bremer, 1990; repris par Lanyon, 1993).

2.d. Recherche d'aires et d'états de caractères ancestraux, et test des corrélations caractères – habitat

Nous avons tenté d'estimer les aires et états de caractères ancestraux de certaines structures morphologiques en nous appuyant sur les phylogénies établies. Pour ce faire, différentes méthodes, utilisant soit des procédures cladistiques soit des tests d'hypothèses dans un cadre de maximum de vraisemblance, ont été utilisées, et leurs résultats confrontés. Ces méthodes d'inférence d'états à partir de phylogénies établies sont très sensibles à la représentativité de l'échantillonnage taxinomique, et c'est pour cela que nous n'avons appliqué une telle approche que dans le cas du genre *Genetta*, pour lequel l'échantillonnage a été exhaustif. De telles méthodes nécessitent également de disposer d'une phylogénie aux nœuds significativement soutenus.

Nous avons utilisé deux procédures cladistiques distinctes. Tout d'abord, la méthode des « Aires ancestrales », proposée par Bremer (1992). Chaque aire ou structure morphologique est considérée comme un caractère binaire et est optimisée sur le cladogramme suivant la parcimonie de Camin & Sokal (1965), qui n'autorise pas de réversion de l'état dérivé vers celui considéré comme ancestral. La méthode de Bremer se base sur la confrontation du test de deux hypothèses nulles. La première hypothèse nulle consiste à considérer que l'aire ancestrale du groupe monophylétique étudié est identique à l'aire actuelle. Ainsi, les taxons non représentés dans l'aire ancestrale sont considérés comme ayant subi une perte à partir de l'état ancestral. Inversement, la deuxième hypothèse nulle consiste à considérer que l'aire ancestrale du groupe monophylétique étudié ne correspond pas à l'aire actuelle. Ainsi, les taxons sont représentés sur l'arbre comme ayant subi un gain à partir de l'aire ancestrale. Si l'ensemble des pertes est plus important que l'ensemble des gains, alors la première hypothèse nulle est rejetée puisque moins parcimonieuse, et l'aire testée est exclue des aires ancestrales possibles. Par contre, si le nombre global de gains est supérieur au nombre global de pertes, la seconde hypothèse nulle est rejetée puisque moins parcimonieuse, et l'aire est supposée appartenir à l'aire ancestrale. La probabilité pour laquelle une aire a le plus de chance de représenter l'aire ancestrale est donc exprimée par le rapport du nombre total de gains sur le nombre total de pertes. Cette méthode a été curieusement sous-employée jusqu'à aujourd'hui. Elle fut critiquée par Ronquist (1994) pour son optimisation basée sur la

parcimonie de Camin & Sokal plutôt que celle de Wagner (Kluge & Farris, 1969 ; Farris, 1970).

Nous avons employé en deuxième lieu la méthode d'estimation des états de caractères ancestraux implémentée dans le logiciel MacClade version 4.0 (Maddison & Maddison, 2000), qui se base sur la parcimonie de Wagner, autorisant les réversions (Swofford & Maddison, 1987). L'algorithme utilisé effectue une optimisation aux noeuds basée sur une lecture des états de caractères le long de l'arbre de haut en bas, puis de bas en haut (Swofford & Maddison, 1987 ; Cunningham et al., 1998). Cette optimisation se fait suivant deux règles :

-Règle 1 : si, à partir d'un noeud, les deux noeuds « descendants » partagent un même état, alors on assigne au noeud de départ l'état partagé.

-Règle 2 : si, à partir d'un noeud, aucun état n'est partagé avec les deux noeuds « descendants », alors on assigne au noeud de départ l'ensemble des états non partagés (« ambiguous reconstruction »).

Afin d'évaluer l'état final à chaque noeud, on prend en compte l'estimation au noeud issue du sens de lecture de bas en haut, et les estimations issues du sens de lecture de haut en bas pour les deux noeuds « descendants ». De ces trois estimations, on choisit l'état de caractère majoritaire. Si aucun n'est majoritaire, alors la reconstruction de l'état de caractère ancestral final est considérée comme ambiguë. Cette méthode est très couramment usitée dans le but de reconstruire l'histoire évolutive des structures morphologiques ou tester certaines hypothèses évolutives relatives aux patrons de coloration, notamment (e.g., Johnson, 1999 ; Ortolani, 1999).

Toutefois, certains auteurs ont émis des réserves quant à la fiabilité de telles estimations basées sur des procédures cladistiques (Frumhoff & Reeve, 1994 ; Schultz et al., 1996), et Swofford & Maddison (1987) soulignent eux-mêmes que la complexité inhérente à la reconstruction des états de caractères ancestraux devrait faire considérer ces estimations avec prudence, voire plus de recul. En effet, la parcimonie, qui vise à minimiser le nombre d'évènements évolutifs et qui considère que les probabilités de pertes et de gains sont les mêmes, peut être une procédure inappropriée lorsque les taux d'évolution sont rapides ou que la probabilité de perte, par exemple, est plus élevée que celle de gain (cf Omland (1997) pour le monochromatisme chez les canards), ces deux conditions pouvant également être cumulées (Pagel, 1994 ; Cunningham et al., 1997). Une pondération asymétrique du sens des transformations des états de caractères (gains et pertes non équiprobables) a été proposée afin d'évaluer à partir de quel poids l'estimation de l'état ancestral à un noeud donné devient différente de celle obtenue avec pertes et gains équiprobables (Omland, 1997 ; Ree &

Donoghue, 1999), cette méthode ayant même servi à estimer la robustesse des estimations d'états aux nœuds (Belshaw & Quicke, 2002). Toutefois, les résultats issus de cette méthode de pondération restent difficilement interprétables puisque sous-tendus par des hypothèses *a priori* émises sur les mécanismes évolutifs qui régissent l'évolution des caractères concernés (e.g., les caractères ou structures complexes ne peuvent pas être acquis à nouveau, après avoir été perdus une fois ; cf Simpson (1953) et sa reformulation de la loi de Dollo).

Des estimations d'états de caractères morphologiques ancestraux (pour caractères binaires) suivant le principe du maximum de vraisemblance ont été proposées depuis quelques années comme une alternative aux méthodes de parcimonie (Pagel, 1994 ; 1999 ; Belshaw & Quicke, 2002). Nous avons utilisé le logiciel Discrete 4.0 (Pagel, 2000) afin de confronter les estimations issues des méthodes de parcimonie à celles basées sur le principe de maximum de vraisemblance. En guise de brève description (le détail de l'analyse est donné au § III-2.b.1.), Discrete implémente une chaîne de Markov dans un cadre ML. L'avantage de cette méthode est qu'elle tient compte les longueurs de branche et que l'incertitude dans la reconstruction des états ancestraux est prise en compte pour chaque estimation. Les estimations des états de caractère ancestraux et le test de leur significativité se font en effectuant la somme des valeurs de vraisemblance pour tous les états possibles à chaque nœud de l'arbre phylogénétique (Pagel, 1994 ; 2000). Cunningham (1999) recommande une certaine prudence quant à l'interprétation des résultats issus de telles analyses basées sur l'utilisation des longueurs de branches comme estimation temporelle, les longueurs des branches internes pouvant être sous-estimées lorsque les gènes sont saturés (Fitch & Beintema, 1990 ; Cunningham et al., 1998). De plus, lors de radiations adaptatives, les évènements évolutifs sont susceptibles d'apparaître très rapidement et de façon simultanée. Dans un tel contexte, les analyses en maximum de vraisemblance peuvent sous-estimer le nombre de transformations apparues au sein des branches internes et les placer après que la radiation a eu lieu (Cunningham, 1999).

Nous avons également testé la corrélation entre certains caractères morphologiques diagnostiques (espèces du genre *Genetta*) et l'habitat. Nous avons encore une fois basé nos estimations sur des méthodes de parcimonie et de maximum de vraisemblance.

Nous avons tout d'abord utilisé le «concentrated-changes test » (Maddison, 1990), tel qu'implémenté dans MacClade, afin de déterminer si la distribution d'un état de caractère le long d'un arbre est significativement corrélée à un type d'habitat. Nous avons ainsi testé si les gains et les pertes pour un caractère morphologique sont significativement plus « concentrés » sur les branches « caractérisées » par un type d'habitat particulier (cf § III-2.b.1.).

Nous avons aussi utilisé Discrete afin d'estimer dans un cadre ML si la probabilité de changement des états de caractère morphologique était dépendante de celle des types d'habitat (Pagel, 1994). Le principe repose sur une comparaison entre les valeurs de vraisemblance de deux modèles par rapport aux données initiales. Le premier modèle « autorise » les deux caractères (morphologie et habitat) à évoluer indépendamment l'un de l'autre, alors que le second modèle fixe une évolution corrélée entre ces caractères. L'hypothèse de non-corrélation des caractères est rejetée lorsque le modèle d'évolution corrélée s'accorde significativement mieux aux données que le modèle d'évolution indépendante (Pagel, 1994 ; 2000) (cf § III-2.b.1.).

2.e. Estimation des temps de divergence

Afin d'estimer les temps de divergence entre taxons, nous avons tout d'abord testé l'hypothèse de l'horloge moléculaire sur nos arbres phylogénétiques. Pour ce faire, nous avons utilisé l'option de PAUP* « enforce molecular clock » (dans « Likelihood settings ») afin de construire un arbre de ML contraint par un taux d'évolution constant. La significativité des différences entre les longueurs de branche des deux arbres (contraint et non contraint) a ensuite été évaluée par le test de Kishino-Hasegawa (Kishino & Hasegawa, 1989).

L'estimation des temps de divergence à partir des données fossiles est potentiellement sujette à une sous-estimation causée par le manque de documentation du registre fossile lui-même (Marshall, 1990; Flynn, 1996), et par la corrélation négative entre le taux d'évolution moléculaire et le temps de divergence (Wayne et al., 1989), notamment due aux phénomènes de saturation des sites.

Afin d'estimer les temps de divergence dans un contexte de maximum de vraisemblance, nous avons utilisé une extension du logiciel Qdate (Rambaut & Bromham, 1998), Rhino, qui permet de considérer un ensemble de taxons supérieur aux quatre fixés dans la version originale (cf Cooper et al., 2001, et Paxinos et al., 2002). L'utilisation du logiciel Rhino nécessite que l'hypothèse d'horloge moléculaire ne soit pas rejetée. Il ne prend en compte qu'une seule date de calibration par analyse, mais présente l'avantage de fournir un intervalle de confiance pour chaque estimation au nœud, intervalle reflétant les erreurs possibles apparaissant lors du processus de reconstruction phylogénétique ainsi que la stochasticité de l'horloge moléculaire (Rambaut & Bromham, 1998). Il permet en outre d'évaluer et d'utiliser un ensemble de paramètres ML, tels que le modèle et le taux d'évolution moléculaire (information sur les commandes disponible à http://evolve.zoo.ox.ac.uk/).

III- RESULTATS & DISCUSSION

1. Taxinomie et répartition : délimitations interspécifiques et limites d'aires géographiques au sein des Viverrinae

Nous avons choisi dans un premier temps d'estimer les limites interspécifiques sur la base combinée de caractères morphologiques discrets et d'aires de répartition, des aires en partie sympatriques entre des taxons aux délimitations douteuses pouvant apporter un argument supplémentaire à l'attribution d'un statut spécifique. L'imbroglio taxinomique régnant au sein de la sous-famille, et en particulier pour le genre *Genetta*, nécessitait notamment une approche diversifiée de la question.

Une telle approche n'avait auparavant jamais été appliquée puisque les travaux des trente dernières années traitant de la taxinomie du groupe se sont basés soit sur des analyses morphométriques couplées à une observation succincte des patrons du pelage (principalement les colorations, de valeur adaptative) (cf Crawford-Cabral, 1973, 1981c, 1981b, Crawford-Cabral & Pacheco, 1992, et Crawford-Cabral & Fernandes, 2001, pour les genettes), soit sur une prise en compte de quelques caractères dits diagnostiques mais sans réelle vision exhaustive de la problématique « Viverrinae » (cf de Beaufort, 1965a et b, pour le genre *Poiana* ; Skinner & Smithers, 1990, pour les Viverrinae d'Afrique du sud; Agrawal et al., 1992, pour *Viverra zibetha*; Sokolov et al., 1997, pour *Viverra tainguensis* ; Rosevear, 1974, et Grubb et al., 1998, pour les Viverrinae d'Afrique de l'ouest ; Powell & Van Rompaey, 1998, pour les genettes du Delta du Niger ; Kock et al., 2000, pour *Civettictis civetta*). L'examen des collections des muséums européens nous a permis d'observer directement tous les représentants de la sous-famille des Viverrinae, même si certains restent très faiblement représentés en collection. Les travaux de Schlawe (1980 ; 1981), publiés en allemand, relève d'une démarche similaire à celle suivie dans le cadre de ce chapitre (observation des caractères discrets et étude de la répartition basée sur les spécimens de collection), mais il porte uniquement sur la taxinomie du genre *Genetta* et les caractères morphologiques diagnostiques utilisés n'y sont pas clairement identifiés. En outre, les données concernant la répartition des taxons sont dans notre cas agrémentées de nouvelles sources d'information puisqu'elles prennent en compte les nouveaux spécimens entrés en collection et incluent les échantillons conservés dans les banques ADN.

Nous nous bornerons ici à questionner les limites interspécifiques, le matériel à disposition (échantillonnage taxinomique) étant parfois trop peu représentatif pour permettre d'évaluer les patrons de variabilité au sein des espèces, cette variabilité étant en outre très souvent habitat-dépendante (coloration du pelage ; cf Crawford-Cabral (1981c) pour les genettes à large aire de répartition). De plus, l'étude de la structuration intraspécifique relève d'une autre problématique et d'une autre méthodologie que celles abordées ici dans un cadre macroévolutif. Elle reste toutefois complémentaire de notre analyse phylogénétique du genre *Genetta*. Aussi, l'étude de la phylogéographie de deux espèces à large aire de répartition (*G. genetta* et *G. maculata*) est menée par ailleurs en collaboration avec C.A. Fernandes (School of Biosciences, Cardiff ; résultats non présentés ici).

L'objectif de notre démarche est également de tester « l'utilité » des collections des muséums, en estimant leur capacité à refléter la représentation de l'aire de répartition des taxons (cette représentation étant évaluée à partir d'un ensemble de données issues à la fois des collections internationales et des données de terrain). Les spécimens en collection donnent aussi l'occasion de mieux connaître les habitats et / ou d'étendre l'aire de répartition d'une espèce, ce qui peut se révéler particulièrement intéressant dans le cas des espèces rares et à la biologie mal connue, suscitant un intérêt de conservation. Une partie importante des spécimens en collection n'a jamais fait l'objet de publications particulières. Aussi, l'un des buts de notre travail sera d'exploiter et de rendre disponibles certaines données encore non publiées. Les limites interspécifiques établies suite à cette première phase d'investigation seront ensuite testées, dans la mesure du possible, sur la base de caractères moléculaires (cytochrome *b*).

Les représentants du « Large-spotted Genet complex » (Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981c ; Crawford-Cabral & Pacheco, 1992) sont de plus sujets à un imbroglio nomenclatural qui complique encore la taxinomie du groupe, déjà confuse (cf Crawford-Cabral & Fernandes, 1999). En effet, le nom *Viverra maculata* Gray, 1830 (actuellement *Genetta maculata*), est considéré comme non valide par certains auteurs (Crawford-Cabral, 1970, 1973, 1981c; Rosevear, 1974; Coetzee, 1977; Ansell, 1978; Grubb *et al*., 1998) puisque homonyme primaire plus récent de *Viverra maculata* Kerr, 1972 (actuellement *Dasyurus maculatus* ; Dasyuromorphia). Toutefois, le type porte-nom de l'autre espèce usité pour désigner la «Rusty-spotted Genet », à savoir *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855, s'est avéré correspondre à une espèce différente de genette, la genette de Villiers (*Genetta thierryi* Matschie, 1902 ; cf Schlawe, 1981, Crawford-Cabral, 1981c, et Crawford-Cabral & Pacheco,

1992). Aussi, devant cette situation nomenclaturale complexe, mais dont la clarification restait nécessaire afin de proposer une classification stable des genettes, un effort particulier a été effectué pour le cas du « Large-spotted Genet complex ».

Cette première phase de notre travail est donc un préalable indispensable à l'analyse phylogénétique qui suivra, en cela qu'elle permet de définir les « limites » (considérations morphologiques et biogéographiques) entre les taxons qui seront impliqués dans la reconstruction des liens de parenté. Elle ne constitue toutefois pas la fin en soi de notre étude, puisque la nature et la validité des limites taxinomiques établies seront ensuite testées dans un cadre phylogénétique grâce au matériel moléculaire.

1.a. Article 1

An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the Aquatic Genet.

P. Gaubert, G. Veron, M. Tranier

Publié dans

African Small Mammals (Denys, C., Granjon, L. & Poulet, A. eds.), IRD ed., collection Colloques et séminaires, Paris (2001) : pp. 81-89.

An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae) with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet

Philippe Gaubert

Géraldine Veron

Michel Tranier

Introduction

The Viverrinae subfamily remains a controversial taxonomic group. Therefore, it has been subjected to many systematic reappraisals, mostly based on morpho-anatomical considerations (GRAY, 1864; MIVART, 1882; POCOCK, 1915; GREGORY and HELLMAN, 1939; WOZENCRAFT, 1989). Moreover, phylogenetic relationships within this group, although poorly considered, are liable to discussions and opposite scenarii have been proposed (POCOCK, 1915; GREGORY and HELLMAN, 1939; PETTER, 1969; KINGDON, 1977; CRAWFORD-CABRAL, 1993; VERON, 1995).

Some taxa (notably members of the genera *Genetta* and *Poiana*) are also subject to doubtful specific delimitations (ROSEVEAR, 1974;

SCHLAWE, 1981; CRAWFORD-CABRAL, 1981a and b; CRAWFORD-CABRAL and PACHECO, 1992; CRAWFORD-CABRAL, 1993; WOZENCRAFT, 1993; KINGDON, 1997), often due to a lack of diagnostic characters in their initial descriptions. As a consequence, the current Viverrinae classifications fail to propose similar taxa sets, both from quantitative or qualitative viewpoints (GRZIMEK, 1990; NOWAK, 1991; WOZENCRAFT, 1993; KINGDON, 1997).

We can easily imagine the headache that the Viverrinae –and especially the genets– may represent for people concerned by their identification and classification, that is to say naturalists and/or collection curators. With the aim to clarify interspecific limits within the genus *Genetta*, we undertook an exhaustive examination of morpho-anatomical characters. Although previous identification keys related to the genets do already exist (COETZEE, 1971; ROSEVEAR, 1974; CRAWFORD-CABRAL, 1981b), diagnostic characters which are proposed (craniometrical measures, coat colours, spots pattern, etc.) generally seem not easily applicable to species differentiation. Thus, two identification keys (one based on cranial characters and the other one based on coat characters) are here presented for the genus *Genetta*.

Material and methods

Most of the specimens used in the present study belong to the Paris Natural History Museum (MNHN) collections (Laboratoire de Zoologie: Mammifères et Oiseaux, and Laboratoire d'Anatomie comparée), but the Musée Royal de l'Afrique centrale of Tervuren (MRAC) and the London Natural History Museum (NHML) also allowed us to complete our taxonomic set.

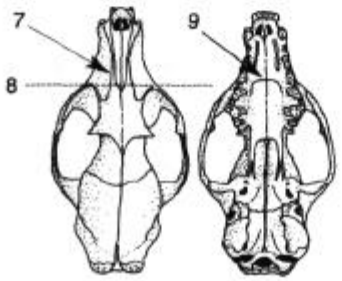
Characters taken into account to discriminate each taxon (skull and coat) were at first determined on non-ambiguously delimited species (the so-called « genet-like » species as *Osbornictis piscivora*, *Prionodon linsang* and *Prionodon pardicolor*, and also some genet species as *Genetta johnstoni*, *Genetta victoriae* and *Genetta thierryi*), and then applied to the other taxa.

Results

Identification keys

Cranial characters

1. *Foramen magnum*: – compressed ..... *G. johnstoni*
   – not compressed 2
2. *Fronto-nasal suture*: – bilobate ..... *G. thierryi*
   – unilobate 3
3. *Sagittal crest:* – absent 4
   – present 6
4. *Postorbital process:* – strong 5
   – weak 8
5. *Postero-accessory cusp (P_2):* – present ..... *G. abyssinica*
   – absent ..... *G. tigrina*
6. *Entotympanic bone:* – not inflated ..... *G. "rubiginosa"*
   – inflated 7
7. *Premaxillo-frontal contact:* – present ..... *G. pardina*
   – absent ..... *G. angolensis*
8. *Fronto-nasal suture:* – subsequent to the upper border of the lachrymal bone ..... *G. genetta*
   – at the level of the upper border of the lachrymal bone 9
9. *Maxillo-palatine suture:* – subsequent to the P^3 main cusp ..... *G. victoriae*
   – aligned with the P^3 main cusp ..... *G. servalina*



Coat characters

1. *Mid-dorsal line:* – clear in the middle and dark-bordered 2
   – discontinuous 3
   – continuous and down stroke 4

2. *Spots of the first latero-dorsal row:*
   – merged in a continuous line .....*G. abyssinica*
   – merged only in the back part .....*G. thierryi*

3. *Pair of wide median nuchal stripes:* – absent.....*G. servalina*
   – present .....*G. victoriae*

4. *Tip of the tail:* – clear.....*G. genetta*
   – dark 5

5. *Upper labial spots*: – small and not very contrasting ...*G. johnstoni*
   – wide and very contrasting.....6

6. *Upper part of the hind leg*: – poorly spotted .....*G. tigrina*
   – extensively spotted 7

7. *Width of the spots of the first latero-dorsal row*:
   – wider than the mid-dorsal line .....*G. "rubiginosa"*
   – equal to the mid-dorsal line 8

8. *Spots of the first latero-dorsal row:*
   – not merged .....*G. pardina*
   – merged only in the back part .....*G. angolensis*

Reconsideration of Osbornictis piscivora *(Allen, 1919) plantar pads description*

Our exhaustive examination of morpho-anatomical characters (applied to a large set of Viverrinae) allowed us to reconsider the plantar pads description of *Osbornictis piscivora*, as ALLEN (1924) did not mention the presence of the metatarsal pads (nomenclature from POCOCK, 1915) in his type-specimen illustration. The examination of the specimen 87-68-M1 (MRAC) permits to determine distinct metatarsal pads, even if they seem merged with the hairless plantar structure (fig.1).

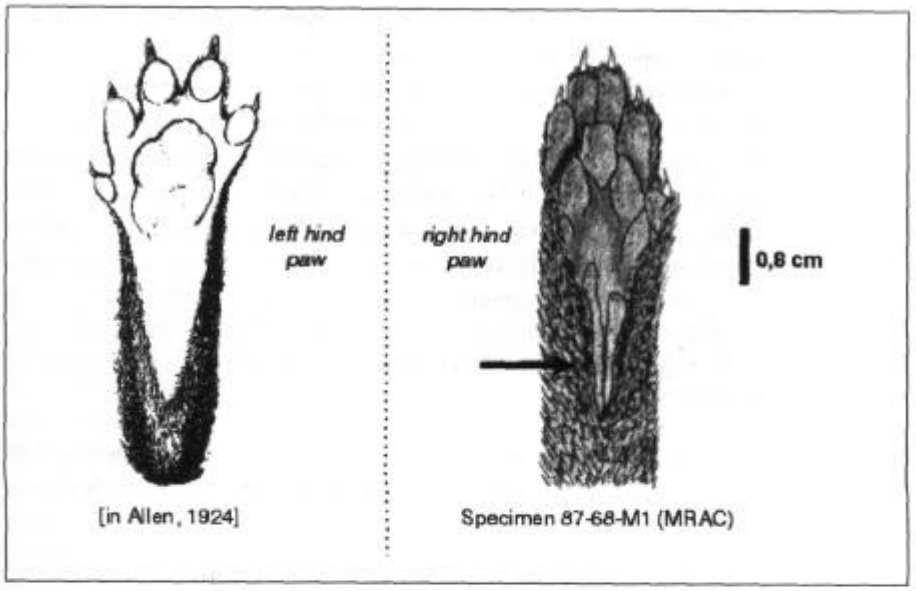


Figure 1
Allen illustration (left) (Allen, 1924 : by courtesy of the American Museum of Natural History) and new illustration (right) of the *Osbornictis piscivora* plantar pads.

Discussion

Regarding the genet "species" that occur in the identification keys, we must clarify some taxonomic points. Indeed, the observation of diverse characters led us to make associations and discriminations within some still status-debated taxa:

– no distinction between *Genetta genetta* (Linné, 1758), *Genetta felina* (Thunberg, 1811) and *Genetta senegalensis* (Fischer, 1829) was allowed on the basis of the observed qualitative characters (skull, teeth and skin). The same can be said in the case of *Genetta angolensis* Bocage, 1882 and *Genetta mossambica* Matschie, 1902. These conclusions disagree with those of several recent authors. *Genetta felina* and *Genetta genetta* are considered as distinct species by SCHLAWE (1981), as well as *Genetta genetta* and *Genetta senegalensis* by ROSEVEAR (1974), but the phenotypic differentiations on which these distinctions are based (colour variations and measurements) are

far less sufficient to definitely diagnose them as valid species, like it was suggested by the authors themselves. *Genetta mossambica* has been previously considered as a valid species, and COETZEE (1971) included it in his identification key of the genus *Genetta*. However, the characters used to discriminate *Genetta mossambica* from *Genetta angolensis* are obviously incorrect (for instance, respectively "spots small" and "large spots"; see SCHLAWE's photographs (1981) for illustrated arguments) and probably due to the scarcity of *Genetta mossambica* specimens in Museum collections. Their distinction is also suggested in the identification key of CRAWFORD-CABRAL (1981b), even if the author noticed the great similarity between the habitus of the two "forms".

– on the other hand, the case of *Genetta servalina* is inconclusive as no specimens of *Genetta cristata* Hayman, 1940 were included in this study.

– the distinction between *Genetta pardina* I. Geoffroy Saint Hilaire, 1832 and *Genetta "rubiginosa"* Pucheran, 1855 (see CRAWFORD-CABRAL, 1981a and b; CRAWFORD-CABRAL and PACHECO, 1992), both grouped in the single species *Genetta maculata* (Gray, 1830) by WOZENCRAFT (1993), is confirmed by an important divergence related to cranial characters (GAUBERT *et al.*, in prep.). These considerations, complicated by the fact that *Genetta rubiginosa* is the senior synonym of *Genetta thierryi* (SCHLAWE, 1981; CRAWFORD-CABRAL and FERNANDES, 1999), should involve further nomenclatural modifications (GAUBERT *et al.*, in prep.). But in order to keep the discussion clear, we have chosen to refer to the most commonly accepted nomenclature of the genus (CRAWFORD-CABRAL, 1981b; WOZENCRAFT, 1993).

Secondly, we must specify that some juvenile character states - even present in post-juvenile specimens- can interfere with the identification keys utilisation:

– (1) the sagittal crest is absent, that is to say temporal muscles insertion crests form quite a large area (a similar observation was noticed for the weasel (*Mustela nivalis*) by KING (1980)).

– (2) the curvature of the maxillo-palatine suture's anterior extension is elongated ahead, which can influence the alignment with the P^3 main cusp.

– (3) the coat is generally more densely spotted. Besides, the spots of the first two latero-dorsal rows are often merged so that they constitute two continuous stripes (observations on stillborn specimens of *Genetta servalina* (1996.318 and 319 - NHML)).

Furthermore, this type of observation permits to point out the morpho-anatomical divergence of *Genetta johnstoni* compared to the other genets characteristics, as its adult morphotype presents some juvenile character states like – among others – (1) and (3).

Finally, the *Osbornictis piscivora* metatarsal pads reconsideration shows that morphological observations are still of interest, especially in the Viverrinae subfamily, for which some accurate structure descriptions remain impossible on the basis of current Museum collections (perineal glands, rhinarium, claws recantation system, etc.). Moreover, the presence of distinct metatarsal pads in *Osbornictis* constitutes an additional evidence of its supposed terrestrial way of life (HART and TIMM, 1978; COLYN and GEVAERTS, 1986; VAN ROMPAEY, 1988; KINGDON, 1997), as the organisation and the morphology of its pads are very close to the structural plan of the genet-like taxa (VERON, 1999) and have suffered no important transformations caused by a hypothetical adaptation to aquatic life in river streams. The bare palms of the so-called Aquatic genet only suggest adaptation to fishing activities (HART and TIMM, 1978).

Conclusions and prospects

Although a special attention to "evident" characters has been paid in this determination work, we shall notice that no hand-made identification keys can pretend to resolve every encountered questions of identification. For instance, very similar species, such as *Genetta pardina* and *Genetta "rubiginosa"*, are hardly distinguishable on the basis of coat characters. However, the keys proposed here proved to be a powerful tool in the relabelling of the genets of the MNHN collections.

This preliminary study constitutes a preamble to a cladistic analysis applied to the Viverrinae subfamily, for which the phylogenetic usefulness of the whole character set observed (non reported here) will be tested.

Moreover, the intrageneric delimitation question within the genus *Genetta* will have to be dealt using coupled methods like genetic divergence, caryology, new determination of morpho-anatomical characters and ecological studies.

Acknowledgements

We are very grateful to Paula Jenkins (Natural History Museum of London) and Wim Van Neer (Musée royal d'Afrique centrale in Tervuren) for giving us access to their viverrine collections. Thanks are due to two anonymous reviewers for useful comments on earlier version of the manuscript. This is a contribution of E.A. 2586 "Systématique et évolution des vertébrés tétrapodes".

References

ALLEN J. A., 1924 — Carnivora collected by the American Museum Congo Expedition. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.*, 47: 73-281.

COLYN M. and GEVAERTS H., 1986 — *Osbornictis piscivora* Allen, 1919, deux nouvelles stations de récolte dans la Sous-Région de la Tshopo (Haut-Zaïre). *Bull. Inst. r. Sci. nat. Belg: Biologie* 56: 9-11.

CRAWFORD-CABRAL J., 1981a — Analise de dados craniométricos no género *Genetta*. *Mem. Junta Invest. Cient. Ultram.*, 62 (2ª sér.): 1-329.

CRAWFORD-CABRAL J., 1981b — The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Boim. Soc. Port. Ciênc. Nat.*, 20: 97-114.

CRAWFORD-CABRAL J., 1993 — A comment on the systematic position of *Poiana*. *Sm. Carn. Cons.*, 9: 8.

CRAWFORD-CABRAL J. and PACHECO A. P., 1992 — Are the large-spotted and the rusty-spotted genets separate species? *Garc. de Ort. sér. Zool.*, 16(1-2): 7-17.

CRAWFORD-CABRAL J. and FERNANDES C., 1999 — A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted genet. *Sm. Carn. Cons.*, 21: 12.

DEKEYSER P. L., 1955 — *Les Mammifères de l'Afrique noire française*. Dakar, Institut d'Afrique noire, 2nd édit., 426 p.

GRAY J. E., 1864 — A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proc. Zool. Soc. Lond.*, 1864: 502-579.

GREGORY W. K. and HELLMAN M., 1939 — On the evolution and major classification of the civets (Viverridae)

and allied fossil and recent Carnivora: a phylogenetic study of the skull and dentition. *Proc. Am. Phil. Soc.*, 81(3): 309-392.

GRZIMEK B., 1990 — *Encyclopedia of mammals*. New York, Mac Graw-Hill, vol. III, 643 p.

HART J. A. and TIMM R. M., 1978 — Observations on the aquatic genet in Zaire. *Carnivore* 1: 130-132.

KING C., 1980 — Age determination in the weasel (*Mustela nivalis*) in relation to the development of the skull. *Z. Säugetierk.* 45: 153-173.

KINGDON J., 1977 — *East african mammals: an atlas of evolution in Africa*. London, Academic Press, vol. III-A, 476 p.

KINGDON J., 1997 — *The Kingdon field guide to african mammals*. San Diego, Academic Press, 464 p.

COETZEE C. G., 1971 — Order Carnivora. Part 8. *In* MEESTER J. and SETZER H. W. (eds): *The mammals of Africa: an identification manual*, Washington, Smithsonian Institution: 1-42.

MIVART St-G., 1882 — On the classification and distribution of the Aeluroidea. *Proc. Zool. Soc. Lond.*, 1882: 135-208.

NOWAK R. M., 1991 — *Walker's mammals of the world*. Baltimore & London, The Johns Hopkins University Press, 5th ed., vol. II, 1629 p.

PETTER G., 1969 — Interprétation évolutive des caractères de la denture des Viverridés africains. *Mammalia*, 33(4): 607-625.

POCOCK R. I., 1915 — On the feet and glands and other external characters of the Viverrinae, with the description of a new genus. *Proc. Zool. Soc. Lond.*, 1915: 131-149.

POCOCK R., 1915 — On some of the external characters of the genus *Linsang*, with notes upon the genera *Poiana* and *Eupleres*. *Ann. Mag. Nat. Hist.* 16(8): 341-351.

ROSEVEAR D. R., 1974 — The Carnivores of West Africa. *Trust. Brit. Mus. (N. H.) Lond.*, 723: 1-548.

SCHLAWE L., 1981 — Material, Fundorte, Text und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. Cuvier, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Zool. Abh. Mus. Tierk. Dresd.*, 37(4): 85-182.

VAN ROMPAEY H., 1988 — *Osbornictis piscivora*. *Mammalian species*, 309: 1-4.

VERON G., 1995 — La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia*, 59(4): 551-583.

VERON G., 1999 — Pads morphology in the Viverridae (Carnivora). *Acta Ther.* 44(4): 363-376.

WOZENCRAFT W. C., 1989 — Classification of the recent Carnivora. *In* GITTLEMAN J. L. (ed): *Carnivore behavior, ecology, and evolution*, New York, Cornell University Press: 569-593.

WOZENCRAFT W. C., 1993 — Order Carnivora. *In* WILSON D. E. and REEDER D. M. (eds): *Mammal species of the world*, Washington & London, Smithsonian Institution Press: 279-348.

. Synthèse et commentaires

Ce premier article a permis de proposer deux clés de détermination (crâne et patrons du pelage) pour les espèces traditionnellement définies au sein du genre *Genetta* (cf Wozencraft, 1993). Certains caractères, comme les caractères discrets du crâne et les contrastes du patron du pelage, sont clairement délimités et utilisés pour la première fois en tant que caractères diagnostiques : aplatissement du foramen magnum, forme de la suture fronto-nasale, inflation de l'os entotympanique caudal par rapport à l'os ectotympanique, contact prémaxillaire-frontal, position relative des sutures fronto-nasale et maxillo-palatine (par rapport à l'os lacrymal et à la cuspide principale de P^3, respectivement), contraste des taches supra-labiales et densité de la répartition des taches de la partie supérieure des cuisses. La distinction morphologique entre les espèces *G. pardina* et *G. maculata* (*G. « rubiginosa » sensu* Crawford-Cabral & Fernandes, 1999) est ici pour la première fois confirmée sur la base de caractères morphologiques discrets clairement établis. L'observation d'individus représentatifs d'un large éventail de classes d'âge a enfin permis d'identifier trois caractères, parfois utilisés comme diagnostiques (élargissement de la crête sagittale, courbe de la suture maxillo-palatine et densité de la répartition des taches dorsales), dont l'état est très fortement lié à l'âge des individus.

Ce travail a également permis de « rapprocher » la genette aquatique *Osbornictis piscivora* (« Genet-like taxa ») du genre *Genetta*, puisqu'une structure des coussinets identique à celle caractérisant les genettes a été mise en évidence. Les affinités phylogénétiques de la genette aquatique restent quant à elles à tester.

Toutefois, ce travail préliminaire, initié en DEA, souffre d'une sous-représentation des spécimens observés pour certaines espèces (*G. johnstoni, G. abyssinica, G. angolensis, G. tigrina, G. victoriae*), pouvant mener à une estimation biaisée de la validité des caractères (variabilité intraspécifique, modifications post-préparation des individus). Beaucoup de clarifications taxinomiques restaient encore à effectuer et ne purent être abordées, notamment en ce qui concerne le «Large-spotted Genet complex », les limites entre *G. angolensis* et *G. mossambica* ainsi qu'entre *G. servalina* et *G. cristata*, et l'espèce à large aire de répartition *G. genetta*. En outre, la nomenclature relative à la « Rusty-spotted Genet » n'avait pas encore été clarifiée. Ces derniers points ont été par la suite approfondis au cours de notre travail de thèse, grâce notamment à une observation exhaustive de grandes séries de spécimens.

Nous nous attèlerons, dans le travail suivant constitué de deux articles, à proposer une résolution du problème nomenclatural *G. maculata / G. «rubiginosa »*, afin de pouvoir par la

suite envisager une révision taxinomique du genre axée sur les taxons les plus problématiques constituant le « Large-spotted Genet complex » (incluant *G. maculata*) et les formes de forêts rapprochées du complexe (*G. poensis, G. genettoides, G. « pardina » schoutedeni, G. bini*).

1.b. Article 2

Case 3204. *Viverra maculata* Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; Mammalia, Carnivora): proposed conservation of the specific name

P. Gaubert, M. Tranier, G. Veron, D. Kock, A. E. Dunham, P. J. Taylor, C. Stuart, T. Stuart, W.C. Wozencraft

Publié dans

Bulletin of Zoological Nomenclature, 60 : 45-47. (2003)

Case 3204

Viverra maculata Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; Mammalia, Carnivora): proposed conservation of the specific name

P. Gaubert[1], M. Tranier[1], G. Veron[1], D. Kock[2], A.E. Dunham[3], P.J. Taylor[4], C. Stuart[5], T. Stuart[5] and W.C. Wozencraft[6]
(Addresses on p. 00)

Abstract. The purpose of this application, under Article 23.9.5 of the Code, is to conserve the specific name of *Viverra maculata* Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; family VIVERRIDAE) for a species of African genet (a placental carnivore). The name is a junior primary homonym of *Viverra maculata* Kerr, 1792 (currently *Dasyurus maculatus*), which is used for a marsupial mammal commonly known as the tiger quoll (family DASYURIDAE). However, the names apply to taxa that have not been considered congeneric since the early 19th century.

Keywords. Nomenclature; taxonomy; Carnivora; VIVERRIDAE; *Genetta maculata*; *Dasyurus maculatus*; rusty-spotted genet; Africa.

---

1. Gray (1830, p. 9) described a new nominal species of African genet, which he named *Viverra maculata* (now *Genetta maculata*; family VIVERRIDAE). This species is commonly called the rusty-spotted genet (see Crawford-Cabral, 1981).

2. *Viverra maculata* Gray, 1830 is a junior primary homonym of *Viverra maculata* Kerr, 1792 (p. 170), a name used for a marsupial (the tiger quoll) that is now known scientifically as *Dasyurus maculatus* (family DASYURIDAE). This has led some authors to regard the junior name as invalid (see Crawford-Cabral, 1970, 1973, 1981; Rosevear, 1974; Coetzee, 1977; Ansell, 1978; Grubb et al., 1998). This was indeed the case until 2000, but the current edition of the Code (Article 23.9.5) prescribes that the case should be referred to the Commission to conserve the name *Genetta maculata* (Gray, 1830).

3. *Viverra maculata* Kerr, 1792 (marsupial mammal) and *Viverra maculata* Gray, 1830 (placental mammal) apply to taxa that have not been considered congeneric since the early 19th century. Indeed, Geoffroy St-Hilaire (1803, 1804) considered *Viverra maculata* Kerr, 1792 (the name of the marsupial mammal) to be a senior synonym of his own name *Dasyurus macrourus* Geoffroy St-Hilaire, 1803. From that time onwards, the marsupial species was included in the genera *Dasyurops* or *Dasyurus* (see Haltenorth, 1958; Mahoney & Ride, 1988; Groves, 1993) rather than in the genus *Viverra*. *Viverra maculata* Gray, 1830 (the name of the placental mammal) was considered by Gray (1843) to be a junior synonym of *Genetta senegalensis* (Fischer, 1829), but this was incorrect. Since Gray (1843), the nominal species *Viverra maculata* Gray, 1830 has not been placed in *Viverra* (see Matschie, 1902; Schwartz, 1930; Schlawe, 1981).

4. There has been long debate about which specific name should be attributed to the species that is known in the vernacular as the rusty-spotted genet. The name

Genetta rubiginosa Pucheran, 1855, which was commonly in use, can no longer be used since the type specimen associated with this name has been found to belong to another species that is currently known as *Genetta thierryi* Matschie, 1902 (see Schlawe, 1981; Crawford-Cabral, 1981; Crawford-Cabral & Fernandes, 1999; Gaubert et al., 2001). The only available name that has also been used to denote this species, either by including other species (see Schlawe, 1981; Fuller et al., 1990; Wozencraft, 1993; Angelici et al., 1999; Angelici, 2000) or exclusively (see Gaubert et al., 2002), is *G. maculata* (Gray, 1830).

5. The International Commission on Zoological Nomenclature is accordingly asked:

(1) to use its plenary power to rule that the specific name *maculata* Gray, 1830, as published in the binomen *Viverra maculata* (family VIVERRIDAE), is not invalid by reason of being a junior primary homonym of the specific name *maculata* Kerr, 1792, as originally published in the binomen *Viverra maculata* (family DASYURIDAE);

(2) to place on the Official List of Specific Names in Zoology the name *maculata* Gray, 1830, as originally published in the binomen *Viverra maculata* (family VIVERRIDAE), ruled in (1) above to be not invalid by reason of being a junior primary homonym of the name *Viverra maculata* Kerr, 1792 (family DASYURIDAE).

References

Angelici, F.M. 2000. Food habits and resource partitioning of Carnivores (Herpestidae, Viverridae) in the rainforests of South-eastern Nigeria: preliminary results. *Revue d'Ecologie (Terre Vie)*, **55**: 67–76.

Angelici, F.M., Grimod, I. & Politano, E. 1999. Mammals of the Eastern Niger Delta (Rivers and Bayelsa States, Nigeria): An environment affected by gas-pipeline. *Folia Zoologica*, **48**(4): 249–264.

Ansell, W.F.H. 1978. *The Mammals of Zambia*. 126 pp. The National Parks & Wildlife Service, Chilanga, Zambia.

Coetzee, C.G. 1977. Order Carnivora. Part 8 *in* Meester, J. & Setzer, H.W. (Eds.), *The mammals of Africa: an identification manual*. Smithsonian Institution Press, Washington D.C.

Crawford-Cabral, J. 1970. As genetas da Africa Central. *Separata do Bolletim do Instituto de Investigaçao Cientifica de Angola*, **6**(1): 3–33.

Crawford-Cabral, J. 1973. As genetas da Guiné Portuguesa e de Moçambique. *"Livro de Homenagem" ao Professor Fernando Frade Viegas da Costa 70.° aniversario*, **Separata**: 133–155.

Crawford-Cabral, J. 1981. The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolletim da Sociedade portuguesa de Ciências Naturals*, **20**: 97–114.

Crawford-Cabral, J. & Fernandes, C. 1999. A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted Genet. *Small Carnivore Conservation*, **21**: 12.

Fuller, T.K., Biknevicius, A.R. & Kat, P.W. 1990. Movements and behavior of large spotted genets (*Genetta maculata* Gray 1830) near Elmenteita, Kenya (Mammalia Viverridae). *Tropical Zoology*, 3: 13–19.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. 2001. An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic Genet. Pp. 81–89 *in* Denys, C., Granjon, L. & Poulet, A. (Eds.), *African small mammals*. Paris.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. 2002. Genets and 'Genet-like' taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zoological Journal of the Linnean Society*, **134**: 317–334.

Geoffroy Saint-Hilaire, E. 1803. Note sur les espèces du genre Dasyure. *Bulletin de la Société Philomatique de Paris*, **3**(81): 258–259.

Geoffroy Saint-Hilaire, E. 1804. Mémoire sur les espèces du genre Dasyure. *Annales du Muséum d'Histoire Naturelle de Paris*, **3**: 353–363.

Gray, J. 1830. *Spicilegia Zoologica*. 12 pp. Treüttel, Würtz, London.

Gray, J. 1843. *List of the specimens of Mammalia of the British Museum*. 216 pp. British Museum, London.

Groves, C.P. 1993. Order Dasyuromorphia. Pp. 29–42 *in* Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Eds.), *Mammal species of the world*. Smithsonian Institution Press, Washington & London.

Grubb, P., Jones, T.S., Davies, A.G., Edberg, E., Starin, E.D. & Hill, J.E. 1998. *Mammals of Ghana, Sierra Leone and the Gambia*. 256 pp. Trendrine Press, St. Ives, Cornwall.

Haltenorth, T. 1958. Klassifikation der Säugetiere, 1 (1. Ordnung Kloakentiere, Monotremata Bonaparte, 1838. 2. Ordnung Beuteltiere, *Marsupialia* Illiger, 1811 [= *Didelphia* Blainville, 1816]). *Handbuch der Zoologie*, **8**(16): 1–40.

Kerr, R. 1792. *The Animal Kingdom, or zoological system, of the celebrated Sir Charles Linnaeus; Class 1. Mammalia. . .*, vol. 1. 400 pp. Murray & Faulder, London.

Mahoney, J.A. & Ride, W.D.L. 1988. Dasyuridae. Pp. 14–33 *in* Walton, D.W. (Ed.), *Zoological Catalogue of Australia. Vol. 5. Mammalia*. Australian Government Publishing Service, Canberra.

Matschie, P. 1902. Ueber die individuellen und geographischen Abänderungen der Ginsterkatzen. *Verhandlungen des V internationalen Zoologen-Congresses zu Berlin*, **1901**: 1128–1144.

Rosevear, D. 1974. *The Carnivores of West Africa*. 548 pp. British Museum (Natural History), London.

Schlawe, L. 1981. Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zoologische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde in Dresden*, **37**(4): 85–182.

Schwartz, E. 1930. Die Sammlung afrikanischer Säugetiere im Congo-Museum. Ginsterkatzen (Gattung *Genetta* Oken). *Revue de Zoologie et de Botanique Africaine*, **19**(2): 275–286.

Wozencraft, W.C. 1993. Order Carnivora. Pp. 279–348 *in* Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Eds.), *Mammal species of the world*, Smithsonian Institution Press, Washington & London.

Acknowledgement of receipt of this application was published in BZN **58**: 161.

[1]*Muséum National d'Histoire Naturelle, Laboratoire Zoologie: Mammifères & Oiseaux, 55 rueBuffon, F-75005 Paris, France*

[2]*Forschungsinstitut Senckenberg, Senckenberg-Anlage 25, D-60325 Frankfurt am Main, Germany*

[3]*Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, NY 11794, U.S.A.*

[4]*Durban Natural Science Museum, PO Box 4085, Durban 4000, Republic of South Africa*

[5]*African-Arabian Wildlife Research Centre, PO Box 6, Loxton 6985, Republic of South Africa*

[6]*Division of Natural Sciences, Bethel College, 1001 W. McKinley Ave., Mishawaka, IN 46545, U.S.A.*

Comments on this case are invited for publication (subject to editing) in the *Bulletin*; they should be sent to the Executive Secretary, I.C.Z.N., c/o The Natural History Museum, Cromwell Road, London SW7 5BD, U.K. (e-mail: iczn@nhm.ac.uk).

1.c. Article 3

Nomenclatural comments on the Rusty-spotted Genet (Carnivora, Viverridae) and designation of a neotype

P. Gaubert, M. Tranier, G. Veron, D. Kock, A. E. Dunham, P. J. Taylor, C. Stuart, T. Stuart, W.C. Wozencraft

Publié dans

Zootaxa, 160 : 1-14. (2003)

Zootaxa 160: 1-14 (2003)
www.mapress.com/zootaxa/
Copyright © 2003 Magnolia Press

ISSN 1175-5326 (print edition)
ZOOTAXA
ISSN 1175-5334 (online edition)

160

Nomenclatural comments on the Rusty-spotted Genet (Carnivora, Viverridae) and designation of a neotype

PHILIPPE GAUBERT[1*], MICHEL TRANIER[1], GERALDINE VERON[1], DIETER KOCK[2], AMY E. DUNHAM[3], PETER J. TAYLOR[4], CHRIS STUART[5], TILDE STUART[5] & CHRIS W. WOZENCRAFT[6]

[1] *Département Systématique et Evolution, Unité Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité – USM 301, Muséum National d'Histoire Naturelle, Laboratoire Zoologie: Mammifères & Oiseaux, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France*

[2] *Forschungsinstitut Senckenberg, Senckenberg-Anlage 25, D-60325 Frankfurt am Main, Germany*

[3] *Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, NY 11794, USA*

[4] *Durban Natural Science Museum, PO Box 4085, Durban 4000, Republic of South Africa*

[5] *African-Arabian Wildlife Research Centre, PO Box 6, Loxton 6985, Republic of South Africa*

[6] *Division of Natural Sciences, Bethel College, 1001 W. McKinley Ave., Mishawaka, IN 46545, USA*

** corresponding author - email: gaubert@mnhn.fr*

Abstract

The first purpose of this paper is to designate a neotype for *Genetta maculata* (Gray, 1830), a genet belonging to the "*tigrina-pardina*" complex (family VIVERRIDAE) and lacking a type locality. The main aim is to stabilize the classification for this complex and provide a definitive base for naturalists and field workers. The name *G. maculata* (Gray, 1830) is currently less in use than *G. rubiginosa* Pucheran, 1855, but the type specimen of the latter is an individual of another species, *G. thierryi* Matschie, 1902. The second purpose is therefore to conserve the name *G. thierryi* Matschie, 1902 following prevailing usage.

Key words: Nomenclature, taxonomy, Carnivora, VIVERRIDAE, *Viverra*, Rusty-spotted Genet, *Genetta maculata*, neotype, *Genetta rubiginosa*, *Genetta thierryi*, Ethiopia

Introduction

Gray (1830, p. 9) described a new species of African genet in his *Spicilegia Zoologica*, naming it *Viverra maculata*, and providing an illustration (t. 9) of the type specimen, which he placed at first in the family FELIDAE Fischer, 1817, subdivision "Viverrina".

Accepted: 7 March 2003; published: 12 March 2003

The specimen was kept alive in the London Menagerie at the Tower, and its type locality was vaguely delimited as "Africa Boreali". Since the description of the species, much confusion, partly due to Gray's further publications, and concerning both the identification of the species to which the type specimen should be related and its location of origin, led to a systematic imbroglio, as already discussed by Rosevear (1974), Schlawe (1981), Crawford-Cabral & Pacheco (1993) and Crawford-Cabral & Fernandes (1999). Gray (1843) later considered *V. maculata* as a junior synonym of *Genetta senegalensis* (Fischer, 1829) - in fact a junior synonym of *Genetta genetta* (Linnaeus, 1758) - thus supposing North Africa or Senegal as the type locality of the prior. *V. maculata* was next considered by Gray (1864; 1869) to be a junior synonym of *G. vulgaris* (Lesson, 1827) - *nomen nudum* as simply a renaming of *G. genetta* (see Matschie, 1902, and Rosevear, 1974) - expanding the possible distribution of the taxon to "South Europe, North Africa, and Asia". The genus *Genetta* was at that time placed in the family VIVERRIDAE Gray, 1821.

Thus, *V. maculata* Gray, 1830, has long suffered from an imbroglio related to its type locality. Schlawe (1981) referred to an unpublished work of Gray, dating from 1829, in which is illustrated a captive specimen of "*Genetta afra*", kept at the Tower of London Menagerie and originating from "n. Barbary". Coupled with the imprecise location of the type specimen and further erroneous publications by Gray himself, this could explain the current confusion prevailing on the type locality of *V. maculata*. Actually, Matschie (1902) first restricted its origin to Northern Africa. Then Schwarz (1930) tentatively presumed its origin to be Senegal, although deriving his view "by a pure guess" (Rosevear, 1974). Even though no information was at that time available in order to locate the original type locality (Schlawe, 1981), the assumption by Schwarz has been a reference point for the majority of subsequent authors dealing with *G. maculata*, thus further contributing to the existing confusion. In addition, the type-specimen is not present in the collections of the Natural History Museum, London (BMNH) and is considered as lost or having never been registered (Schlawe, 1981). Further, *V. maculata* has to be considered as a *nomen dubium* for two reasons: 1/ lack of a type specimen allowing to determine the taxonomic identity of its nominal species group (Article 75.5 of the International Code of Zoological Nomenclature (1999); all next Articles and Recommendations invoked in the text will refer to the ICZN, 4th edition) and 2/ type locality undetermined (with the same consequence). But in accordance with Article 11, the name still remains available.

In addition, *Viverra maculata* Gray, 1830, is a junior primary homonym of *Viverra maculata* Kerr, 1792 (p. 170; *The Animal Kingdom, or zoological system, of the celebrated Sir Charles Linnaeus; Class 1. Mammalia…* London: J. Murray & R. Faulder, Vol. 1, 400 pp.), a name used for a marsupial that is now known as *Dasyurus maculatus*. This has led some authors to regard the junior name as unavailable (Crawford-Cabral, 1970, 1973, 1981; Rosevear, 1974; Coetzee, 1977; Ansell, 1978; Grubb *et al*., 1998).

The situation becomes even more complicated when considering some other proximate species of genets and literature usage. *Genetta maculata* (Gray, 1830), *Genetta tig-*

 © 2003 Magnolia Press

rina (Schreber, 1776), *Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832, and *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855, usually grouped under the name "Blotched" or "Large-spotted Genets", have been variously evaluated by authors dealing with African small Carnivores, these taxa exhibiting very similar morphological characters. Crawford-Cabral & Pacheco (1992) called them the "*tigrina-pardina*" complex. Because *V. maculata* Gray, 1830, was usually not considered a valid name, and next available names for the Blotched Genets had ambiguous taxonomic statuses (e.g. *Genetta poensis* Waterhouse, 1838 and *Genetta genettoides* Temminck, 1853) and *G. amer* Gray, 1843 is *nomen nudum* (see Schlawe, 1981), the majority of authors then referred to the Rusty-spotted Genet as *G. rubiginosa* Pucheran, 1855, even though its type locality was at that time the same as *G. tigrina* (Cape of Good Hope). On the other hand, many authors also tended to consider the Rusty-spotted Genet as a subspecies of the so-called Blotched (or Large-spotted) Genet *G. tigrina*. Since the craniometrical analysis by Crawford-Cabral (1981) and Crawford-Cabral & Pacheco (1992) and morphological investigations by Gaubert *et al*. (2001; 2002), the status of the "Blotched / Rusty-spotted" Genets has been clarified, leading to the conclusion that there are -at least- three separate species. The fact that some authors continued to regard *G. maculata* as a synonym of *G. pardina* (Rosevear, 1974; Schlawe, 1981) was mainly due to the uncertain origin of the *V. maculata* type specimen (the type locality for *G. pardina* is "interior of Senegal"). According to Crawford-Cabral (1981) and Crawford-Cabral & Pacheco (1992), and as followed by Powell & Van Rompaey (1998), West African forest-zone populations belong to the species *G. pardina*, while populations east of the Volta River are a distinct species (the Rusty-spotted Genet). *G. tigrina* is considered to be confined to the coastal area of the former Cape Province and southern Kwazulu-Natal of South Africa (Schlawe, 1980), its precise geographical delimitations from the Rusty-spotted Genet being unknown (Crawford-Cabral, 1981). The distribution of *G. maculata* does not extend into the south-western part of South Africa (it is absent from Cape of Good Hope).

The purpose of this paper is to stabilize the classification within the Large-spotted Genet complex and provide a definitive base for naturalists and field decision-makers involved in the management of African small Carnivores. For this purpose, a case has been made to the International Commission on Zoological Nomenclature (case 3204) to conserve the junior primary homonym *Viverra maculata* Gray, 1830 according to Article 23.9.5. The nomina *Viverra maculata* Kerr, 1792 and *Viverra maculata* Gray, 1830 apply to taxa not considered congeneric since a period preceding 1899 (see Haltenorth, 1958; Mahoney & Ride, 1988, for the marsupial, and Matschie, 1902; Schwartz, 1930; Schlawe, 1981, for the placental). The description of a neotype for *G. maculata* is thus justified, being the only available name that has been used for designating the species (apart from *G. rubiginosa*; but see below) either partially (i.e. including other species: Schlawe, 1981; Fuller *et al*., 1990; Wozencraft, 1993; Angelici *et al*., 1999; Angelici, 2000) or strictly (Gaubert *et al*., 2002).

© 2003 Magnolia Press

Justification for keeping the species name *maculata* as valid for designating the Rusty-spotted Genet and description of a neotype

Validity of the original description of Viverra maculata *by Gray (1830)*

Gray's original publication both provided a short Latin diagnosis and an English description which were considered confusing by the principal authors who next dealt with the validity of the name *V. maculata*. The Latin diagnosis is not very detailed but supplied two important diagnostic characters: "*maculis dorsalibus longe quadratis*" (elongated and squared dorsal spots) and "*apice saturate fusca*" (tip [of the tail] black), from which the synonymy of *G. maculata* and *G. genetta* can no longer be supported: *G. genetta* exhibits partially and longitudinally fused spots (not squared) in the first dorsal rows and its tail tip is whitish (Coetzee, 1977; Crawford-Cabral, 1981; Gaubert et al., 2001). Matschie (1902) and Rosevear (1974) pointed out that the English description provided by Gray did not fit either with the Latin diagnosis or with the illustration of the type specimen: "But Gray's Latin diagnosis gives the spots as in 6 rows with scattered round spots on the flanks. In view of the English description this could logically be taken as meaning a total derived from two sides of 3 each. The accompanying illustration, however, clearly shows 6 well-defined rows of independent spots on a single side" (Rosevear, 1974). In addition to the questionable interpretation of the Latin diagnosis made by Rosevear, this last remark cannot be maintained when one pays detailed attention to the type iconography, because the spots of the flanks are not laid out as "well-defined rows", especially towards the posterior part of the body (Fig. 1b). Besides, diagnostic characters (i.e. fixed characters) within genet species can only be related to the two or three dorsal rows of spots, because considerable variation occurs within the pattern and disposition of the flank spots.

Moreover, Rosevear stated that the illustration did not "bear out the written description of the tail. The text states that 7 black bands are present, increasing in breadth towards the end. The illustration, however, shows 8 plus a black tip making a total of 9 black bands, which show no appreciable increase of width". It depends upon whether the observer starts counting the dark rings before or after the first light one. Gray probably considered the second option, and then, as the two dark distal rings both overlap over the light one and lead to its quasi-disappearance, he fixed on the number of "seven black bands". Once again intraspecific variation does exist, the species exhibiting from seven to eight dark rings - starting before the first light ring - through its whole range. Rosevear fixed on the number of "9 black bands" because he considered the very poorly marked light distal ring of the type specimen (illustration) as splitting in two the last dark ring. He then suggested that Gray's figure could constitute a representation of *G. afra* (Cuvier, 1825), mostly on the base of tail characters. But the description of *G. maculata* provided by Rosevear (p. 205), e.g. "quadrangular, more or less separate spots", thin tail and large-ringed dark tip, is observable in Gray's type iconography (Fig 1b) whereas this is not true of the description of *G. afra*, Rosevear contradicting himself in the same work.

 © 2003 Magnolia Press

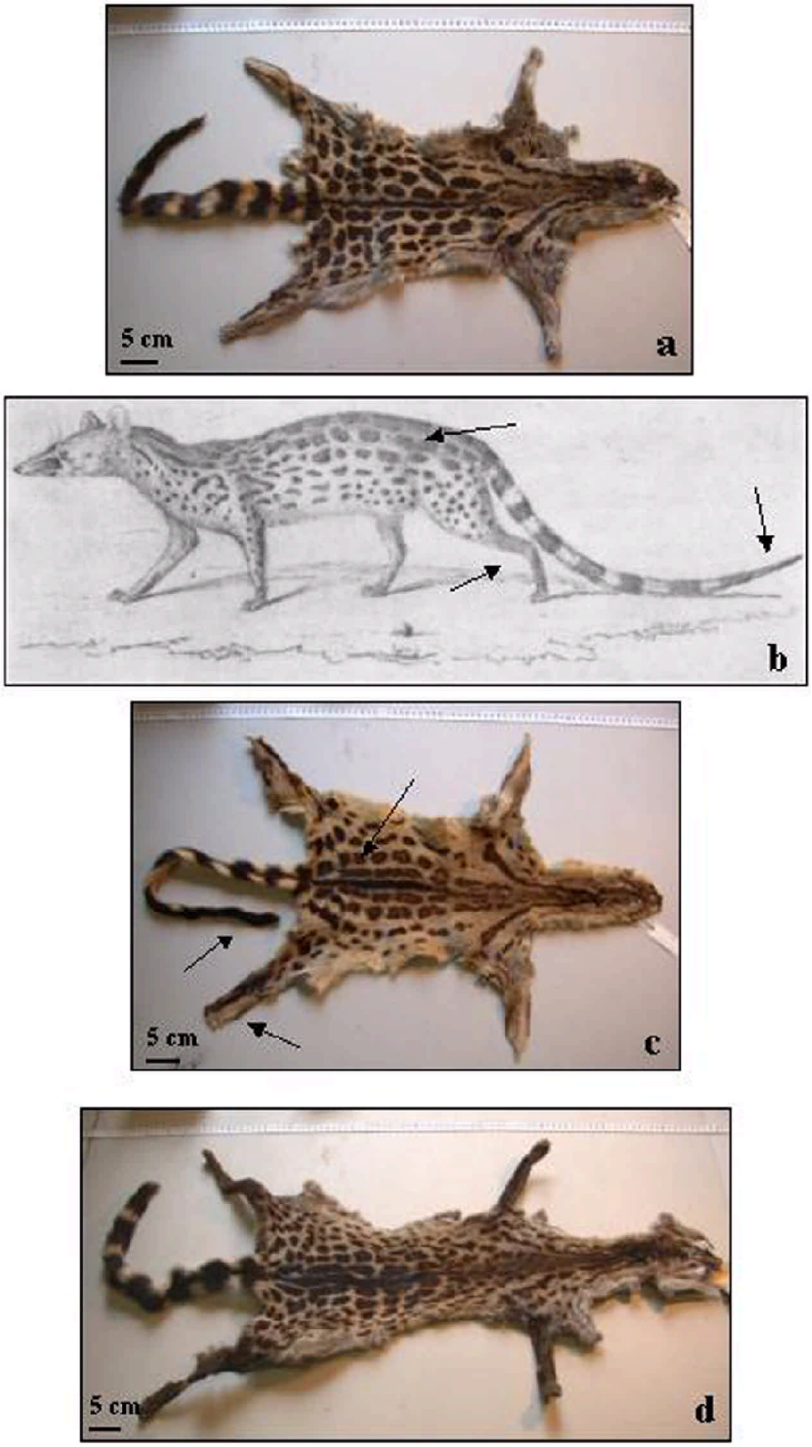


FIGURE 1. *Genetta maculata*, neotype (a; MNHN 1972-395), *Genetta maculata*, iconotype (b; from Gray, 1830), *Genetta maculata* (c; MNHN 1965-338; Cameroon) and *Genetta pardina* (d; MNHN 1977-711; Senegal). Black arrows indicate the diagnostic characters for *G. maculata* as quoted in the text.

 © 2003 Magnolia Press

The subsequent errors provided by Gray's further publications (type specimen of *V. maculata* wrongly related to the Small-spotted Genet *G. genetta*; citing the original description of *V. maculata* as "Zool. Misc. 9, t. 9" in 1864 and 1869) can be explained in several ways. First, the description was probably from a live specimen, since Gray never referred to its presence as a preserved skin or skull in any collections. Alternatively, the specimen could have been lost following its description. Thus, with only a short original description and a single iconographical reference, the author could have mixed up several divergent character states obtained from further observations on other genet species. Paden (1964) also pointed out that Gray's intense activity in describing species led him to publish papers dealing with the same species but failing to refer to original or previous ones. However, all these considerations only concern subsequent publications on *V. maculata*. The original diagnosis remains valid and the "obscurity of definition" stated by Rosevear (1974) can no longer be maintained.

Other species names than maculata *available*

The type-specimen of *G. rubiginosa* is in fact a specimen of a species clearly different from *G. maculata*, namely *G. thierryi* Matschie, 1902 (Schlawe, 1981; Crawford-Cabral & Pacheco, 1992; Gaubert *et al*., 2001). Although Crawford-Cabral & Fernandes (1999) suggested *G. fieldiana* Du Chaillu, 1860, or *G. aequatorialis* Heuglin, 1866, as the valid name for the Rusty-spotted Genet, they proposed waiting for further systematic investigations before taking a decision, as they considered the populations east of the Volta River a probable superspecies (Crawford-Cabral (1981) identified some eight subspecies, but admitted that sub-specific delimitations were sometimes unclear). However, *G. fieldiana* and *G. aequatorialis* have never been used for designating "populations" of the Rusty-spotted Genet since the work of Matschie (1902), and these two taxa were considered by him as possibly belonging to the same species, their ranges (respectively interior of Gabon, and Southern Sudan and southwestern Central African Republic; see Crawford-Cabral, 1981) being relatively close to each other. Thus, using one of these species names for designating the Rusty-spotted Genet, instead of keeping as valid the last name in use *G. maculata*, would be even more confusing for the taxonomy of the Large-spotted Genets. Indeed, the name *G. maculata* has been accepted by several recent authors (Fuller *et al*., 1990; Wozencraft, 1993; Angelici *et al*., 1999; Angelici, 2000; Gaubert *et al*., 2002) and is commonly in use to designate -partially or strictly- the Rusty-spotted Genet. Moreover, usage of the species name *rubiginosa* has been confused for a long time (e.g., not applied in the sense of the name-bearing type for almost 150 years, former type locality [i.e. Cape of Good Hope] irrelevant to the distribution attributed to the species, designated as "*rubiginosa*" by Crawford-Cabral & Pacheco (1992) and then used by further authors even though the invalidity of the species name was known). Maintaining *rubiginosa* for the designation of the Rusty-spotted Genet would further complicate the already confused situation the nomenclature of the Large-spotted Genets is suffering.

 © 2003 Magnolia Press

Description of the neotype of Genetta maculata (Gray, 1830)

We refer to Article 75.3. and follow the particulars fixed by the ICZN in order to designate validly the neotype of *Genetta maculata* (Gray, 1830):

.75.3.1. As explained in the Introduction, the designation of this neotype is done in order to clarify the taxonomy of the Large-spotted Genets by fixing a species name in use for designating the Rusty-spotted Genet (*rubiginosa* being not relevant; see above) and a type locality (which is considered as unknown previously).

.75.3.2. As shown above, the nominal species *G. maculata* bears some clear discriminatory characters allowing for its distinction from the other species of genets and even the other species belonging to the Large-spotted Genet complex.

.75.3.3. and 75.3.5. The proposed neotype is a female specimen (skull and tanned skin), collected 6 km from Hirna (Harrar road, 2180 m), Ethiopia, on 20 March 1971, during the third "Mission en Ethiopie" conducted by J. Dorst. The skull (Fig. 2) exhibits the diagnostic characters of the species: thin and elevated sagittal crest, marked inter-orbital constriction and non-inflated entotympanic bone (Gaubert *et al.*, 2002). Standard measurements (mm) of the skull are provided below, and are defined following Crawford-Cabral (1981) and Crawford-Cabral & Pacheco (1992):

CBL = 87,3. BCB = 28,2. ZYB = 43,0. ITC = 10,5. NAL = 20,9. ROB = 13,5. BIH = 21,0. BTB = 27,9. GDB = 18,6. IPW = 6,6. PAL = 40,0. MOB = 24,3. IOB = 7,0. UTR = 33,1. GDP = 7,9. (CBL = condylo-basal length; BCB: brain-case breadth; ZYB: zygomatic breadth; ITC: intertemporal constriction; NAL: nasals length; ROB: rostrum breadth; BIH: basion-inion height; BTB: bitympanic breadth; GDB: greatest diameter of bullae; IPW: interpterigoid width; PAL: palate length; MOB: M_1-M_1 outside breadth; IOB: I_3-I_3 outside breadth; UTR: upper tooth-row C-M^2; GDP: greatest diameter of P^4).

The coat pattern is also distinctive (Fig. 1a) and fits with the original diagnosis given by Gray in its squared mid-dorsal spots and dark and elongated tail tip ring (resulting from the overlapping of two dark rings over the last light ring). The fact that the first dorsal rows of spots do not coalesce together to form broken lines is in accordance with the type illustration (fig. 1b) and allows the distinction from the similar species *G. tigrina* (in which spots are partially fused; see Gaubert *et al.*, 2001). The light limbs characterizing the iconotype given by Gray (1830) are also a diagnostic character for distinguishing *G. maculata* from both *G. pardina* and *G. tigrina* (both characterized by dark limbs, especially the hind ones; Gaubert *et al.*, 2002; Gaubert, 2003), and are recovered in the neotype. It follows that the type locality "Senegal", as restricted by Schwarz (1930) for the type specimen of *G. maculata*, is clearly erroneous and has to be rejected.

.75.3.4. The type-specimen is believed to be definitely lost, following the work of Schlawe (1981), the personal investigations of P.G. throughout European museums and considering the fact that Gray never mentioned the presence of a putative type-specimen in any collections.

© 2003 Magnolia Press

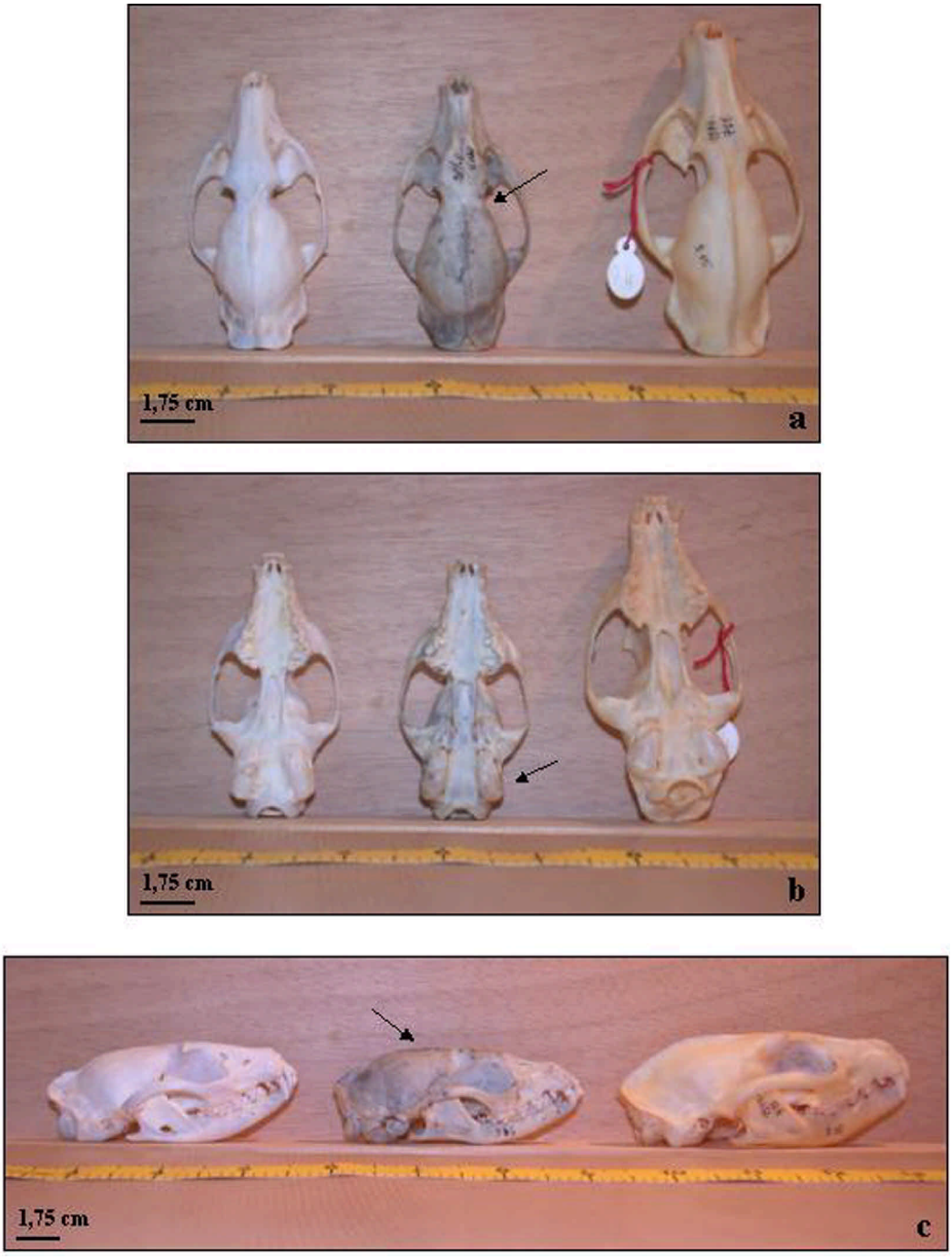


FIGURE 2. *Genetta maculata*, neotype (left; MNHN 1972-395), *Genetta maculata* (middle: MNHN 1907-586; Ethiopia) and *Genetta pardina* (right; MNHN 1977-711; Senegal). Skulls in dorsal view (a), ventral view (b) and lateral view (c). Black arrows indicate the diagnostic characters for *G. maculata* as quoted in the text.

© 2003 Magnolia Press

.75.3.6. As it appears impossible to get new information on the original type locality (Matschie, 1902; Schwarz, 1930; Schlawe, 1981), we propose that a neotype which does not originate from a zone lying near the eastern range boundary of *G. pardina* (Volta River) or northern boundaries of *G. tigrina* (Kwazulu-Natal), be designated. Furthermore, it must not originate from forested regions of Africa since forest "forms" more or less closely related to *G. maculata* are likely to be present (Crawford-Cabral, 1970) and further investigations are required before clarifying their taxonomic status (Gaubert, 2003). All the previous attempts aiming at clarifying the type locality were just based on guesses about which places / regions could have been sufficiently "open" to the European naturalists' field explorations during the 1820s and would have allowed safe shipping from its coasts (see Schwarz, 1930). Schlawe (1981) followed Schwarz's restriction of the original type locality because he considered *G. maculata* as including *G. pardina*, Senegal being therefore a region occupied by the species *sensu* Schlawe. However, the author acknowledged that no information was available in order to locate the original type locality. Thus, it would be completely irrelevant to try to fix a neotype locality as near as possible from the original or restricted type locality. In order to clarify the status of the Rusty-spotted Genet, and in accordance with the Recommendation 76A.1.4., we choose "near Hirna, Ethiopia" (see above) as a unambiguous locality included in the range of the species. *G. maculata* exhibits much coat pattern polymorphism (ground colouration and spot size, which are not diagnostic for the species) throughout its range, and delimiting "subspecies" is very difficult especially since gradation might occur between the different populations (Crawford-Cabral, 1970; Crawford-Cabral, 1981; Gaubert, 2003). That is why trying to identify a putative subspecies from the iconotype supplied by Gray (1830) is vain. However, and according to Article 76.3. the place of origin of the neotype becoming the type locality of *G. maculata*, the taxonomic status of the Rusty-spotted Genets described from Ethiopia, namely *matschiei* Neumann, 1902 and *schraderi* Matschie, 1902, but also from neighbouring countries (*deorum* Funaiolo & Simonetta, 1960), will have to be evaluated in the future in the light of this neotype description.

75.3.7. The type-specimen is deposited and catalogued at the Muséum National d'Histoire Naturelle of Paris (MNHN - CG 1972-395).

Conservation of the junior synonym *Genetta thierryi* Matschie, 1902 over *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855

As already pointed out, the type specimen of *G. rubiginosa* belongs in fact to the species *G. thierryi.* It was wrongly stated as coming from the Cape of Good Hope (South Africa) in Pucheran's original diagnosis, while in fact originating from Senegal. At the time of Pucheran, a confused situation seemed to have prevailed. On an old label, still present on the specimen (CG 1983-715; mounted specimen kept at the MNHN), is written "*Genetta rubiginosa* - Type (Puch.) - M. Verreaux - Afrique", the type locality "Africa" differing

 © 2003 Magnolia Press

from the original diagnosis, even though the labelling was subsequent to the type description. If we refer to the "Ancien Catalogue pour les Carnassiers", then we learn that the specimen was sent by Verreaux in 1829, with this same specified origin of "Africa". However, the individual is said to come from "Cap de Bonne Espérance" (Cape of Good Hope) in the subsequent "Catalogue des Carnassiers et Insectivores", and is not listed in the "Catalogue Général" for the years approaching the publication date of the diagnosis (1850s). Nowadays, the type specimen is still labelled with confusing information, a recently added label specifying: "Cap de Bonne Espérance - 1829 - "Genette du Sénégal"". The genet was actually sent from the Cape of Good Hope by Jules Verreaux, but originated from Senegal. This is not surprising since J. Verreaux, while taking charge of the South African Museum (Cape Town) from 1828 to 1829, still found time to either purchase or gather specimens for himself (Berlioz, 1959; Mearns & Mearns, 1988). At the time the type specimen of *G. rubiginosa* was sent to Paris, J. Verreaux, helped by his brother Edouard, was still actively involved in purchasing specimens through his international web of collaborators (Daszkiewicz, 1999). Concerning the labelling confusion initially induced by the original collector, it is known that "Verreaux sometimes failed to mention the exact locality from which the skin had originated and the firm more than once sent out material completely mislabelled" (Mearns & Mearns, 1988). Thus, and following Schlawe (1981) and Crawford-Cabral & Fernandes (1999), we confirm that the mounted type specimen of *G. rubiginosa* comes from Senegal, since the writings on its base are: "Genette du Sénégal - Envoyée du Cap par J. Verreaux 1829". No further precision concerning the type locality is possible, and the questioning of Schlawe (1981) related to the original tag stating "Cap" ("Terra typica recta - Stufe II: Senegal ("Cap"-Verde?, s. Etikett.)"; p. 157) is misleading, as "Cap" referred to the city (Cape Town) from where the boat left for Paris, carrying the animals stocked by Verreaux.

To the best of our knowledge, the species name *rubiginosa* has never been used to designate the Hausa Genet *G. thierryi*, which fits with Article 23.9.1.1. as one valid reason for discarding the prior name. Although the junior synonym *Pseudogenetta villiersi* Dekeyser, 1949, has quite often been used for the Hausa Genet, we found 27 works published by 19 authors over the past 50 years[1] using the species name *thierryi* for this poorly considered species (fitting with Article 23.9.1.2.). Thus, since the two conditions required in Article 23.9.1. for invoking prevailing usage are met, we follow Article 23.9.2 and state that the younger name *Genetta thierryi* Matschie, 1902 should become the name for designating the Hausa Genet and a *nomen protectum*. As a consequence, the older name *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855 should not be used for designating the species and is a *nomen oblitum*.

The distributional range of the Hausa Genet is a fragmented area covering the woodland savannahs and scattered forests from Senegal to Cameroon (Beaufort, 1965; Schlawe, 1980). The type locality of *G. thierryi* is "Hinterland of Togo, from latitude 9° N. onwards ". *G. villiersi* has its type specimen originating from Messirah, Senegal. No fixed

 © 2003 Magnolia Press

geographic variations has ever been noticed within Hausa Genet populations and the name *G. rubiginosa* (type locality restricted to Senegal) is for the moment not needed for designating an eventual subspecies from Senegal.

Acknowledgements

We are very grateful to Philip Tubbs, Philippe Bouchet, Derek Yalden, Harry Van Rompaey, João Crawford-Cabral, Peter Grubb, Michael Hoffmann, Mark Taylor, Francesco Angelici and Andrew Wakeham-Dawson for their useful comments and fruitful discussions on the early draft of the manuscript. We thank Zhi-Qiang Zhang for efficiency in the reviewing process, and an anonymous reviewer who improved our manuscript.

References

Angelici, F.M. (2000) Food habits and resource partitioning of Carnivores (Herpestidae, Viverridae) in the rainforests of Southeastern Nigeria: preliminary results. *Revue d'Ecologie (Terre Vie)*, 55, 67-76.

Angelici, F.M., Grimod, I. & Politano, E. (1999) Mammals of the Eastern Niger Delta (Rivers and Bayelsa States, Nigeria): An environment affected by gas-pipeline. *Folia Zoologica*, 48 (4), 249-264.

Ansell, W.F.H. (1978) *The Mammals of Zambia*. The National Parks & Wildlife Service, Chilanga, Zambia, 126 pp.

Beaufort, F. de. (1965) Taxinomie et répartition de *Pseudogenetta villiersi* Dekeyser, 1949. *Mammalia*, 59 (2), 281-283.

Berlioz, J. (1957) Les premières recherches ornithologiques françaises en Afrique du Sud. *The Ostrich*, suppl. n°3 (*First Pan-African Ornithological Congress*), 300-302.

Coetzee, C.G. (1977) Order Carnivora. Part 8. In: Meester, J. & Setzer, H.W. (Ed) *1971-1977. The Mammals of Africa: an Identification Manual*, Smithsonian Institution Press, Washington DC.

Crawford-Cabral, J. (1970) As genetas da Africa Central. *Boletim do Instituto de Investigaçao Cientifica de Angola*, 6 (1), 3-33.

Crawford-Cabral, J. (1973) As genetas da Guiné Portuguesa e de Moçambique. *"Livro de Homenagem" ao Professor Fernando Frade Viegas da Costa 70.° aniversario*, 133-155.

Crawford-Cabral, J. (1981) The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Boletim da Sociedade Portuguesa de Ciências Naturais*, 20, 97-114.

Crawford-Cabral, J. & Fernandes, C. (1999) A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted genet. *Small Carnivore Conservation*, 21, 12.

Crawford-Cabral, J. & Pacheco, A.P. (1992) Are the Large-spotted and the Rusty-spotted genets separate species? (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Garcia de Orta, , Série de Zoologia*, 16 (1-2), 7-17.

Daszkiewicz, P. (1999) La Maison Verreaux au XIX Siècle à Paris, plaque tournante des collections naturalistes mondiales. In: Wolf, A.E. & Celecia, J. (Ed) *Sauvages dans la Ville - De l'Inventaire naturaliste à l'Écologie urbaine*, JATBA / Publications scientifiques du Muséum, Paris, pp. 111-129.

Fuller, T.K., Biknevicius, A.R. & Kat, P.W. (1990) Movements and behavior of large spotted genets (*Genetta maculata* Gray 1830) near Elmenteita, Kenya (Mammalia Viverridae). *Tropical Zool-*

 © 2003 Magnolia Press

ogy, 3, 13-19.
Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (2001) An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. In: Denys, C., Granjon, L. & Poulet, A. (Ed) *African Small Mammals*, IRD ed., Paris, pp. 81-89.
Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (2002) Genets and "Genet-like" taxa (Carnivora, Viverrinae) : Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 134, 317-334.
Gaubert, P. (2003) Description of a new species of genet (Carnivora;Viverridae; genus *Genetta*) and taxonomic revision of forest forms related to the Large-spotted Genets. *Mammalia*, 67 (1).
Gray, J. (1830) *Spicilegia Zoologica*, Treüttel, Würtz and Co, London, 12 pp.
Gray, J. (1843) *List of the Specimens of Mammalia of the British Museum*. The Trustees, London, 216 pp.
Gray, J. (1864) A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 1864, 502-579.
Gray, J. (1869) *Catalogue of carnivorous, pachydermatous and edentate Mammalia*. The Trustees, London, 398 pp.
Grubb, P., Jones, T.S., Davies, A.G., Edberg, E., Starin, E.D. & Hill, J.E. (1998) *Mammals of Ghana, Sierra Leone and the Gambia*. Trendrine Press, St. Ives, Cornwall, 256 pp.
Haltenorth, T. (1958) Klassifikation der Säugetiere, 1 (1. Ordnung Kloakentiere, Monotremata Bonaparte, 1838. 2. Ordnung Beuteltiere, Marsupialia Illiger, 1811 [= Didelphia Blainville, 1816]). *Handbuch der Zoologie*, 8 (16), 1-40.
International Commission on Zoological Nomenclature. (1999) *International Code of Zoological Nomenclature*. International Trust for Zoological Nomenclature, London, 306 pp.
Mahoney, J.A. & Ride, W.D.L. (1988) Dasyuridae. In: Walton, D.W. (Ed), *Zoological Catalogue of Australia. Vol. 5. Mammalia*, Australian Government Publishing Service, Canberra, pp. 14-33.
Matschie, P. (1902) Ueber die individuellen und geographischen Abänderungen der Ginsterkatzen. *Verhandlungen des V. internationalen Zoologen-Congresses zu Berlin*, 1901, 1128-1144.
Mearns, B. & Mearns, R. (1988) *Biographies of birdwatchers*. Academic Press, London, 490 pp.
Paden, W.D. (1964) Arthur O'Shaughnessy in the British Museum... *Victorian studies (Indiana University)*, 8, 7-30.
Powell, C.B. & Van Rompaey, H. (1998) Genets of the Niger Delta, Nigeria. *Small Carnivore Conservation*, 19, 1-7.
Rosevear, D. (1974) *The Carnivores of West Africa*. Trustees of the British Museum (N.H.), London, 548 pp.
Schlawe, L. (1980) Zur geographischen Verbreitung der Ginsterkatzen, Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Faunistische Abhandlungen des staatlichen Museums für Tierkunde Dresden*, 7 (15), 147-161.
Schlawe, L. (1981) Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zoologische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde in Dresden*, 37 (4), 85-182.
Schwarz, E. (1930) Die Sammlung afrikanischer Säugetiere im Congo-Museum. Ginsterkatzen (Gattung *Genetta* Oken). *Revue de Zoologie et de Botanique Africaines*, 19 (2), 275-286.
Wozencraft, W.C. (1993) Order Carnivora. In: Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Ed) *Mammal Species of the World - A Taxonomic and Geographical Reference*, Smithsonian Institution Press, Washington & London, pp. 279-348.

1

1/ Barnett, A.A. & Prangley, M.L. (1997) Mammalogy in the Republic of Guinea: an overview of

research from 1946 to 1996, a preliminary check-list and a summary of research recommendations for the future. *Mammal Review*, 27 (3), 115-164.

2/ Camicas, J-L. (1978) Contribution à l'étude des tiques du Sénégal (Acarida: Ixodida). 2. Description des stases préimaginales d'Haemaphysalis (Kaiseriana) rugosa Santos Dias, 1956. *Cahiers de l'O.R.S.T.O.M., Série Entomologique et Médecine Parasitologique*, 16, 23-28.

3/ Corbet, G.B. & Hill, J.E. (1991) *A World List of Mammalian Species*. Natural History Museum Publications & Oxford University Press, London, 243 pp.

4/ Crawford-Cabral, J. (1969) As genetas de Angola. *Boletim do Instituto de Investigaçao Cientifica de Angola*, 6 (1), 3-33.

5/ Crawford-Cabral, J. (1973) As genetas da Guiné Portuguesa e de Moçambique. *"Livro de Homenagem" ao Professor Fernando Frade Viegas da Costa 70.° aniversario*, 133-155.

6/ Crawford-Cabral, J. (1981a) A new classification of the genets. *African Small Mammal Newsletter*, 6, 8-10.

7/ Crawford-Cabral, J. (1981b) The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Boletim da Sociedade Portuguesa de Ciências Naturais*, 20, 97-114.

8/ Crawford-Cabral, J. & Fernandes, C. (1999) A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted genet. *Small Carnivore Conservation*, 21, 12.

9/ Curry-Lindahl, K. (1984) *Afrikas Däggdjur*. P.A. Norstedt & Söners Förlag, Stockholm, 334 pp.

10/ Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (2001) An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. In: Denys, C., Granjon, L. & Poulet, A. (Ed) *African Small Mammals*, IRD ed., Paris, pp. 81-89.

11/ Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (2002) Genets and "Genet-like" taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 134, 317-334.

12/ Grubb, P. (1978) Patterns of speciation in the African mammals. *Bulletin of the Carnegie Museum of Natural History*, 6, 152-167.

13/ Haltenorth, T. & Diller, H. (1977) *Säugetiere Afrikas und Madagaskars*. Bayerischer Landwirtschaftsverlag, München, 403 pp.

14/ Happold, D.C.D. (1987) *The Mammals of Nigeria*. Oxford University Press, London, 402 pp.

15/ Honacki, J.H., Kinman, K.E. & Koeppl, J.W. (1982) *Mammal Species of the World - A Taxonomic and Geographic Reference*. Allen Press (Ass. Syst. Collections), Lawrence, Kansas, USA, 694 pp.

16/ Hoppe-Dominik, B. (1990) On the occurrence of the Honey-badger (*Mellivora capensis*) and the viverrids in the Ivory Coast. *Mustelid & Viverrid Conservation*, 3, 9-13.

17/ Kingdon, J. (1997) *The Kingdon Field Guide to African Mammals*. Academic Press, San Diego, 464 pp.

18/ Nowak, R.M. (1991) *Walker's Mammals of the World* [5^{-th} ed.]. The Johns Hopkins University Press, Baltimore & London, 1629 pp.

19/ Nowak, R.M. (1999) *Walker's Mammals of the World. Volume I* [6^{-th} ed.]. The Johns Hopkins University Press, Baltimore & London, 836 pp.

20/ Ortolani, A. & Caro, T.M. (1996) The adaptive significance of colour patterns in Carnivores: phylogenetic tests of classic hypothesis. In: Gittleman, J.L. (Ed) *Carnivore Behavior, Ecology and Evolution. Vol. 2*, Cornell University Press, New York, pp. 132-188.

21/ Rosevear, D.R. (1974) *The Carnivores of West Africa*. The Trustees of the British Museum (N. H.), London, 548 pp.

22/ Schlawe, L. (1980) Zur geographischen Verbreitung der Ginsterkatzen, Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Faunistische Abhandlungen des staatlichen Museums für Tierkunde Dresden*, 7 (15), 147-161.

23/ Schlawe, L. (1981) Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Arten-

 © 2003 Magnolia Press

liste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zoologische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde in Dresden,* 37 (4), 85-182.

24/ Sillero-Zubiri, C. & Marino, J. (1997) The status of small carnivores species in Niokolo-Koba National Park, Senegal. *Small Carnivore Conservation,* 17, 15-19.

25/ Wemmer, C. & Wilson, D.E. (1983) Structure and function of crests and capes in African Carnivora. *Special Publications of the American Society of Mammalogy,* 7, 239-264.

26/ Wozencraft, W.C. (1989) Classification of the recent Carnivora. In: Gittleman, J.L. (Ed) *Carnivore behavior, ecology, and evolution,* Cornell University Press, New York, pp. 569-593.

27/ Wozencraft, W.C. (1993) Order Carnivora. In: Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Ed) *Mammal Species of the World - A Taxonomic and Geographical Reference,* Smithsonian Institution Press, Washington & London, pp. 279-348.

 © 2003 Magnolia Press

. Synthèse et commentaires

Ces deux articles ont permis de proposer une clarification nomenclaturale concernant la validité du nom *Genetta maculata* (Gray, 1830). Bien qu'homonyme plus récent d'un autre nom de niveau espèce en usage (*maculata* Kerr, 1792), le nom du niveau espèce *maculata* Gray, 1830, a fait l'objet d'une demande relative à sa conservation (Case 3204) à la Commission Internationale de Nomenclature Zoologique (CINZ). Ceci permettra de statuer définitivement sur la validité de ce dernier nom afin de nommer l'espèce « Rusty-spotted Genet » *Genetta maculata* (incluse dans le «Large-spotted Genet complex »). Cette demande de conservation du nom *maculata* Gray, 1830, se justifie par l'absence d'autres noms disponibles pour désigner l'espèce, le type porte-nom de *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855, appartenant en fait à *G. thierryi*. Le nom *Genetta maculata* a été employé pour désigner durant ces 20 dernières années la « Rusty-spotted Genet » soit partiellement (c'est-à-dire en association avec une autre espèce : *G. pardina* ou / et *G. tigrina* ; cf Schlawe, 1981, Fuller *et al*., 1990, Wozencraft, 1993, Angelici *et al*., 1999a et b, et Angelici, 2000), soit strictement (Gaubert *et al*., 2002a). Aucun autre nom n'ayant été usité pour désigner l'espèce ou une partie de ses populations depuis Matschie (1902), nous pensons que la conservation (mise en validité) de *Viverra maculata* Gray, 1830, est nécessaire à l'établissement d'une nomenclature « familière » et stable, utile notamment pour les personnes amenées à effectuer des recensements de faune mammalienne africaine. Pour ce faire, nous avons invoqué l'article 23.9.5 du Code International de Nomenclature Zoologique (ICZN, 1999), qui autorise la validité de deux homonymes primaires si les deux noms du niveau espèce « s'appliquent à des taxons qui n'ont plus été considérés comme congénériques après 1899 » (Article 2).

Sur cette base, nous pouvons, après avoir mis en évidence la validité et le caractère « espèce-diagnostique » de la description originale de l'icônotype de *Genetta maculata* donnée par Gray (1830), proposer la création d'un néotype, le spécimen-type de l'espèce restant introuvable (Article 3). La nouvelle localité type de l'espèce est fixée à Hirna, en Ethiopie, afin d'éviter toute détermination ambiguë de spécimens choisis dans des zones limitrophes aux aires de répartition des autres taxons constituant le « Large-spotted Genet complex ». Le nom *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855, est, quant à lui, mis en synonymie avec *Genetta thierryi* Matschie, 1902. *Genetta thierryi* est maintenu, suivant l'article 23.9.2 du Code (inversion de préséance), comme le nom à utiliser pour désigner la genette de Villiers.

L'ensemble de ces clarifications nomenclaturales (à noter que la validation du « Case 3204 » est en attente de la décision finale de la CINZ) nous permet maintenant d'aborder la question des délimitations interspécifiques au sein du genre *Genetta*, sur la base des caractères morphologiques discrets et des estimations d'aires de répartition, et en particulier pour le « Large-spotted Genet complex ». La taxinomie, souvent moins problématique, des autres membres de la sous-famille des Viverrinae, est également abordée selon la même approche.

1.d. Article 4

Description of a new species of genet (Carnivora; Viverridae; genus *Genetta*) and taxonomic revision of forest forms related to the Large-spotted Genet complex

P. Gaubert

Publié dans

Mammalia, 67 (1). (2003)

Description of a new species of genet (Carnivora; Viverridae; genus *Genetta*) and taxonomic revision of forest forms related to the Large-spotted Genet complex

By P. GAUBERT

Laboratoire de Zoologie: Mammifères & Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, 55 rue Buffon, 75005 Paris, France. Email : gaubert@mnhn.fr

Abstract. – The Large-spotted Genet complex has long constituted a taxonomic imbroglio. The repeated lack of direct examination of the type material, coupled with an apparent morphological homogeneity between taxa and high intraspecific variability of coat pattern, have made assessing the taxonomic status of forest forms related to the complex very difficult. I re-investigated the question using new species-discriminative discrete characters established by examination of nearly 4400 specimens of Viverrinae, including type material. The species status of *Genetta pardina*, *G. maculata* and *G. tigrina* is confirmed, although precise limits of distribution remain equivocal. *Genetta poensis* Waterhouse, 1838, is considered a valid species on the basis of morphological characters and new distribution data. A new species restricted to the Upper Guinean Block, *Genetta bourloni* sp. n., is described. The taxa *stuhlmanni*, *fieldiana*, and *insularis* are considered synonymous with *G. maculata*, as well as *bini* with *G. cristata*, and *dubia* with *G. pardina*. The forms *genettoides* and *schoutedeni* are morphologically re-defined, but the clarification of their taxonomic status requires further investigations.

Résumé. – Les Genettes à grandes taches constituent un complexe d'espèces dont la taxinomie reste confuse. L'absence répétée d'observation directe du matériel type couplée à une grande variabilité des caractères du pelage ont rendu difficile l'évaluation du statut taxinomique des formes de forêt affiliées à ce complexe. La problématique est ici ré-évaluée par la prise en compte de nouveaux caractères morphologiques discrets et discriminants au niveau spécifique, ces caractères ayant été diagnostiqués à la suite de l'observation de près de 4400 spécimens de Viverrinae incluant le matériel type. Le statut spécifique de *Genetta pardina, G. maculata* et *G. tigrina* est confirmé, mais les limites des aires de répartition de ces trois espèces restent encore à préciser. *Genetta poensis* Waterhouse, 1838, est considérée

comme une espèce valide sur la base de caractères morphologiques mais aussi de nouvelles données sur son aire de répartition. Une nouvelle espèce endémique au Bloc Forestier Guinéen, *Genetta bourloni* sp. n., est décrite. Les taxons *stuhlmanni, fieldiana* et *insularis* sont mis en synonymie avec *G. maculata*, ainsi que *bini* avec *G. cristata*, et *dubia* avec *G. pardina*. Les « formes » *genettoides* et *schoutedeni* sont redéfinies d'un point de vue morphologique, mais la clarification de leur statut taxinomique nécessite d'autres investigations.

KEYS WORDS: Large-spotted Genets, nomenclature, taxonomy, forest forms, discrete characters, *Genetta bourloni* sp. n.

INTRODUCTION

Genets (genus *Genetta*) are small nocturnal carnivores traditionally included in the subfamily Viverrinae (Carnivora; Viverridae) with the Genet-like taxa (*Prionodon, Poiana, Osbornictis*) and Terrestrial Civets (*Civettictis, Viverricula, Viverra*). However, recent studies have questioned the phylogenetic validity of such a grouping (Veron 1995; Veron and Heard 2000; Gaubert *et al*. 2002; Gaubert *et al*. in prep.). The systematics of genus *Genetta* has long been confused, especially regarding interspecific boundaries (Matschie 1902; Schwarz 1930; Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1981a; Schlawe 1981; Crawford-Cabral and Pacheco 1992; Crawford-Cabral and Fernandes 2001; Gaubert *et al*. 2001). The most exacerbated case is represented by the Large-spotted Genet or "*tigrina-pardina*" complex (Crawford-Cabral and Pacheco 1992) consisting of taxa very similar in their coat pattern and skull morphology. Taxa belonging to this complex are distributed throughout sub-Saharan Africa and occupy a very wide range of habitats (Kingdon 1997). The species names most commonly used in the literature for designating these taxa are *Genetta maculata* (Gray, 1830), *Genetta tigrina* (Schreber, 1776), *Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832, and *Genetta rubiginosa* Pucheran, 1855. In addition to uncertainties concerning specific delimitation, there are nomenclatural problems concerning the use of the species names *maculata* and *rubiginosa* (see Gaubert *et al.* (in press a and b) for a review and nomenclatural investigations). Following Crawford-Cabral (1981a), Crawford-Cabral and Pacheco (1992) and Gaubert *et al*. (2001; 2002; in press a and b), I will refer to the following nomenclature and distributional ranges in the present paper, and attribute the status of species -supported by both morphological and molecular evidences- to the taxa *G. pardina* (Gambia to Dahomey Gap; uncertain eastern

boundary; see below), *G. maculata* (Dahomey Gap to NE South Africa; uncertain boundaries; see below) and *G. tigrina* (coastal area of the former Cape Province and KwaZulu-Natal).

Hybrid / intergradation zones between the three species together with morphological clines and high intraspecific variability may make it very difficult assessing specific boundaries within the complex. The forest forms related to the complex are part of this problem. The names commonly used for designating the forms usually related to *G. pardina* from the Upper and Lower Guinean Blocks ("Western" and "West Central" regions according to Happold, 1996) are *poensis* (Waterhouse, 1838), *genettoides* (Temminck, 1853), and sometimes *dubia* (Matschie, 1902) and *bini* (Rosevear, 1974). Much confusion surrounds the taxonomic status of these taxa and no studies have ever specifically tackled this question. Because type material has not often been examined incorrect taxonomy and distributional ranges have been attributed to these forms. Forest forms from the Lower Guinean Block and Upper Zaire usually associated to *G. maculata* include *schoutedeni* (Crawford-Cabral, 1970), *stuhlmanni* (Matschie, 1902), *insularis* (Cabrera, 1921) and *fieldiana* (Du Chaillu, 1861). However, they are said to have very similar coat patterns and are not characterized by divergent morphological characters from *G. maculata* as is the case, for instance, when comparing *G. poensis* and *G. pardina* (Crawford-Cabral, 1970). Some authors considered *G. maculata* a highly polymorphic species -according to Schlawe (1980, 1981), *G. pardina* is a synonym of *G. maculata*- whereas others -e.g. Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1981a; Crawford-Cabral and Pacheco 1992; see Crawford-Cabral and Fernandes (2001) for taxonomy of South African taxa- expressed serious doubts about grouping together all these forms under a single species (in the latter case, *G. pardina* is a distinct species from *G. maculata*). All the forms dealt with in this study are located in rain-forests (Upper and Lower Guinean Blocks, and former Zaire) and are thus potentially subject to habitat fragmentation.

In order to clarify the systematics of the Large-spotted Genet complex and allied forest forms, I re-investigated the taxonomic delimitations through the use of discrete and species-discriminative new characters. A taxonomic revision of the complex focused on the forest forms was also undertaken so that morphological delimitations will be accompanied by appropriate nomenclature. This work is preliminary to phylogenetic investigations within genus *Genetta* based on molecular and morphological data, to be undertaken by Gaubert *et al.* (in prep.).

MATERIAL AND METHODS

This work is based on a morphological study involving the examination of nearly 4400 specimens of Viverrinae from nine natural history museum collections (see below "*Abbreviations used in text*"). I defined constant and new species-discriminative discrete characters from non-ambiguous species of Genets and Genet-like taxa (e.g. *Poiana richardsonii, G. johnstoni, G. servalina, G. victoriae, G. thierryi, G. abyssinica* and *G. angolensis*). When these characters were applied to the special case of the Large-spotted Genet complex and its related forest forms, 13 discriminative characters were maintained. They are partitioned in three characters for skull morphology and 10 characters for coat pattern (Fig 1), as follows:

1- Crest of insertion of the masseter muscles:

a- forms a wide and flat area;

b- forms a very narrow stripe but not elevated;

c- forms a narrow and elevated crest.

Species belonging to genus *Genetta* may be characterized by a combination of two character states, like for instance the Giant Genet *G. victoriae* [a/c]. *G. pardina* is the only species related to the Large-spotted Genet complex characterized by polymorphism [b/c].

2- Ratio (*int1*) between the inter-orbital constriction and the frontal width:

a- *int1* largely inferior to 1;

b- *int1* nearing 1.

The inter-orbital constriction is measured at the narrowest point of the constriction. The frontal width is measured at the narrowest region of the frontal bones in the area bounded by the post-orbital process and the lachrymal bone. Measurements were taken with a manual calliper (Mitutoyo – 0.05 mm).

3- Inflation of the caudal entotympanic bone (*ceb*) in comparison to the ectotympanic bone (*eb*):

a- *ceb* and *eb* almost at the same level;

b- *ceb* more elevated than *eb*;

c- *ceb* highly elevated in comparison to *eb*.

4- Density of dorsal spotting:

a- high;

b- low.

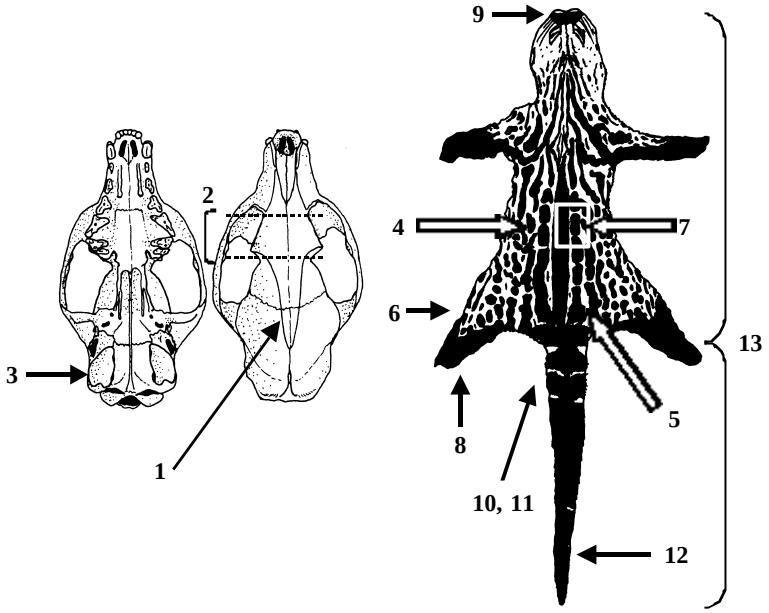


Fig. 1. – Illustration of the 13 discriminative morphological characters used in this study. Numbers refer to the list of characters given in "Material and Methods". Character 2 defines ratio *int1*, with the upper dashed line indicating the region at which frontal width is measured, and lower dashed line fixing the inter-orbital constriction.

5- Longitudinal coalescence of the two first rows of dorsal spots:

a- absent;

b- limited;

c- important;

d- complete.

G. maculata and *schoutedeni* are polymorphic [a/b].

6- Coalescence of spots on upper leg:

a- very low;

b- important.

7- Contrast of coloration between dorsal spots and mid-dorsal line:

a- spots and line of the same colour;

b- spots brighter than line.

8- Coat of foot:

a- completely dark;

b- zone surrounding the pads dark and rest of the foot bright.

9- Bordering of the inferior lip:

a- dark;

b- bright.

10- Number of bright rings on the tail:

a- four;

b- five;

c- six;

d- seven;

e- eight;

f- nine.

Some species / taxa may have polymorphic number of bright rings, but the range of variation is often species-characteristic.

11- Relative width of bright rings over dark rings (middle of the tail):

a- less than 20%;

b- between 50 and 75%;

c- about 100%.

The form *genettoides* is the only taxon within genus *Genetta* to be polymorphic [a/b].

12- Tip of the tail:

a- dark tip restricted to less than 1/3 of the tail;

b- dark tip extending to the middle of the tail.

Same comment as in 11 for *genettoides*.

13- Ratio (*btl*) between head + body and tail length:

a- $1.1 < btl < 1.2$;

b- $1.3 < btl < 1.4$.

Measurements were supposed to be taken in the field on freshly killed individuals since the data were recorded from labels of Museum specimens only.

In order to estimate the morphological divergence among the Large-spotted Genet complex, I then built a similarity matrix from the morphological matrix of the 13 discriminative characters. The Coefficient of similarity (*Csim*) is calculated as the number of shared character states divided by 13 (i.e. the total number of morphological characters

considered) between each couple of taxa. In the case of polymorphic characters, character states were considered shared between two taxa each time one of the state was in common (e.g., "a/b" and "b"). In the case of series (character 11), character states were considered shared between two taxa each time one series was totally included in the other (e.g., "b-d" and "c-d"). However, the estimate of *Csim* is biased by the restricted number of characters taken into account. Its only purpose is to give a relative estimate of morphological similarity among forest forms in comparison to similarity between the three species already delimited in the Large-spotted Genet complex (*G. pardina, G. maculata* and *G. tigrina*). For instance, values close to 1.0 indicate a high morphological similarity between the pair of taxa. Putative accelerated rates of morphological evolution and pressures of adaptive selection may also constitute an important bias to this estimate.

Names of localities listed with specimens were found on Museum labels and then checked through various geographical data sources (Davis and Misonne, 1964; Times Atlas of the World, 1980; Atlas mondial Encarta, 1998; the "Global Gazetteer", available at http://www.calle.com/world) and posterior verifications by collections' managers.

Abbreviations used in text

.Museums:

BMNH, Natural History Museum, London

DNSM, Durban Natural Science Museum, Republic of South Africa

IRSNB, Institut royal des Sciences naturelles de Belgique, Brussels

MFNB, Museum für Naturkunde, Humboldt University, Berlin

MNHN, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris

MRAC, Musée royal d'Afrique Centrale, Tervuren

NM, the Natal Museum, Pietermaritzburg, Republic of South Africa

RMNH, National Museum of Natural History (former Rijksmuseum van Natuurlijke Historie), Leiden

ZFMK, Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig, Bonn

.Measurements: (from Crawford-Cabral, 1981b)

CBL = condylo-basal length; BCB: brain-case breadth; ZYB: zygomatic breadth; ITC: intertemporal constriction; NAL: nasals length; ROB: rostrum breadth; BIH: basion-inion height; BTB: bitympanic breadth; GDB: greatest diameter of bullae; IPW: interpterigoid width; PAL: palate length; MOB: M_1-M_1 outside breadth; IOB: I_3-I_3 outside breadth; UTR: upper tooth-row C-M^2; GDP: greatest diameter of P^4.

RESULTS AND DISCUSSION: MORPHOLOGICAL DELIMITATION WITHIN THE LARGE-SPOTTED GENET COMPLEX AND TAXONOMIC STATUS OF FOREST FORMS

Concerning the morphological characteristics of the taxa discussed below, I refer to Table 1 that provides a detailed morphological matrix for each taxon (synonyms were not included). Striking and discriminative characters are only discussed here, for diagnostic purposes. However, description of morphological features characterizing synonyms and poorly described taxa was established. As an indication of morphological divergence between taxa, I will refer to Table 2 and *Csim* evaluated for each pair of taxa.

Characters	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Taxa													
G. pardina	b/c	a	b	a	a	a	b	a	a	c	a	a	a
G. maculata	c	a	a	b	a/b	a	a	b	b	c-f	c	a	a
G. tigrina	b	b	a	b	a	b	a	a	a	c-e	b	a	a
G. poensis	c	a	b	a	d	b	a	a	b	a-c	a	b	b
G. bourloni	a	b	b	a	c	a	a	a	b	b-d	a	b	a
genettoides	b	a	b	b	b	a	b	a	b	c-d	a/b	a/b	b
schoutedeni	c	a	c	b	a/b	a	a	b	b	d-e	c	a	a

TABLE 1. – Morphological matrix of the 13 species-discriminative characters for taxa related to the Large-spotted Genet complex. Numbering and lettering of characters and character states refer to the list in "Material & Methods". Polymorphism is represented with " / " between the character states. For character 11, a series from a character state to another is marked with " - " between the character states.

	G. pardina	*G. maculata*	*G. tigrina*	*G. poensis*	*G. bourloni*	*genettoides*	*schoutedeni*
G. pardina	-						
G. maculata	0.46	-					
G. tigrina	0.46	0.54	-				
G. poensis	0.46	0.31	0.23	-			
G. bourloni	0.54	0.38	0.31	0.54	-		
genettoides	0.62	0.54	0.46	0.54	0.54	-	
schoutedeni	0.46	0.92	0.46	0.31	0.31	0.46	-

TABLE 2. – Similarity matrix for taxa related to the Large-spotted Genet complex.

.Taxonomic revision of the Large-spotted Genet complex and associated forest forms

Genus *Genetta* G. Cuvier, 1816. Règne Anim., 1: 156

Type species: *Viverra genetta* Linnaeus, 1758, by designation

***Genetta tigrina* (Schreber, 1776)**

Common name. Cape Genet

Type locality. Cape of Good Hope, Cape Province, Republic of South Africa

Material examined. Iconotype figured in Tuijn and Van der Feen (1969) and Schlawe (1981), and the following 43 specimens: BMNH 5.5.7.38, BMNH 5.5.7.39, BMNH 5.5.7.41, BMNH 5.5.7.40, BMNH 5.5.7.42, BMNH 5.5.7.43, BMNH 5.5.7.47, BMNH 5.5.7.44, BMNH 5.5.7.45, BMNH 5.5.7.46, BMNH 37.9.26.127, BMNH 39.681, BMNH 52.2.22.6, BMNH 77.10.12.5, BMNH 80.10.11.2, BMNH 95.9.3.5, BMNH 95.9.3.6, BMNH 95.9.3.4, BMNH P.49 (25.B?), BMNH 1837.9.26.88, DNSM 39380, DNSM 17664, DNSM 10233, IRSNB 971, IRSNB 7489, MFNB 1100, MFNB 1101, MFNB 1102, MFNB 6453, MFNB 19697, MFNB 19698, MFNB 19699, MFNB 19701, MFNB 19703, MFNB 37408, MFNB 68979, NM 1527, NM 1545, NM 1558, NM 1603, NM 1712, RMNH 34641, RMNH 34676.

Description. The iconotype is of little help in characterizing the species. *G. tigrina* is a much darker genet than *G. maculata*, with hindlimb, posterior part of forelimb and bordering of the inferior lip very dark. The mid-dorsal line has longer hairs, intermediate between *G. genetta* and *G. maculata*. Dorsal spots are large and not fused, but more sparsely distributed than in *G. pardina*. Annulation of the tail with width of bright rings between 50 and 75% of the width of dark rings. *Ceb* at the same level than *eb*.

Distribution. Confined to the coastal area of the former Cape Province and KwaZulu-Natal, Republic of South Africa (Schlawe 1980). The precise geographical delimitations with *G. maculata* are uncertain (Crawford-Cabral 1981a), and hybridization may occur in Pondoland (S KwaZulu-Natal) between the two species (Pringle 1977; Gaubert *et al*. in prep.).

Taxonomy. The specific status of *G. tigrina* now seems to be generally accepted (Crawford-Cabral 1981b; Schlawe 1981; Stuart 1981; Crawford-Cabral and Pacheco 1992; Wozencraft 1993; Gaubert *et al*. 2001; 2002). Hybridization between captive specimens of *G. maculata* and *G. tigrina* has been reported (Gray 1971), and is strongly suspected from museum specimen collections (Pringle 1977; Gaubert *et al*. in prep.). However, this is not an argument against the specific status of *G. maculata* and *G. tigrina*, since hybridization also occurs between *G. maculata* and *G. genetta* (Gray 1971; Gaubert *et al*. in prep.), the latter being a well-discriminated species, morphologically unrelated to the "*tigrina-pardina*" complex.

***Genetta maculata* (Gray, 1830)**

Common name. Rusty-spotted Genet

Type locality. "Africa boreali" according to Gray (1830), but erroneous (Schwarz 1930; Rosevear 1974; Schlawe 1981). See Gaubert *et al*. (in press a and b) for nomenclatural considerations about keeping *maculata* Gray, 1830, as a valid species name for designating the Rusty-spotted Genet.

Material examined. Iconotype figured in Gray (1830), and nearly 1000 specimens from BMNH, DNSM, IRNSB, MFNB, MNHN, MRAC, NM, RMNH and ZFMK, from localities covering the entire range of the species (see Appendix 1).

Description. *G. maculata* may be the most variable species of genet in terms of ground coloration (not considered as a species-discriminative character), which can be extremely variable from sandy grey, pale yellow, rufous-grey to grey-yellow. Dorsal spots of the same coloration as mid-dorsal line, from brownish brown to rufous brown. Typical annulation of the tail, with relative width of bright rings over dark rings nearing 100%. Bordering of the inferior lip bright. The fact that the species exhibits first and second dorsal rows of spots not coalesced together to form broken lines, together with brightness of the limbs, is in accordance with the type illustration given by Gray (1830). Moreover, the brightness of the limbs is the character states that allows the discrimination of *G. maculata* from both *G. pardina* and *G. tigrina* coat patterns, so that the iconotype provided by Gray does correspond exclusively to *G. maculata* as it is delimited here.

Distribution. Distributed throughout sub-Saharan Africa, in a variety of habitats covering moist woodlands to open savannas. As stated above, western and southern boundaries with *G. pardina* (Volta River or Togo) and *G. tigrina* (KwaZulu-Natal, Republic of South Africa), respectively, remain uncertain (Pringle 1977; Crawford-Cabral, 1981a; Gaubert *et al*. in prep.).

Taxonomy. See Coetzee (1977), Crawford-Crabral (1981a), Schlawe (1981), Crawford-Cabral and Pacheco (1992), Wozencraft (1989; 1993) and Grubb *et al*. (1998) for an overview about retaining or not *maculata* as a valid species name. A detailed argumentation about retaining the species name *maculata* as valid is to be published in other papers (Gaubert *et al.*, in press a and b). A case has been made to the International Commission of Zoological Nomenclature (case 3204; Gaubert *et al.* in press a) in order to keep as valid the name *Viverra maculata* Gray, 1830, even though it is a junior primary homonym of *Viverra maculata* Kerr, 1792 (currently a marsupial).

***Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832**

Common name. Pardine Genet

Type locality. Interior of Senegal

Material examined. Holotype: MNHN 2001-340 (skin; no skull), and the following 51 specimens: BMNH 37.9.16.3, BMNH 39.12.26.11, BMNH 46.399, BMNH 46.864, BMNH 47.645, BMNH 50.2045, BMNH 53.131, BMNH 53.132, BMNH 61.42, IRSNB 15152, IRSNB 15153, IRSNB 15154, IRSNB 15155, IRSNB 15156, IRSNB 15406, MFNB 1109, MFNB 18425, MFNB 40535, MNHN 1897-983, MNHN 1936-996, MNHN 1936-997, MNHN 1963-1365, MNHN 1977-699, MNHN 1977-700, MNHN 1977-701, MNHN 1977-702, MNHN 1977-703, MNHN 1977-704, MNHN 1977-705, MNHN 1977-706, MNHN 1977-707, MNHN 1977-708, MNHN 1977-709, MNHN 1977-710, MNHN 1977-711, MNHN 1995-424, MNHN 1992-25, MRAC 34805, MRAC 35128, MRAC 35129, MRAC 35824, MRAC 35825, ZFMK 5710, ZFMK 5817, ZFMK 5818, ZFMK 97401, ZFMK 97425, ZFMK 97426, ZFMK 97427, ZFMK 97429, ZFMK 97458.

Description. Geoffroy Saint-Hilaire (1832) gave an accurate description of the type specimen. This genet is characterized by a large size (CBL reaching more than 100.0 mm), a dark mid-dorsal line contrasting with the brownish-rufous dorsal spots, dorsal spots very large and non-fused, dark limbs, and a relative width of bright rings over dark rings of the tail less than 20%. Ground coloration varies from yellowish-grey (Guinea) to pale or sandy-grey (Senegal, Côte d'Ivoire).

Distribution. Forested areas, open woodlands and savannahs from Gambia to Ghana (Fig 2a) (eastern boundary uncertain; Crawford-Cabral (1981a) suggested Volta River, whereas Grubb *et al*. (1998) proposed Togo).

Taxonomy. See Rosevear (1974), Crawford-Cabral (1981a), Crawford-Cabral and Pacheco (1992) and Gaubert *et al*. (2001; 2002; in press b) for evidences about considering *pardina* and *maculata* as two valid species (contrary to Schlawe 1981 and Wozencraft 1993). *Csim* ranges between 0.46 and 0.54 when comparing *G. pardina, G. maculata* and *G. tigrina* with one another.

***Genetta dubia* Matschie, 1902**

Type locality. West Africa [restricted to "interior of Senegal" by Schlawe (1981)]

Material examined. Holotype: MFNB 1109 (skull + skin).

Description. A subadult specimen, with coat characteristics very similar to *G. pardina*. General appearance and limbs quite dark (Matschie 1902), and presence of a suggested mid-dorsal crest, as is sometimes the case in young specimens of *G. pardina* (R. Hutterer *in litt*.). The mid-dorsal line is dark and contrasts with the brown dorsal spots. Dorsal

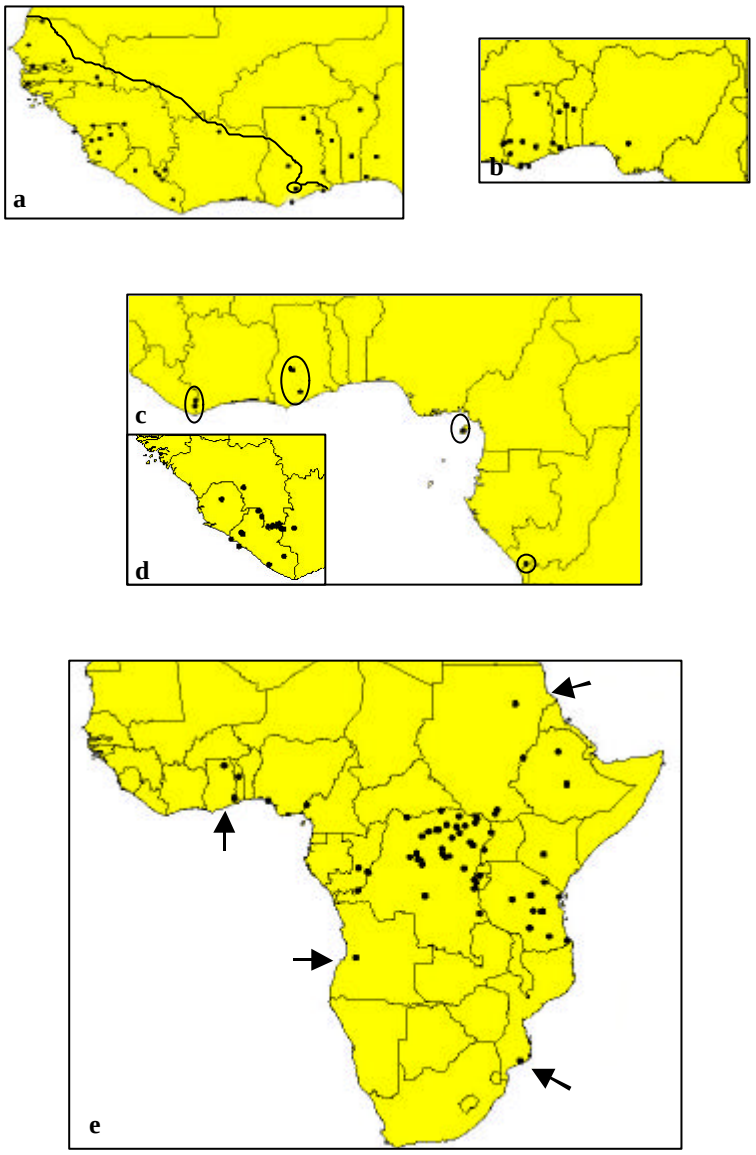


Fig. 2. – Distribution maps, based on the collection material examined during this study, for: a- *Genetta pardina* (black circles) and *Genetta maculata* (black squares; extreme west distribution). The curve roughly delimits the range of *G. pardina*. The encircled locality represents sympatric distribution between the two species; b- *genettoides*; c- *Genetta poensis*. Circles show the patchy distribution of the species; d- *Genetta bourloni*; e- *schoutedeni*. Arrows indicate the points of extreme distribution (W, NE, SW and SE).

spots irregularly arranged, but their large width is characteristic of *G. pardina*. The last part of the tail is cut ("short" in Matschie 1902) but suggests annulation by bright rings to the tip (six are clearly observable, which is in opposition to the darkening of bright rings that characterize some forest forms). Width of bright rings about 20% of width of dark rings. Annulation and width of bright rings are distinguishing characteristics of *G. pardina*. Skull very similar to *G. pardina*, with *int1* highly inferior to 1. The crest of insertion of the masseter muscles forms a relatively large and flat area (contrary to *G. pardina*), but this is characteristic of subadult specimens.

Taxonomy. Schwarz (1930) considered *dubia* a synonym of *G. pardina*, whereas Rosevear (1974) placed it in synonymy with *G. genettoides*. Crawford-Cabral (1981a) proposed *dubia* as a potential name for the two specimens (MNHN 1959-937 and MNHN 1959-938) he isolated from his craniometrical analysis within genus *Genetta*, but waited for further observation of the type specimen. According to the complete similarity observed between the type specimen of *dubia* and subadult specimens of *G. pardina*, I follow Schwarz (1930) in considering *G. dubia* a junior synonym of *G. pardina*.

***Genetta bini* Rosevear, 1974**

Type locality. Ohosu Forest Reserve, 65 km NW Benin City, Nigeria

Material examined. Holotype: BMNH 50.315 (skin; no skull).

Description. Rosevear (1974) provided a very detailed description of the skin. Coat pattern and tail annulation very similar to *Genetta cristata* Hayman, 1940, a Servaline genet (not related to the Large-spotted Genet complex) characterized by the presence of a sagittal crest. A light variation in dorsal spotting, which is quite irregular, with spots less round and larger than in *G. cristata.*

Taxonomy. Whereas Rosevear (1974) included *G. bini* in the "*servalina* group", Schlawe (1981) and Wozencraft (1993) grouped it in *G. maculata.* After the diagnosis by Rosevear and my personal examination of the type specimen, I ascertain that the type specimen of *G. bini* bears all the character states characterizing *G. cristata* (i.e., presence of sagittal and dorsal crests, limbs very dark, width of the bright rings of the tail nearing 50% of the width of the dark rings). The coat pattern of the type specimen does not represent the aberrant condition stated by Rosevear when one considers a large series of *G. cristata* specimens. In addition, one of the main arguments of Rosevear for considering *G. bini* a valid species was the wide geographical separation (750 km) between his specimen and populations of *G. cristata* discovered at that time. Collection specimens from BMNH and MRAC, together with field

surveys reported in Heard and Van Rompaey (1990), and Powell and Van Rompaey (1998), can no longer support such an argument, since they provide a westernmost record near Yenagoa, Rivers State, Nigeria (BMNH 1994-182), ca. 200 km only from Ohosu Forest Reserve (the type locality of *G. bini*). Therefore, I follow Powell and Van Rompaey (1998) in considering *G. bini* a junior synonym of *G. cristata.*

***Genetta poensis* Waterhouse, 1838**

Common name. King Genet

Type locality. Fernando Po [now Bioko Isl.], Equatorial Guinea

Material examined. Holotype: BMNH 55.12.24.412 (skin; no skull). **CONGO**: MNHN 1894-263, Mayombe Mts. (skull); MNHN 1897-508, 5 December 1896 (skull + skin); **COTE D'IVOIRE**: MNHN 1908-58, Grabo, Bouboni plapo, Diangouma wara, Cavally River (skin); **GHANA**: BMNH 12.6.20.6, Bibianaha, 20 March 1912 (juvenile; skin); BMNH 1938.7.25.5, 40 miles N of Kumasi (skull + skin); BMNH 46.394, Oda, 6 June 1946 (skull + skin); BMNH 46.396, Ntronang, near Oda, 6 June 1946 (skull + skin); MFNB 6407 (skull + skin); MFNB 59101 (skull); **LIBERIA**: BMNH 39.686, Cavally River (skin).

Description. Waterhouse (1838) gave a detailed description of the type specimen, and De Pousargues (1896) and Pocock (1908) provided detailed descriptions of other specimens. *G. poensis* is a large and massive genet (CBL often superior to 100.0 mm). It has a very characteristic coat pattern, consisting of dorsal spots fused in longitudinal stripes (the first two rows of spots adjacent to the mid-dorsal line are often completely coalesced), very dark limbs and almost half of the tail (distal part) without any apparent bright rings. The number of bright rings in the proximal part of the tail varies between four and six and *btl* (character 13) is between 1.3 and 1.4. Dorsal spots and mid-dorsal line have the same coloration. Skull very similar to *G. pardina*, except that all adults have the crest of insertion of the masseter muscles that forms a narrow and elevated crest (polymorphic character in *G. pardina*).

Distribution. The collection record suggests a patchy distribution through dense rainforests of the Guinean Blocks (Fig 2c), including Liberia (Cavally river), Côte d'Ivoire (Grabo), Ghana (Bibianaha, Kumasi (near), Oda and Ntronang) and Congo (Mayombe). Bibliographical sources are difficult to use because of taxonomic confusion (see below).

Taxonomy. The form *poensis* was considered synonymous with, or related to, *G. pardina* (see Matschie 1902; Crawford-Cabral 1981a; Schlawe 1981; Wozencraft 1993; Grubb *et al*. 1998) or listed as a valid species (Rosevear 1974; but the author expressed serious doubts about its validity). Its name was also erroneously used for designating *G. cristata* (Jeannin 1936; Happold 1987). Crawford-Cabral (1970; 1981a) followed Waterhouse (1838) in suggesting

that *G. poensis* may constitute a valid species closely related to *G. pardina*. On the other hand, Rosevear (1974) suggested that the reduced and numerous spots characterizing the dorsal pattern of *G. poensis* could just represent an "end of pattern edge" of *G. pardina*. Variability of coat pattern within species of Viverrinae has already been observed, as in *Viverra zibetha* and its related form *V. tainguensis* (taxonomic status debated; see Sokolov *et al*. 1997; Rhoznov and Pham Trong Anh 1999; Walston and Veron 2001). Walston and Veron (2001) doubted the validity of the species *V. tainguensis* after having observed that the three distinctive pelage features of the latter were present separately in specimens of *V. zibetha*. This is not the case when comparing *G. poensis* to the other species of genets. With regards to dorsal spots and what could represent an aberrant pattern, *G. poensis* is characterized by small spots tending to coalesce completely at the first two rows bordering the mid-dorsal line and thus form longitudinal stripes. Coalescence appears at a variable frequency anywhere else on the body. This could suggest that the characteristic coat pattern of *G. poensis* may be due to a similar mutation that provokes the king coat colour pattern of the King Cheetah (see Hills and Smithers 1980; Van Aarde and Van Dyk 1986). However, other very densely spotted species of genets exist (*G. victoriae*, *G. cristata*) for which taxonomic status is unequivocal. Longitudinal coalescence of dorsal spots is also common in other genets (Gaubert *et al*. 2001), reaching an extreme pattern in *G. abyssinica*, a species characterized by two or three complete dark stripes bordering the mid-dorsal line. Some specimens of *G. maculata* may bear aberrant coat patterns and have a high degree of coalescence too, but this is in no way accompanied by a reduction of the size of the spots. In addition, the external ultrastructure of the hair of *G. poensis* is unique among genets, with scales longitudinally very flattened and not detached from the spatula (Fig 3), and is distinct from both *G. maculata* and *G. pardina* (Gaubert *et al.* 2002). Finally, since *G. poensis* seems to be restricted to a peculiar habitat (dense rain-forests) and is distributed both in the ranges of *G. pardina* and *G. maculata*, I follow Pocock (1908) and Rosevear (1974) in considering *G. poensis* a valid species. *Csim* never exceeds 0.54 (same value than between *G. tigrina* and *G. maculata*).

***Genetta bourloni* sp. n.**

Common name. Bourlon's Genet

Holotype. MNHN 1959-938, adult specimen, GUINEA, Sérédou, Cercle de Macenta, collected by R. Pujol on 15 March 1958 (skull + skin), preserved in the collections of the Laboratoire de Zoologie: Mammifères & Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France.

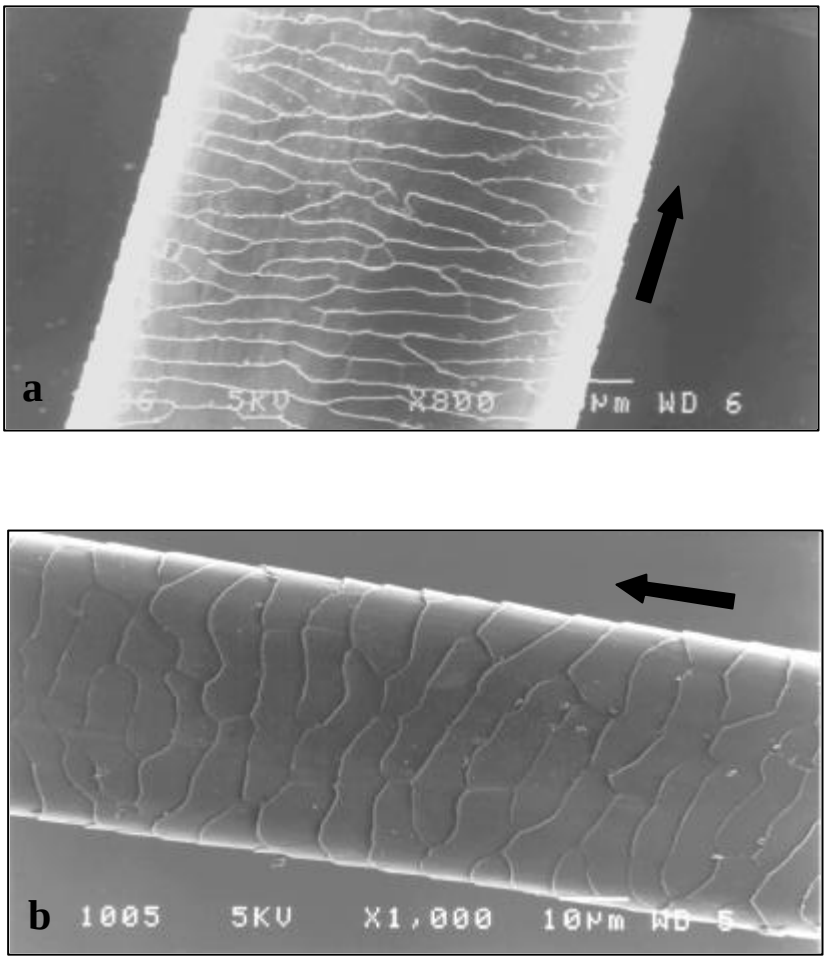


Fig. 3. – Hair external ultrastructure: scale pattern in the middle of the medulla in a- *Genetta poensis* (MNHN 1897-508) and b- *Genetta pardina* (MNHN 1977-708). The arrow is orientated toward the apex of the hair.

Etymology. I dedicate this new species as a token of grateful friendship to Philippe Bourlon, keeper at the Vincennes Zoo, Paris, who lost his life in the course of his duties.

Material examined. Holotype: MNHN 1959-938 (skull + skin). **COTE D'IVOIRE**: MNHN 2001-522, Man, 21 February 2001 (skin); MRAC 39496, near Danane cuve (skin). **GUINEA**: ZFMK 9510, Ziama Forest, 1993-1994 (skin); MNHN 1959-937, Sérédou, Cercle de Macenta, 21 December 1957 (skull + skin; measurements given in Roche 1971); MNHN 1961-416, Poste 4, Sérédou, Cercle de Macenta, 4 February 1958; MNHN 2001-1156, Mt. Nimba, June 2001 (skin). **LIBERIA**: RMNH 34633, Bendo, near Buluma, Fisherman Lake, 18 April 1881 (skull + skin); RMNH 41103 (skin); IRSNB 16427, New Camp, 5 April 1965 (skin); MFNB 44182, Monrovia, 18 June 1932 (juvenile; skin); MFNB 44250 (juvenile; skin); MRAC 35709, Putuo, Grand Gedeh County, 12 November 1963 (subadult; skull + skin); MRAC 35710 (skull + skin); MRAC 75030M0026, Bopulu, Lofa County, 15 April 1975 (skin); MRAC 80028M0025, Sinoe County, 22 March 1978 (skull). **SIERRA LEONE**: BMNH 46.863, Tekea, near Makeni, 1945 (skin).

Diagnosis. The skin of the type specimen has a dirty, creamy, gray ground coloration. Coat pattern is characterized by an important coalescence at the first two rows of dorsal spots

adjacent to the mid-dorsal line and dark limbs; almost half of the tail (distal part) is completely dark. The very tip of the tail is lacking. The skull is characteristic, with the crest of insertion of the masseter muscles forming a wide and flat area upon the sagittal bone, and *int1* nearing 0.93 (character state 2^b). The entire specimen (skull + skin) is shown in Fig 4 and 5 with specimens belonging to other closely related species present in the range of *G. bourloni*.

Standard measurements (in mm) of the skull are taken from Crawford-Cabral (1981a): CBL = 96,2. BCB = 31,3. ZYB = 49,6. ITC = 11,7. NAL = 25,1 (measured by the present author since it was not indicated in Crawford-Cabral's table). ROB = 15,0. BIH = 20,4. BTB = -. GDB = 18,6. IPW = 7,8. PAL = 43,5. MOB = 28,9. IOB = 8,6. UTR = 36,4. GDP = 9,3.

Variability. In comparison to the quite similar *G. poensis*, general size is smaller (CBL = 96.2 mm for the type specimen), the degree of coalescence of dorsal spots is lower and darkening of the pelage is less marked. Ground coloration is usually brighter. Some bright rings on the distal part of the tail may partially appear. The diagnostic character related to the crest of insertion of the masseter muscles (1^a) is to be used with adult specimens only, since it is also a characteristic of subadult specimens of other species of genets (Gaubert *et al*. 2001).

Distribution. The collection record suggests a distribution restricted to rain-forests of the Upper Guinean Block (Fig 2d), including Sierra Leone (Tekea), Liberia (Fisherman Lake, New Camp, Monrovia, Bopulu, Grand Gedeh and Sinoe Counties), Guinea (Sérédou, Ziama Forest, Mt. Nimba; also collected in Yossono and Gbamou, Dieké forest; M. Colyn, in litt.) and Côte d'Ivoire (Man (purchased specimen), and near Danane cuve).

Taxonomy. The two specimens isolated by Crawford-Cabral (1981a) on the basis of a craniometrical study correspond to the new species *G. bourloni* (MNHN 1959-937 and MNHN 1959-938). The author stated that they may represent a species distinct from both *G. pardina* and *G. poensis*, and evocated the name of *dubia* but waited for further comparisons with the type material. After my examination of a series of type specimens, I concluded that specimens attributable to this genet had no available name. Skull characteristics and coat pattern proved to be sufficiently discriminative and constant to consider *G. bourloni* as a valid species. Individuals of *G. bourloni* are recorded from the same localities as *G. pardina* (Sérédou, Guinea) and *G. johnstoni* (Mt. Nimba, Guinea). As in *G. poensis*, *Csim* never exceeds 0.54 (with *G. pardina*, *G. poensis*, and *genettoides*).

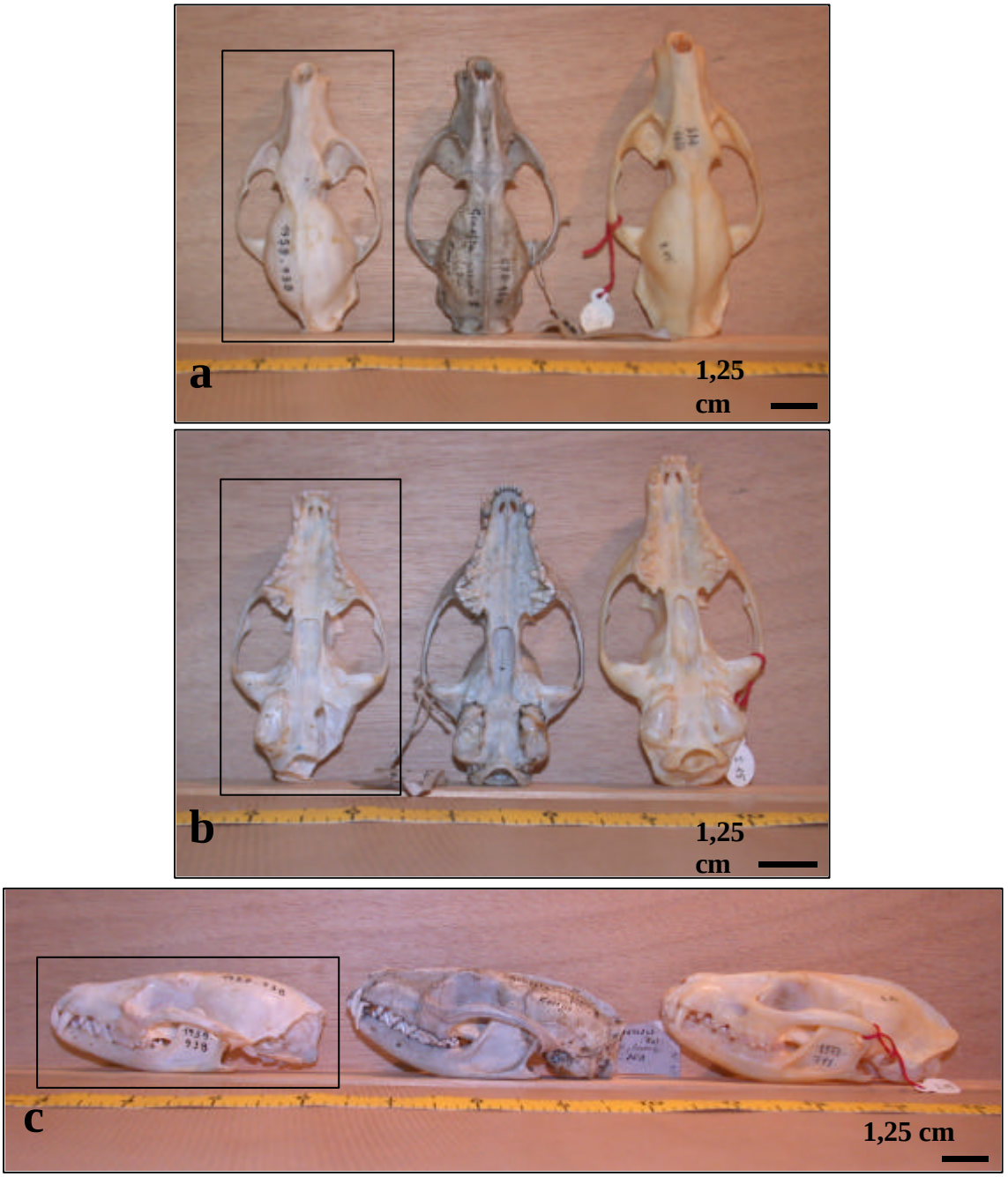


Fig. 4. – *Genetta bourloni*, holotype (left, in box; MNHN 1959-938), *Genetta poensis* (middle: MNHN 1894-263) and *Genetta pardina* (right; MNHN 1977-711). Skulls in dorsal (a), ventral (b) and lateral views (c).

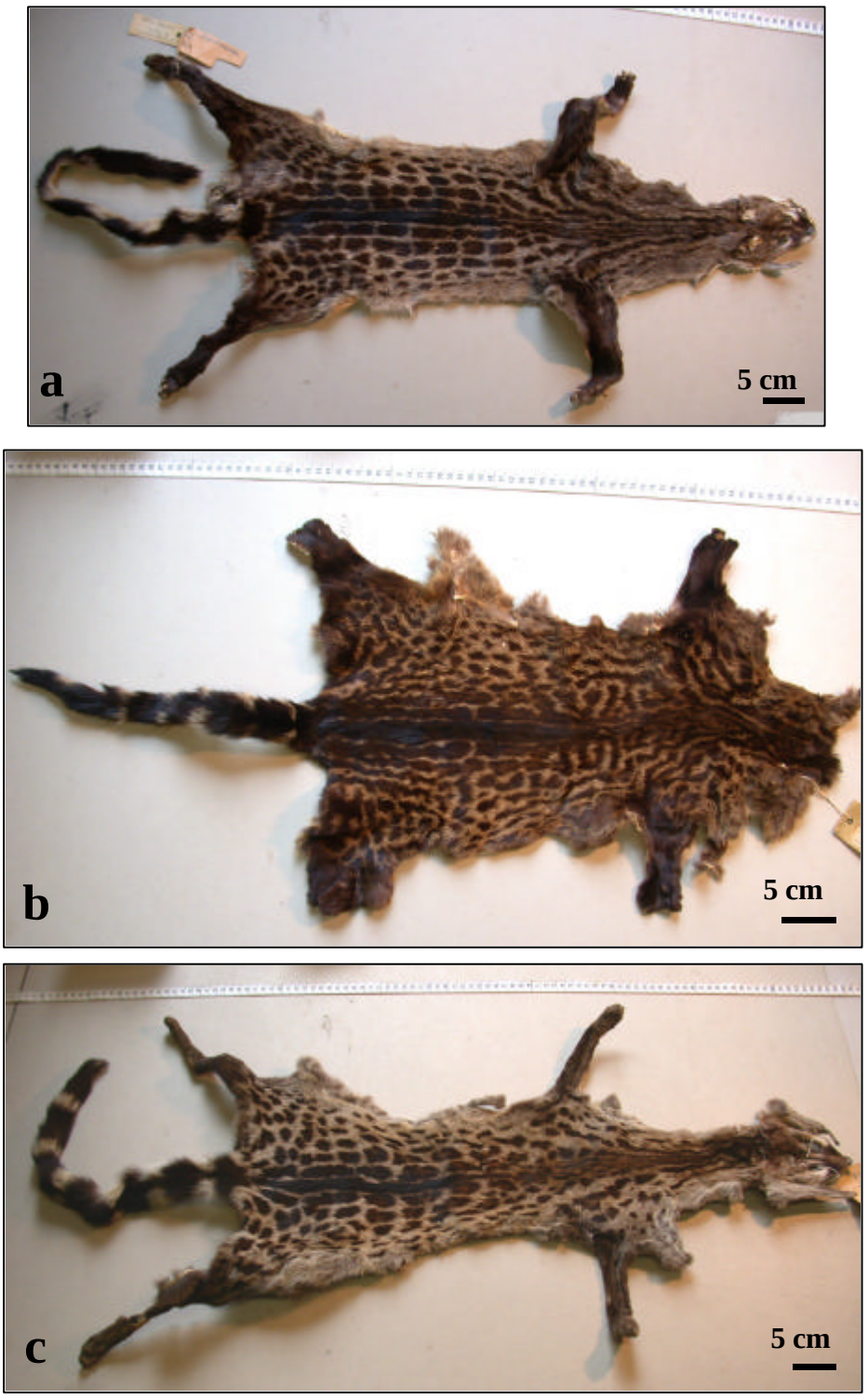


Fig. 5. – *Genetta bourloni*, holotype (a; MNHN 1959-938), *Genetta poensis* (b; MNHN 1908-58) and *Genetta pardina* (c; MNHN 1977-699). Flat skins.

***Genetta genettoides* (Temminck, 1853)**

Syntype localities. Rio Boutry and St. George d'Elmina, Ghana

Material examined. Syntypes: RMNH 34587, Rio Boutry, 1845 (skull + skin); RMNH 34588, Rio Boutry, September 1847 (skull + skin); RMNH 34589, Rio Boutry, January 1841 (skull + skin); RMNH 34590, St. George d'Elmina (skull + skin); RMNH 34591, St. George d'Elmina (subadult; skull + skin); RMNH 34630, 1842 (juvenile; skin). **BENIN**: MNHN 1902-1084, 30 October 1902 (mounted specimen); MNHN 1907-587, 29 November 1906 (skull); **GHANA**: RMNH 25742, 3 miles from Kpatonu, Accra – Kpandu road, 10 March 1973 (skull + skin); RMNH 34592, Sekondi (skin); RMNH 34593, Sekondi, February 1852 (skull + skin); RMNH 34632, St. George d'Elmina (juvenile; mounted specimen); MFNB 19023, Burugu, 1 July 1902 (skin); MFNB 19031, Ho, 11 June 1904 (skin); MFNB 19033, Ho, 11 June 1904 (skin); BMNH 25.10.24.52, Kumasi (subadult; skull + skin); BMNH 35.10.22.46, Gawso, 29 December 1934 (skull + skin); BMNH 1970.2629, Sefwi Wiawso (skin); BMNH 1970.2630, Sefwi Wiawso, 28 July 1870 (skin); BMNH 71.923, Pampramase (skull); BMNH 76.1785, Bia tributaries North Forest Reserve, 13 December 1970 (skull + skin). NIGERIA: BMNH 39690, South Nigeria (skin); **TOGO**: MNHN 1950-270, 15 km N Lomé, 31 July 1948 (skull); MNHN 1950-271, 21 km N Lomé, 29 December 1948 (skull); MNHN 1950-272, Bagamé, 18 August 1948 (skull); MNHN 1950-273, Bagamé, 29 August 1948 (skull); MNHN 1950-274, Bagamé, 19 August 1948 (skull); MNHN 1962-1573, Bagamé, 20 August 1948 (skull).

Description. Temminck (1853) observed that dorsal spots of the type material were either coalesced in partial stripes or not coalesced at all. I coded this character state as "limited" (5^{b}), although some specimens had a limited coalescence of spots on one side of the back only, with no coalescence on the other one. Temminck also stated that the last third of the tail was dark. Indeed, I observed that sometimes the two last bright rings of the tail tended to be covered by dark hair, following a general "dirty" darkening of the ground coloration of the whole body. However, bright rings are sometimes apparent until the tip of the tail (only the last one is covered by dark hair), so that I coded this character state polymorphic ($12^{a/b}$). The tail is short, with *btl* between 1.3 and 1.4. Dorsal spots are often brighter than the mid-dorsal line and limbs are dark. The ratio related to the inter-orbital constriction *int1* is very marked (mean value = 0.78 ± 0.11; from specimens RMNH 34587; RMNH 34588; RMNH 34589; RMNH 34590; RMNH 34593; BMNH 71.923; BMNH 76.1785; MNHN 1950-270; MNHN 1950-271; MNHN 1950-272), and the crest of insertion of the masseter muscles forms a very narrow and not elevated stripe.

Distribution. Distributed throughout forest zones of W and S Ghana (Rio Boutry and St. George d'Elmina, Sekondi, Kumasi, Gawso, Sefwi Wiawso, Bia tributaries North Forest Reserve, Kpatonu) and open savannahs of the eastern part of the country (E of Volta River: Burugu, Ho), Togo (Bagamé and near Lomé), and Benin and S Nigeria (no precise locality).

Seems to be located within the savannah zone of the Dahomey Gap and at the eastern forest fringe of the Upper Guinean Block (SW Ghana) (Fig 2b).

Taxonomy. The absence of direct examination of the type material and the incomplete diagnosis supplied by Temminck (1853) resulted in many erroneous attributions of the species name *genettoides*. Rosevear (1974) considered *genettoides* a large-spotted form of *G. pardina* (in opposition to the small-spotted form *poensis*) and allocated it, for convenience, the status of species. However, he observed a gradation of coat pattern (i.e., size of dorsal spots) between *genettoides* and *poensis*, thus doubting the taxonomic status of these two forms. The description he gave of *genettoides* is ambiguous and one can hardly distinguish any diagnostic traits since it is characterized by an important polymorphism. My investigations did not reveal any striking evidence of gradation between *poensis* and *genettoides* coat patterns, but I confirm the difficulty of attributing any diagnostic character states to *genettoides*. This form is characterized by a mixing of character states shared with other taxa of the complex. For instance, the inflation of *ceb* in comparison with *eb* is sometimes intermediate between *G. maculata* and *G. pardina*. Coloration of the limb may also vary from dark to almost completely light, and coalescence of dorsal spots may vary from "limited" to "important". Besides, polymorphism occurs, even within the syntype series and within a single individual (coalescence of dorsal spots). In a geographical point of view, all these variations are random. The crest of insertion of the masseter muscles may sometimes form a narrow and elevated crest, and the dark tip of the tail may often cover less than 1/3 of the tail. Also, in this special case, I preferred to use a "main frequency" coding for characterizing the taxon (see Table 1). Considering the high amount of variation occurring in specimens attributable to *genettoides* and their geographic location covering the uncertain boundaries between the ranges of *G. pardina* and *G. maculata*, *genettoides* may represent a hybrid population. This would explain the observed instability of morphological traits, the variability of which being distributed randomly throughout the range of *genettoides*. This does not preclude the possibility that "pure" *G. pardina* and *G. maculata* may be present in the area determined above, although hybrids exhibiting strict phenotypes of the latter might exist too. Consequently, *Csim* is relatively high for several pairwise comparisons (0.62 with *G. pardina*, and 0.54 with *G. maculata, G. poensis* and *G. bourloni*). Once again, hybridization is not an evidence for conspecificity (see *G. tigrina*) and does not question the validity of *G. maculata* and *G. pardina* as distinct species. We suggest that hybridization events, the nature of which still having to be determined, may occur between these two closely related species (Gaubert *et al.*, 2002) but are limited by their respective habitat specificity. Further investigations, including

molecular studies (Gaubert and Fernandes, in prep.), are required before determining the taxonomic status of *genettoides*.

***Genetta pardina schoutedeni* Crawford-Cabral, 1970**

Type locality. Bokungu, former Zaire

Material examined. Holotype: MRAC 18499 (skull + skin), and more than 100 specimens from BMNH, IRSNB, MFNB and MRAC (see Appendix 1).

Description. Crawford-Cabral (1970) gave an accurate description of the type specimen, though only focusing on coat pattern. I found it very difficult to distinguish this taxon among the amount of variability characterizing the coat pattern of *G. maculata*. For this reason, I focused on a striking character state related to the inflation of *ceb*, which is very important in comparison to *eb* (Fig 6), and appears to be the only trait allowing the distinction between *G. maculata* and *schoutedeni* (although Crawford-Cabral (1970) mentioned very dark tonalities and huge size for the type specimen of *schoutedeni*, which is not the case among specimens when following *ceb* as a discriminative character). The form *schoutedeni* is the only genet to exhibit such inflated *ceb*. In addition, *int1* is very low, even more than in *genettoides* (mean value = 0.62 ± 0.16; from specimens MRAC 12077; MRAC 18949; MRAC 78-26-M-19; MRAC 78-26-M-22; MRAC 89-19-M-55; MRAC 90-42-M-221; MRAC 90-42-M-222; MFNB 19172; BMNH 26.11.24.12).

Distribution. Crawford-Cabral (1970) restricted "pure" *schoutedeni* to the rain-forest of the interior of former Zaire (lower basin) on the basis of coat pattern and coloration. These two criteria seemed to be very variable to the present author, and I chose rather to look for specimens fitting with the character state "*ceb* highly elevated in comparison to *eb*" as the only diagnostic trait of *schoutedeni*. On this basis, individuals from many countries were identified as *schoutedeni* (Fig 2e): Angola, Burundi, Congo, Ethiopia, Ghana, Kenya, Mozambique, Nigeria, Sudan, Tanzania, Togo, Uganda and former Zaire.

Taxonomy. I observed some variability in the relative degree of elevation of *ceb* that made the identification of specimens sometimes equivocal. The type specimen MRAC 18499 is itself of the "highly elevated" state but does not bear the most strikingly inflated *ceb* among all the specimens examined. The type specimen of *Genetta suahelica* Matschie, 1902, also bears very inflated *ceb* [type locality: Tanga, Tanzania]. The number of diagnostic characters for *schoutedeni* is evidently too low to permit any further discussion about the taxonomic status of

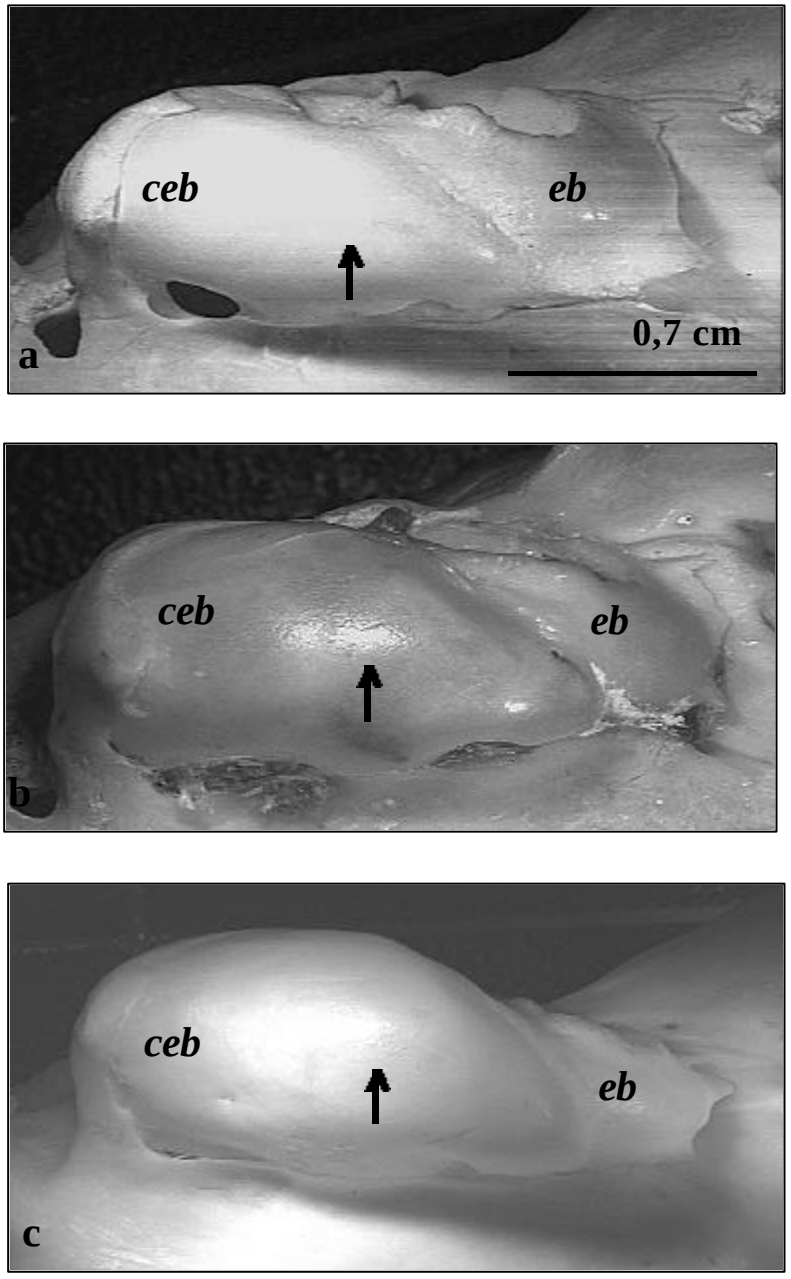


Fig. 6. – Illustration of character 3 "inflation of the caudal entotympanic bone (*ceb*) in comparison to the ectotympanic bone (*eb*)": a- *ceb* and *eb* almost at the same level [*Genetta genetta*; MNHN 1972-394]; b- *ceb* more elevated than *eb* [*Genetta bourloni;* MNHN 1959-937]; c- *ceb* highly elevated in comparison to *eb* [*schoutedeni*; MRAC 28397]. The arrow shows the increasing inflation of *ceb* from states a to c.

this form (for instance, *Csim* with *G. maculata* is 0.92). The elevation of *ceb* may be an adaptive trait related to life in closed habitats, although specimens from clearly open areas may bear the character state 3^c. I sometimes found specimens coming from the same localities with either character state 3^a (*G. maculata*) or 3^c (*schoutedeni*). It should be borne in mind that the relative elevation of *ceb* is a diagnostic character for discriminating Viverrinae sister-species such as *Poiana richardsonii* and *P. leightoni*, *Prionodon pardicolor* and *Pr. linsang*, and *G. thierryi* and *G. abyssinica* (Gaubert *et al.*, 2001; 2002), so that *schoutedeni* could represent a distinct species. However, Crawford-Cabral (1970) identified morphological clines in northern former Zaire towards smaller and lighter specimens ("*schoutedeni* northern transition"), towards *gleimi* south of the country, and towards *zambesiana* in lower Lualaba (the latter being two savannah taxa). As in the case of *genettoides*, the precise taxonomic status of *schoutedeni* requires further investigation.

***Genetta stuhlmanni* Matschie, 1902**

Type locality. Bukoba, Uganda

Specimen examined. Holotype: MFNB 19540/1 (skull + skin).

Description. Nothing from the diagnosis provided by Matschie (1902), the description by Crawford-Cabral (1970), and my own examination of the type material, allows discrimination of this taxon from the range of variability existing within *G. maculata.*

Taxonomy. Considered a junior synonym of *G. maculata.*

The type material of *Genetta fieldiana* Du Chaillu, 1860 [type locality: Obindji, Gabon] and *Genetta insularis* Cabrera, 1921 [type locality: Rebola, Fernando Po (current Bioko Isl.), Equatorial Guinea] was not examined. However, it can be concluded from the respective diagnoses provided by the authors that the two taxa have a coat pattern very similar to *G. maculata*, since detailed indications were provided both for tail annulation and arrangement of dorsal spots (Du Chaillu, 1860; Matschie, 1902; Cabrera, 1921). Unfortunately, no information related to skull characteristics was available. Therefore, and waiting for direct examination of the type specimens, I consider *Genetta fieldiana* Du Chaillu, 1860, and *Genetta insularis* Cabrera, 1921, as junior synonyms of *G. maculata.*

CONCLUSION

I have tried to clarify the taxonomic statuses of the forest forms related to the Large-spotted Genet complex through the use of new discrete and species-discriminative morphological characters. Such an approach proved to be useful and argues for maintaining *G. pardina, G. maculata* and *G. tigrina* as distinct species and for raising *G. poensis* to the specific level. It also permitted the identification and description of a new species, *G. bourloni*, restricted to the rain-forests of the Upper Guinean Block. Although these investigations had a limited discriminative power when dealing with other forest forms, such as *genettoides* (Dahomey Gap) and *schoutedeni* (Lower Zaire), they should constitute hypotheses to be tested in further taxonomic and molecular-based phylogeographic studies related to the Large-spotted Genet complex.

G. poensis and *G. bourloni* have few representatives in collections and seem to be restricted to, respectively, the Guinean Blocks (Upper and Lower) and the Upper Guinean Block. It is of prime importance to undertake field surveys in order to achieve original data on the distribution and eco-ethology of these species, both totally unknown. In the case of *G. poensis*, no specimen collected after 1946 wase recorded, and it is urgent to assess the viability of the putative remnant populations. Since they are restricted to rain-forests, *G. poensis* and *G. bourloni* are subject to high rates of habitat fragmentation, and thus should be considered species with high priority of conservation. Conservation programs should also take into account probable hybrid zones (Dahomey Gap, KwaZulu-Natal) that are often characterized by a high morphological diversity and mixing of phenotypes within genets, and represent potential sources of diversity and speciation.

Proposition of classification for the genets discussed in the present paper:

Genus *Genetta* G. Cuvier, 1816

[Large-spotted Genet complex]

.*Genetta tigrina* (Schreber, 1776)

.*Genetta maculata* (Gray, 1830)

synonym: *stuhlmanni* Matschie, 1902;

[temporarily] *fieldiana* Du Chaillu, 1860; *insularis* Cabrera, 1921

.*Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832

synonym: *dubia* Matschie 1902

.*Genetta poensis* Waterhouse, 1838

.Genetta bourloni sp. n.

[Incertae sedis]

.*Genetta genettoides* (Temminck, 1853)

.*Genetta pardina schoutedeni* Crawford-Cabral, 1970

.*Genetta suahelica* Matschie, 1902

[Servaline Genets]

.Genetta cristata (Hayman, 1940)

synonym: *bini* Rosevear, 1974

ACKNOWLEDGMENTS

I am very grateful to the following people and institutions for their kind assistance in the exploration of the collections: Paula Jenkins and Daphne Hills (BMNH), Chris Smeenk (RMNH), Wim Van Neer and Wim Wendelen (MRAC), Georges Lenglet and Georges Coulon (IRSNB), Manfred Ade and Irene Thomas (MFNB), Rainer Hutterer (ZFMK), Géraldine Pothet, Jacques Cuisin and Alain Bens (MNHN), Peter Taylor (DNSM) and Judith Masters (NM). The work of the author at the BMNH was supported by the IHP Programme through a Sys-Resource grant. Michel Tranier, Géraldine Veron, Christiane Denys and Michael Hoffman provided invaluable comments on the early draft of the manuscript. Thanks are due to Joao Crawford-Cabral, Peter Grubb and an anonymous reviewer for their fruitful comments on the manuscript. This is a contribution of E.A. 2586 “Systématique et Evolution des Vertébrés Tétrapodes”.

BIBLIOGRAPHY

ATLAS MONDIAL ENCARTA, 1998. – *[CD-ROM]*. Microsoft corporation, Redmond, USA. (http://www.encarta.fr.msn.com)

CABRERA, A., 1921. – Algunos Carnivoros africanos nuevos. *Bol. Real Soc. Esp. Hist. Nat.*, 21: 261 – 264.

CHAILLU, P. DU., 1860. – "Mr P. B. Du Chaillu presented descriptions of five new species of mammals discovered by him in western equatorial Africa, as follows:”. *Proc. Boston Soc. Nat. Hist.*, 7: 296-304.

COETZEE, C., 1977. – Order Carnivora. Part 8. In: *1971-1977. The mammals of Africa: an identification manual.* Eds. Meester and Setzer, Smithsonian Institution Press, Washington DC.

CRAWFORD-CABRAL, J., 1970. – As genetas da Africa Central. *Bol. Inst. Invest. Cient. Ang.,* 7 (2): 3-23.

CRAWFORD-CABRAL, J., 1981a. – The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolm Soc. port. Ciênc. nat.,* 20: 97-114.

CRAWFORD-CABRAL, J., 1981b. – Analise de dados craniometricos no genero *Genetta* G. Cuvier (Carnivora, Viverridae). *Mem. Junta Invest. Cient. Ultram.,* 66 : 1-329.

CRAWFORD-CABRAL, J. and C. FERNANDES, 2001. – The Rusty-spotted genets as a group with three species in Southern Africa (Carnivora: Viverridae). Pp. 65-80 in: *African Small Mammals.* Eds. Denys *et al*., IRD, collection Colloques et séminaires, Paris.

CRAWFORD-CABRAL, J. and A. PACHECO, 1992. – Are the Large-spotted and the Rusty-spotted genets separate species (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*) ?. *Garcia de Orta, Sér. Zool.,* 16 (1-2): 7-17.

DAVIS, D.H.S. and X. MISONNE, 1964. – Gazetteer of collecting localities of African rodents. *M.R.A.C. Doc. Zool*., 7: 1-100.

GAUBERT, P., G. VERON and M. TRANIER, 2001. – An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. Pp. 81-89 in: *African Small Mammals.* Eds. Denys *et al*., IRD, collection Colloques et séminaires, Paris.

GAUBERT, P., G. VERON and M. TRANIER, 2002. – Genets and « genet-like » taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zool. J. Linn. Soc.,* 134: 317-334.

GAUBERT, P., M. TRANIER, G. VERON, D. KOCK, A.E. DUNHAM, P.J. TAYLOR, C. STUART, T. STUART and W.C. WOZENCRAFT, in press a. – *Viverra maculata* Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; Mammalia, Carnivora): proposed conservation of the specific name (Case 3204), *Bull. Zool. Nom.*

GAUBERT, P., M. TRANIER, G. VERON, D. KOCK, A.E. DUNHAM, P.J. TAYLOR, C. STUART, T. STUART and W.C. WOZENCRAFT, in press b. – Nomenclatural comments on the Rusty-spotted Genet (Carnivora, Viverridae) and designation of a neotype, *Zootaxa.*

GEOFFROY SAINT-HILAIRE, I., 1832. – *Etudes zoologiques. 1er fascicule*. Lequien Fils Librairie, Paris.

GRAY, A.P., 1971. – *Mammalian hybrids - A check-list with bibliography*. Commonwealth Agricultural Bureaux, Tech. Comm. n°10, Bucks, England.

GRAY, J.E., 1830. – *Spicilegia Zoologica*. Treüttel, Würtz and Co, London.

GRUBB, P., T.S. JONES, A.G. DAVIES, E. EDBERG, E.D. STARIN and J.E. HILL, 1998. – *Mammals of Ghana, Sierra Leone and The Gambia*. The Trendrine Press, St. Ives, Cornwall.

HAPPOLD, D.C.D., 1987. – *The Mammals of Nigeria*. Oxford University Press, London.

HAPPOLD, D.C.D., 1996. – Mammals of the Guinea-Congo rain forest. *Proc. R. Soc. Edimburgh* 104B: 243-284.

HEARD, S. and H. VAN ROMPAEY, 1990. – Rediscovery of the crested genet. *Mustelid and Viverrid Conservation,* 3: 1-4.

HILLS, D.M. and R.H.N. SMITHERS, 1980. – The "King Cheetah" – A historical review. *Arnoldia Zimbabwe,* 9 (1): 1-23.

JEANNIN, A., 1936. – *Les mammifères sauvages du Cameroun*. Paul Lechevalier, Paris.

KINGDON, J., 1997. – *The Kingdon field guide to African mammals*. Academic Press, San Diego.

MATSCHIE, P., 1902. – Ueber die individuellen und geographischen Abänderungen der Ginsterkatzen. *Verh. d. V Internat. Zool. Congress, Berlin*: 1128-1144.

POCOCK, R.I., 1908. – Report upon a small collection of Mammalia brought from Liberia by Mr. Leonard Leighton. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1907: 1037-1047.

POUSARGUES, E. DE., 1896. – Etudes sur les Mammifères du Congo Français. *Ann. Sci. Nat. Zool. et Pal.,* 8 (3): 128-246.

POWELL, C.B. and H. VAN ROMPAEY, 1998. – Genets of the Niger Delta, Nigeria. *Small Carnivore Conservation,* 19: 1-7.

PRINGLE, J. A., 1977. – The distribution of mammals in Natal. Part 2. Carnivora. *Ann. Natal Mus.,* 23 (1): 93-115.

ROCHE, J., 1971. – Recherches mammalogiques en Guinée forestière. *Bull. Mus. Nat. Hist. Nat., Zool.,* 16: 737-780.

ROSEVEAR, D., 1974. – *The Carnivores of West Africa*. Trustees of the British Museum (N.H.), London.

ROZHNOV, V.V. and PHAM TRONG ANH, 1999. – A note on the Tainguen civet – a new species of viverrid from Vietnam (*Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov & Pham Trong Anh, 1997). *Small Carnivore Conservation,* 20: 11-14.

SCHLAWE, L., 1980. – Zur geographischen Verbreitung der Ginsterkatzen, Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Faun. Abhandl. Staatl. Mus. Tierk. Dresden*, 7 (15): 147-161.

SCHLAWE, L., 1981. – Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zool. Abhandl. Staatl. Mus. Tierk. Dresden*, 37 (4): 85-182.

SCHWARZ, E., 1930. – Die Sammlung afrikanischer Säugetiere im Congo-Museum. Ginsterkatzen (Gattung *Genetta* Oken). *Rev. Zool. Bot. Afr.*, 19 (2): 275-286.

SOKOLOV, V.E., V.V. RHOZNOV and PHAM TRONG ANH, 1997. – New species of Viverrids of the genus *Viverra* (Mammalia, Carnivora) from Vietnam. *Russ. J. Zool.* 1 (2): 204-207.

STUART, C.T., 1981. – Notes on the mammalian carnivores of the Cape Province, South Africa. *Bontebok* 1: 1-58.

TEMMINCK, C., 1853. – *Esquisses zoologiques sur la côte de Guinée. 1ère partie, les Mammifères*. Brill EJ., Leiden.

TIMES ATLAS OF THE WORLD, 1980. – Times Books Limited, London and J. Bartholomew & Sons, Edinburgh.

TUIJN, P. and P.J. VAN DER FEEN, 1969. – On some eighteenth century animal portraits of interest for systematic zoology. *Bijd. Dierk.* 39: 69-79.

VAN AARDE, R.J. and A., VAN DYK, 1986. – Inheritance of the king coat colour pattern in cheetahs *Acinonyx jubatus*. *J. Zool., Lond.* 209: 573-578.

VERON, G., 1995. – La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia* 59 (4): 551-582.

VERON, G. and S. HEARD, 2000. – Molecular systematics of the Asiatic Viverridae (Carnivora) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence analysis. *J. Zool. Syst. Evol. Res.* 38: 209-217.

WALSTON, J. and G. VERON, 2001. – Questionable status of the "Taynguyen civet", *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov and Pham Trong Anh, 1997 (Mammalia: Carnivora: Viverridae). *Mamm. Biol.* 66: 181-184.

WATERHOUSE, G.R., 1838. – On some new species of Mammalia from Fernando Po. *Proc. Zool. Soc. Lond*. 1838: 57-65.

WOZENCRAFT, W.C., 1989. – Classification of the recent Carnivora. Pp. 569-593 in: *Carnivore behavior, ecology, and evolution*. Ed. J.L. Gittleman, Cornell University Press, New York.

WOZENCRAFT, W.C., 1993. – Order Carnivora. Pp. 279-348 in: *Mammal species of the world – a taxonomic and geographic reference*. Eds. Wilson and Reeder, Smithsonian Institution Press, Washington & London.

Appendix 1. List of the specimens examined during this study for *Genetta maculata* and *schoutedeni*:

-G. maculata: DNSM 1618, DNSM 1632, DNSM 1636, DNSM 2232, DNSM 3219, DNSM 4058, DNSM 4475, DNSM 4833, IRSNB 969, IRSNB 970, IRSNB 3499, IRSNB 3500, IRSNB 3529, IRSNB 3530, IRSNB 4659, IRSNB 4660, IRSNB 6559, IRSNB 6957, IRSNB 6958, IRSNB 6959, IRSNB 8111, IRSNB 8211, IRSNB 8661, IRSNB 11693, IRSNB 11694, IRSNB 11695, IRSNB 11696, IRSNB 11697, IRSNB 11698, IRSNB 11699, IRSNB 11700, IRSNB 11701, IRSNB 11703, IRSNB 11704, IRSNB 11705, IRSNB 11706, IRSNB 11708, IRSNB 11709, IRSNB 11710, IRSNB 11711, IRSNB 11712, IRSNB 11714, IRSNB 11716, IRSNB 11717, IRSNB 11718, IRSNB 11719, IRSNB 11722, IRSNB 11724, IRSNB 11725, IRSNB 11728, IRSNB 11729, IRSNB 11730, IRSNB 11731, IRSNB 11733, IRSNB 11734, IRSNB 11735, IRSNB 11736, IRSNB 11737, IRSNB 11738, IRSNB 11739, IRSNB 11740, IRSNB 11741, IRSNB 11742, IRSNB 11743, IRSNB 11744, IRSNB 11745, IRSNB 11747, IRSNB 11748, IRSNB 11749, IRSNB 11750, IRSNB 11751, IRSNB 11752, IRSNB 11798, IRSNB 12259, IRSNB 12787, IRSNB 12798, IRSNB 12799, IRSNB 12800, IRSNB 12830, IRSNB 12903, IRSNB 13031, IRSNB 13951, IRSNB 14654, IRSNB 14655, IRSNB 14656, IRSNB 14657, IRSNB 14658, IRSNB 16247, IRSNB 17332, IRSNB 17333, IRSNB 17334, IRSNB 19943, IRSNB 19944, IRSNB 19945, IRSNB 19946, IRSNB 19947, IRSNB 19948, IRSNB 19949, IRSNB 21275, IRSNB 21276, IRSNB 21277, IRSNB 21278, IRSNB 21280, IRSNB 21281, IRSNB 21282, IRSNB 21283, IRSNB 21284, IRSNB 21472, IRSNB 21530, IRSNB 21531, IRSNB 21532, IRSNB 33446, IRSNB 33447, IRSNB 33448, IRSNB 33449, IRSNB 33450, IRSNB 33451, IRSNB 33452, IRSNB 33453, IRSNB 33454, IRSNB 33455, IRSNB 33456, IRSNB 33458, IRSNB 33459, IRSNB 33461, IRSNB 33462, IRSNB 33463, IRSNB 33464, IRSNB 969B, MFNB 1098, MFNB 1107, MFNB 1108, MFNB 5333, MFNB 6517, MFNB 6721, MFNB 9080, MFNB 9081, MFNB 9123, MFNB 12216, MFNB 12217, MFNB 14495, MFNB 18811, MFNB 18921, MFNB 18926, MFNB 18934, MFNB 18984, MFNB 18993, MFNB 19001, MFNB 19020, MFNB 19021, MFNB 19026, MFNB 19027, MFNB 19029, MFNB 19034, MFNB 19052, MFNB 19054, MFNB 19055, MFNB 19057, MFNB 19059, MFNB 19165, MFNB 19167, MFNB 19169, MFNB 19178, MFNB 19182, MFNB 19199, MFNB 19222, MFNB 19227, MFNB 19228, MFNB 19229, MFNB 19302, MFNB 19321, MFNB 19327, MFNB 19341, MFNB 19342, MFNB 19344, MFNB 19347, MFNB 19348, MFNB 19351, MFNB 19352, MFNB 19353, MFNB 19356, MFNB 19360, MFNB 19362, MFNB 19367, MFNB 19368, MFNB 19369, MFNB 19371, MFNB 19372, MFNB 19373, MFNB 19381, MFNB 19385, MFNB 19387, MFNB 19389, MFNB 19397, MFNB 19398, MFNB 19404, MFNB 19405, MFNB 19408, MFNB 19411, MFNB 19414, MFNB 19416, MFNB 19418, MFNB 19420, MFNB 19421, MFNB 19422, MFNB 19424, MFNB 19427, MFNB 19430, MFNB 19433, MFNB 19433, MFNB 19438, MFNB 19443, MFNB 19444, MFNB 19446, MFNB 19447, MFNB 19448, MFNB 19449, MFNB 19451, MFNB 19455, MFNB 19497, MFNB 19500, MFNB 19503, MFNB 19510, MFNB 19514, MFNB 19515, MFNB 19517,

MFNB 19521, MFNB 19525, MFNB 19526, MFNB 19533, MFNB 19534, MFNB 19538, MFNB 19539, MFNB 19542, MFNB 19548, MFNB 19550, MFNB 19554, MFNB 19555, MFNB 19556, MFNB 19557, MFNB 19558, MFNB 19558, MFNB 19565, MFNB 19566, MFNB 19569, MFNB 19570, MFNB 19571, MFNB 19572, MFNB 19573, MFNB 19577, MFNB 19579, MFNB 19580, MFNB 19583, MFNB 19584, MFNB 19590, MFNB 19591, MFNB 19592, MFNB 19600, MFNB 19611, MFNB 19616, MFNB 19649, MFNB 19651, MFNB 19654, MFNB 19676, MFNB 19679, MFNB 19685, MFNB 19686, MFNB 19687, MFNB 19688, MFNB 19689, MFNB 19690, MFNB 19692, MFNB 19858, MFNB 19859, MFNB 19866, MFNB 19877, MFNB 20623, MFNB 20625, MFNB 20626, MFNB 20627, MFNB 20857, MFNB 20858, MFNB 21027, MFNB 21028, MFNB 21241, MFNB 23298, MFNB 23300, MFNB 30751, MFNB 32463, MFNB 33354, MFNB 33954, MFNB 34399, MFNB 34481, MFNB 34484, MFNB 35725, MFNB 36915, MFNB 40345, MFNB 40345, MFNB 40347, MFNB 40479, MFNB 40480, MFNB 41442, MFNB 41498, MFNB 43468, MFNB 44821, MFNB 47071, MFNB 60968, MFNB 60969, MFNB 68973, MFNB 68976, MFNB 68981, MFNB 68991, MFNB 68993, MNHN 1902-753, MNHN 1902-754, MNHN 1902-755, MNHN 1902-756, MNHN 1904-2008, MNHN 1904-2009, MNHN 1904-2010, MNHN 1904-2011, MNHN 1904-2011, MNHN 1904-2013, MNHN 1904-2014, MNHN 1904-2015, MNHN 1904-2020, MNHN 1904-2021bis, MNHN 1905-379, MNHN 1912-153, MNHN 1913-32, MNHN 1913-33, MNHN 1939-176, MNHN 1962-1057, MNHN 1962-1058, MNHN 1962-163, MNHN 1962-3311, MNHN 963-1416, MNHN 1969-470, MNHN 1970-387, MNHN 1970-388, MNHN 1972-395, MNHN 1973-118, MNHN 1973-59, MNHN 1973-60, MNHN 1973-61, MNHN 1974-172, MNHN 1983-793, MNHN 2001-1158, MNHN 2001-1159, MNHN 1918-7, MNHN 1933-2316, MNHN 1933-2315, MNHN 1897-632, MNHN 1940-1212, MNHN 1991-201, MNHN 1962-1576, MNHN 1982-793, MNHN 2001-1160, MNHN 2001-1811, MNHN 2001-1810, MNHN [ZAK 25], MNHN 449, MNHN 1891-260, NM 1719, RMNH 1325, RMNH 3352, RMNH 25739, RMNH 31272, RMNH 34594, RMNH 34640, ZFMK 3112, ZFMK 3163, ZFMK 3180, ZFMK 3181, ZFMK 3468, ZFMK 3469, ZFMK 3486, ZFMK 6238, ZFMK 6239, ZFMK 6298, ZFMK 6313, ZFMK 31137, ZFMK 31138, ZFMK 31151, ZFMK 36154, ZFMK 69927.

For reasons related to time-consumption, I was only able to collect locality names for specimens from BMNH and MRAC:

-BMNH: **ANGOLA**: Bambi, Fazenda Gongolo - Amboimi district, Golungo Alto, Duque de Bragança, near Dundo - 75 km SSE of Lunda (in Zaire), near Tala and Tondo; **BOTSWANA:** Bardstein area Ngamiland, Maun – Kalahari; **CAMEROON:** Kembong, Ossing, Mamfe; **CHAD**: Yei district, Bor district, N'Djamena; **ETHIOPIA**: NW Lake Ch'amo, Arba Minch - SW Lake Abaya, Webi Shebeli - Goulsa foothills, Gimbi area - 15 miles E on Main Road, Addis Abeba, Dangila, Bahir Dar – Giyorgis; **GHANA**: Oda; **KENYA**: 5 km SE of Kwale - Kivumoni Forest, Gede Coastal Province, Nairobi, Kikuyu, Limuru, Amala river, Murang'a, Sagana valley - Mt. Kenya, Keruguya - Mt. Kenya, Mutaragwa -Aberdare Mts., near Nakuru - S Bahati forest, Molo, 12 miles W of Naro Moru, Guaso Nyiro, Tusc(e)i / Tusu - Mt. Kenya, Solai - Mt. Kenya, Guas Ngishu Plateau, near Soy, Mt. Uraguess, E Trans-Nzoia - near Cherangani Hills, Mt. Elgon, Lomut, Mt. Marsabit, Charada Forest; **MALAWI**: Chiromo, 1 mile S of Chikwawa, Lichenya plateau, Zomba, Mkata station, Kota Kota, Mzimba; **MOZAMBIQUE**: Coguno, Tambarara, Tete - Zambesi river, Bero; **NAMIBIA**: Wilhelmstal Lushoto, Mahango, Popa Falls, Mbambi Grootfontein – Caprivi, Okavango - Omatako junction, Sinjemba, Diwai, 10 miles W of Tshimbaka Hondoto and Cunene rivers junction; **NIGERIA**: 12 km NNE of Nembe Sie(c)le river - between Okoroba and Elemuama, 5 km SSE of Ahoada, Agoi Ibomi village, Ikot Mba, Ndoro - near Umuahia, Warri,

Sapoba Jameson river, Anambra creek, Iju, Katsina, Abutu, Kode, Wukrum Hills, Ndakuru, 2 - 3 km N of Boma; **REPUBLIC OF SOUTH AFRICA**: Legogot - Barberton district, Zout Pan, Klein Letaba; **SUDAN**: Torit, Luni river - opposite Lado, Mongalla - Bahr al Ghazal, Duk Zagwil, Mom district, Malek - Bor district, Kayana; **SWAZILAND**: Tshaneni; **TANZANIA**: Jackwa Gorge, Lumesule Juu Nachingwea, Liwale, Tendaguru - near Lindi, Itumba, Tete, Morogoro, Mpwapwa, Gongwe, Mangonyi, Kaseke - near Kigoma, Mdjengos - near Singida, Nyasa, Wembere river, Tengeru, Mto wa Mbu - Lake Manyara, Moshi - S side of Mt. Kilimandjaro, Lyamungu, Ler(v)ai Camp - Ngorongoro Crater, 30 km NE of Arusha Kamurt Lake, Javeita - SE flank of Mt. Kilimandjaro, Ukara Isl.; **UGANDA**: forests at foot of Mt. Muhavura, Mulema, Queen Elizabeth Park, Kampala, Mubango - Mabira forest, Mubende, Kasawere - NE Mt. Elgon, Bugwa, Serere Teso district, Bulisa - NE Lake Mobutu, Ousuko, Nebbi, Mamalu Karamoja district; **ZAIRE**: Kazungu, Luluabourg, Inkongo, Walikale, Wanka river, Luwere, Makoga, Poko, Mabenge, Semnio, Panga; **ZAMBIA**: Sesheke - right bank of Kafue river, Machili river, E of Loanga, Namwala district, Mala, Banga, Shamakanda, near Kalumbwe, Kabwe, Kabulwebulwe, Balovale – Chitokoloki, Chipata, near Kabompo Boma, Balovale, Kasempa district, 13 miles NE Lusangazi, Mulanda - Bantu, Ndola, 1/2 miles SE Chibembe Pontoon, Simonis village, Ngweshe, Kapeshi, Makumbo, Lake Mweru, Mbala.

-MRAC: **BENIN**: Badou – Anonoe; **BURUNDI:** Nyanza, Muramvya, Ruzizi plain; **CAMEROON**: Yagoua, Sir, Mokolo; **CENTRAL AFRICAN REPUBLIC** (no precise locality available); **KENYA**: Ziwani, Tsavo, Londiani, Kerio river, Campi Ziwani - foot of Mt. Elgon; **NIGERIA**: Diebu - E Peremabiei, mangrove around Okpoama Brass Isl., near Opukuma, mangrove on W bank of Opume Creek, Opume, Bunu – Bangha, Masea stream - right side of lower Imo river, Eziama – Nembe, 3 km S Mbiama, Eziama, Ezike, Sapoba (market), 40 km from Enugu - Port Harcourt-Enugu road, behind Onito, Taba; **RWANDA**: Kigali; **UGANDA**: Mugeri mission, NE Mt. Elgon; **ZAIRE**: Baya, Mwera, Luashi, near Dilolo railway station, Kakanda, Dilolo, Lukafu, Tshingamba, Katentania, Kansenia, Kapiri Plateau, Kundelungu, Mukishi – Katentania, Lukonzolwa, Kapanga, Kitobwe, Guillaume falls, Tshimbayeka, Kandongo, Mufikidi, Lula, Tende, Kambasondi, Kahemba, near Panzi Kasongo, Mwendjila, Mwamukanda, Kambakala, Kasongo, Haute Lula river, Luisa territory, Banana, near Albertville, Makalan, Tshipoko, Makaia N'tete, Kele - near Tumba, Temvo, Ngele, Weka, Kasinzi, Kamanda, Kamba – Mbongo, Leverville, Kinda, Kisantu, Kinshasa, Fizi region, Baraka, Lodja – Komi, Lodja territory, Komi (Sankuru), Kwango, Kwamouth, Kamituga, Lemera, Akanyaru river, Mpelu, Butare, Astrida region, Lomela, Rugege forest, Umangi, Bolobo - near Mankakati, Kunungu, Keseki - near Kunungu, Mongala, Kavumu - Walikale road km 82, Bobandana, Kantundwe (Fuko tributary), Kavumu road km 100 - towards Walikale, Ikela, Kisaro - near Rutshuri, Nongo-Wanga harbour, Likete, Lutunguru, Angumu, near Lubero, Bokuma, Bamanya, Vehamba, Coquilhatville region, Malinde, Musubele, Butembo, Vuhovi - Semliki foothills, Butuhe, Kiondo, Beni, Stanley Falls, Stanleyville, Tshoppo Falls, Pilipili, Boga(y), Mawambi, Elisabetha – Basoko, Yambuya, Avakubi, Kisenyi, 2 km W Irumu, Djugu, Moenge, Nioka, Medjé, Ibembo, Paulis region, Buta, Koteli, Kasai, Rungu, Bambesa, Dungu, Gangala-na-Bodio, Faradje, Bagbele, Zungumbia, Tukpo.

-G. schoutedeni: IRSNB 21279, MFNB 18127, MFNB 18458, MFNB 18909, MFNB 19022, MFNB 19024, MFNB 19032, MFNB 19038, MFNB 19179, MFNB 19185, MFNB 19191, MFNB 19198, MFNB 19206, MFNB 19214, MFNB 19220, MFNB 19232, MFNB 19234, MFNB 19236, MFNB 19252, MFNB 19296, MFNB 19317, MFNB 19326, MFNB 19406, MFNB 19454, MFNB 19464, MFNB 19470, MFNB 19476, MFNB 19490, MFNB

19492, MFNB 19494, MFNB 19520, MFNB 19632, MFNB 19644, MFNB 19645, MFNB 19646, MFNB 19867, MFNB 41780, MFNB 19171 / 19172, MFNB 19174 / 19173, MFNB 19176 / 19177, MFNB 19459 / 19460, MRAC 251, MRAC 624, MRAC 1934, MRAC 4274, MRAC 4822, MRAC 855, MRAC 5965, MRAC 6953, MRAC 7831, MRAC 7833, MRAC 8335, MRAC 8800, MRAC 9387, MRAC 9994, MRAC 10112, MRAC 10324, MRAC 10431, MRAC 10612, MRAC 10614, MRAC 12077, MRAC 12961, MRAC 13729, MRAC 13982, MRAC 14465, MRAC 15332, MRAC 15342, MRAC 17188, MRAC 17289, MRAC 17306, MRAC 17325, MRAC 17706, MRAC 18979, MRAC 19789, MRAC 19797, MRAC 19909, MRAC 21748, MRAC 26908, MRAC 27194, MRAC 27657, MRAC 28397, MRAC 31286, MRAC 37051, MRAC 76052M0013, MRAC 80002M0042, MRAC 80044M0062, MRAC 89019M0058, MRAC 90042M0221, MRAC 90042M0222.

For reasons related to time-consumption, I was only able to collect locality names for specimens from BMNH: **CAMEROON**: Mamfe; **ETHIOPIA**: Dangila; **KENYA**: Solai - Mt. Kenya; **MOZAMBIQUE**: Coguno; **NIGERIA**: Akata – Ugbo; **SUDAN**: Moeru - Mongalla districts, Duk; **TANZANIA**: Kilosa, Kimamba Station – Morogoro; **UGANDA**: Ruwenzori East, Nebbi; **ZAIRE**: Baraka, Stanley Falls, Mobangi, Semnio.

. Synthèse et commentaires

Ce travail, basé sur l'observation d'environ 4400 spécimens de Viverrinae et la définition de 13 caractères morphologiques discrets diagnostiques au sein du « Large-spotted Genet complex » (trois caractères crâniens et 10 caractères du pelage), a permis d'évaluer le statut taxinomique des formes de forêt traditionnellement rapprochées de ce complexe. Il a également permis de confirmer le statut spécifique de *G. pardina, G. maculata* et *G. tigrina*. Une matrice de similarité, outil simple mais utile afin d'estimer la « distance » morphologique, a été établie en divisant le nombre d'états de caractères différents par le nombre total de caractères pour chaque paire de taxons.

Certaines formes ont ainsi pu être mises sans ambiguï té en synonymie, dont une avec une espèce n'appartenant pas au «Large-spotted Genet complex » (cas de *G. bini*, synonyme de *G. cristata*, une genette servaline). Les caractères morphologiques très discriminants de *G. poensis* (notamment liés à l'ultrastructure des poils) ainsi que son aire de répartition sympatrique avec à la fois *G. pardina* et *G. maculata*, nous ont fait ré-établir le taxon au rang d'espèce valide (Pocock, 1908). Une nouvelle espèce a aussi pu être décrite, *G. bourloni*, sur la base notamment d'un état de caractère crânien discriminant (large crête d'insertion des muscles du masséter). Cette nouvelle espèce porte à trois le nombre d'espèces de Viverrinae rares et endémiques au Bloc Forestier Guinéen (avec *G. johnstoni* et *Poiana leightoni*), ce dernier constituant une région d'endémisme cruciale pour les petits Carnivores forestiers en général (inclus aussi *Liberiictis kuhni*, un Herpestidae). Notre travail a également permis de redéfinir les formes *schoutedeni* et *genettoides* d'un point de vue morphologique, mais les caractères discrets utilisés ont montré leur limite quant à leur pouvoir de discrimination spécifique au sein du complexe. Leur statut taxinomique nécessite donc d'autres investigations, moléculaires par exemple (dans le cadre de notre étude, échantillonnage exhaustif en cytb), comme d'ailleurs l'ensemble des hypothèses de « barrières » interspécifiques établies dans l'article 4.

Afin de proposer une délimitation à la fois morphologique et géographique des taxons dont nous envisagerons ensuite la phylogénie, nous allons procéder, dans les pages qui suivent, à une caractérisation des taxons de Viverrinae pour lesquels nous faisons l'hypothèse qu'ils sont de niveau espèce (à quelques très rares exceptions près), et dont les caractéristiques morphologiques (caractères diagnostiques au niveau spécifique) et les aires de répartition seront redéfinies. L'article qui suit est un exemple détaillé de ce que peut apporter -entre autre- le travail sur les collections en ce qui concerne la ré-évaluation de l'aire de répartition

et la connaissance des milieux occupés par une espèce. Il concerne la Genette de Johnston (*Genetta johnstoni*), espèce très rare en collection et endémique au Bloc Forestier Guinéen.

1.e. Article 5

A reassessment of the distribution of the rare *Genetta johnstoni* (Viverridae, Carnivora) with some newly discovered specimens

P. Gaubert, G. Veron, M. Colyn, A. Dunham, S. Shultz, M. Tranier

Publié dans

Mammal Review, 32 (2) : 132-144. (2002)

Mammal Rev. 2002, Volume 32, No. 2, 132–144. *Printed in Great Britain.*

A reassessment of the distribution of the rare *Genetta johnstoni* (Viverridae, Carnivora) with some newly discovered specimens

P. GAUBERT*, G. VERON*, M. COLYN†, A. DUNHAM‡, S. SHULTZ§ AND M. TRANIER*

**Laboratoire de Zoologie: Mammifères et Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France; †CNRS UMR 6552 Ethologie – Evolution – Ecologie, Station Biologique de Paimpont, F-35380 Paimpont, France; ‡Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook, NY 11794, USA; and §Population and Evolutionary Biology Research Group, School of Biology, Nicholson Building, University of Liverpool, Liverpool L69 3GS, UK*

ABSTRACT

The rare Johnston's Genet (*Genetta johnstoni*) is one of the least known small carnivores inhabiting the West African rain forest. Some newly discovered specimens collected from the field (Guinea and Ivory Coast) and several rediscovered specimens resulting from reinvestigating collections, have permitted us to reconsider the distribution of the species. Coupled with a bibliographic review and a census of specimens kept in public collections, a reassessed distribution map is proposed, extending the previous estimated range 400 km to the West (Kolenté Plates, Guinea) and more than 600 km to the East (Tarkwa, Ghana). The majority of collected specimens have come from the inland forests of northern Liberia and south-eastern Guinea, while the surroundings of Mt. Nimba also support numbers of this species. We suggest that the supposed restriction of *G. johnstoni* to rain forest be re-evaluated because a specimen was collected in a region of moist woodlands and savannah (Kolenté Plateau). With regard to these new distributional data, conservation implications for the whole Upper Guinean block population are discussed.

Keywords: collections, conservation, distributional range, *Genetta johnstoni*, Upper Guinean block, Viverrinae

INTRODUCTION

Like many Viverridae and Herpestidae species inhabiting African rain forests, Johnston's Genet (*Genetta johnstoni*; Pocock, 1908) is a poorly known taxon. The distribution of this species, based on a few collected specimens (Pocock, 1908; Kuhn, 1960, 1965; Crawford-Cabral, 1981; Lamotte & Tranier, 1983), is thought to be restricted to the 'Liberian subregion' (Happold, 1996), roughly including the inland forests of eastern Liberia, western Ivory Coast and south-eastern Guinea (Schreiber *et al.*, 1989).

Johnston's Genet is traditionally considered within the genus *Genetta* as the only representative of the subgenus *Paragenetta*, erected by Kuhn (1960) (Wozencraft, 1993). This species exhibits several distinctive morphological characteristics (Gaubert, Veron & Tranier,

Correspondence: P. Gaubert, Laboratoire de Zoologie: Mammifères et Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France (E-mail gaubert@mnhn.fr).

2001). The elongated narrow-shaped skull (Kuhn, 1960; Lamotte & Tranier, 1983), constriction of the zygomatic arch (Rosevear, 1974), flattening of the mandible (Kuhn, 1960; Lamotte & Tranier, 1983) and reduction of the upper teeth (Kuhn, 1960; Rosevear, 1974; Lamotte & Tranier, 1983) have justified the subgeneric status of *Paragenetta*. Aspects of the skull (and especially dental peculiarities) have incited several authors to attribute an insectivorous diet to the animal (Kuhn, 1960; Rosevear, 1974, Crawford-Cabral, 1981; Lamotte & Tranier, 1983). Pocock (1908) gave an accurate description of the coat pattern of the type specimen. However, some additional characters should also be emphasized, as they are crucial in the identification of the species. The spots are blackish-brown to rufous-brown and strongly contrast with the dark mid-dorsal line. The first two rows of spots often coalesce into complete or partial lines, and the nuchal stripes tend to fuse in a manner such that the pattern becomes irregular. The annulation of the tail is also distinctive; the pale rings are present to the tip, and the dark rings lengthen towards the distal part of the tail.

Using these distinctive character states, several previously misidentified specimens were reidentified in natural history museums holding large collections of mammals from the Upper Guinean region, either through reinvestigating collections or photograph-based identification. Information was also provided through current museum identifications (personal commentaries of collection curators) and newly found specimens. Here we reassess the distribution of *G. johnstoni* based on this survey and a review of bibliographic material.

BIBLIOGRAPHIC SURVEY

Johnston's Genet is classified 'data deficient' by IUCN's Red List of Threatened Animals (The IUCN Species Survival Commission, 1996; the *2001 IUCN Red List of Threatened Species* is also available on the web). It has rarely been the subject of any particular field surveys and few reports have been made of Johnston's Genet in the wild. The compilation by Schreiber *et al*. (1989) omitted some localities where the genet was collected and assigned the erroneous number of eight available museum specimens (also reported in Kingdon, 1997). In fact, the uncertain distributional status of the species appears to be the result of numerous omissions in the literature and incorrect identifications of collected specimens. After the publications of Pocock (1908; two genets from Liberia, including the holotype and paratype specimens) and Kuhn (1960; two specimens from Liberia), Crawford-Cabral (1981) was only the third to mention the presence of a Johnston's Genet (from Guinea) in a public collection (Table 1), from the Natural History Museum of Paris (MNHN), France. However, Lamotte & Tranier (1983) omitted Crawford-Cabral's record in their report of a new specimen of *G. johnstoni* from Ivory Coast. On the other hand, they confirmed the identification by Schlawe (1980) of a specimen from Ghana kept at the British Museum of Natural History (BMNH), London, UK, as a representative of the species. Roth & Mertz (1986) supposed the genet to be present in Taï National Park, Ivory Coast, but without mentioning any sightings. Hoppe-Dominik (1990) erroneously cited Lamotte (1942), stating Johnston's Genet had been recorded in the International Reserve of Mt. Nimba, Ivory Coast. However, the paper of Lamotte only dealt with the Guinean part of Mt. Nimba and did not mention the presence of *G. johnstoni* during his field survey.

The published data on Johnston's Genet have not been used consistently in compiling recent books and guides, resulting in a lack of consensus concerning the distribution. For instance, Schreiber *et al*. (1989) mentioned 'Known from a small area of rain forest in Liberia and from one specimen from Macenta, Guinea', while Nowak (1991) indicated 'Liberia, Ivory Coast, Ghana' and Kingdon (1997) slightly differed from Schreiber *et al*. (1989) by stating 'Known from rainforest in Liberia and Guinea (but may also occur in W Ivory Coast)'.

Table 1. Specimens of *Genetta johnstoni* kept in collections. BMNH: British Museum of Natural History, London, UK; ZFMK: Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig, Bonn, Germany; MNHN: Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France; USNM: National Museum of Natural History, Washington, USA; AMNH: American Museum of Natural History, New York, USA; IRSNB: Institut royal des Sciences naturelles de Belgique, Brussels, Belgium; MFNB: Museum für Naturkunde, Humboldt University, Berlin, Germany; RMNH: National Museum of Natural History, Leiden, the Netherlands (formerly Rijksmuseum van Natuurlijke Historie)

Museum	Catalogue number	Material	Locality	Time of collection	Publication
BMNH	1908.8.23.1* (type of *Genetta johnstoni*)	Skin	25 km west of the Putu Mountains, Liberia	1907†	Pocock (1908)
BMNH	1930.3.3.10* (paratype of *G. johnstoni*)	Skin	Cavally River, Liberia	1907†	Pocock (1908)
BMNH	1927.8.12.1*	Skin + skull	Tarkwa, Ghana	1927	Schlawe (1980), Lamotte & Tranier (1983)
ZFMK	57.11 (type of *Paragenetta lehmanni*)*	Skull	Kpeaple, Liberia	1956	Kuhn (1960)
ZFMK	61.966 (paratype of *P. lehmanni*)*	Skull	Kpeaple, Liberia	1959	Kuhn (1960)
ZFMK	95.007*	Skin	Ziama Forest, Guinea	1994	
ZFMK	95.008*	Skin	Ziama Forest, Guinea	1993–94	
ZFMK	95.009*	Skin	Ziama Forest, Guinea	1993–94	
MNHN	1901-1069*	Skin	Alindja (?), Ivory Coast	?	
MNHN	1936-995*	Skin	Kolenté Plateau, Guinea	1936	‡
MNHN	1961-417*	Skin	Macenta, Guinea	1958	Crawford-Cabral (1981)§
MNHN	1982-1007*	Skin + skull	Yalé, Ivory Coast	1964	Lamotte & Tranier (1983)
MNHN	1986-246*	Skin + skull	Mt. Nimba, Ivory Coast	1964	
MNHN	2000-683*	Skin + skull	Mt. Nimba, Guinea	2000	
MNHN	2001-523	Skin + skull	Taï National Park, Ivory Coast	2000	
USNM	270075	Skin	Harbel, Liberia	1940	
USNM	270076	Skin	Harbel, Liberia	1940	
USNM	270077	Skin	Harbel, Liberia	1940	
USNM	270078	Skin	Harbel, Liberia	1940	
AMNH	167502*	Skin	Liberia	?	
AMNH	165697*	Skin	Liberia	1944	
IRSNB	16426*	Skin	Sapo National Park, Liberia	1965	
MFNB	44532*	Skin	Gbarnga, Liberia	1886–88	
RMNH	41102*	Skin	Liberia	?	

*Specimen examined by one of the authors (P. Gaubert).
†According to Rosevear (1974).
‡Previously identified as *G. pardina* by Rode (1937).
§Previously identified as *G. tigrina* by Roche (1971).

© 2002 Mammal Society,

Finally, only the work of Wozencraft (1993), compiling the previous publications, mentioned: 'Ghana, Guinea, Ivory Coast, Liberia', but he supplied no further details.

GENETTA JOHNSTONI IN COLLECTIONS AND NEW SPECIMENS

Table 1 compiles an updated list of Johnston's Genet remains kept in collections (some of which have never been published), creating a temporary total of 24 individuals.

After the examination of its skull and its skin by one of us (P. Gaubert), we confirmed that the specimen from Ghana (BMNH 1927.8.12.1; collected by G. Hall in January 1927), mentioned by Schlawe (1980) and Lamotte & Tranier (1983) but identified as '*Genetta genettoides*' in the BMNH collections, belongs to the species *G. johnstoni*.

Two additional specimens come from the MNHN Viverrinae collection, found among other genet skins during reinvestigation of the collection by P. Gaubert. The first specimen (CG 1936-995), which was labelled '*Genetta maculata*', is a skin collected during the Rode Expedition in January 1936, in the Kolenté Plateau, Guinea (labelling: 'Plateaux de Kolenté – près du Sierra Leone'; Fig. 1a). This specimen was in fact mentioned by Rode (1937) but identified as '*Genetta pardina*'. Its habitus is almost identical to the description given by Pocock, 1908) for the type specimen. We encountered difficulties in trying to locate the geographical origin of the second specimen (a skin numbered CG 1901-1069; Fig. 1b) as the label only indicated the erroneous identification name '*Genetta maculata*'. Its catalogue number unfortunately refers to a specimen of African civet ('*Viverra civetta* var. *poortmani*') which has apparently disappeared from the collections. The next specimen recorded in the *Catalogue Général* is a skin of '*Genetta pardina*' (CG 1901-1070), given to the Bougie Museum (Algeria) in 1904. These two Viverrinae belong to a set of three mammals listed as originat-

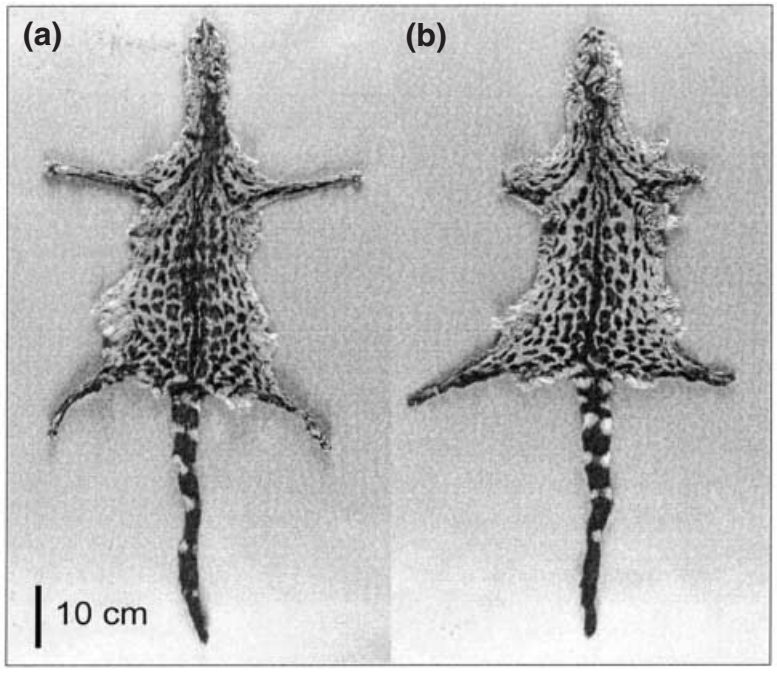


Fig. 1. Tanned skins of *Genetta johnstoni* kept at the MNHN (photographs: P. Gaubert): (a) CG 1936-995 and (b) CG 1901-1069.

ing from 'Africa' and sent by Mgr Le Roy, bishop of 'Alinda' (the other specimens sent by Le Roy consist of birds coming from Africa and the Americas). Although we were unable to find the locality named Alinda in any current geographical atlas, a town called 'Alindja' was once located in southern Ivory Coast, as mentioned in the *Atlas des Colonies Françaises* (Pelet, 1901). Alindja, also named 'Grand-Jack', was situated a few kilometres west from Jackville (5°12′N; 4°25′W) and south of the Ebrié Lagoon. However, confusions in labelling and the impossibility of finding the exact locality name, coupled with other animals in the same set originating from the Americas, make us consider very cautiously the supposed collection locality of specimen CG 1901-1069. The coat pattern of this genet fits with the usual habitus of the species, even if the ground colour is more greyish and the spots of the first two rows appear to be less coalesced, for instance, than those of the two correctly labelled MNHN specimens CG 1982-1007 (Lamotte & Tranier, 1983) and 1986-246 (P. Gaubert, this study) from Mt. Nimba, Ivory Coast, collected by M. Lamotte in 1964.

Three other misidentified specimens of *G. johnstoni* were discovered after the examination of slides provided by the Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig of Bonn (ZFMK), Germany. These two skins (ZFMK 95.008 and 95.009), incorrectly referred to as the *G. maculata* 'complex', belong to a set of individuals from the Ziama Forest, Guinea, in which a specimen (ZFMK 95.007), localized from Gboda, was already identified as *G. johnstoni* but not previously quoted in any literature. All four skins come from the Ziama Forest, and were collected between 1993 and 1994 (24 February 1994 for ZFMK 95.007) by W. Bützler during the Projet de Gestion des Resources Rurales (PGRR) Guinean survey. Despite all being from a restricted area, the four specimens exhibit extremes in coat colour variation. The coloration of the dorsal spots varies from red-rufous to dark brown, and the ground colour from yellowish to dirty grey. The head is absent from specimen 95.009, while the tail is half-cut for the genet 95.008.

Another genet from the Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique (IRSNB) of Brussels, Belgium (catalogue number 16426), was reidentified following the examination of photographs. This complete flat skin was collected in Liberia by J. Verschuren in July 1965. First identified as '*Genetta tigrina*', the individual was attributed a corrected label '*Genetta johnstoni* Poc. = *Genetta maculata* (Gray)' by L. Schlawe in 1975, leading to a confused identification. Additionally, the specimen has never been registered as *G. johnstoni* in the IRSNB collections. According to the collector himself, the origin of the genet is actually 'Chien', in Sapo National Park, Liberia (locality labelled 'Chou(?)' on the specimen in the collection). The biotope was either dense rain forest or a part of its clearing zone at an altitude of 600–700 metres (G. Lenglet, personal communication). Habitus is strikingly similar to specimens CG 1982-1007 and 1986-246 (MNHN) in the way that the coat is so densely spotted that the two or three first dorsal rows constitute an irregular red-rufous pattern, strongly contrasting with the dark mid-dorsal line and the yellowish ground colour.

One specimen from the Museum fur Naturkunde of Berlin (MFNB), Germany, a skin confusingly labelled '*G. maculata* = *G. johnstoni*' (catalogue number 44532), is here confirmed to belong to the species *G. johnstoni*. It is a native skin from Liberia purchased at 'Gbangu, Pesseland' by K. Noltze, without any indication concerning its time of collection (prior to 1936; M. Ade, personal communication). The German name 'Pesseland' corresponds to the 'Pessy Country' as indicated in the map of Büttikofer (1888), and is roughly delimited by the St Paul's (west boundary) and St John's (east boundary) rivers. In this region, Gbarnga is very likely to constitute the town referred as 'Gbangu' by the specimen label. This genet has brown-rufous dorsal spots, with the first row mostly coalesced into a longitudinal stripe. The general coat pattern is very clear. Ground coloration is a pale yellowish grey.

The National Museum of Natural History (formerly Rijksmuseum van Natuurlijke Historie; RMNH) in Leiden, the Netherlands, holds a newly identified specimen of Johnston's Genet (RMNH 41102). This skin was stored without information but for a hand-written label indicating that it had been found in a box containing animals collected by J. Büttikofer in Liberia. Büttikofer made two collecting trips to Liberia: one from 1879 to 1882 (with C.F. Sala), the second in 1886–87 (with F.X. Stampfli). This 'left-over' (along with another genet skin) is almost certainly from his second expedition. However, whereas Büttikofer returned to the Netherlands in May 1887 due to ill-health, his companion Stampfli continued collecting in Liberia until he returned to Switzerland in June 1888. So the unlabelled skins could have come from Stampfli's additional material, but there is no way of ascertaining this (C. Smeenk, personal communication). The paper relating the last trip by Büttikofer and Stampfli provides a map of collection sites (Büttikofer, 1888: plate 5) that allowed us to restrict the specimen's origin within a zone roughly defined by the four following points: 06°35′N, 11°25′W (Grand Cape Mt.); 07°10′N, 11°10′W (region of Cobolia); 07°10′N, 10°20′W (near Soforé Place); and 06°10′N, 10°15′W (east of Marshall and Du Queah River). Büttikofer (1888) specified that, after his return from Liberia, Stampfli was collecting on Farmington River (i.e. just beyond the eastern border of the above-mentioned area) until spring 1888. Coat pattern and coloration of this nearly adult specimen are similar to those of IRSNB 16426.

The American Museum of Natural History (AMNH) of New York, USA, has two skins of Johnston's Genet from Liberia, without further details concerning their collection localities. The specimen 165697, a headless skin, was collected in 1944 by H. H. Burgess, while 167502 is a skin missing the head and part of the shoulders without information (T. Pacheco, personal communication). Coat patterns are very similar to specimen 16426 (IRSNB).

Four Johnston's Genets from Harbel, Liberia, collected in March–July 1940 by William Mann as part of the Smithsonian Firestone Expedition, are kept at the National Museum of Natural History (USNM) of Washington, USA (USNM 270075-270078; M. Carleton, personal communication). All were prepared as flat skins. Although we were unable to check their identification, we will consider their coastal location in further discussion.

A new subadult specimen (skull and skin) was collected at the Seringbara native market, Mt. Nimba, Guinea, by S. Dufour (SYLVATROP/IGG) in May 2000. This specimen is deposited at the MNHN (CG 2000-683). The dorsal view of the skull shows characters induced by the young age of the individual, e.g. slight flattening of the muzzle and insertion crests of the masseter muscles quasi unmarked (Fig. 2a,b). The specimen also exhibits the distinctive character states of the species, including light and narrow shaped dentition, flattened mandible and broken curvature at the middle (on a longitudinal axis) of the lower canines. Milk teeth are still present and the second pairs of molars are emerging. The skin (head and part of the tail lacking) has an irregular pattern of fused spots and stripes, often observable in young and subadult genet specimens (Gaubert *et al*. 2001). However, the blackish-brown colour of the spots contrasting strongly with the black mid-dorsal stripe confirms the identification of the specimen.

Finally, two new specimens coming from Ivory Coast must be mentioned. The first genet (Fig. 3a) was found dead by one of us (S. Shultz) on a dirt road near the Institut d'Ecologie Tropicale (IET) research station of Taï National Park, in January 2000. The individual, a male pathologically thin and affected by cataracts, had probably been killed by a Crowned Eagle (*Stephanaetus coronatus*), which was still standing on top of it when discovered. Its skull, postcranial bones (tail vertebrae missing) and skin are now deposited at the MNHN (CG 2001-523). The first live specimen of *G. johnstoni* (Fig. 3b) was trapped 1.5 km east of

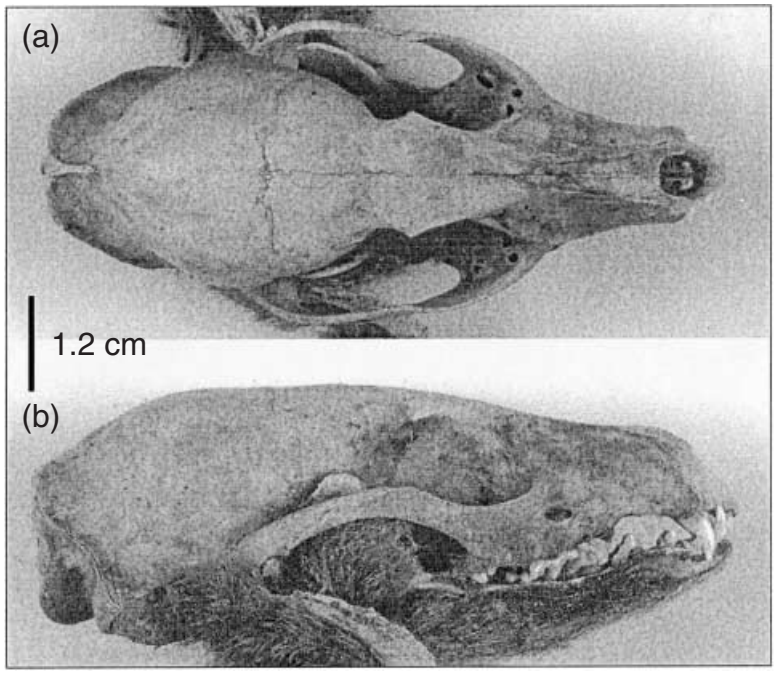


Fig. 2. Skull of the juvenile *Genetta johnstoni* deposited at the MNHN (CG 2000-683) (photographs: P. Gaubert): (a) dorsal view and (b) lateral view.

the IET station by one of us (A. Dunham) in July 2000. The animal was captured using a box trap baited with nylon fishing worms and placed within a drift fence made of raffia leaves. It was an adult female that appeared to have just finished lactating. The animal was anaesthetized with Telazol (half of the veterinarian recommended dosage), resulting in no complications. Like the Ziama specimens, these two genets have quite divergent habitus. The ground colour of the dead male was ochre-yellow with red-rufous rows of spots, while the live specimen exhibited a yellowish-grey coat associated with dark-brown less coalesced spots. These two new specimens allowed us to observe that the tip of the tail is constituted by a dark ring with a distal tuft of pale hairs (more distinguishable in Fig. 3b); this observation is often impossible in commonly tip-cut museum specimens (Heard & Van Rompaey, 1990). Note that the number of dark rings varies from eight to nine. Also notice the upper labial spots, which are small and less contrasting in comparison with other genet species (Gaubert *et al*. 2001).

DISTRIBUTION

The revised inventory of Johnston's Genet specimens in collections, the newly collected and trapped specimens, and the field data from Kuhn (1965) allow us to reconsider the range of the species. New information extends the range 400 km to the west (Kolenté Plateau, Guinea) and more than 600 km to the east (Tarkwa, Ghana), although the core of collected specimens is located in south-eastern Guinea and central and north Liberia (Fig. 4). No information is available concerning the native origins of the skins collected from Kolenté and Tarkwa, but as genets are not subject to important trade considerations, their transport for very long distances is unlikely, except in the case of bush meat markets located in important cities. For instance, a specimen seen at the market of Man, Ivory Coast, in February 2001 (P.

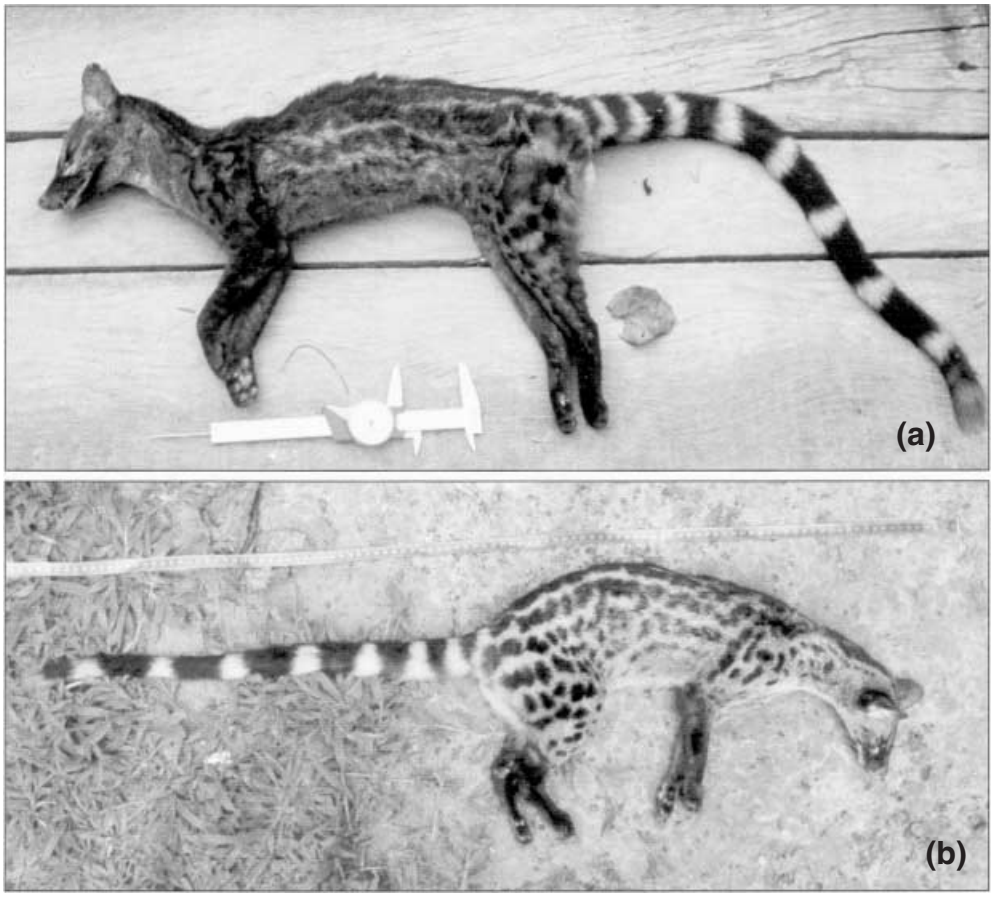


Fig. 3. (a) Dead male specimen of *Genetta johnstoni* found by S. Shultz (photograph: S. Shultz). (b) Drugged female specimen of *Genetta johnstoni* trapped by A. Dunham (photograph: S. Shultz).

Gaubert & C. Crémière, personal observation), was not attributed any precise place of collection, the native salesman just being able to suggest Liberia, Guinea or Ivory Coast as the country of origin of the genet. The localization of the specimen BMNH 1927.8.12.1 in the 'Ghanaian subregion' (Happold, 1996) demonstrates that the Sassandra river does not constitute a biogeographical barrier for the species. Moreover, the notion that *G. johnstoni* is restricted to dense rain forests should be re-evaluated, as the genet may appear in a drier and more open region of 'moist woodlands and savanna' (Kolenté, Guinea; Moreau, 1969; White, 1983). A comparison can be made with another Viverrinae species, *Osbornictis piscivora*, which is generally thought to be located in heavily forested districts of eastern and north-eastern Democratic Republic of Congo (formerly Zaire). However, a native skin was collected in Butembo by Prigogine (quoted in Verheyen, 1962; Colyn & Gevaerts, 1986), more than 600 km west from Niapu (type locality), in a densely human-inhabited region 'covered with vegetation unlike the lowland forest' (Van Rompaey, 1988). Hart & Timm (1978) questioned the plasticity of the species and preferred to locate its capture in the lowland forest region to the west, 'where people from Butembo have trade contacts'. But this scenario is doubtful in the case of the *G. johnstoni* specimen from Kolenté, as the nearest rain forest area is quite remote (northern Sierra Leone) from the Plateau and no important cities are reported in the

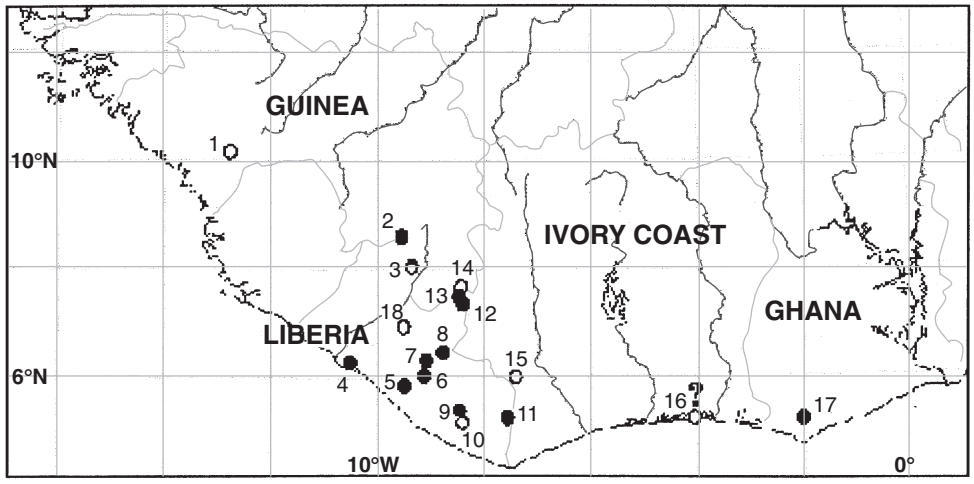


Fig. 4. Records of the Johnston's Genet (*G. johnstoni*). 1, Kolenté Plateau (MNHN CG 1936-995); 2, 'Cercle de Macenta' (MNHN CG 1961-417); 3, Ziama Forest Reserve (ZFMK 95.007-95.010); 4, Harbel (USNM 270075-5-270075-8); 5, forest south of Freemantown (Kuhn, 1965); 6, Bo (Kuhn, 1965); 7, Tappita (Kuhn, 1965); 8, Kpeaple (ZFMK 57.11 and 61.966); 9, west of the Putu Mountains* (BMNH 1908.8.23.1); 10, Chien (IRSNB 16426); 11, Cavally River* (BMNH 1930.3.3.10); 12, Yalé (MNHN CG 1982-1007); 13, Mt. Nimba (MNHN CG 1986-246); 14, Seringbara (MNHN CG 2000-683); 15, IET Station (present article); 16, Alindja (MNHN CG 1901-1069); 17, Tarkwa (BMNH 1927.8.12.1); 18, Gbarnga (MFNB 44532). *No more precise localization. Open symbols, new locations; closed symbols, records from collection specimens and bibliographic resources.

area of its collection. The record of four specimens in Harbel (Liberia) is also discordant with all previously cited localities, which are situated well inland from the Atlantic coast (Rosevear, 1974). The collection of a Johnston's Genet near Alindja is questionable but this coastal location is of interest as it could constitute first evidence for a continuum of populations throughout Ivory Coast, also suggested by the confirmation of its presence in Taï National Park. The collection of a Johnston's Genet in the Guinean part of Mt. Nimba suggests that the area surrounding the mountain may also provide a favourable habitat for the species. This last remark should be tempered by the fact that the majority of mammalogical studies in Guinea have been conducted in the region around Mt. Nimba (Barnett *et al*., 1996; Barnett & Prangley, 1997). The four specimens from the Ziama forest confirm the assumption of Bourque & Wilson (1990; cited in Barnett & Prangley, 1997), who also suspected the presence of the genet in the Diécké reserve. Finally, the collection of a specimen from the Kolenté Plates indicates that Johnston's Genet may exist in a few forested habitats still present in the northern Sierra Leone.

CONSERVATION IMPLICATIONS

The area inhabited by Johnston's Genet is threatened by intense forest disturbance and hunting pressures (for a global review related to the Guinea–Congo rain forest, see Barnes, 1990; Happold, 1996). It is of prime importance to collect ecological data in order to determine which biotopes are effectively occupied by the species and whether secondary growth provides suitable habitat for this animal, presumed restricted to primary rain forest. For instance, no data are available regarding 'forest islands' that are scattered over the southern part of Ivory Coast; we hope that the new specimens of *G. johnstoni* discovered in the Taï National Park will promote such field surveys. It is crucial to determine if these island forests allow a con-

tinuum between the Guinea block population and the supposed existent Ghanaian population, as for some other mammals (Mühlenberg *et al*., 1990). The decline of forest cover in the Upper Guinean block (Liberia: Verschuren, 1982; Kofron & Chapman, 1995; Sierra Leone: Thompson, 1993; Wood, 1993; Guinea: Barnett & Prangley, 1997; Ivory Coast: Terru-Cholet, 1996; Ghana: Hall & Swaine, 1981; Hawthorne & Abu-Juam, 1995) is alarming for the survival of the species, especially as deforestation (Barnes, 1990; more recent data are available from the World Conservation Monitoring Centre) and hunting activities are still intense, even in protected areas such as Mt. Nimba (Lamotte, 1998), Ziama Forest (Wilson, 1992) and Taï National Park (Hoppe-Dominik, 1990, 1997). For example, *G. johnstoni* is not 'listed in either the completely protected or licence required appendices of République de Guinée (1988), the national hunting and wildlife protection legislation' (Barnett & Prangley, 1997).

Even if the number of collected specimens may suggest abundance of this species in some restricted sites (Mt. Nimba, Ziama Forest), the relative area of occurrence of Johnston's Genet is trifling in comparison with other forest-inhabiting genets such as *Genetta pardina* (at least with regard to museum collections). But it cannot be excluded that some localized populations with high densities may appear within the range of the species, as stated by Charles-Dominique (1978) for the rare *Poiana richardsonii* in Gabon. No Johnston's Genets are bred in the zoological parks listed in the International Species Information System or have ever been recorded in captivity. This genet was not considered by the Global Captive Action Plan (GCAP) group members to be a prime candidate for a captive breeding programme (Glatston, 1993). We support the recommended action of Schreiber *et al*. (1989), i.e. field surveys in forested biotopes, but including both unprotected and protected areas, especially as other small Carnivora (e.g. the Leighton's Linsang *Poiana leightoni* and the Liberian Mongoose *Liberiictis kuhni*) are in need of similar attention (reviewed by Schreiber *et al*., 1989; Taylor, 1989; Colyn *et al*., 1998). Localities for which presence data are relatively dated (Kolenté Plateau, Liberia, Ghana) should be visited as a priority if possible. Longer term field studies may be better undertaken, as field experience has shown the limits of brief expeditions (Taylor, 1989) and, in the present case, the relative success of long-term surveys (A. Dunham, unpublished data; PGRR, SYLVATROP/IGG). Native markets can provide useful data concerning rare species (*Poiana leightoni* and *Liberiictis kuhni*: Taylor, 1989; *Genetta cristata*: Angelici *et al*., 1999) and should be visited (i.e. just observed) regularly. The proposal of Marks (1994), which consists of assessing wildlife from local hunter surveys and oral reports, is useful for some species but seems inappropriate for genet surveys as misidentifications among different genet species can easily occur, even by experienced hunters (Angelici, Luiselli & Politano, 1999).

Finally, this preliminary study should promote the systematic reinvestigation of collections involving genets from the Upper Guinean block in order to favour the discovery of 'new' specimens, and thus potential information related to the ecology and distribution range of the species.

ACKNOWLEDGEMENTS

Bill Stanley (Field Museum of Natural History, Chicago), Rainer Hutterer (Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig, Bonn), Daphne Hills (British Museum of Natural History, London), Michael Carleton (National Museum of Natural History, Washington), Teresa Pacheco (American Museum of Natural History, New York), Wim Van Neer (Musée Royal d'Afrique Centrale, Tervuren), Maria Rutzmoser (Museum of Comparative Zoology, Harvard University, Cambridge), Georges Lenglet (Institut royal des Sciences naturelles de Belgique, Brussels), Sammy De Grave (Museum of Natural History,

Oxford), Chris Smeenk (National Museum of National History, Leiden) and Manfred Ade (Museum fur Naturkunde, Humboldt University, Berlin) generously supplied information concerning their collections of genets. Georges Langlet, and Rainer Hutterer and Patrick Barrière, allowed us to check the identification of the genets by furnishing slides and photographs of specimens, respectively, from IRSNB and ZFMK. Harry Van Rompaey provided useful comments on early draft of the manuscript, information concerning genets kept in collections, and photographs of the AMNH specimens. Amandine Péquignot kindly contributed to the exploration of the MNHN catalogues. We thank Sylvain Dufour and the CEGEN (Centre d'Etudes et de Gestion de l'Environnement du Nimba) for collaborating in the Mt. Nimba (Guinean part) survey. We are also grateful to Ronald Noe and the Taï Monkey Project for logistical support in Taï National Park. We are thankful to D. W. Yalden and Dieter Kock for their invaluable comments on early draft of the manuscript. This is a contribution of E.A. 2586 'Systématique et Evolution des Vertébrés Tétrapodes'.

REFERENCES

Angelici, F.M., Luiselli, L. & Politano, E. (1999) Distribution and habitat of selected carnivores (Herpestidae, Mustelidae, Viverridae) in the rainforests of southeastern Nigeria. *Zeitschrift für Saügetierkunde*, **64**, 116–120.

Angelici, F.M., Luiselli, L., Politano, E. & Akani, G.C. (1999) Bushmen and mammal-fauna: a survey of the mammals traded in bush-meat markets of local people in the rainforests of south-eastern Nigeria. *Anthropozoologica*, **30**, 51–58.

Barnes, R.F.W. (1990) Deforestation trends in tropical Africa. *African Journal of Ecology*, **28**, 161–173.

Barnett, A.A. & Prangley, M.L. (1997) Mammalogy in the Republic of Guinea: an overview of research from 1946 to 1996, a preliminary check-list and a summary research recommendations for the future. *Mammal Review*, **27**, 115–164.

Barnett, A.A., Prangley, M., Hayman, P.V., Diawara, D. & Koman, J. (1996) A survey of the mammals of the Kounounkan Massif, south-western Guinea, West Africa. *Journal of African Zoology*, **110**, 235–240.

Büttikofer, J. (1888) Note II. Zoological researches in Liberia. A list of birds, collected by the author and Mr F.X. Stampfli during their last sojourn in Liberia. *Notes from the Leyden Museum*, **10**, 59–106.

Charles-Dominique, P. (1978) Ecologie et vie sociale de *Nandinia binotata* (Carnivores, Viverridae): comparaison avec les Prosimiens sympatriques du Gabon. *La Terre et la Vie*, **32**, 477–528.

Colyn, M. & Gevaerts, H. (1986) *Osbornictis piscivora* Allen, 1919, deux nouvelles stations de récolte dans la Sous-Région de la Tshopo (Haut-Zaïre). *Bulletin de l'Institut Royal Des Sciences Naturelles de Belgique: Biologie*, **56**, 9–11.

Colyn, M., Barrière, P., Formenty, P., Perpete, O. & Van Rompaey, H. (1998) First confirmation of the presence of the Liberian mongoose, *Liberiictis kuhni*, in Côte d'Ivoire. *Small Carnivore Conservation*, **18**, 12–14.

Crawford-Cabral, J. (1981) The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolletim Da Sociedade Portuguesa de Ciências Naturals*, **20**, 97–114.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (in press) An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. In: *African Small Mammals* (Ed. by C. Denys, L. Granjon & A. Poulet), pp. 81–89. IRD ed., collection Colloques et Séminaires,, Paris, France.

Glatston, A.R. (1993) Small carnivore 'GCAP' meeting report. *Small Carnivore Conservation*, **9**, 1–2.

Hall, J.B. & Swaine, M.D. (1981) *Distribution and Ecology of Vascular Plants in a Tropical Rain Forest: Forest Vegetation in Ghana*. Dr W. Junk, The Hague, the Netherlands.

Happold, D. (1996) Mammals of the Guinea-Congo rain forest. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*, **104B**, 243–284.

Hart, J.A. & Timm, R.M. (1978) Observations on the aquatic genet in Zaire. *Carnivore*, **1**, 130–132.

Hawthorne, W.D. & Abu-Juam, M. (1995) *Forest Protection in Ghana*. IUCN/ODA/Forest Department Republic of Ghana, Gland and Cambridge.

Heard, D. & Van Rompaey, H. (1990) Rediscovery of the crested genet. *Mustelid and Viverrid Conservation*, **3**, 1–4.

Hoppe-Dominik, B. (1990) On the occurrence of the honey-badger (*Mellivora capensis*) and the viverrids in the Ivory Coast. *Mustelid and Viverrid Conservation*, **3**, 9–13.

Hoppe-Dominik, B. (1997) *Suivi et analyse des résultats du travail de la Cellule 'Suivi faune' sur l'état actuel des effectifs des grands mammifères dans l'ensemble du Parc National de Taï-Propositions et mise en oeuvre*

d'un système plus efficace de surveillance. Project No. 91.2204.5. Deutsche Gesellschaft für Technische Zummanarbeit (GTZ), San Pedro, Ivory Coast.

The IUCN Species Survival Commission (1996) *1996 IUCN Red List of Threatened Animals*. IUCN, Gland and Cambridge.

Kingdon, J. (1997) *The Kingdon Field Guide to African Mammals*. Academic Press, San Diego, CA.

Kofron, C.P. & Chapman, A. (1995) Deforestation and bird species composition in Liberia, West Africa. *Tropical Zoology*, **8**, 239–256.

Kuhn, H.-J. (1960) *Genetta (Paragenetta) lehmanni*, eine neue Schleichkatze aus Liberia. *Säugetierkunde Mitteilungen*, **8**, 154–160.

Kuhn, H.-J. (1965) A provisional check-list of the mammals of Liberia. *Senckenbergiana Biologica*, **46**, 321–340.

Lamotte, M. (1942) La faune mammalogique du Mont Nimba (Haute Guinée). *Mammalia*, **6**, 114–119.

Lamotte, M. (1998) *Le Mont Nimba – Réserve de Biosphère et Site Du Patrimoine Mondial (Guinée et Côte d'Ivoire)*. UNESCO, Paris, France.

Lamotte, M. & Tranier, M. (1983) Un spécimen de *Genetta (Paragenetta) johnstoni* collecté dans la région du Nimba (Côte d'Ivoire). *Mammalia*, **47**, 430–432.

Marks, S.A. (1994) Local hunters and wildlife surveys: a design to enhance participation. *African Journal of Ecology*, **32**, 233–254.

Moreau, R. (1969) Climatic changes and the distribution of forest vertebrates in West Africa. *Journal of Zoology*, **158**, 39–61.

Mühlenberg, M., Galat-Luong, A., Poilecot, P., Steinhauer-Burkart, B. & Kühn, I. (1990) L'importance des îlots forestiers de savane humide pour la conservation de la faune de forêt dense en Côte d'Ivoire. *Revue d'Écologie (Terre Vie)*, **45**, 197–214.

Nowak, R.N. (1991) *Walker's mammals of the world*, 5th edn. The Johns Hopkins University Press, Baltimore and London.

Pelet, P. (1901) *Atlas Des Colonies Françaises*. A. Colin, Paris, France.

Pocock, R. (1908) Report upon a small collection of Mammalia brought from Liberia by Mr Leonard Leighton. *Proceedings of the Zoological Society of London*, **1907**, 1037–1047.

République de Guinée (1988) *Code de la Protection de la Faune Sauvage et Réglementation de la Chasse*. Ministère de l'Agriculture et des Ressources Animales, Direction Générale des Eaux, Forêts et Chasses, Conakry, Guinea.

Roche, J. (1971) Recherches mammalogiques en Guinée forestière. *Bulletin du Muséum National d'Histoire Naturelle, Zoologie*, **16**, 737–780.

Rode, P. (1937) Etude d'une collection de mammifères de l'Afrique occidentale. *Bulletin du Muséum National d'Histoire Naturelle*, **2**, 234–246.

Rosevear, D. (1974) *The Carnivores of West Africa*. Trustees of the British Museum (NH), London, UK.

Roth, H.H. & Mertz, G. (1986) Vorkommen und relative Häufigkeit von Säugertieren in Taï – Regenwald der Elfen beinküste. *Säugetierkunde Mitteilungen*, **33**, 171–193.

Schlawe, L. (1980) Zur geographischen Verbreitung der Ginsterkatzen, Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Faunistische Abhandlungen Des Staatlichen Museums für Tierkunde Dresden*, **7**, 147–161.

Schreiber, A., Wirth, R., Riffel, M. & Van Rompaey, H. (1989) *Weasels, Civets, Mongooses, and Their Relatives – an Action Plan for the Conservation of Mustelids and Viverrids*. IUCN, Gland, Switzerland.

Taylor, M. (1989) New records of two species of rare Viverrids from Liberia. *Mammalia*, **53**, 122–125.

Terru-Chollet, L. (1996) *Protection de la Faune Sauvage en République de Côte d'Ivoire*. Thesis No. 64. Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, Université Claude Bernard, Lyon I, France.

Thompson, H.S.S. (1993) Biodiversity and conservation needs in Sierra Leone. In: *Birds and the African environment: proceedings of the 8th Pan-African Ornithological Congress. Annales Du Musée Royal d'Afrique Centrale (Zoologie)*, **268**, 213–216.

Van Rompaey, H. (1988) *Osbornictis piscivora*. *Mammalian Species*, **309**, 1–4.

Verheyen, W. (1962) Quelques notes sur la zoogéographie et la crâniologie d'*Osbornictis piscivora* Allen, 1919. *Revue de Zoologie et de Botanique Africaine*, **65**, 121–128.

Verschuren, J. (1982) Hope for Liberia. *Oryx*, **1982**, 421–427.

White, F. (1983) *The Vegetation of Africa: A Descriptive Memoir to Accompany the UNESCO/AETFAT/UNSO Vegetation Map of Africa*. UNESCO, Paris, France.

Wilson, R. (1992) Guinea. In: *The Conservation Atlas of Tropical Forests: Africa* (Ed. by J. A. Sayer, C. S. Harcourt & N. M. Collins), pp. 193–199. IUCN, Gland and Cambridge.

Wood, P. (1993) The Gola rain forest conservation program in Sierra Leone. In: *Birds and the African environment: proceedings of the 8th Pan-African Ornithological Congress. Annales Du Musée Royal d'Afrique Central (Zoologie)*, **268**, 217–222.

Wozencraft, W.C. (1993) Order Carnivora. In: *Mammal Species of the World – A Taxonomic and Geographic Reference* (Ed. by D. E. Wilson & D. M. Reeder), pp. 279–348. Smithsonian Institution Press, Washington and London.

INTERNET SOURCES

International Species Information System (ISIS): http://www.isis.org
World Conservation Monitoring Centre (WCMC): http://www.unep-wcmc.org./forest/data
2001 IUCN Red List of Threatened Species: http://iucn.org/redlist/2001/index.html

Submitted 21 November 2000; returned for revision 13 March 2001; revision accepted 10 May 2001

. Synthèse et commentaires

Ce travail constitue un exemple illustrant l'apport des collections dans le cadre d'une ré-évaluation d'aire de répartition d'une espèce rare et à la biologie mal connue (*G. johnstoni*). Le matériel exploité n'est pas constitué uniquement de données issues de l'observation des spécimens en collection (revue bibliographique + nouvelles données de terrain - premier individu vivant capturé et photographié !), mais c'est à partir de spécimens ré-identifiés ou dont l'identification a été confirmée que l'aire de répartition de la Genette de Johnston a pu être étendue de 400 km vers l'ouest (Plateaux de Kolenté, Guinée) et de 600 km vers l'est (Tarkwa, Ghana). Le spécimen des Plateaux de Kolenté suggère en outre que l'inféodation de l'espèce à un habitat strictement forestier et fermé est à reconsidérer, puisque le spécimen en question provient d'un milieu mixte savane - zones boisées humides. L'individu collecté à Tarkwa, extrêmement distant de la grande majorité des autres sites où la Genette de Johnston a pu être signalée, suggère en outre que les îlots forestiers parsemant la partie sud de la Côte d'Ivoire pourraient permettre un continuum entre les populations « guinéennes » et ghanéennes (cas effectif chez les Primates ; cf Mühlenberg et al., 1990).

Toutefois, les données accompagnant les spécimens de collection, et en ce qui nous concerne plus particulièrement, les lieux de collecte, restent parfois difficilement exploitables (nature de la collecte -achat sur le marché, captivité ou chasse- et incertitudes dans les noms de localité) ou en tout cas, à interpréter avec précaution (biais de collecte). Elles constituent cependant un outil capable de donner dans bien des cas des informations inédites, non seulement sur la répartition, mais aussi sur les biotopes occupés par les taxons et les diverses caractéristiques anatomiques prises sur les individus frais (mesures corporelles standard, nombre de paires de mamelles, etc…).

1.f. Résultats complémentaires : caractérisation morphologique et biogéographique des Viverrinae

Afin de resituer l'effort engagé sur les collections dans un contexte « Viverrinae », nous proposons de présenter ci-après une carte de répartition (basée uniquement sur les données issues des collections) couplée à une « fiche d'identification » pour chaque taxon diagnostiqué sur la base de caractères morphologiques discrets. Les cartes utilisées reflètent le couvert végétal afin de distinguer de façon très visuelle, en y plaquant les points de répartition, les taxons ubiquistes des taxons inféodés à un type d'habitat particulier. Le but est ici de proposer un « atlas » des Viverrinae, avec délimitation interspécifique basée sur la

caractérisation des morphotypes. La carte de répartition issue des spécimens en collection (cf Annexe II) est confrontée, dans la majorité des cas, aux données de distribution issues du travail de Wozencraft (1984 ; 1993), qui fait autorité et constitue une bonne compilation des informations pour chaque espèce (par pays seulement). Lorsque des données supplémentaires sont disponibles dans d'autres publications (pays et régions particulières, comme les limites d'aire de répartition par exemple), elles sont également prises en compte. A chaque fois que de « nouvelles » localités sont repérées grâce à nos données récoltées sur les spécimens de collection, une littérature plus exhaustive sur les régions en question sera utilisée. Un indice grossier est estimé afin de rendre compte de la représentativité des spécimens de collection par rapport aux régions dans lesquelles les taxons ont été signalés dans la littérature : l'Indice de Nombre de Pays Partagés (INPP) entre les sources « collection » (notre investigation) et « bibliographie ». Plus l'indice se rapproche de 1, plus la représentativité des collections est importante. S'il est supérieur à 1, cela signifie que la présence de l'espèce dans un ou des nouveaux pays a été signalée grâce à nos investigations muséales.

. *Le genre* Genetta

- Le sous-genre *Pseudogenetta* :

-Genetta thierryi :

.Identification : petite taille (tête + corps jusqu'à 450 mm) - bande médio-dorsale sombre généralement traversée par une bande médiane claire - taches dorsales peu coalescentes (sens longitudinal) - coupe transversale des poils de garde (scapula ; milieu de la spatule) circulaire - dépression centrale des coussinets (membres antérieurs) glabre - deux paires de mamelles - apophyses post-orbitaires très allongées - os entotympanique caudal surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 17.a) INPP = 0,85 (11 [collections] / 13 [bibliographie]). *Liste des pays (Wozencraft, 1993 ; Simoes, 1999) : Bénin, Burkina Faso, Cameroun, Gambie, Ghana, Guinée Bissau, Côte d'Ivoire, Mali, Nigeria, Niger, Sierra Leone, Sénégal, Togo.* 31 localités répertoriées dans les collections étudiées. Aucun spécimen du Niger et de Guinée Bissau. Pour la première fois, des localités ou régions sont données pour le Cameroun (« sans précision » chez de Beaufort, 1965a), limite est de l'aire de répartition : Bimba, Koum (MRAC) et « nord Cameroun » (MNHN). Les points de répartition confirment que l'espèce

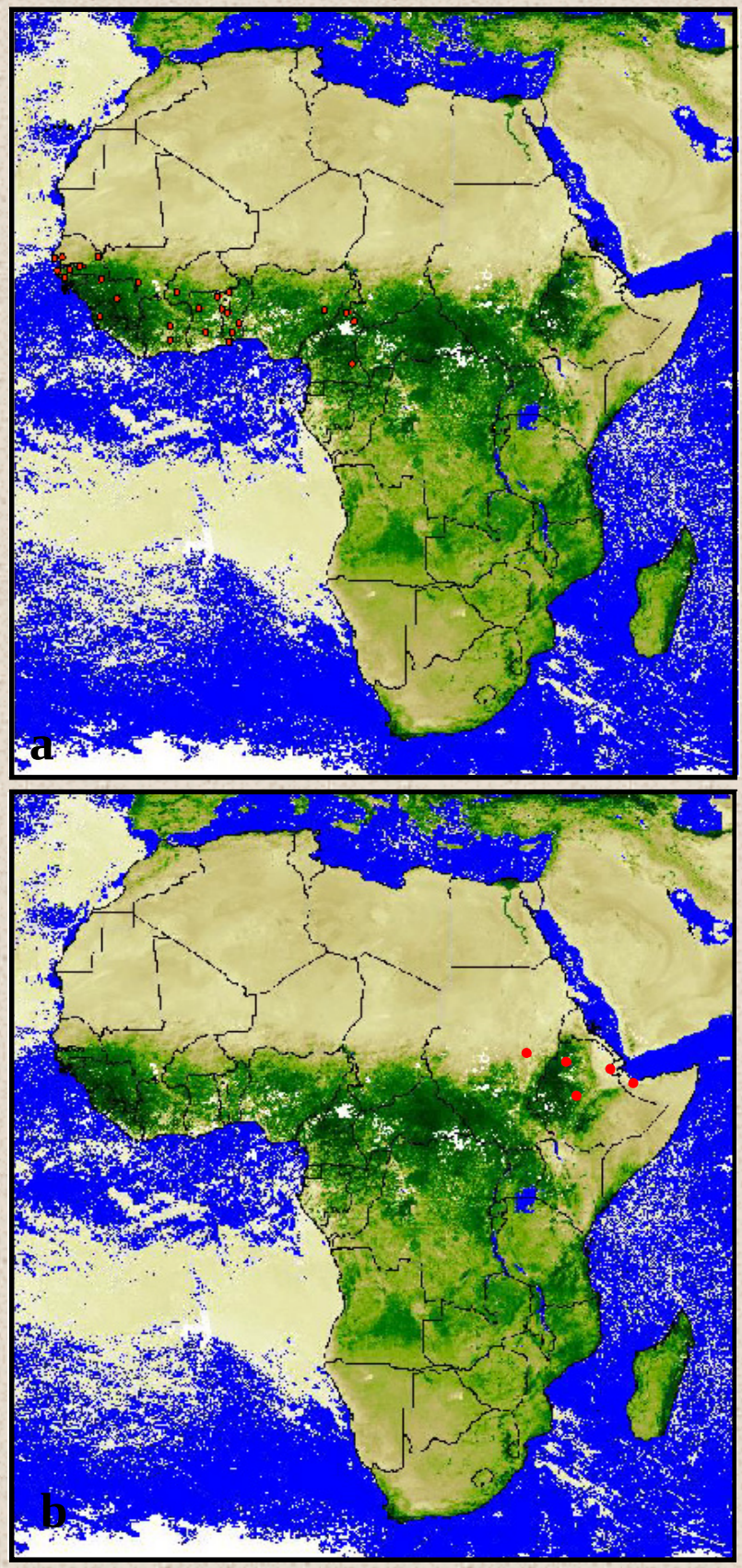


Fig. 17. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta thierryi et* **(b)** *Genetta abyssinica*.

peut occuper un large spectre d'habitats, allant de la savane boisée guinéenne (Gambie, Sénégal, Mali, Niger, Burkina Faso, Côte d'Ivoire, Togo, Bénin, Nigeria, Cameroun), aux zones boisées humides (Casamance, Guinée Bissau), à la forêt tropicale (Sierra Leone, Ghana, Côte d'Ivoire) et aux steppes boisées sèches (nord Sénégal).

***-Genetta abyssinica* :**

.Identification : petite taille (tête + corps jusqu'à 420 mm) - bande médio-dorsale sombre et traversée par une bande médiane claire - taches dorsales fusionnées et formant deux à trois paires de bandes longitudinales - coupe transversale des poils de garde (scapula ; milieu de la spatule) circulaire - dépression centrale des coussinets (membres antérieurs) glabre - apophyses post-orbitaires très allongées - os entotympanique caudal faiblement surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 17.b) INPP = 0,8 (4/5). *Liste des pays (Schlawe, 1980 ; Yalden et al., 1996 ; Laurent & Laurent, sous presse) : Djibouti, Erythrée, Ethiopie, Somalie, Soudan.* 5 localités répertoriées. Aucun spécimen d'Erythrée. L'unique spécimen provenant de Djibouti, et entré en collection au cours de l'année 1954, ne permet pas de confirmer la présence actuelle de l'espèce dans ce pays (cf Künzel et al., 2000, et Laurent & Laurent, sous presse). Comme dans le cas de *G. thierryi*, les points de répartition confirment que l'espèce peut occuper un large spectre d'habitats, des hauts plateaux éthiopiens aux plaines arides du Soudan, de la Somalie et de Djibouti.

-Le sous-genre *Paragenetta* :

***-Genetta johnstoni* :**

.Identification : taches supra-labiales peu contrastantes - patron des bandes nucales confus - bande médio-dorsale noire contrastante avec les taches dorsales roussâtres - taches dorsales partiellement fusionnées longitudinalement - cortex de la spatule du poil de jarre primaire (scapula) épais - anneaux clairs présents jusqu'au bout de la queue - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés inférieure à 20 % (milieu de la queue) - une paire de mamelles - crâne allongé et étroit - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - aplatissement dorso-ventral de la partie antérieure de la mandibule - denture réduite.

.Répartition / Habitat : (fig. 18.a) INPP = 1 (4/4). *Liste des pays (Wozencraft, 1993 ; Gaubert et al., 2002b) : Côte d'Ivoire, Ghana, Guinée, Liberia.* 18 localités répertoriées. Pour une discussion des nouvelles données acquises, le lectorat est renvoyé au § III.1.e. Article 5 suivi du chapitre . *Synthèses et commentaires*.

-Le sous-genre *Genetta* :

-Les genettes servalines

-Genetta servalina :

.Identification : pelage court - absence d'une ligne médio-dorsale continue - répartition des taches dorsales dense - queue relativement longue (rapport corps + tête / queue = 1,1) - anneaux clairs présents jusqu'au bout de la queue - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés inférieure à 20 % (milieu de la queue) - une paire de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - rétrécissement inter-orbitaire peu marqué.

.Répartition / Habitat : (fig. 18.b) INPP = 0,89 (8/9). *Liste des pays (Wozencraft ; 1993 (corrigé); Van Rompaey & Colyn, 1998) : Cameroun, Congo, Gabon, Guinée Equatoriale, Kenya, République d'Afrique Centrale, Tanzanie, Ouganda, Zaïre*. 144 localités répertoriées. Aucun spécimen de Guinée Equatoriale. Les nouvelles données issues du matériel de collection permettent d'élargir l'aire de répartition de l'espèce. Les limites nord-ouest (Cameroun) dépassent la rivière Sanaga (contrairement aux cartes proposées par Depierre & Vivien, 1992, et Van Rompaey & Colyn, 1998), et une zone de sympatrie est constatée avec *G. cristata* (cf ci-dessous) à Basho (6°08' N ; 9°26' E). Les localités « La Maboké » et « amont de la rivière Kémo » (République d'Afrique Centrale) étendent la distribution centre-nord de l'espèce à des longitudes inédites et plus élevées (respectivement, 5°17' N ; 17°17' E, et 6°20' N ; 19°50' E). Les traditionnelles limites sud de l'espèce (Crawford-Cabral, 1970) sont aussi étendues. Au sud-ouest, certains points de collecte se trouvent du côté de la rive gauche du fleuve Congo (Zaï re), avec un continuum mis en évidence entre le Gabon et le Zaï re via le Congo. Au centre-sud, les points de collecte sont également présents dans la région de mosaï que forêt-savane au sud du Zaï re, mais aussi dans les zones boisées et les savanes sèches du sud-est du pays (Elizabethville : 11°41'S ; 27°29'E, point le plus septentrional), remettant en cause l'inféodation de *G. servalina* aux forêts

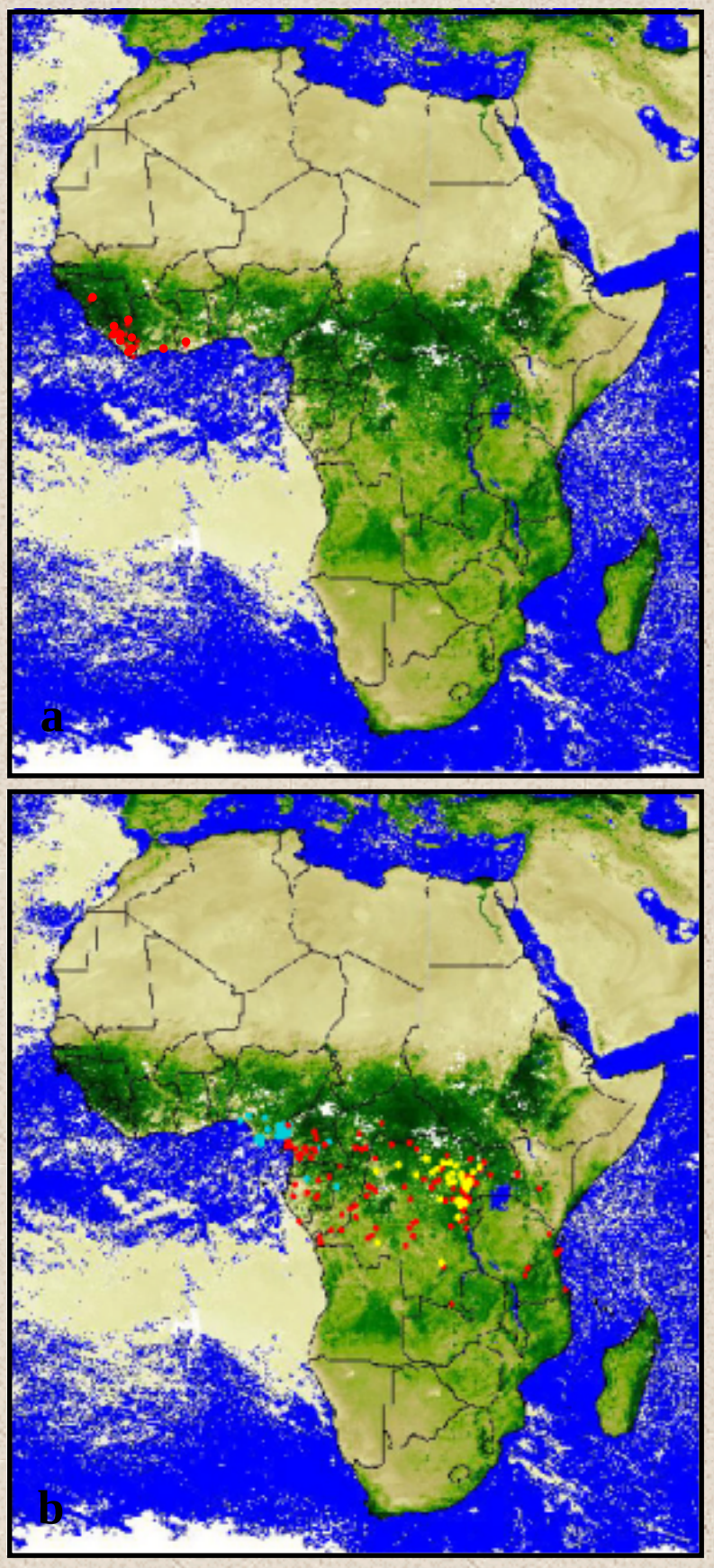


Fig. 18. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta johnstoni* et **(b)** des genettes servalines (● = *Genetta servalina*; ● = *Genetta cristata*; ● = *Genetta victoriae).*

tropicales humides. Une population « relictuelle » est également suggérée par les collections, puisque l'on trouve 5 localités tanzaniennes (Mikindani, Mandera, Usambara, en bordure de l'Océan Indien, et Dabaga et Irangi, au centre du pays), et pour laquelle aucun continuum avec les populations du centre n'a pu être mis en évidence. Ces nouvelles localités confirment la présence naturelle de l'espèce en Tanzanie (un seul spécimen, décrit par Kingdon (1977), en tant que spécimen-type de *Genetta servalina lowei*). L'espèce a d'ailleurs été récemment redécouverte au cours du mois d'Avril 2002 en Tanzanie métropolitaine, dans l'Udzungwa Moutains National Park (7°47-49'S ; 36°49' E) par D. De Luca (Wildlife Conservation Society ; Zoo du Bronx, USA ; cf De Luca & Mpunga, 2002). L'hypothèse d'une présence naturelle de *G. servalina* sur l'île de Zanzibar (Van Rompaey & Colyn, 1998) est également confortée par le recensement d'un spécimen provenant de Mandera, sur la côte tanzanienne faisant face à l'île.

-Genetta cristata :

.Identification : taille plus grande que *G. servalina* (longueurs tête + corps : *G. cristata* mâle (M)-femelle (F) 525-503 mm / *G. servalina* M-F 500-474 mm ; cf Sanderson, 1940, et Van Rompaey & Colyn, sous presse b) - pelage court - absence d'une ligne médio-dorsale continue, mais présence de poils longs formant une crête et reliant les taches médio-dorsales en une bande d'apparence continue - présence d'une crête nucale - répartition des taches dorsales dense - rapport corps + tête / queue = 1,2 - anneaux clairs présents jusqu'au bout de la queue - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés entre 50 et 75 % (milieu de la queue) - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - rétrécissement inter-orbitaire peu marqué.

.Répartition / Habitat : (fig. 18.b) INPP = 2 (4/2). *Liste des pays (Heard & Van Rompaey, 1990 ; Powell & Van Rompaey, 1998) : Cameroun, Nigeria*. 42 localités répertoriées. Des spécimens ont été clairement identifiés dans deux autres pays précédemment non inclus dans l'aire de répartition de l'espèce : Gabon (rivière Ogooué : 0°56' S; 10°01' E, et Mitzic : 0°48' N; 11°30' E) et Congo (Etoumbi : 0°01' N ; 14°49' E). Des spécimens sont aussi présents au sud-est du Cameroun (Touki, région du Dja, Efulen), multipliant ainsi les nouvelles zones de sympatrie avec *G. servalina* (Cameroun, Gabon, Congo). Nos données étendent l'aire de répartition de l'espèce (récemment agrémentée de nouvelles localités pour le Nigeria ; Powell & Van Rompaey, 1998) d'environ 1000 km au sud-est. Des spécimens ont également été collectés à environ 320 km à l'ouest du Rivers State (delta du Niger, Nigeria),

traditionnelle limite ouest de l'aire de répartition de l'espèce (spécimen type de *G. bini* excepté) : Azuzuam, Gbaran, Awigbene, Oni - Epe District (6°35' N ; 4°07' E ; nouvelle limite ouest). Les lieux de collecte ne remettent pas en cause l'inféodation supposée de l'espèce aux forêts tropicales humides (Heard & Van Rompaey, 1990), mais ils étendent considérablement son aire de répartition à l'ouest et au sud-est, ce qui sera à prendre en compte dans le cadre des initiatives de conservation futures pour cette genette listée « ENdangered » par l'UICN (2002).

-Genetta victoriae :

.Identification : la plus grande de toutes les espèces de genettes (longueur tête + corps jusqu'à 600 mm) - pelage court - absence d'une ligne médio-dorsale continue, mais poils plus longs reliant les taches médio-dorsales en une bande d'apparence plus ou moins continue - présence d'une crête nucale - présence d'une paire de larges bandes nucales - taches dorsales de petite taille et densément réparties - fusion partielle dans les sens longitudinal et latéral des taches dorsales - rapport corps + tête / queue entre 1,3 et 1,4 - anneaux clairs présents jusqu'au bout de la queue - bout de la queue foncé - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés inférieure à 20 % (milieu de la queue) - rétrécissement inter-orbitaire marqué - suture maxillo-palatine légèrement en arrière par rapport à la cuspide principale de P^3.

.Répartition / Habitat : (fig. 18.b) INPP = 0,5 (1/2). *Liste des pays (Kingdon, 1977 ; Schreiber et al., 1989 ; Wozencraft, 1993) : Ouganda, Zaïre*. 38 localités répertoriées. Aucun spécimen d'Ouganda. L'extrême majorité des spécimens collectés sont localisés au nord et au nord-est du Zaï re, le long de la rive droite du fleuve Zaï re, reflétant l'aire de répartition « traditionnelle » de l'espèce (Schreiber et al., 1989 ; Kanyamibwa, 1999). Toutefois, deux points de collecte se trouvent à une distance d'environ 900 et 450 km des limites septentrionales supposées pour l'espèce (respectivement, Mukulu : 5°33' S ; 19°18' E, et Kakanga : 7°31' S ; 26°23' E), dans des zones de mosaï ques forêt-savane, remettant en cause l'inféodation supposée de l'espèce aux forêts tropicales humides de plaine et de moyenne altitude. Le spécimen situé le plus à l'ouest sur la carte provient de Makanozu (1°36' S ; 19°80' N). Les deux individus signalés au Cameroun par Depierre & Vivien (1992) dans la région de Sangmelima et de Djoum (environ 750 km à l'ouest de Makanozu) constituent des données douteuses. Le spécimen capturé près de Sangmelima et illustré par une photographie (p. 69) correspond sans équivoque à *G. cristata.*

-Le « Large-spotted Genet complex » : (cf fig. 19)

La discrimination des morphotypes des taxons regroupés au sein du « Large-spotted Genet complex » s'est faite suivant l'observation de 13 caractères liés au pelage et au crâne, tels que définis dans l'article 4 (cf § III-1.d.), auquel nous renvoyons le lectorat pour l'ensemble des questions relatives aux délimitations interspécifiques et répartitions géographiques.

-Genetta pardina :

.Répartition / Habitat : (fig. 20.a) INPP = 0,88 (7/8). *Liste des pays (Crawford-Cabral, 1981c ; Grubb et al., 1998) : Côte d'Ivoire, Gambie, Ghana, Guinée, Guinée Bissau, Liberia, Sénégal, Sierra Leone.* 35 localités répertoriées. Aucun spécimen de Guinée Bissau. Les localités situées à l'extrême nord de l'aire de répartition, au Sénégal (Saboya : 15°01' N ; 16°18' W, et Dagana : 16°30' N ; 15°30' W), montrent que l'espèce peut occuper des milieux de savane sèche, alors qu'elle est traditionnellement supposée restreinte aux habitats forestiers (Crawford-Cabral, 1981c). La limite est de *G. pardina* est représentée par les îles situées à l'embouchure de la rivière Volta, au Ghana (près de Ada : 5°46' N ; 0°37' E). Le seul point de collecte où la sympatrie est suggérée entre *G. pardina* et *G. maculata* est Oda (5°55' N ; 1°00' W), au Ghana.

-forme *genettoides* :

.Répartition / Habitat : (fig. 20.b) INPP non estimable puisque les caractéristiques morphologiques de ce taxon n'ont jamais clairement été définies (Rosevear, 1974 ; Crawford-Cabral, 1981c ; Schlawe, 1981). 22 localités répertoriées. La forme *genettoides*, constituant peut-être un hybride entre *G. pardina* et *G. maculata* (cf § III-1.d.), occupe une aire recouvrant partiellement les distributions de *G. pardina* (Ghana), *G. maculata* et la forme *schoutedeni* (Togo, Benin, Nigeria). D'après les points de collecte, elle semble être présente dans des zones à la fois de forêt tropicale et de savanes.

-Genetta bourloni :

.Répartition / Habitat : (fig. 21.a) Cette nouvelle espèce occupe quatre pays et semble strictement inféodée au Bloc Forestier Guinéen (Sierra Leone, Liberia, Guinée, Côte d'Ivoire). 15 localités répertoriées. Biologie et statut des populations inconnus.

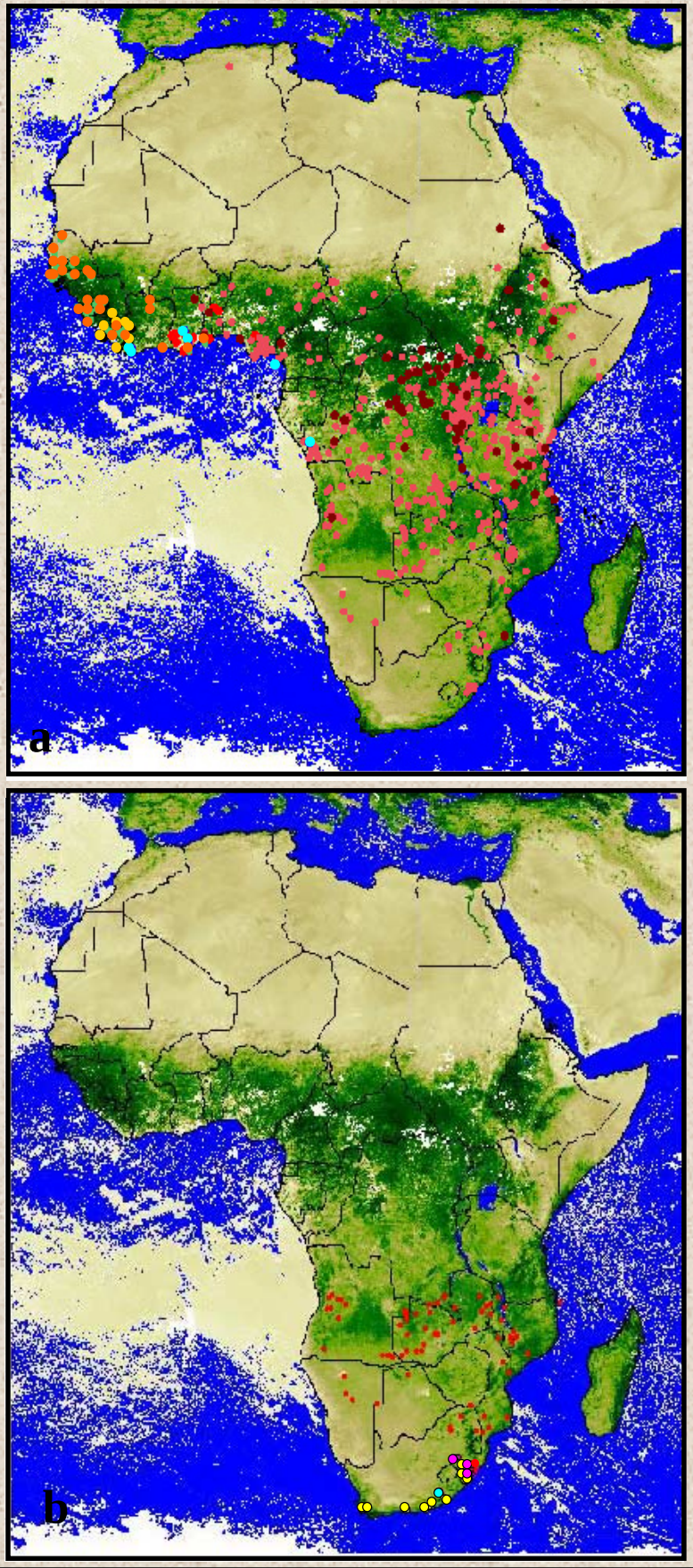


Fig. 19. Cartes illustrant la répartition des taxons du « Large-spotted Genet complex ».
a: ● = *G. pardina*; ● = *G. bourloni*; ● = *G. poensis*; ● = *genettoides*; ● = *schoutedeni*; ● = *G. maculata*. **b**: ● = *G. maculata* (distribution sud-africaine seulement); ● = *G. tigrina*; ● = hybrides *G. tigrina x G. maculata;* ● = hybride *G. tigrina x G. genetta* (« type 2 »).

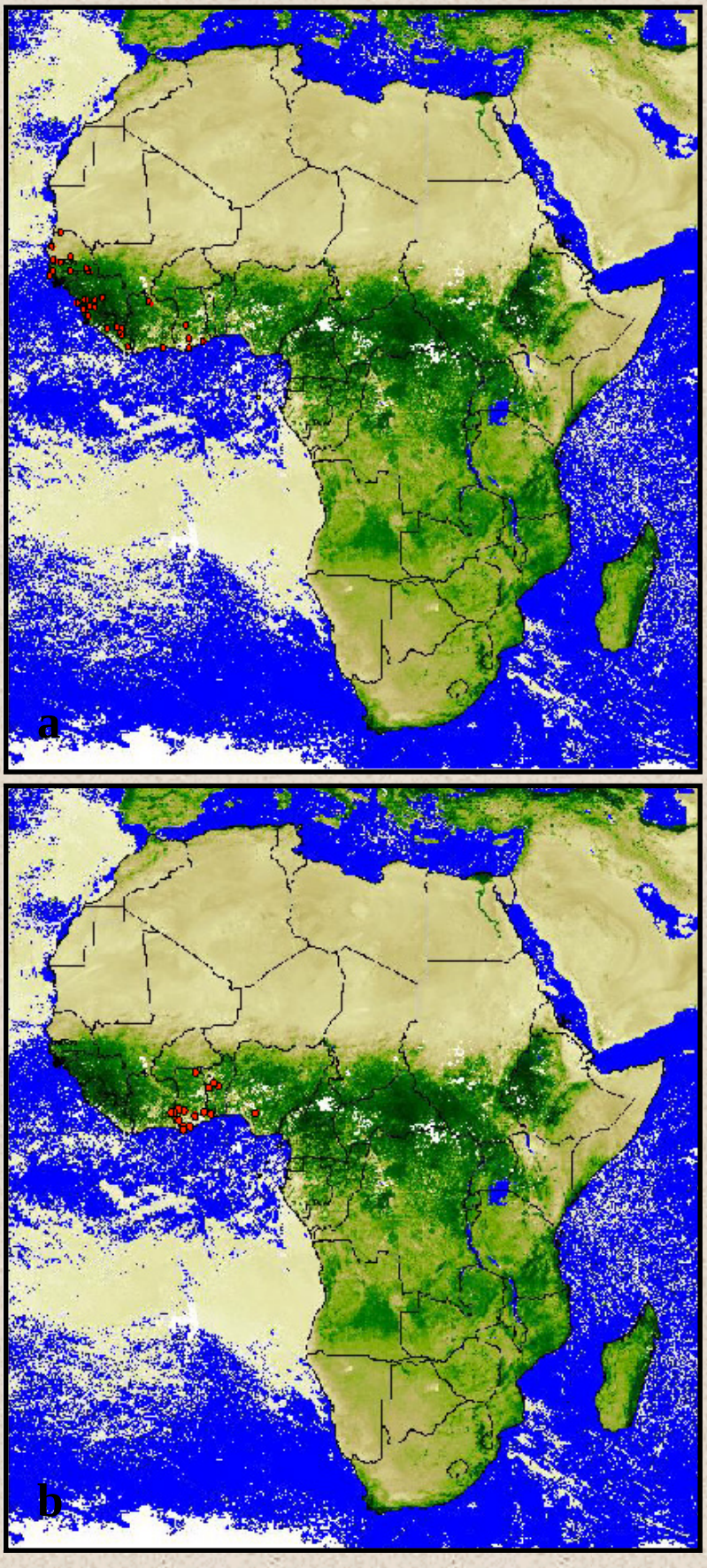


Fig. 20. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta pardina* et **(b)** *genettoides*.

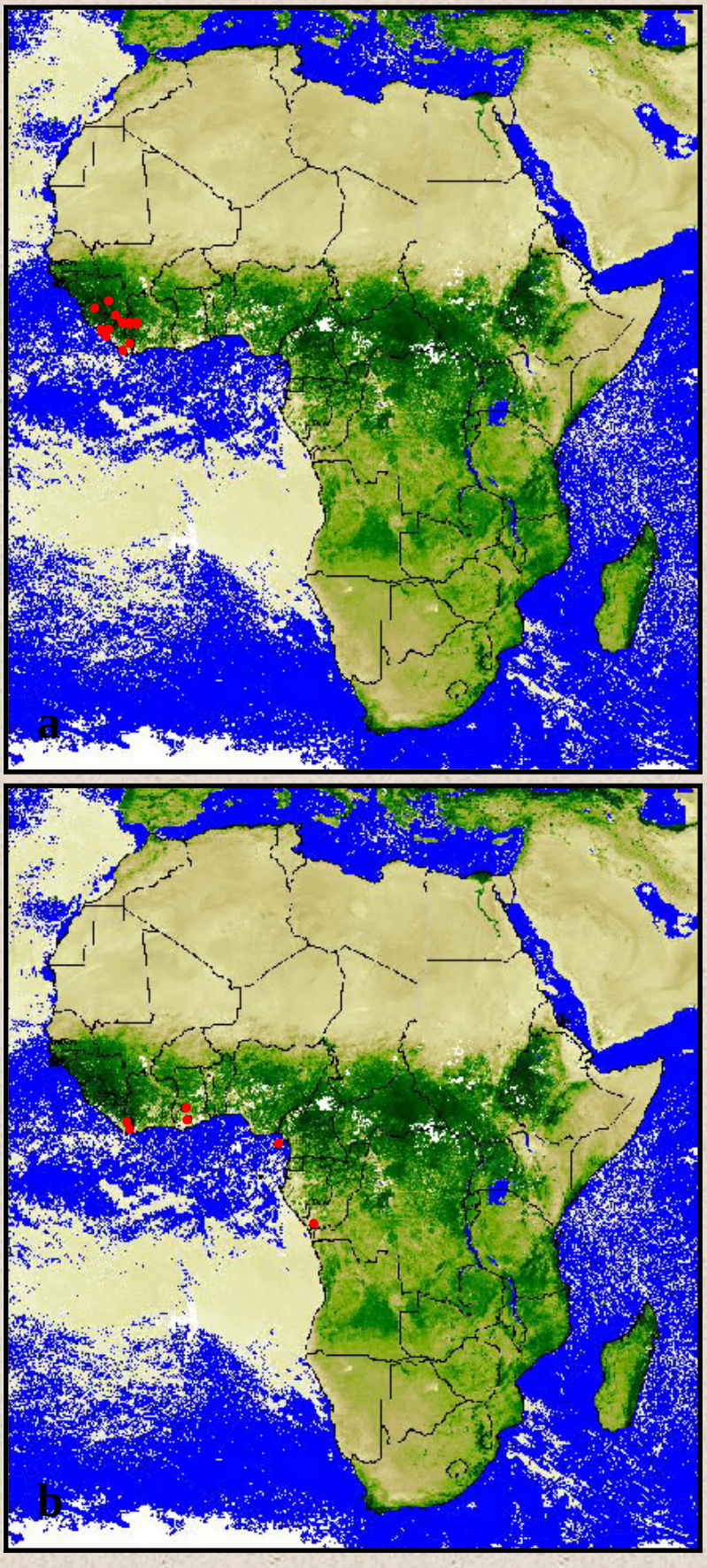


Fig. 21. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta bourloni* et **(b)** *Genetta poensis*.

-Genetta poensis :

.Répartition / Habitat : (fig. 21.b) INPP = 1 (4/4). *Liste des pays (Crawford-Cabral, 1981c) : Liberia, Ghana, Guinée Equatoriale (Île Bioko), Congo*. 6 localités répertoriées. L'espèce a une répartition très fragmentée, mais semble restreinte, selon les collections, au biotope de forêt tropicale humide. Aucun spécimen provenant des muséums européens visités n'a été récolté à une date postérieure à 1946.

-Genetta maculata :

.Répartition / Habitat : (fig. 22.a) INPP = 1 (28/28). *Liste des pays (Schlawe, 1980 ; corrigé) : Angola, Bénin, Botswana, Burundi, Cameroun, Congo, Erythrée, Ethiopie, Gabon, Ghana, Guinée Equatoriale, Kenya, Malawi, Mozambique, Namibie, Nigeria, Ouganda, République d'Afrique Centrale, Rwanda, Somalie, République d'Afrique du Sud, Soudan, Swaziland, Tanzanie, Tchad, Togo, Zaïre, Zambie*. 517 localités répertoriées. Aucun spécimen de Guinée Equatoriale. Par contre, un spécimen provient d'Algérie (MNHN 1940-1212), fait surprenant puisque l'espèce n'a jamais été signalée au-delà du Sahara. Ce spécimen est constitué d'un crâne seul, et l'individu est listé comme ayant appartenu à la Ménagerie du Jardin des Plantes. Aussi, nous ne pouvons dire si la présence de *G. maculata* en Algérie est due à une erreur concernant la provenance de lindividu ou à des échanges commerciaux de spécimens vivants entre l'Afrique sub-saharienne et le Maghreb. L'espèce *G. pardina* a déjà été retrouvée maintenue en captivité en France par des particuliers, et les individus avaient été achetés en Afrique sub-saharienne (Mali ; J-J. Ranouihl, in litt.). A notre connaissance, aucun cas n'a été recensé pour l'espèce *G. maculata*. L'aire de répartition déterminée suivant les points de collecte est très similaire à celle définie par Schlawe (1980), avec toutefois la confirmation, ici, de la présence de l'espèce dans la partie centrale de l'Angola (spécimens du MFNB) (Crawford-Cabral, 1969). *G. maculata* apparaît ainsi clairement comme une espèce ubiquiste, capable d'occuper une multitude de milieux tels que les forêts tropicales, les savanes boisées et plus ouvertes, les mosaï ques forêts-savanes ainsi que les zones montagneuses, tout au long de son aire de répartition (limites nord-ouest = Burugu (Ghana) : 10°23' N ; 0°30' W, nord-est = Salamona (Erytrée) : 15°45' N ; 39°00' E, sud-ouest = Windhoek (Namibie) : 22°34' S ; 17°06' E, et sud-est = Highflats (République d'Afrique du Sud) : 30°15' S ; 30°12' E). La question des zones de sympatrie de *G. maculata* avec *G. pardina* et *G. tigrina* est abordée dans les profils relatifs aux deux dernières espèces.

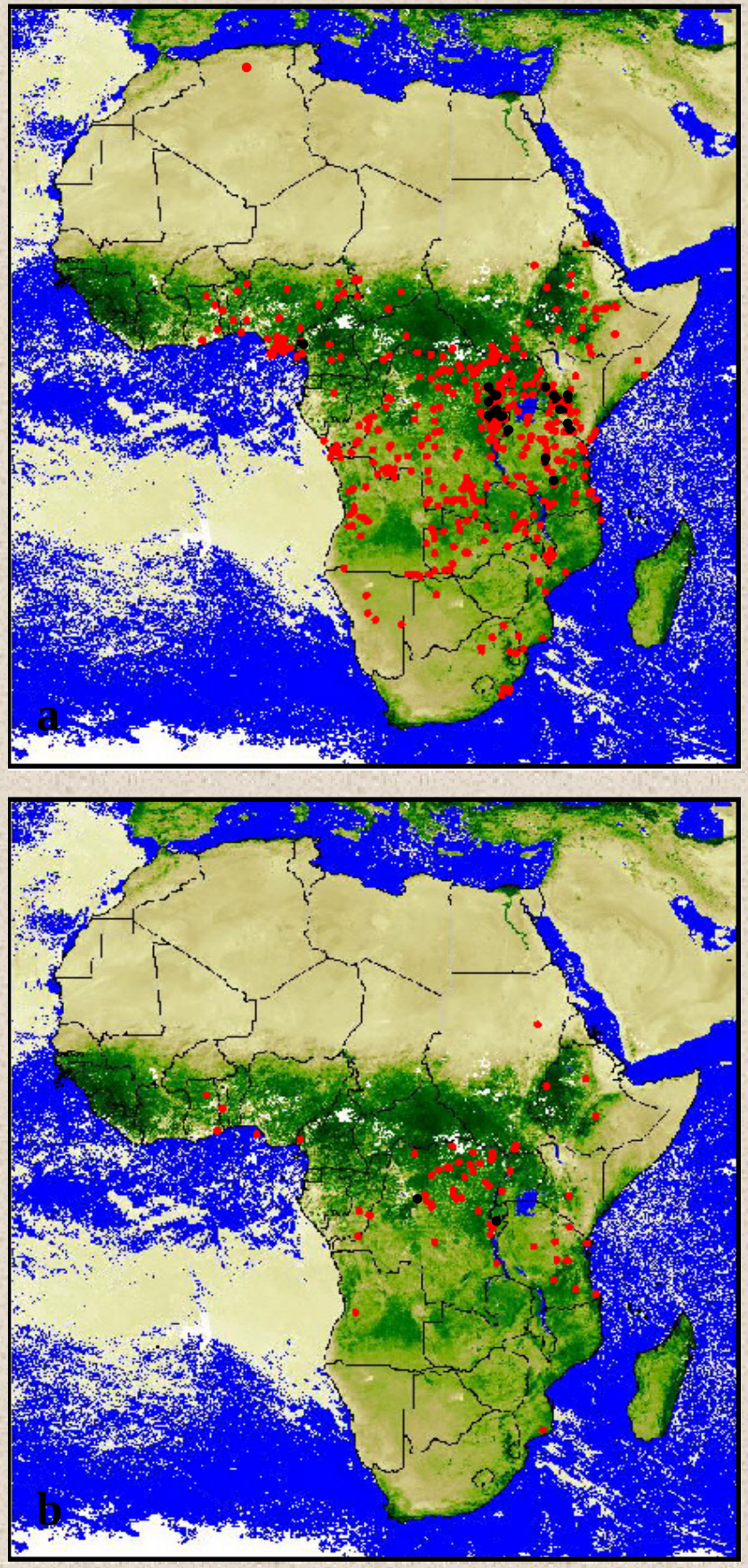


Fig. 22. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta maculata* et **(b)** *schoutedeni* (• = spécimens mélaniques).

-forme *schoutedeni* :

.Répartition / Habitat : (fig. 22.b) INPP non estimable puisque les caractéristiques morphologiques de ce taxon sont différentes de celles définies par Crawford-Cabral (1970). 66 localités répertoriées. Le statut de la forme *schoutedeni* reste incertain (cf § III-1.d.). Les caractéristiques diagnostiques de cette forme pourraient se résumer ainsi : crâne similaire à *G. maculata*, mais os entotympanique caudal proportionnellement très surélevé par rapport àl'os ectotympanique (beaucoup plus enflé que chez *G. pardina*). Les localités d'où provient ce morphotype sont présentes en Angola, Burundi, Cameroun, Congo, Ethiopie, Ghana, Kenya, Mozambique, Nigeria, Ouganda, République d'Afrique Centrale, Rwanda, Soudan, Tanzanie, Togo, Zaï re, soit 4/7ème des pays occupés par *G. maculata*, avec laquelle *schoutedeni* est sympatrique sur quasiment toute son aire de répartition. La validité du critère « entotympanique caudal très surélevé » en tant que discriminant spécifique est à tester par d'autres approches (analyses ADN), d'autant plus qu'il est parfois délicat d'évaluer la frontière entre « surélèvement très prononcé » et « surélèvement prononcé ». En outre, la plus grande taille attribuée aux individus de *schoutedeni* par Crawford-Cabral (1970) n'est pas un critère applicable (car non corrélé) si l'on suit le caractère diagnostique «surélèvement de l'os entotympanique caudal ». En outre, et contrairement aux assertions de Crawford-Cabral (1970), la forme *schoutedeni* ne semble pas restreinte aux régions de forêt tropicale humide, mais pourrait être un taxon ubiquiste.

-Genetta tigrina :

.Répartition / Habitat : (cf fig. 19.b) INPP = 1 (1/1). *Liste des pays (Roberts, 1951 ; Schlawe, 1980) : République d'Afrique du Sud.* 12 localités répertoriées. La localisation des points de collecte reflète l'aire de répartition et le type d'habitat (« fynbos » (= landes) et forêts côtières) de l'espèce tels que définis dans la littérature (Roberts, 1951 ; Crawford-Cabral, 1981c ; Stuart, 1981), l'aire de répartition s'étendant de la région du Cap à la limite sud du Kwazulu-Natal, le long de la côte. Aucun spécimen provenant du Lesotho (pays inclus par Wozencraft (1993) dans l'aire de répartition de *G. tigrina*) n'a été recensé au cours de nos prospections muséales. Sur la base des caractères diagnostiques établis dans l'Article 4, six spécimens hybrides (i.e. présentant un assemblage mixte d'états de caractères caractérisant à la fois *G. tigrina* et *G. maculata*) ont pu être identifiés au niveau de la zone de contact avec *G. maculata,* au Kwazulu-Natal : NM 1720 et 1721 (Highflats), NM 1990 (Umgeni Valley Game Ranch), DNSM 1089 (St. Lucia Village), DNSM 2055 (Royal Natal National Park) et MFNB

19696 (« Pondoland »). La zone d'hybridation telle que nous l'avons déterminée est beaucoup plus limitée que celle proposée par Pringle (1977) sur la base des mêmes collections (DNSM et NM) puisqu'elle se restreint à la zone de contact entre les deux aires de répartition, alors que Pringle la définit comme s'étendant sur l'ensemble du Natal. Pringle a principalement utilisé la variation de coloration (robe du pelage et taches dorsales) comme critère diagnostique, ce qui rend ses identifications peu fiables (caractères liés au biotope et à l'hygrométrie ; cf Taylor *et al*. (1990) pour une illustration chez un Herpestidae, *Cynictis penicillata*). Enfin, un spécimen hybride entre *G. tigrina* et *G. genetta* a été identifié à Cathcart (BMNH 35.9.1.162). L'individu arbore un patron de pelage typique de l'espèce *G. tigrina*, mais son crâne exhibe les caractères diagnostiques propres à *G. genetta* (après vérification auprès des responsables des collections du BMNH et enquête dans les catalogues des entrées, l'hypothèse d'un spécimen « composite » semble devoir être écartée). C'est la première fois qu'un cas d'hybridation *in situ* est reporté entre ces deux espèces.

-Les genettes de milieu ouvert :

-Genetta genetta :

.Identification : pelage long - présence d'une ligne médio-dorsale noire et continue, avec poils plus longs formant une crête érectile - menton sombre - taches dorsales fines et partiellement fusionnées dans la partie postérieure du dos - présence d'une « chaussette » noire recouvrant la partie postérieure de la cuisse et du pied - queue touffue, et anneaux clairs présents jusqu'au bout de la queue - touffe de poils distale blanchâtre - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés environ équivalente (milieu de la queue) - deux paire de mamelles - crêtes d'insertion des muscles masséters forment une large aire - os entotympanique caudal peu surélevé par rapport à l'ectotympanique.

Au cours de nos observations, nous avons pu remarquer que les individus occupant les régions caractérisées par un climat méditerranéen (Europe, Maghreb) partageaient un patron et une longueur de pelage similaires, une robe gris-cendrée à gris-jaunâtre pâle avec des taches dorsales et une bande médio-dorsale noires. Les autres populations, distribuées à travers l'ensemble de l'Afrique sub-saharienne et la péninsule arabe (climat chaud et relativement sec), présentent quant à eux un patron de pelage différent : pelage plus court, robe gris-blanchâtre pâle à beige clair avec des taches dorsales marron-roussâtres contrastantes avec la ligne médio-dorsale noire. Ces deux morphotypes semblent être corrélés

au climat et aux biotopes, mais aucune étude n'a encore clairement exploré le caractère adaptatif du pelage chez les genettes.

Au-delà de ces variations, un morphotype caractéristique (que nous appellerons, par commodité, « type 2 », par opposition au « type 1 » représenté par le morphotype « classique » tel que défini plus haut), qui ne semble pas être lié à un type d'habitat particulier, a pu être identifié dans la partie sud de l'Afrique sub-saharienne : pelage long, robe blanc-cendrée, « chaussette » noire très développée qui recouvre la partie supérieure du pied et la partie antérieure de la cuisse (seule une tache blanchâtre réduite est apparente dans chacune des deux parties), partie postérieure des pattes avant recouverte d'une bande sombre, bout de la queue constitué d'un anneau clair relativement long et d'un blanc presque pur. Les contrastes robe claire - motifs foncés sont sur toutes les parties du corps accentués (menton, membres).

.Répartition / Habitat : (fig. 23.a) INPP = 0,80 (35/44). *Liste des pays (Harrison & Bates, 1991 ; Wozencraft, 1993 ; Kingdon, 1997 ; Amori et al., 1999 ; Künzel et al., 2000) : Algérie, Allemagne, Angola, Arabie Séoudite, Belgique, Bénin, Botswana, Burkina Faso, Côte d'Ivoire, Djibouti, Egypte, Erythrée, Espagne, Etat Libre d'Orange, Ethiopie, Italie, France, Ghana, Hollande, Kenya, Liberia, Libye, Mali, Maroc, Mauritanie, Mozambique, Namibie, Niger, Nigeria, Oman, Ouganda, Portugal, République d'Afrique du Sud, République du Yémen, Sahara Occidental, Sénégal, Somalie, Soudan, Tanzanie, Tchad, Togo, Tunisie, Zambie, Zimbabwe.* 211 localités répertoriées (« type 2 » exclu). Aucun spécimen de Belgique, Djibouti, Hollande, Italie, Sahara Occidental, Egypte, Burkina Faso, Liberia, Mozambique et Etat Libre d'Orange (à noter que Sahara Occidental, Liberia et Mozambique sont des pays d'origine « douteux » puisque nous n'avons pas retrouvé *G. genetta* dans les listings faunistiques relatifs à ces régions ; cf Kuhn, 1965, Crawford-Cabral, 1973, Aulagnier & Thévenot, 1986, Aulagnier, 1990). Par contre, l'examen des collections a permis de répertorier, pour la première fois, la présence de l'espèce au Zaï re (Mahagi). Le spécimen unique d'Israël (BMNH 64.8.17.17), constituant le matériel type de la sous-espèce *G. genetta terrasanctae* (Neumann, 1902), est supposé provenir d'Algérie (Schlawe, 1981). Les allusions successives relatives à la présence de *G. genetta* en Israël depuis Tristram (1866 ; 1884) semblent être dues à une confusion avec *Vormela peregusna,* un Mustelidae à la robe tachetée (Kock, 1983).

La répartition des points de collecte indique clairement que l'espèce n'est pas présente dans les zones densément boisées et de forêt tropicale, exception faite de trois localités situées

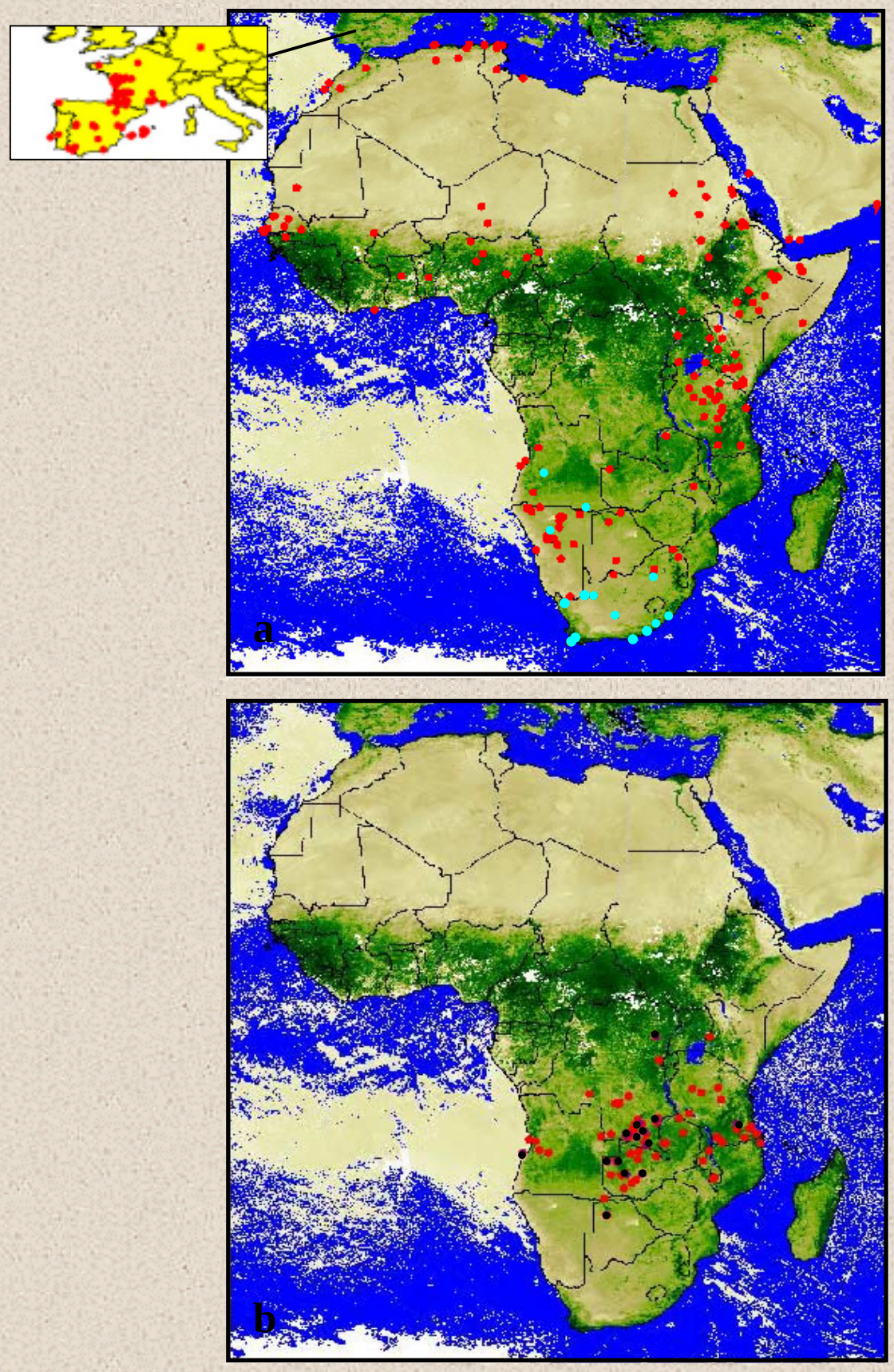


Fig. 23. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Genetta genetta* (• = *G. genetta* « type1 »; • = *G. genetta* « type 2 ») et **(b)** *Genetta angolensis* (• = spécimens semi- ou complètement mélaniques).

à l'extrême nord-est Zaï re (Mahagi) et en Ouganda (Katoma et Lalasat). Le spécimen d'Abidjan (ZFMK 97490) a été récolté sur le marché de viande de brousse, et sa provenance d'origine reste inconnue. Certaines localités situées au sud, voire à la bordure septentrionale, du Sahara, témoignent de la faculté d'adaptation de l'espèce à des régions plus arides que celles occupées par les autres genettes : Tentane, en Mauritanie (19°51' N ; 13°00' W), Aoudéras, au Niger (17°38' N ; 8°20' E), Dongola (19°13' N ; 30°27' E) et Port-Soudan (19°38' N ; 37°07' E), au Soudan. L'utilisation de *G. genetta* en tant qu'animal de compagnie, et par là même le trafic international et l'invasion potentielle par des individus échappés qui en découle, est illustrée par des lieux de collecte situés « hors » aire de répartition naturelle : Bois de Boulogne, Paris (France), Bergheim (Allemagne) et Mont-Carmel (Israël ; cf ci-dessus). Les seuls spécimens libyens proviennent du Zoo de Tripoli et furent capturés dans les jardins de la ville au début du XX^{è} siècle (information MFNB), ce qui laisse à penser que l'espèce n'est pas présente à l'état naturel en Libye (contrairement à l'opinion qui est encore véhiculée dans la littérature ; cf Toschi, 1954, Livet & Roeder, 1987, Le Berre, 1990, et Wozencraft, 1993). L'implantation de populations isolées reste un phénomène souvent inexpliqué, et tout est encore à explorer quant à l'origine de certains peuplements (relâchers anarchiques, expansion naturelle, populations relictuelles ?) comme ceux d'Oman, récemment découverts (Harrison, 1980), voire même du reste de la Péninsule Arabe (Arabie Séoudite, République du Yémen), ainsi que les multiples observations signalées dans le nord-est de la France (Léger et al., 1998). La nature et la période d'introduction de la genette en Europe sont également sujettes à moult spéculation (Clevenger, 1993 ; Morales, 1994 ; Dobson, 1998 ; Amigues, 1999).

Les spécimens attribués au morphotype de «type 2» sont présents dans quatre pays : Angola (Bambi), Namibie (Windhoek, Wilhelmstal, Lac Guinas, Numkaub, Ssannukannu), Zambie (Balovale) et République d'Afrique du Sud (Cap de Bonne Espérance, Port Elizabeth, Stellenbosch, Le Cap, King William's Town, Kaffraria, Deelfontein, Klipfontein, Augrabies Falls, Louisvale, Modderfontein, Pretoria District). Le « type 1 » n'est pas présent en République d'Afrique du Sud, si ce n'est dans la partie nord-est du pays (Transvaal), l'extrême majorité du territoire étant donc occupée strictement par le «type 2». Des zones de sympatrie entre les deux morphotypes apparaissent dans les quatre pays où le «type 2» est présent. La discrimination morphologique entre les deux types est évidente pour les spécimens de la République d'Afrique du Sud, mais reste parfois délicate pour les localités situées dans les autres pays, plus au nord (état de recouvrement de la « chaussette » des pattes

postérieures parfois difficile à estimer). Un tel morphotype (« type 2 »), restreint à une partie de la région sud-africaine, n'avait encore jamais été caractérisé. Le nom de *Genetta felina* (Thunberg, 1811), espèce décrite du Cap de Bonne Espérance (République d'Afrique du Sud), a parfois été utilisé pour désigner une espèce distincte (Roberts, 1951 ; Schlawe, 1981 ; Harrison & Bates, 1991) de *G. genetta*, son aire de répartition s'étendant dans ce cas à l'ensemble de l'Afrique sub-saharienne et la Péninsule Arabe. Par contre, *G. genetta felina* a à plusieurs reprises été employé pour désigner une sous-espèce de *G. genetta* limitée à, grossièrement, la République d'Afrique du Sud et la partie sud-ouest de la Namibie (Coetzee, 1977 ; Crawford-Cabral, 1981b et c). Toutefois, son aire de répartition n'a jamais été signalée plus au nord comme c'est le cas d'après nos observations. Les spécimen-types suivants, représentant les formes de *G. genetta* sud-africaines, arborent les caractéristiques propres au « type 1 » : *ludia* (Klein Letaba, Transvaal, République d'Afrique du Sud), *pulchra* (Okondoto, Namibie) et *bella* (Loanda, Angola). Par contre, deux spécimens types possèdent les caractéristiques propres au « type 2 » : *felina* (iconotype ; difficilement exploitable, mais membres d'apparence très foncée) et *macrura* (Kaffraria, République d'Afrique du Sud), dont le spécimen est déposé au RMNH (n° 34572) et a appartenu au Cabinet de Temminck (le nom *Viverra macrura* apparaît dans un manuscrit de Temminck non publié. Jentink (1892) le mentionne dans son catalogue (p. 112) en tant que synonyme de *Genetta felina,* mais il reste *nomen nudum* ; C. Smeenk, in litt.). Le statut taxinomique du « type 2 », dont les caractéristiques du crâne sont identiques à celles du «type 1» mais dont le patron du pelage reste discriminant, devra être testé par l'intermédiaire de l'analyse moléculaire.

-Genetta angolensis :

Identification : pelage long - présence d'une ligne médio-dorsale noire et continue, avec poils plus longs formant une crête érectile - menton sombre - taches dorsales fines et partiellement fusionnées dans la partie postérieure du dos - région scapulaire très faiblement tachetée - présence d'une « chaussette » noire recouvrant la partie postérieure de la cuisse et du pied - partie postérieure des pattes avant recouverte d'une bande sombre - queue très touffue, et large anneau sombre au bout de la queue (dernier anneau clair recouvert de poils sombres) - touffe de poils distale sombre - longueur des anneaux clairs de la queue par rapport aux anneaux foncés entre 50 et 75% (milieu de la queue) - deux paire de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters étroite mais non surélevée - os entotympanique caudal peu surélevé par rapport à l'ectotympanique.

Genetta mossambica Matschie, 1902, dont le spécimen type provient de Mossimboa (Mozambique), possède un statut taxinomique problématique. Crawford-Cabral (1981c) reconnaît le taxon comme une possible sous-espèce de *G. angolensis*. Crawford-Cabral & Fernandes (2001) constatent toutefois que des spécimens attribués à *mossambica* par Roberts (1951), en tant que sous-espèce de *G. maculata*, ne correspondent pas à la description du spécimen-type par Matschie (1902) et pourraient en fait constituer une nouvelle sous-espèce de *G. maculata* (ou une nouvelle espèce appartenant à la «super-espèce » *G. maculata* ; J. Crawford-Cabral, in litt.). D'après nos observations, le spécimen type de *G. mossambica* pourrait en fait représenter un individu hybride entre *G. angolensis* et *G. maculata*. Il exhibe en effet une longueur générale du pelage (corps et queue) intermédiaire entre les deux espèces, les contrastes clairs / foncés sont moins marqués que chez *G. angolensis*, et le crâne présente un rétrécissement interorbitaire marqué, typique de *G. maculata*, et un os entotympanique caudal plus surélevé que chez les autres spécimens de *G. angolensis*. En outre, ce morphotype composite n'a pas été retrouvé dans la région d'origine du spécimen type (nord Mozambique, sud Tanzanie), ce qui peut plaider en faveur de l'hypothèse d'hybridation.

.Répartition / Habitat : (fig. 23.b) INPP = 1,29 (9/7). *Liste des pays (Wozencraft, 1993 ; Crawford-Cabral, sous presse) : Angola, Malawi, Mozambique, Tanzanie, Zaïre, Zambie, Zimbabwe.* 94 localités répertoriées. Aucun spécimen du Zimbabwe. D'après l'examen des collections, trois nouveaux pays peuvent être inclus dans l'aire de répartition de l'espèce : Botswana (Barsheland et Ngamiland), Kenya (Mont-Elgon) et Namibie (ouest Caprivi). La limite nord de l'aire occupée par *G. angolensis* est ici étendue de 600 à 700 km, avec des localités de collecte telles que Bobandana (1°41' S; 29°00' E) et Mawambi (1°40' N ; 28°35' E), au Zaï re, et Mont-Elgon, au Kenya (1°05' N ; 34°47' E). Ces trois sites sont situés en milieu forestier tropical, alors que l'espèce est considérée comme occupant les milieux ouverts et de mosaï que forêts-savanes (Crawford-Cabral, sous presse). La localité de collecte de Barsheland, située dans les marais de l'Okavango (Botswana), constitue la nouvelle limite sud de l'aire de répartition de l'espèce (19°50' S ; 23°00' E).

. Les « Genet-like taxa »

-Le genre *Osbornictis* :

-Osbornictis piscivora :

.Identification : rhinarium réduit - robe du pelage d'un roux-brunâtre uni - queue touffue et noirâtre - plante des pattes glabre - taches blanches sub- et supra-oculaires très marquées - denture tranchante (adaptée à la piscivorie) - crête d'insertion des muscles masséters étroite et surélevée - apophyses post-orbitaires droites (peu inclinées ventralement).

.Répartition / Habitat : (fig. 24.a) INPP = 1 (1/1). *Liste des pays (Van Rompaey, 1988 ; Wozencraft, 1993) : Zaïre*. 12 localités répertoriées. Les points de collecte recensés reflètent l'aire de répartition de l'espèce restreinte à la forêt tropicale nord et nord-est du Zaï re (rive droite du fleuve Zaï re).

-Le genre *Poiana* :

-Poiana richardsonii :

.Identification : pelage court - queue cylindrique et annelée de 10 à 12 anneaux pâles jusqu'au bout de la queue - touffe de poils distale blanchâtre - rapport tête + corps / queue = 1 - taches labiales supérieures et taches sub-oculaires peu marquées - taches dorsales larges et non fusionnées - ligne médio-dorsale absente (ou suggérée à partir du milieu du dos par une rangée de taches dorsales médianes) - une paire de mamelles - forme générale du crâne globuleuse - absence de M^2 - crêtes d'insertion des muscles masséters formant une aire très large - os entotympanique caudal peu surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 24.b) INPP = 0,83 (5/6). *Liste des pays (de Beaufort, 1965b ; Van Rompaey & Colyn, sous presse a) : Cameroun, Congo, Gabon, Guinée Equatoriale (incluant Ile de Bioko), République d'Afrique Centrale, Zaïre*. 44 localités répertoriées. Aucun spécimen du Congo. Les points de collecte sont représentatifs de l'aire de répartition établie pour l'espèce (Schreiber et al., 1989 ; Wozencraft, 1993 ; Van Rompaey & Colyn, sous presse a), qui reste inféodée au milieu tropical strictement forestier d'Afrique centrale. Pour la première fois, les localités de République d'Afrique Centrale (pays mentionné par Van Rompaey & Colyn (sous presse a) dans l'aire de répartition de l'espèce mais non accompagné de noms de localités) sont données : Salo 2 et forêt de N'gotto (dates

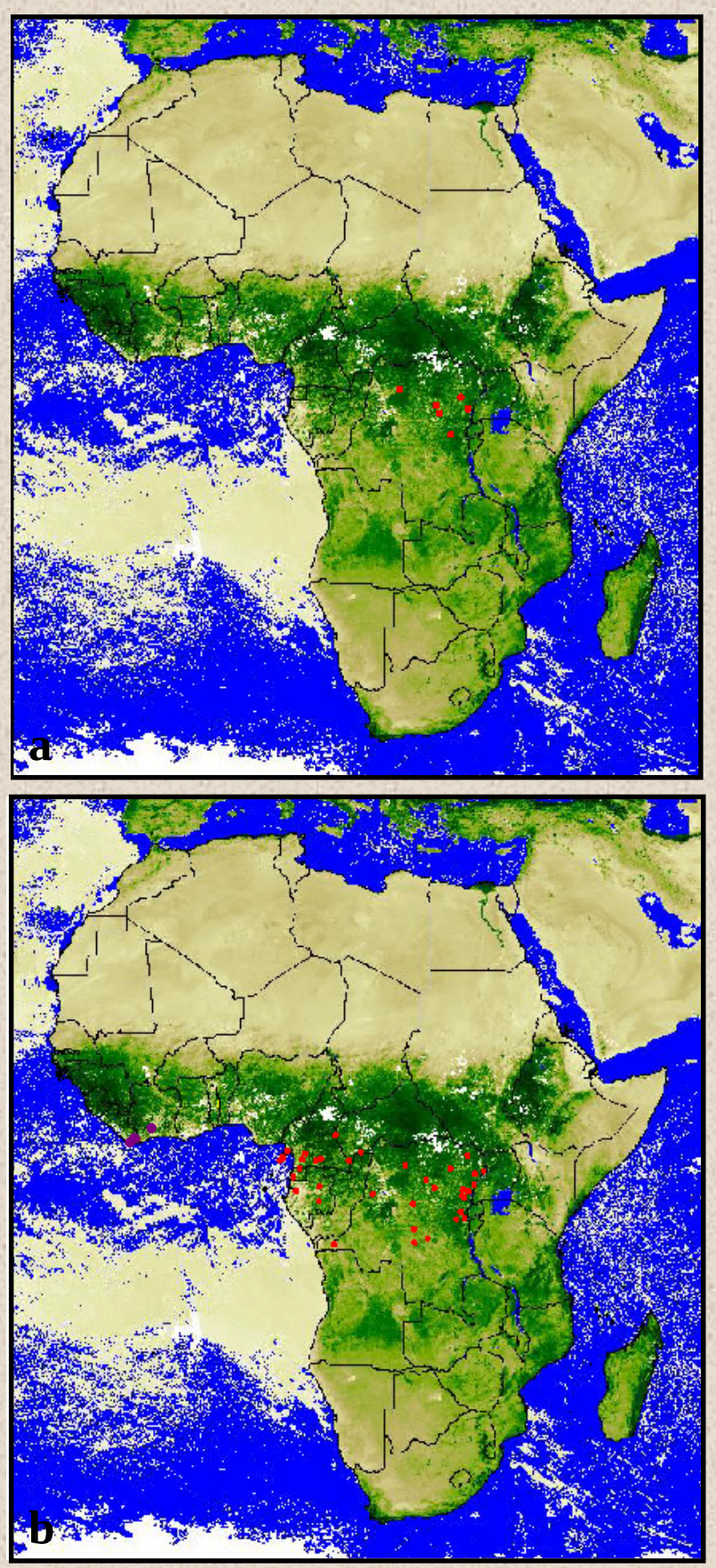


Fig. 24. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Osbornictis piscivora* et de **(b)** *Poiana* spp. (● = *P. richardsonii*; ● = *P. leightoni*) .

de collecte : 1993 / 1994, par M. Colyn). La localité zaï roise située à l'extrême sud-ouest du pays (Kindombe ; 5°07' S ; 14°25' E) laisse supposer la présence de *P. richardsonii* sur toute l'aire forestière du Congo.

-Poiana leightoni :

.Identification : pelage court - queue cylindrique et annelée de 10 à 12 anneaux pâles jusqu'au bout de la queue - touffe de poils distale blanchâtre - anneaux sombres de la queue en forme de chevrons - rapport tête + corps / queue = 1 - taches labiales supérieures et taches sub-oculaires peu marquées - taches dorsales larges et non fusionnées - ligne médio-dorsale absente (ou suggérée à partir du milieu du dos par une rangée de taches dorsales médianes) - forme générale du crâne globuleuse - absence de M^2 - crêtes d'insertion des muscles masséters formant une aire très large - os entotympanique caudal surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 24.b) INPP = 1 (2/2). *Liste des pays (de Beaufort, 1965b ; Van Rompaey & Colyn, sous presse a) : Liberia, Côte d'Ivoire.* 3 localités répertoriées. L'aire de répartition de l'espèce semble très réduite (partie sud-est du Bloc Forestier Guinéen), et cette assertion est reflétée par les très rares points de collecte recensés au cours de nos observations.

-Le genre *Prionodon* :

-Prionodon pardicolor :

.Identification : pelage court - queue cylindrique et annelée de 8 à 10 anneaux pâles jusqu'au bout de la queue - touffe de poils distale blanchâtre - rapport tête + corps / queue = 1 - taches oculaires absentes - taches dorsales larges et généralement ovoï des, non fusionnées - ligne médio-dorsale suggérée à partir du milieu du dos par une rangée de taches dorsales médianes non fusionnées - absence de coussinets métatarsiens - absence de glandes périnéales - forme générale du crâne globuleuse - absence de M^2 - crêtes d'insertion des muscles masséters formant une aire très large - os entotympanique caudal peu surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 25.a) INPP = 0,88 (7/8). *Liste des pays (Van Rompaey, 1995) : Bhoutan, Birmanie, Chine, Inde, Laos, Népal, Thaïlande, Vietnam*. 25 localités répertoriées. Aucun spécimen du Bhoutan. Les points de collecte reflètent l'aire de répartition

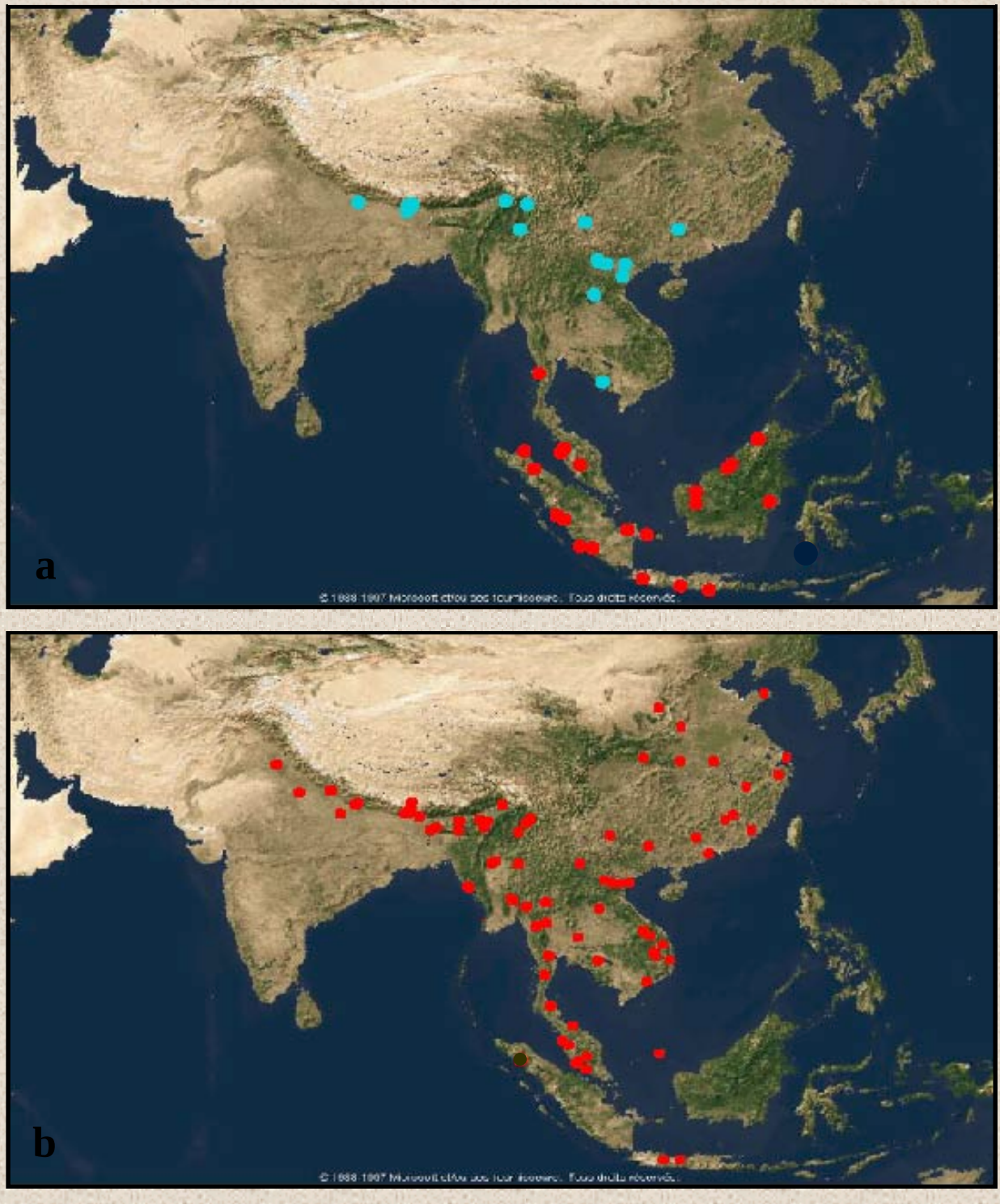


Fig. 25. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Prionodon* spp. (● = *P. pardicolor*; ● = *P. linsang*) et **(b)** *Viverra zibetha*.

de l'espèce, recouvrant des milieux divers tels que les zones forestières (incluant les forêts de bambous) et les mosaï ques prairies-forêts (Sunquist, 1982). La nouvelle localité Yanshan, en Chine (25°25' N ; 110°08' E- spécimen MFNB 45381), représente le point de collecte le plus oriental pour l'espèce. De plus, un autre spécimen (C-163 - collection de tissus du MNHN), récupéré par J. Walston (WCS Cambodgia Program) le 23/02/2000 au sein du Kiriro National Park, au Cambodge (11°23' N ; 100°16' E), élargit l'aire de répartition de *P. pardicolor* d'environ 370 km vers le sud. L'habitat a été décrit comme une forêt tropicale dense perturbée par des activités de déboisement (J. Walston, in litt.). L'Indonésie et Malaisie, cités par Wozencraft (1993) comme pays dans lesquels l'espèce est présente, sont à considérer comme des données « douteuses ».

-Prionodon linsang :

.Identification : pelage court - queue cylindrique et annelée de 8 à 10 anneaux pâles jusqu'au bout de la queue - touffe de poils distale blanchâtre - rapport tête + corps / queue = 1 - taches oculaires absentes - taches dorsales fusionnées latéralement pour former quatre à six larges bandes latérales - absence de ligne médio-dorsale clairement définie - absence de coussinets métatarsiens - absence de glandes périnéales - forme générale du crâne globuleuse - absence de M^2 - crêtes d'insertion des muscles masséters formant une aire très large - os entotympanique caudal surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

.Répartition / Habitat : (fig. 25.a) INPP = 0,75 (3/4). *Liste des pays (Van Rompaey, 1993) : Birmanie, Indonésie, Malaisie, Thaïlande*. 26 localités répertoriées. Aucun spécimen de Thaï lande. Les points de collecte sont en adéquation avec l'aire de répartition établie pour l'espèce.

. Les Civettes terrestres

-Le genre *Viverra* :

-Viverra zibetha :

.Identification : grande taille (tête + corps jusqu'à 850 mm) - pelage court - large collier constitué de deux bandes blanches entourées de bandes noires, et reliant les deux oreilles par la gorge - bande médio-dorsale noire bordée longitudinalement de deux bandes blanches - taches dorsales larges mais mal définies (variabilité des patrons) et tendant à

former des motifs transversaux plus ou moins continus - trois paires de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters étroite et surélevée - os entotympanique caudal de forme pyramidale et très surélevé par rapport à l'os ectotympanique.

Suite à nos observations, nous confirmons les résultats des travaux de Walston & Veron (2001) suggérant de considérer *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov et Pham Trong Anh, 1997, comme synonyme junior de *V. zibetha* (absence de caractères diagnostiques permettant de discriminer les deux taxons).

.Répartition / Habitat : (fig. 25.b) INPP = 0,83 (10/12). *Liste des pays (Corbet & Hill, 1992 ; Wozencraft, 1993) : Bangladesh, Bhoutan, Birmanie, Cambodge, Chine, Inde (incluant les îles Andaman), Indonésie, Laos, Malaisie, Népal, Thaïlande, Vietnam*. 91 localités répertoriées. Aucun spécimen du Bangladesh et du Bhoutan. Par contre, trois spécimens d'Indonésie ont été recensés. Ils proviennent de Langen (MFNB 19839), de l'« île de Java » (MFNB 2753), ainsi que du « Mont Ranai » (île Latuna Besar ; BMNH, sans numéro de catalogue), toutes trois localités nouvelles pour l'espèce (Wozencraft (1993) indique « Indonesia » sans fournir de plus amples précisions ; l'Indonésie n'est pas listée par Corbet & Hill, 1992). Toutefois, l'origine de la présence de ces individus en région insulaire reste incertaine, les populations des îles Andaman étant par exemple issues d'introductions artificielles (Lever, 1985). Les autres points de collecte reflètent l'aire de répartition traditionnelle de l'espèce, avec toutefois d'importantes nouvelles extensions ouest et est. La carte de répartition présentée par Corbet & Hill (1992) indique que l'espèce n'est pas présente dans la région nord de l'Inde (mais contrairement à Lekagul & McNeely, 1977). Or, nous avons pu examiner des spécimens provenant de l'extrême nord du pays (Kerang : 28°02' N; 88°46' E, et Morang : 31°37' N; 78°27' E) ainsi que de quelques localités du nord-ouest du Népal (BMNH), suggérant un continuum ou corridor d'environ 1100 km de long longeant la limite sud de la chaîne de l'Himalaya, entre la limite nord-ouest fixée par Corbet & Hill (1992) et l'extrême nord de l'Inde. En outre, de nouvelles localités étendent l'aire de répartition de *V. zibetha* d'environ 800 km au nord-est de la Chine, dépassant la limite des 30° N (pour les plus extrêmes, Longshou : 35°37' N ; 109°18' E, et Mupping : 37°23' N ; 121°35' E).

-Viverra megaspila :

.Identification : grande taille (tête + corps jusqu'à 800 mm) - large collier constitué de trois bandes noires et de deux bandes blanches intercalées - bande médio-dorsale foncée -

premier tiers antérieur du dos peu tacheté - taches dorsales arrondies ou quadrangulaires et non fusionnées - anneaux de la queue recouverts dorsalement par une bande noire - absence d'anneaux clairs sur la deuxième moitié (partie distale) de la queue - deux paires de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - rostre allongé - os entotympanique caudal de forme pyramidale et surélevé par rapport à l'os ectotympanique ; enflé au niveau de la partie antérieure, au-dessus du méat auditif - M^2 de forme générale arrondie.

.Répartition / Habitat : (fig. 26.a) INPP = 0,57 (4/7). *Liste des pays (Schreiber et al., 1989 ; Corbet & Hill, 1992) : Birmanie, Cambodge, Chine, Laos, Malaisie, Thaïlande, Vietnam*. 12 localités répertoriées. Aucun spécimen du Cambodge, du Laos et de Chine. Wozencraft (1993) n'inclut pas ces trois pays dans l'aire de répartition de l'espèce, mais Duckworth (1994) confirme la présence de l'espèce au Laos. Les points de collecte reflètent partiellement l'aire de distribution de l'espèce, bien que les spécimens du «nord » (sud de la Chine, nord Vietnam, Laos) ne soient pas représentés. *V. megaspila* est présente dans tous les types de milieux forestiers et peut se retrouver dans des zones perturbées par l'activité de déboisement (Duckworth, 1994).

-Viverra civettina :

.Identification : grande taille (tête + corps jusqu'à 800 mm) - large collier constitué de trois bandes noires et de deux bandes blanches intercalées - bande médio-dorsale foncée - premier tiers antérieur du dos peu tacheté - taches dorsales arrondies et non fusionnées, mais plus petites que chez *V. megaspila* et non alignées - anneaux de la queue recouverts dorsalement par une bande noire, cette bande ne recouvrant toutefois pas les derniers anneaux clairs - absence d'anneaux clairs sur la deuxième moitié (partie distale) de la queue - deux paires de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - rostre allongé - os entotympanique caudal de forme pyramidale, moins surélevé par rapport à l'os ectotympanique que chez *V. megaspila* ; non enflé au niveau du méat auditif - M^2 de forme générale quadrangulaire.

.Répartition / Habitat : (fig. 26.b) INPP = 1 (1/1). *Liste des pays (Wozencraft, 1984 ; Schreiber et al., 1989) : Inde*. 2 localités répertoriées. Les deux points de collecte correspondent à un spécimen captif (Zoo de Trivandrum) et à une localité très imprécise (« sud de l'Inde »), les deux individus ayant été collectés avant 1911. Cette extrême rareté du matériel en collection reflète la situation critique de cette espèce, listée « possibly extinct »

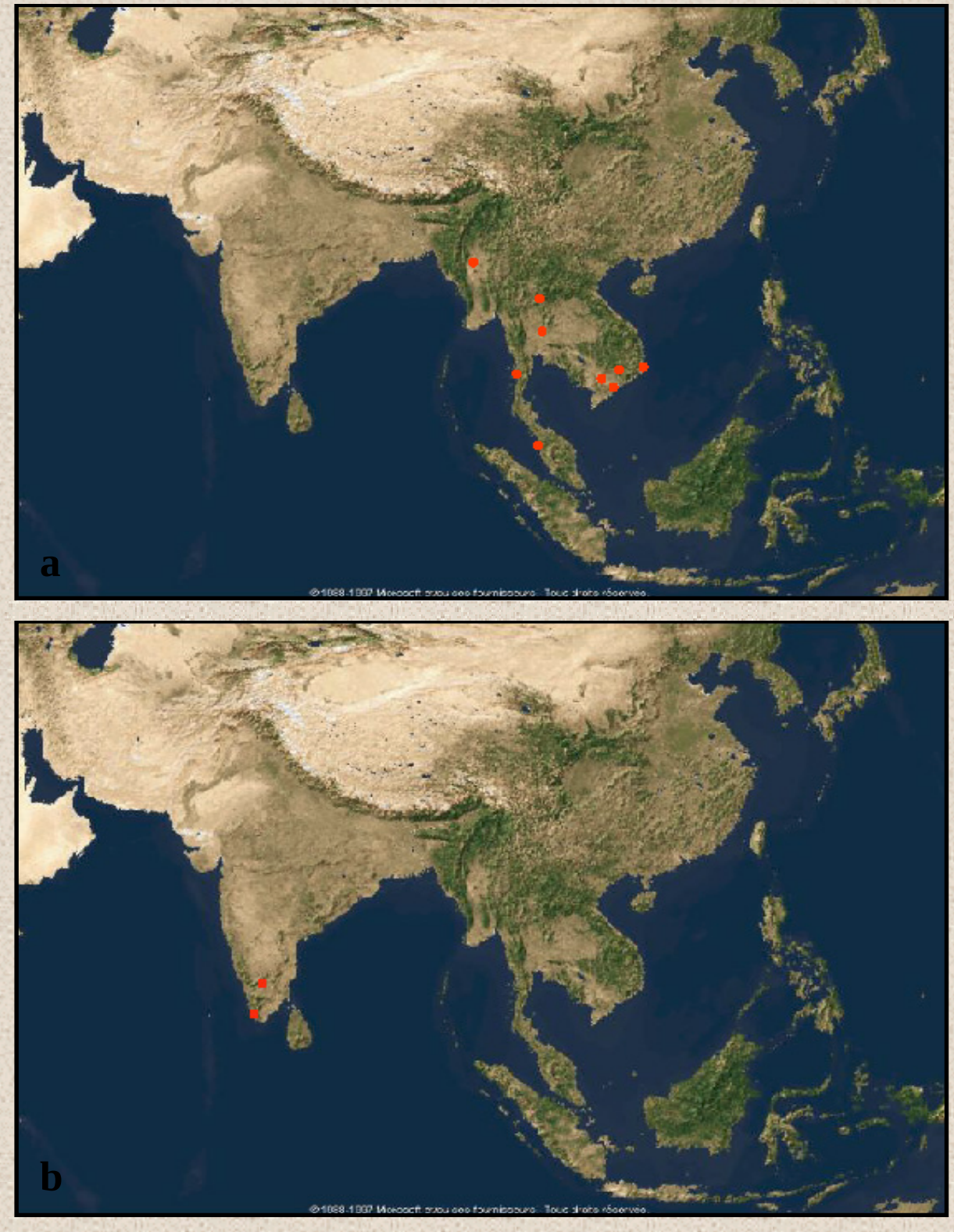


Fig. 26. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Viverra megaspila* et **(b)** *Viverra civettina*.

par l'UICN en 1972 (Goodwin & Holloway, 1972) puis redécouverte dans les années 70s à Elayur (Karanth, 1986) et Thiravulla (Schreiber et al., 1989), dans les Ghâtes Occidentales (sud-ouest de l'Inde), auxquelles elle semble endémique.

-Viverra tangalunga :

.Identification : taille moyenne (tête + corps jusqu'à 650 mm) - large collier constitué de deux bandes blanches intercalées de trois bandes noires - bande médio-dorsale foncée - taches dorsales petites, arrondies et non fusionnées, et réparties sur l'ensemble du dos - membres postérieurs densément tachetés, ces taches pouvant fusionner latéralement pour former des bandes - anneaux de la queue recouverts dorsalement par une bande noire - absence de coussinets métatarsiens - trois paires de mamelles (contrairement à Wozencraft (1984), qui en indique deux) - crête d'insertion des muscles masséters formant une large aire - os entotympanique caudal de forme pyramidale, surélevé par rapport à l'os ectotympanique ; enflé au niveau de la partie antérieure, en avant du méat auditif - absence de projection ventrale du processus paraoccipital par rapport à l'os entotympanique caudal.

.Répartition / Habitat : (fig. 27.a) INPP = 1,33 (4/3). *Liste des pays (Wozencraft, 1984 ; Corbet & Hill, 1992) : Indonésie (Bornéo, Moluques, Célèbes (Sulawesi), Sumatra), Malaisie, Philippines*. 48 localités répertoriées. Aucun spécimen de Célèbes. Un spécimen provient de Thaï lande (MNHN 1886-678), mais nous n'avons pas pu obtenir plus de précision quant à l'origine exacte de sa collecte (par conséquent, le point thaï landais est placé au centre du pays). Wozencraft (1993) cite le Cambodge, la Chine et la Thaï lande comme pays inclus dans l'aire de répartition de l'espèce, bien que l'extrême majorité des références actuelles en excluent ces derniers (e.g., Corbet & Hill, 1992, et Nowak, 1999). Le spécimen de Thaï lande constitue ainsi une preuve tangible pour considérer l'espèce présente ou anciennement présente (date de collecte antérieure à 1886) dans le pays, mais l'absence d'informations précises concernant son lieu de collecte ne permet pas de déterminer si *V. megaspila* peut être présente au nord de la limite biogéographique «traditionnelle » constituée par la zone de forêt tropicale de la péninsule malaise. Les autres points de collecte reflètent parfaitement l'aire de répartition de l'espèce sur l'ensemble des îles indonésiennes, malaises et philippines, avec une limite est représentée par l'île de Céram (3°05' S ; 129°24' E). Les diverses localités où l'espèce est supposée introduite (Corbet & Hill, 1992 ; Wozencraft, 1993) sont également bien représentées (Amboine, Moluques, Céram, Sibuyan). *V. tangalunga* est restreinte aux

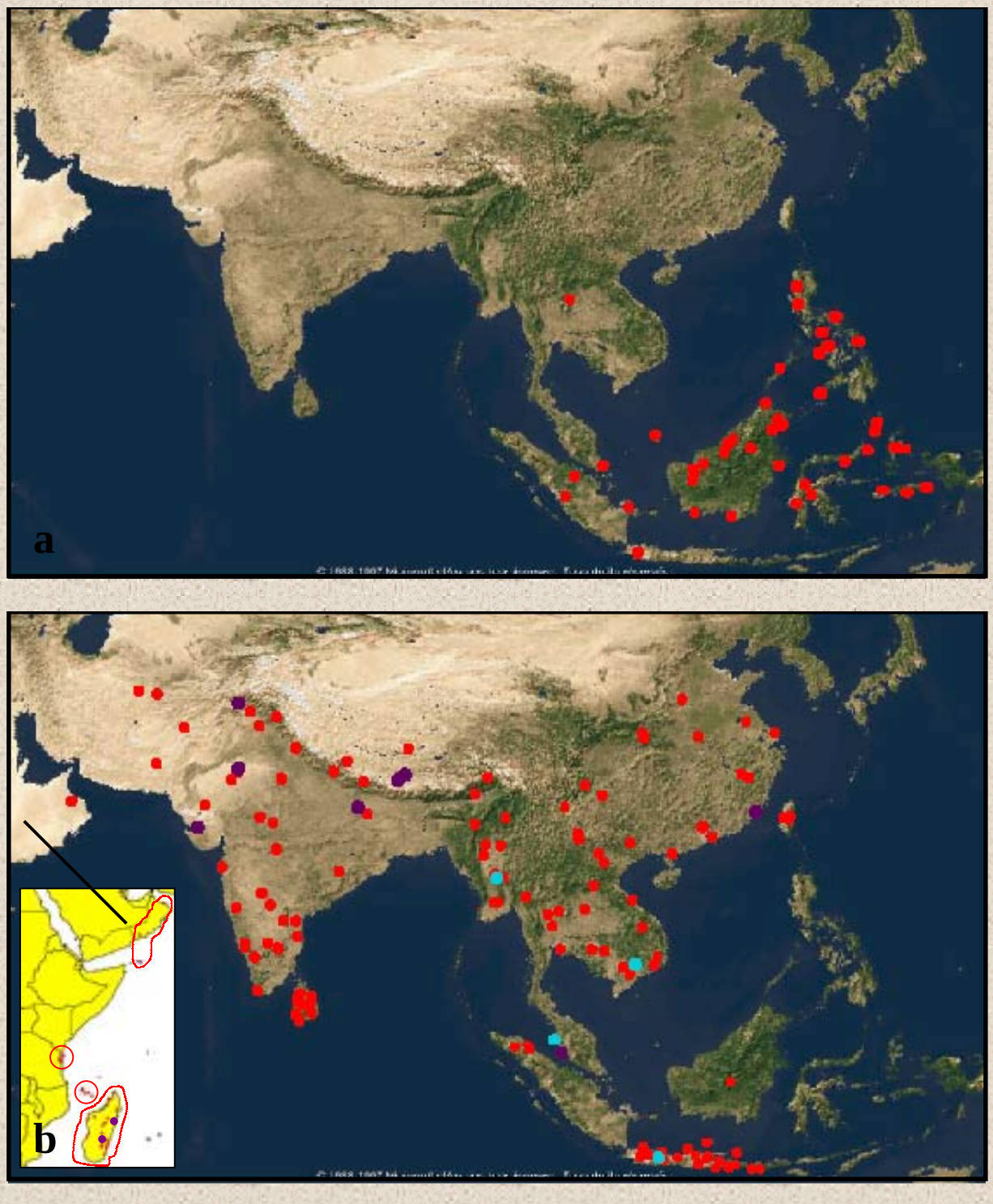


Fig. 27. Cartes illustrant les répartitions de **(a)** *Viverra tangalunga* et **(b)** *Viverricula indica* (● = 3 paires de mamelles ; ● = 2 paires de mamelles ; ● = nombre de mamelles non observé).

régions de forêt tropicale humide, bien qu'elle semble pouvoir s'adapter aux zones plus ouvertes ayant subi des activités de déforestation (Colon, 2002).

-Le genre *Viverricula* :

-Viverricula indica :

.Identification : taille moyenne (tête + corps jusqu'à 600 mm, bien que certains spécimens puissent légèrement dépasser cette taille) - collier et bande médio-dorsale très faiblement marqués - taches dorsales réduites et réparties suivant un patron confus - absence de bande dorsale sur la queue - présence d'anneaux clairs jusqu'au bout de la queue - touffe distale claire - absence de coussinets métatarsiens - deux à trois paires de mamelles (cf ci-dessous) - crête d'insertion des muscles masséters étroite et surélevée - rostre court - forte constriction de la région supra-occipitale - os entotympanique caudal de forme pyramidale, très surélevé par rapport à l'os ectotympanique - absence de projection ventrale du processus paroccipital par rapport à l'os entotympanique caudal.

Au cours de nos observations, nous avons pu caractériser une variabilité dans le nombre de paires de mamelles, variabilité non reportée jusqu'à ce jour pour l'espèce, mais également non observée parmi toutes les espèces composant la sous-famille des Viverrinae. Contrairement à Wozencraft (1984), qui indique « trois paires de mamelles », *V. indica* présente aussi des spécimens à deux paires de mamelles.

.Répartition / Habitat : (fig. 27.b) INPP = 1 (19/19). *Liste des pays (Wozencraft, 1984 ; Corbet & Hill, 1992 ; Wozencraft, 1993) : Bangladesh, Bhoutan, Birmanie, Cambodge, Chine, Inde, Indonésie (Java et Sumatra), Laos, Malaisie, Népal, Pakistan, Sri Lanka, Taiwan, Thaïlande, Vietnam; introduite aux Comores, à Madagascar, en Tanzanie (île de Zanzibar) et au Yémen (île de Sokotra).* 193 localités répertoriées. Aucun spécimen du Bangladesh et du Bhoutan. Les spécimens de collection examinés permettent une mise à jour de l'aire de répartition de l'espèce, avec tout d'abord deux individus provenant d'Afghanistan, nouvelle limite ouest de l'aire naturelle de *V. indica* (ZFMK 93387 : Ghazni (pourtant indiqué par Nauroz, 1974), et BMNH 1981.935 : saisie des douanes anglaises). Toutefois, cette extension d'environ 1000 km par rapport à l'aire initiale est à confirmer par d'autres données car les deux spécimens en question ont été récupérés suite à des activités commerciales (marché local pour Ghazni). Les phénomènes d'introduction anarchique de l'espèce sont illustrés par de nouvelles localités telles que l'Oman (BMNH 4.1.19.1 : Dhofar, et MNHN

1896-2 : Mascate), pays jusqu'à ce jour non inclus dans l'aire de répartition de l'espèce, ainsi que la Tanzanie (île de Pemba ; MFNB). L'espèce est également pour la première fois signalée sur l'île de Bornéo (MFNB 34020 ; peau), mais devant notre incapacité à retourner aux données sources du collecteur (inconnu), cette donnée est à prendre avec précaution. De plus, la limite nord-est de l'aire de répartition de *V. indica* est repoussée d'environ 850 km puisqu'un spécimen provenant d'une nouvelle localité chinoise, Sanchuan (MNHN 1913-718 : 33°44' N ; 111°25' E), a été identifié. D'autres localités, intermédiaires entre Sanchuan et la limite nord-est traditionnelle de l'espèce, ont aussi été répertoriées : Nankin, Kaijiang et Hankou.

Les spécimens à trois paires de mamelles sont représentés en Chine (Xiamen), en Malaisie (Kampong Sungai Buloh, en Péninsule malaise), en Inde (Rajkot, Azaribag, Haldibari, Hasimara, Danta, Jerna) et à Madagascar (Ranobe et forêt de Sihanaka ; spécimens supposés introduits à partir de populations indiennes). Les spécimens exhibant deux paires de mamelles sont, quant à eux, présents en Malaisie (Pinang), en Indonésie (Tasikmalaja, sur l'île de Java) et en Birmanie (Toungoo). L'espèce est caractérisée par une grande homogénéité morphologique sur l'ensemble de son aire de répartition (Corbet & Hill, 1992 ; obs. pers.). Toutefois, la prise en compte du nombre de paires de mamelles, un caractère inédit et « fort » en tant que critère spécifique puisque constant chez toutes les autres espèces de Viverrinae, pourrait amener à considérer l'existence de deux espèces au sein de *V. indica*, d'autant plus que les aires de répartitions des deux « formes » semblent se recouvrir partiellement. Trop peu de spécimens exhibant des mamelles ont toutefois pu être observés, et nous attendrons d'augmenter notre échantillonnage et de pouvoir tester par l'outil moléculaire cette hypothèse avant d'aller plus loin dans nos considérations taxinomiques.

-Le genre *Civettictis* :

-Civettictis civetta :

.Identification : grande taille (tête + corps jusqu'à 870 mm) - pelage long - masque facial noir entourant les yeux - large collier constitué de deux bandes blanches et entouré de bandes noires, et reliant les deux oreilles par la gorge - bande médio-dorsale noire, constituée de longs poils érectiles - taches dorsales mal définies et fusionnées de façon partielle dans les sens longitudinal (formation de bandes longeant la bande médio-dorsale) et transverse - bande sombre recouvrant dorsalement les anneaux de la queue - environ la moitié (partie distale) de

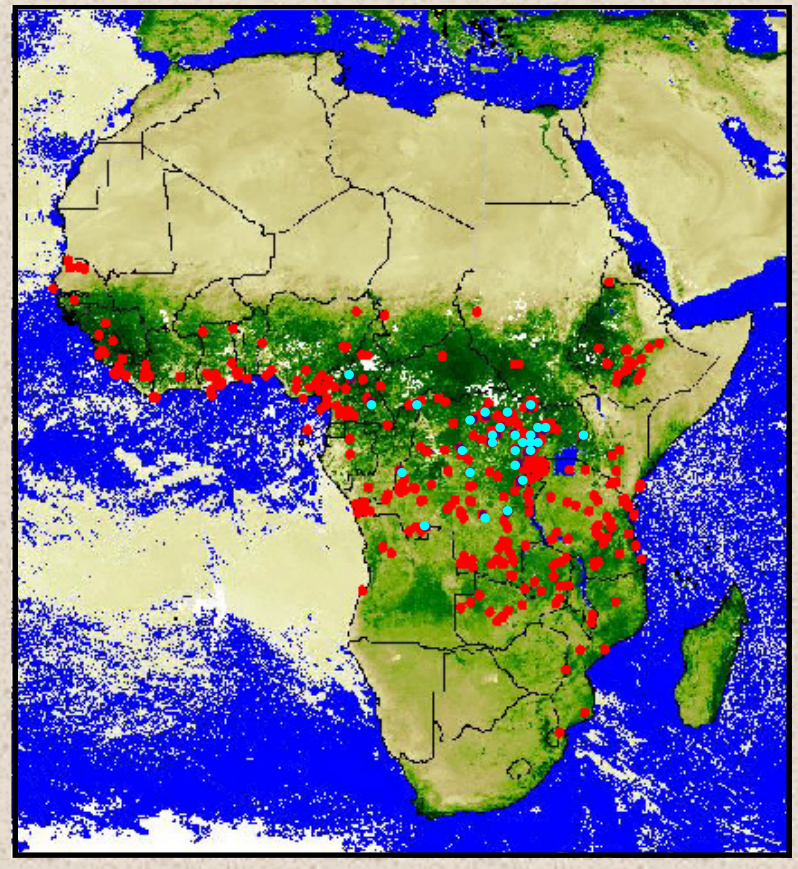


Fig. 28. Carte illustrant la répartition de *Civettictis civetta* (• = individus mélaniques).

la queue entièrement sombre (absence d'anneaux clairs) - deux paires de mamelles - crête d'insertion des muscles masséters étroite et surélevée - os entotympanique caudal de forme pyramidale, surélevé par rapport à l'os ectotympanique - M^2 très développée (environ 2/3 de la taille de M^1).

.Répartition / Habitat : (fig. 28) INPP = 0,91 (32/35). *Liste des pays (Skinner & Smithers, 1990 ; Ray, 1995 ; Kock et al., 2000) : Angola, Bénin, Burundi, Botswana, Cameroun, Congo, Côte d'Ivoire, Djibouti, Ghana, Guinée Equatoriale, Ethiopie, Gabon, Gambie, Guinée, Guinée Equatoriale, Kenya, Liberia, Malawi, Mozambique, Namibie, Niger, Nigeria, Ouganda, République d'Afrique Centrale, Rwanda, Sénégal, Sierra Leone, Soudan, Swaziland, Tanzanie (incluant l'île de Zanzibar), Tchad, Togo, Zaïre, Zambie, Zimbabwe*. 388 localités répertoriées. Aucun spécimen du Botswana, de Djibouti, de Namibie, du Niger, de République d'Afrique du Sud et du Zimbabwe. Les points de collecte reflètent bien l'aire de répartition de l'espèce, et montrent que *C. civetta* est une civette ubiquiste, capable d'occuper une grande variété de milieux mais restant cependant dépendante d'un important couvert végétal (Ray, 1995). Toutefois, quelques nouvelles localités situées à l'extrême nord-ouest de l'aire de répartition démontrent que l'espèce peut aussi être présente dans des zones de savane sahélienne (nord Sénégal et extrême sud de la Mauritanie ; lattitude maximum à Tiguent (Mauritanie) : 17°15' N ; 16°00 W). Un spécimen provenant d'Erythrée (ZFMK 3226), pays auparavant non inclus dans l'aire de répartition de *C. civetta*, fixe la nouvelle limite nord-est à la localité d'Alabu (15°13' N ; 36°52' E). Enfin, São Tomé é Principe (île de Principe ; spécimens du BMNH) est également un nouveau pays à intégrer dans l'aire de répartition de l'espèce.

1.g. Conclusions préliminaires

Nos investigations nomenclaturales ont tout d'abord permis de proposer des bases stables, notamment dans le cas particulier du « Large-spotted Genet complex », permettant d'envisager la dénomination des taxons ainsi que leur délimitation, aussi bien morphologique que géographique. Nous avons privilégié l'invocation de la notion d'usage car nous pensons que les règles régissant la nomenclature zoologique se doivent d'être un outil de décision visant à faciliter la tâche des « utilisateurs » de noms taxinomiques (naturalistes, personnels rattachés aux collections, décideurs dans le domaine de la gestion faunistique, etc…).

Cette première partie de notre travail, essentiellement basée sur l'exploitation des spécimens de musée, a permis d'estimer l'apport des collections suivant une approche

appliquée à l'ensemble des Viverrinae. Par l'identification de nouveaux caractères morphologiques discrets, dont la valeur de caractère diagnostique pour le niveau espèce a été évaluée suite à une observation sur l'ensemble des espèces de Viverrinae, nous avons pu :

1/ établir des clés d'identification (caractérisation des espèces)

2/ décrire une nouvelle espèce (*G. bourloni*), et par là même clarifier les limites taxinomiques au sein du « Large-spotted Genet complex », ainsi que définir de nouveaux morphotypes (formes *genettoides, schoutedeni,* deux «types » chez *Genetta genetta* et variation du nombre de mamelles chez *Viverricula indica*)

3/ identifier des spécimens hybrides (mosaï que de caractères diagnostiques) entre *G. tigrina* et *G. maculata, G. tigrina* et *G. genetta*, et *G. angolensis* et *G. maculata* (spécimen type de *G. mossambica*)

Certaines délimitations morphologiques issues de notre travail ne pourront pas être testées par l'analyse moléculaire pour des raisons de non- ou sous-échantillonnage, comme c'est le cas pour les deux espèces de Poiane (*Poiana richardsonii* et *P. leightoni*), les deux formes à nombre différent de mamelles chez *Viverricula indica,* ainsi qu'entre *Viverra megaspila* et *V. civettina*. Le support morphologique reste donc crucial dans le cas de taxons extrêmement rares et à la biologie mal connue, et qui n'offrent pas la possibilité de fournir du matériel pour séquençage. La délimitation morphologique est le seul outil de décision en matière de conservation dans le cas de *P. leightoni* et de *V. civettina* par exemple, les taxons identifiés comme « espèce » faisant très souvent l'objet de mesures de protection plus rapides et soutenues que les sous-espèces. Toutefois, notre approche a montré ses propres limites avec les cas des formes *genettoides* et *schoutedeni*, dont le statut taxinomique ne peut être avancé à l'aide des caractères diagnostiques utilisés.

Les données directement issues des spécimens en collection ont également permis d'estimer et de ré-évaluer les aires de répartition de l'ensemble des taxons appartenant aux Viverrinae. Elles ont tout d'abord permis de soutenir nos choix relatifs à la confirmation ou l'élévation au statut d'espèce de *G. cristata* et de *G. poensis* par exemple, en mettant en évidence des zones de sympatrie avec d'autres espèces morphologiquement similaires. Les données accompagnant les spécimens ont également mis en évidence la faculté de certaines espèces, considérées comme inféodées à un milieu particulier, à occuper d'autres milieux (cas des espèces de milieu forestier humide comme *G. servalina* et *G. johnstoni*). Elles constituent également une indication primordiale pour les recherches de terrain à envisager dans l'avenir

en déterminant les nouvelles limites d'aire, les possibles corridors entre populations éloignées (cas de *G. johnstoni*) ainsi que des zones d'hybridation (*G. tigrina x G. maculata* dans le Kwazulu-Natal). Bien que nos données soient extraites d'un ensemble « réduit » à neuf muséums d'histoire naturelle européens et sud-africains, les aires de répartition établies à partir des points de collecte reflètent dans leur extrême majorité les aires de répartition disponibles dans la littérature et souvent basées sur un ensemble de données tirées à la fois des spécimens en collection (exploitation très partielle) et du terrain. Les principales collections européennes sont donc représentatives des connaissances actuelles (même s'il existe un biais temporel dû à la quasi cessation d'activités de collecte au cours de ces 50 dernières années), et le biais de collecte supposé au départ de nos investigations semble être minime. En outre, un certain nombre de localités de collecte n'avaient encore jamais été publiées, les données relatives aux spécimens restant inexploitées après l'enregistrement en catalogue. La majorité des taxons traités dans cette première phase de notre travail ont ainsi vu leur aire de répartition étendue.

Le matériel de collection s'est donc avéré constituer une source fructueuse de données, dont certaines inédites. Toutefois, il est à noter que, parfois, la difficulté d'établir avec certitude la provenance d'origine des spécimens (incertitudes relatives à l'orthographe des noms, à l'absence de données sources ou « accompagnatrices »… et à la collaboration peu motivée de certains muséums !) nous a fait écarter une partie de nos données car trop incertaines. Cependant, nous avons conservé les noms de localité pour lesquels un minimum d'ambiguï té persistait, et avons fait appel à un ensemble de moyens de vérification croisés (cf § II-1.c.) permettant de conserver environ 92% des données initialement récoltées.

A la suite de nos investigations, nous pouvons proposer une classification de la sous-famille des Viverrinae, à considérer comme provisoire puisque devant être soumise au test de nos analyses phylogénétiques moléculaires. Les sous-divisions telles que les genres, sous-genres et taxons infra-subgénériques, présentent toutes des particularités morphologiques propres, ce qui nous fait pour l'instant conserver les subdivisions traditionnelles au sein de la sous-famille :

Viverridae Gray, 1821
Viverrinae Gray, 1821
Genetta G. Cuvier, 1816
Genetta thierryi Matschie, 1902
Genetta abyssinica (Rüppell, 1836)
Genetta johnstoni Pocock, 1908
Genetta servalina Pucheran, 1855
Genetta cristata (Hayman, 1940)
Genetta victoriae Thomas, 1901
Genetta pardina I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832
Genetta bourloni Gaubert, 2003
Genetta poensis Pocock, 1908
Genetta maculata (Gray, 1830)
Genetta tigrina (Schreber, 1776)
.[*Incertae sedis*]
.*Genetta genettoides* (Temminck, 1853)
.*Genetta pardina schoutedeni* Crawford-Cabral, 1970
Genetta angolensis Bocage, 1882
Genetta genetta (Linné, 1756)
.[*Incertae sedis*]
.*Genetta felina* (Thunberg, 1811)
Osbornictis J. A. Allen, 1919
Osbornictis piscivora J. A. Allen, 1919
Poiana Gray, 1865
Poiana richardsonii (Thomson, 1842)
Poiana leightoni Pocock, 1908
Prionodon Horsfield, 1821
Prionodon pardicolor Hodgson, 1842
Prionodon linsang (Hardwicke, 1821)
Viverra Linné, 1758
Viverra zibetha Linné, 1758
Viverra megaspila Blyth, 1862
Viverra civettina Blyth, 1862
Viverra tangalunga Gray, 1832
Viverricula Hodgson, 1838
Viverricula indica (Desmarest, 1804)
[inclut deux formes au nombre de mamelles différent : 2 ou 3 paires]
Civettictis Pocock, 1915
Civettictis civetta (Schreber, 1776)

sous-genre *Pseudogenetta*
sous-genre *Paragenetta*
genettes servalines
« Large-spotted Genet complex »
genettes de milieu ouvert
sous-genre *Genetta*

Les délimitations interspécifiques sont ici principalement basées sur des caractères diagnostiques discrets. Bien que la variabilité morphologique au sein des taxons et entre eux ait pu être observée à travers des milliers de spécimens, cette première phase d'investigation définit l'espèce suivant un concept typologique (ou morphologique) (cf Mayr, 2000a ; mais voir Cracraft (2000) pour une distinction entre les concepts morphologique et typologique).

Les caractères diagnostiques retenus ne présentent pas de polymorphisme, exception faite de la forme de la crête d'insertion des muscles masséters et du degré de coalescence des taches dorsales, qui restent polymorphiques au sein d'un très faible nombre de taxons (*G. pardina* et *G. victoriae*, et *G. maculata* et *schoutedeni,* respectivement). Toutefois, afin d'éviter de nous limiter à une approche caractérisant les « armchair taxonomists » (Mayr, 2000b), nous allons tester dans notre deuxième phase d'investigation, phylogénétique, la validité de ces délimitations interspécifiques par l'utilisation de marqueurs moléculaires (dans la limite imposée par notre échantillonnage taxinomique). L'ADN mitochondrial, et en particulier le gène du cytochrome *b*, est souvent utilisé chez les Mammifères afin de tester les limites interspécifiques (e.g., Harris et al., 2000, et Fausser et al., 2002), voire d'établir des « seuils » taxinomiques de distance génétique (cf Bradley & Baker, 2001). Le cytochrome *b* sera le support de nos investigations taxinomiques car de par son taux d'évolution relativement rapide (Avise et al., 1987 ; Moritz et al., 1987 ; Moore, 1995), il paraît particulièrement approprié afin de tester les barrières interspécifiques entre taxons morphologiquement similaires, pour lesquels on peut supposer que les évènements de spéciation, si spéciation il y a, sont récents (cas du «Large-spotted Genet complex », des genettes servalines *G. servalina* et *G. cristata*, et de *G. genetta* et *G. felina,* par exemple). Une approche suivant le « Cohesion species concept » (Templeton, 1989 ; Templeton & Sing, 1993 ; Templeton, 1994 ; Templeton et al., 1995 ; Templeton, 2001), qui repose sur le test statistique, dans un cadre phylogénétique, de la corrélation entre phénotypes, distribution et / ou haplotypes, aurait pu être appliquée à notre problématique, mais le nombre et la représentativité de notre échantillonnage taxinomique, bien qu'important, se sont trouvés insuffisants. Aussi, nous nous attèlerons plutôt à définir un niveau spécifique suivant le « Concordance principles concept » (Avise & Ball, 1990 ; cf Sites & Crandall, 1997), qui se base sur la congruence des résultats issus de supports indépendants (marqueurs moléculaires non liés pour Avise et Ball, 1990), ces différents supports étant dans notre cas les caractères morphologiques discrets et les séquences de cytochrome *b*. Au moyen du cytochrome *b*, nous pourrons également tester, toujours dans un cadre phylogénétique, les possibles flux géniques entre « espèces » diagnostiquées comme telles par l'approche morphologique.

2. Relations phylogénétiques au sein de la sous-famille des Viverrinae : implications systématiques et scenarii évolutifs

L'extraction d'ADN à partir de matériel de collection et l'obtention d'échantillons frais provenant de taxons extrêmement rares (*Prionodon pardicolor, Poiana richardsonii, Osbornictis piscivora, Genetta johnstoni, G. victoriae, G. bourloni* et *G. poensis*) nous ont permis d'aborder la phylogénie de la sous-famille des Viverrinae avec un échantillonnage taxinomique exhaustif. Un ensemble de marqueurs, aussi bien moléculaires (cytochrome *b* et intron I de la transthyrétine) que morphologiques (caractères discrets), a été utilisé afin de questionner à différents niveaux taxinomiques la phylogénie des membres des Viverrinae. Dans le cadre de notre problématique, nous nous attacherons plus particulièrement à établir les relations de parenté entre le genre *Genetta* et les «Genet-like taxa » (*Prionodon, Poiana, Osbornictis*), ainsi qu'au sein du genre *Genetta*.

En premier lieu, nos investigations porteront sur les relations de parenté entre les genettes et « affiliés », et sur le test de la monophylie du genre *Genetta*.

2.a. Position taxinomique du genre *Genetta* et des « Genet-like taxa » au sein des Viverrinae

Comme indiqué au § I-2., les affinités phylogénétiques entre *Genetta* et les « Genet-like taxa » sont longtemps restées du domaine de la supputation. Récemment, les investigations morphologiques de Veron (1995) suggéraient une relation de groupe-frère entre *Prionodon* et un clade constitué de *Cryptoprocta, Proailurus* (fossile) et des Felidae actuels. Toutefois, cette relation de parenté est soutenue par des caractères suspectés hautement adaptatifs puisque concernant la denture (hypercarnivorie). Les analyses moléculaires de Veron & Heard (2000), basées sur des séquences partielles de cytochrome *b*, excluent *Prionodon* de la sous-famille des Viverrinae, mais ne permettent pas de résoudre sa position au sein des Feliformia (saturation du cytochrome *b*). Les travaux de Hunt (2001), principalement basés sur la morphologie de la bulle tympanique, aboutissent à considérer la série *Paleoprionodon* (fossile) - *Prionodon* - *Poiana* comme un morphocline d'une configuration plésiomorphique (*Paleoprionodon*) vers une condition dérivée (*Prionodon, Poiana*), « aboutissant » au genre *Genetta*. Hunt réhabilite ainsi la sous-famille des Prionodontinae, et y regroupe *Paleoprionodon* (fossile de l'Oligocène), *Poiana* et *Genetta*, qu'il distingue des Viverrinae (ces derniers incluant *Osbornictis*). Les genres *Poiana* et

Osbornictis n'ont, quant à eux, jamais fait l'objet d'analyses phylogénétiques. Au moyen d'analyses basées sur des caractères moléculaires (cytb et TR-i-I) et morphologiques (caractères discrets ; travail de DEA), nous allons tenter d'apporter un éclairage nouveau sur les relations de parenté entre les genettes et les « Genet-like taxa ».

La première phase de nos investigations, initiée en DEA, consiste en une analyse cladistique basée sur deux matrices morphologiques complémentaires, l'une concernant la phylogénie intergénérique des Viverrinae (16 taxons, 69 caractères) et l'autre appliquée aux relations intragénériques chez *Genetta* (11 taxons, 60 caractères). En effet, le passage d'un niveau d'investigation taxinomique à un autre nécessitait l'abandon de certains caractères (par exemple, invariables), le recodage et l'ajout d'autres caractères. Les caractères morphologiques pris en compte ont été observés sur le crâne, la denture, le squelette post-crânien, les coussinets, les glandes périnéales, l'ultrastructure des poils et le pelage.

2.a.1. Article 6

Genets and 'genet-like' taxa (Carnivora, Viverrinae): phylogenetic analysis, systematics and biogeographical implications

P. Gaubert, G. Veron, M. Tranier

Publié dans

Zoological Journal of the Linnean Society, 134 : 317-334. (2002)

Zoological Journal of the Linnean Society, 2002, **134**, 317–334

Genets and 'genet-like' taxa (Carnivora, Viverrinae): phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications

PHILIPPE GAUBERT*, GÉRALDINE VERON AND MICHEL TRANIER

Muséum National d'Histoire Naturelle, Laboratoire de Zoologie: Mammifères et Oiseaux, 55, rue Buffon, 75005 Paris, France

Received November 1999; revised and accepted for publication May 2001

The subfamily Viverrinae is a taxon of uncertain systematic status. This study consists of cladistic analyses based on morphological characters of specimens belonging to the genera *Genetta*, *Osbornictis*, *Poiana* and *Prionodon*. Two levels of analysis are carried out, one concerning generic relationships (intergeneric analysis) and one dealing with the interrelationships of species within the genus *Genetta* (intrageneric analysis). In the first analysis, different outgroups were used in order to test the ingroup topology.

With regard to the intergeneric analysis, *Osbornictis*, *Poiana* and *Prionodon*, together with *Genetta johnstoni*, constitute a monophyletic group (including *Nandinia*), which is the sister-group of a clade formed by the other species of genets. Thus, the genus *Genetta* is regarded as paraphyletic. *Prionodon* appears to be a derived taxon. The *Poiana–Prionodon* clade is well supported, especially by ultrastructural hair characters. The cladogram topology in the intrageneric analysis indicates an ecological transition from the rain forest genets to the savanna genets. This supports a rain forest origin of the genus *Genetta*, a conclusion which may be generalized to the entire study group. © 2002 The Linnean Society of London, *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2002, **134**, 317–334.

ADDITIONAL KEY WORDS: biogeography – cladistic analysis – *Genetta* – morphology – outgroup – taxonomy – Viverridae.

INTRODUCTION

Systematic overview

The Viverrinae belong to a diverse family of small Carnivores, the Viverridae, and are representative of the systematic uncertainty surrounding this group (Gray, 1864; Mivart, 1882; Pocock, 1915; Gregory & Hellman, 1939; Petter, 1974; Wozencraft, 1989). In 1945, Simpson proposed a classification of the Viverrinae which seems still accepted nowadays. He distinguished on the one hand the tribe Viverrini, consisting of the civets and the genets, and on the other hand the monogeneric tribe Prionodontini. The recent classification by Wozencraft (1993) is similar; the Viverrinae here being divided into seven genera and 19 species (Table 1).

The Viverrinae occupy a diversity of habitats in Africa and south–eastern Asia, from open biotopes (grassland, savanna), rain forests and the ecotones occurring between these habitats (Kingdon, 1997). As common predators, they play an important role in the regulation of small prey populations in the tropics (Petter, 1969). Unfortunately, ecological, ethological and morphological data on wild specimens remain scarce (Aymerich, 1982; Taylor, 1989b; Maddock & Perrin, 1993; Kingdon, 1997) and difficult to use in a comparative approach.

The first evolutionary scenario for the Viverridae indicated that the group was paraphyletic (Gregory & Hellman, 1939). In fact, these authors regarded the subfamily Viverrinae as an ancestral lineage leading to the Hyaenidae (Fig. 1). Following these considerations, Simpson (1945) even suggested putting the Viverrinae and the Hyaenidae in a single taxonomic group.

As regards the subfamily Viverrinae, traditionnal systematics has considered the genus *Genetta* to be the primitive stock from which the civets are derived (Pocock, 1915; Gregory & Hellman, 1939; Kingdon, 1977). The only cladistic study with a large taxonomic

*Correspondence author:
e-mail: gaubert@mnhn.fr

Table 1. Classification of the subfamily Viverrinae (after Wozencraft, 1993) [civet by courtesy of Delachaux & Niestlé (Dorst & Dandelot, 1976); genet by courtesy of Academic Press (Kingdon, 1997)]

Tribe	Species	Group	Distribution
Viverrini	*Civettictis civetta* (Schreber, 1776)	civets	Africa
	Viverra civettina Blyth, 1862		India
	Viverra megaspila Blyth, 1862		SE Asia
	Viverra tainguensis Sokolov *et al.* (1997)*		SE Asia
	Viverra tangalunga Gray, 1832		SE Asia
	Viverra zibetha Linné, 1758		Asia
	Viverricula indica Desmarest, 1804		Asia
	Genetta abyssinica (Rüppel, 1834)	genets	E Africa
	Genetta angolensis Bocage, 1882		SW Africa
	Genetta genetta (Linné, 1758)		Africa, SW Europe
	Genetta johnstoni Pocock, 1908		W Africa
	Genetta maculata (Gray, 1830)		Africa
	Genetta servalina Pucheran, 1855		W and C Africa
	Genetta thierryi Matschie, 1902		W Africa
	Genetta tigrina (Schreber, 1776)		S Africa
	Genetta victoriae Thomas, 1901		C Africa
	Osbornictis piscivora Allen, 1919	aquatic genet	C Africa
	Poiana richardsonii (Thomson, 1842)	genet? linsang?	W and C Africa
Prionodontini	*Prionodon linsang* (Hardwicke, 1821)	linsangs	SE Asia
	Prionodon pardicolor Hodgson, 1842		Asia

*new species subsequently described by Sokolov *et al*. in 1997

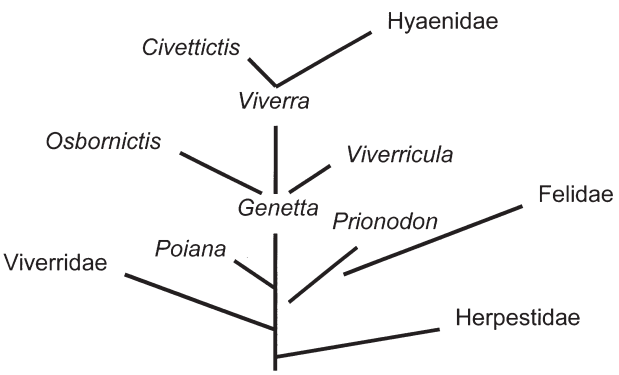


Figure 1. Phylogenetic relationships of the extant carnivores according to Gregory & Hellman (1939; modified).

sample is that of Veron (1995), which although centred on the '*Cryptoprocta* question', provided informative results. The Viverrinae thus appear paraphyletic, as the genera *Prionodon* and *Genetta* are excluded from it.

PROBLEMATIC TAXA

Our study first of all considers the question of phylogenetic relationships between the genus *Genetta* and the so-called 'genet-like' genera *Poiana*, *Osbornictis* and *Prionodon*. Very few authors have dealt with this question since the work of Gregory & Hellman (1939).

In the case of the genus *Prionodon* (Asiatic linsangs), two different and conflicting hypotheses exist, even though the second seems currently abandoned: either the character states shared with members of the family Felidae (hypercarnivorous dentition, lack of metatarsal pads and perineal glands) are the result of evolutionary convergences (Gray, 1864; Pocock, 1933; Gregory & Hellman, 1939; Simpson, 1945; Wozencraft, 1989), or the genus should be considered as a close relative of the Felidae (Horsfield, quoted in Mivart, 1882; also see Teilhard de Chardin, 1915).

Poiana richardsonii (African linsang), which was placed in the tribe Prionodontini by Gray (1864) and Mivart (1882), shares character states with both *Genetta* and *Prionodon*. However, *Poiana* seems at the moment to be considered a primitive genet which acquired character states identical to those of *Prionodon* by convergences due to their similar ecologies in the tropical rain forest (Gregory & Hellman, 1939; Crawford-Cabral, 1993).

Finally, *Osbornictis piscivora* (aquatic genet) is considered to be a genet with highly derived morphologi-

cal characters (such as hairless plantar soles, piscivorous dentition, uniform coat colour and distal migration of the nostrils) due to its adaptation to an aquatic (or semiaquatic) mode of life (Allen, 1924; Gregory & Hellman, 1939).

THE CASE OF *GENETTA*

Our study also concerns the phylogenetic relationships within the genus *Genetta*. A history of genet classification is too extensive to present here. According to Rosevear (1974), the use of highly variable diagnostic characters (coat colour, coat pattern, skin and hair length, etc.) led to indistinct species boundaries. However, craniometrical and morphological studies using large samples (Crawford-Cabral, 1969, 1970; 1981a; Crawford-Cabral & Pacheco, 1992), as well as the generic revision of Schlawe (1981), has led to the clarification of the status of some taxa.

The genus *Genetta* is usually divided in three subgenera: *Paragenetta*, *Pseudogenetta* and *Genetta* (Schlawe, 1981; Crawford-Cabral, 1981b, 1981c; Wozencraft, 1993).

The subgenus *Paragenetta* is represented by the poorly known species *Genetta johnstoni*. Johnston's genet possesses such disparate cranial and dental traits (e.g. dentition adapted for insectivory) that a subgeneric attribution seems justified (Rosevear, 1974; Crawford-Cabral, 1981b; Lamotte & Tranier, 1983).

On the other hand, the validity of the subgenus *Pseudogenetta* is more doubtful. Although the species *Genetta abyssinica* and *Genetta thierryi* share many character states peculiar to them (pointed postorbital process, hairless central depression on the palmar side of the forefeet, dark-bordered mid-dorsal stripe, relatively small body size, etc.), some authors disagree with the subgeneric attribution (de Beaufort, 1965; Rosevear, 1974) while others consider it correct (Dekeyser, 1949; Crawford-Cabral, 1981a, 1981b). Moreover, Grzimek (1990) pointed out that the two may be conspecific.

Nevertheless, the subgenus *Genetta* remains the most controversial as far as species boundaries are concerned (Rosevear, 1974; Crawford-Cabral, 1981b; Wozencraft, 1989; Crawford-Cabral & Pacheco, 1992). This subgenus is usually divided into two sections (Crawford-Cabral, 1981a) separating the rain forest species (*Genetta servalina* and *Genetta victoriae*) from species found in more open habitats. Within the latter section, Crawford-Cabral (1981b) and Rosevear (1974) distinguish between two groups on the basis of habitus and ecological affinities: one occupying woodlands and forest fringes (the 'superspecies' *Genetta maculata*) and one occupying the savannas (*Genetta angolensis*, *Genetta genetta* and *Genetta tigrina*).

PURPOSE

In order to investigate these inter- and intrageneric questions, we have carried out cladistic analyses based on morphological characters. First of all, the phylogenetic relationships between the genera *Genetta*, *Poiana*, *Osbornictis* (the tribe Viverrini) and *Prionodon* (the tribe Prionodontini) are resolved. A second analysis then deals with the genus *Genetta* in order to test the validity of the recognized subgenera, but also to study phylogenetic relationships between rain forest and savanna species. These two analyses are complementary, as they contribute to the development of a common evolutionary hypothesis.

MATERIAL AND METHODS

TAXA AND CHARACTERS

The majority of the specimens studied belong to the collections of the Muséum National d'Histoire Naturelle of Paris (Laboratoire de Zoologie: Mammifères & Oiseaux and Laboratoire d'Anatomie Comparée). In addition, specimens from the Musée Royal de l'Afrique Centrale of Tervuren and the Natural History Museum of London were considered.

Three criteria were used in the selection of specimens: well preserved individuals, adult specimens (as character states may be dependent on the animal age; Gaubert *et al.*, in press) and specimens of known and natural origin (zoo specimens were not used).

Twenty-five taxa belonging to four families were considered in the cladistic analysis (Table 2). For the taxonomy used, we refer to Wozencraft (1993). However, we chose to distinguish between *Genetta maculata* Gray (1830) and *Genetta pardina* I. Geoffroy Saint Hilaire, 1832, as suggested by Crawford-Cabral (1981a, 1981b), Crawford-Cabral & Pacheco (1992) and Gaubert *et al*. (in press).

Aside from the usual morphological observations (see Fig. 2), and in order to test the phylogenetic utility of new morphological characters, hair ultrastructure (cuticular and medullar structures) was studied (Fig. 3) and the results included in the analysis. One specimen of each taxon was sampled in the scapular region for dorsal guard hair (GH1 in the sense of Teerink, 1991) as suggested by Debrot *et al*. (1982). A light modification of the protocol established by De Chakraborty & Chakraborty (1996) was required for cuticular structure observations in the scanning electron microscope (Jeol JSM-840). Hair samples were washed in different solutions of water and acetone, starting with 50% (30 min), increased to 75% (30 min) and finally kept in pure acetone (14 h). For study of medullar structures using a light microscope, hair samples were prepared in two ways: in glycerin for observations

Table 2. List of the taxa considered in the phylogenetic analyses (asterisks mark taxa with samples of less than 10 specimens)

Family Viverridae
Subfamily Viverrinae
*Genetta (Paragenetta) johnstoni**
*Genetta (Pseudogenetta) abyssinica**
Genetta (Pseudogenetta) thierryi
*Genetta angolensis**
Genetta genetta
Genetta pardina
Genetta maculata
Genetta servalina
Genetta tigrina
*Genetta victoriae**
Civettictis civetta
Viverricula indica
Poiana richardsonii
Prionodon linsang
Prionodon pardicolor
*Osbornictis piscivora**
Subfamily Nandiniinae
Nandinia binotata
Subfamily Euplerinae
Fossa fossana
Family Herpestidae
Subfamily Herpestinae
Atilax paludinosus
Herpestes ichneumon
Ichneumia albicauda
Family Felidae
Subfamily Felinae
Felis silvestris
Leptailurus serval
Family Canidae
Canis adustus
Vulpes vulpes

between glass slides and epoxy resin inclusion for study of cross sections.

Finally, we took into account some coat characters, such as patterns and contrasts, but only for the intrageneric analysis. In fact, coat patterns seem to be liable to many convergence phenomena, even at the family level (see Werdelin & Olsson, 1997 for the Felidae). Coat colour, which remains difficult to objectively characterize (Endler, 1990), depends on seasonal changes (Stangl & Grimes, 1987), habitat (Hadley, 1972; Ortolani & Caro, 1996) and (which is of concern here) on how the specimens have been prepared. Moreover, the behavioural significance of patterns and contrasts (Roeder, 1984) imposes phylogenetic constraints, which is not the case with regard to hair colouration, as genets can not perceive colours (Grzimek, 1990). Thus, we did not consider this last character in our phylogenetic analysis.

PHYLOGENETIC ANALYSIS

Two cladistic analyses were carried out: one of genera within the Viverrinae (intergeneric analysis), the other tackling the question of phylogenetic relationships within the genus *Genetta* (intrageneric analysis). Indeed, the *Genetta* spp. polytomy observed in the intergeneric analysis required a second analysis including coat characters in order to try to resolve intrageneric relationships. The two data matrices (Appendices I and II) were assembled in MacClade version 3.07 (Maddison & Maddison, 1997) and then analysed using PAUP version 3.1 (Swofford, 1993). The PAUP settings used for the analyses consisted of a heuristic search, option 'stepwise addition: closest'.

In the intergeneric analysis, four different runs using different outgroups (1/Viverridae; 2/Herpestidae; 3/Felidae; 4/Felidae + Canidae) were carried out in order to establish the ingroup topology. On the basis of the results of the intergeneric analysis, two civets (*Civettictis civetta* and *Viverricula indica*) were used as outgroups in the intrageneric analysis.

These two levels of analysis require two different character sets (Appendix III) which differ in the included characters and in a few character codings (character coding dependent on taxonomic sampling). Moreover, characters used in the intergeneric analysis which did not vary in the taxa incorporated in the intrageneric analysis were omitted there. Some characters, inapplicable to the outgroups used in the intergeneric analysis, were added in the intrageneric analysis (see Table 3 for a summary of data matrices and character coding).

Although most phylogenetic studies avoid using polymorphic characters (as defined by Mabee & Humphries, 1993), we chose to take intraspecific variability into account. Indeed, several papers dealing with the ubiquity of polymorphism (Smouse *et al.*, 1991; Rannala, 1995; Wiens, 1995, 1998) advocate its coding with the aim of increasing the accuracy of phylogenetic reconstruction. Rather than splitting every included taxon into monomorphic units (Nixon & Davis, 1991) or coding polymorphism using frequency scales (Rannala, 1995; Wiens, 1995, 1998), we opted for the unscaled coding (Wiens, 1995). In this method, a polymorphism is given its own character state (for example, 0 for character state a, 1 for character states a and b, 2 for character state b). This kind of coding seems more judicious to us in a cladistic analysis, as it considers each polymorphism to be a dual expression of the genes coding for the characters concerned.

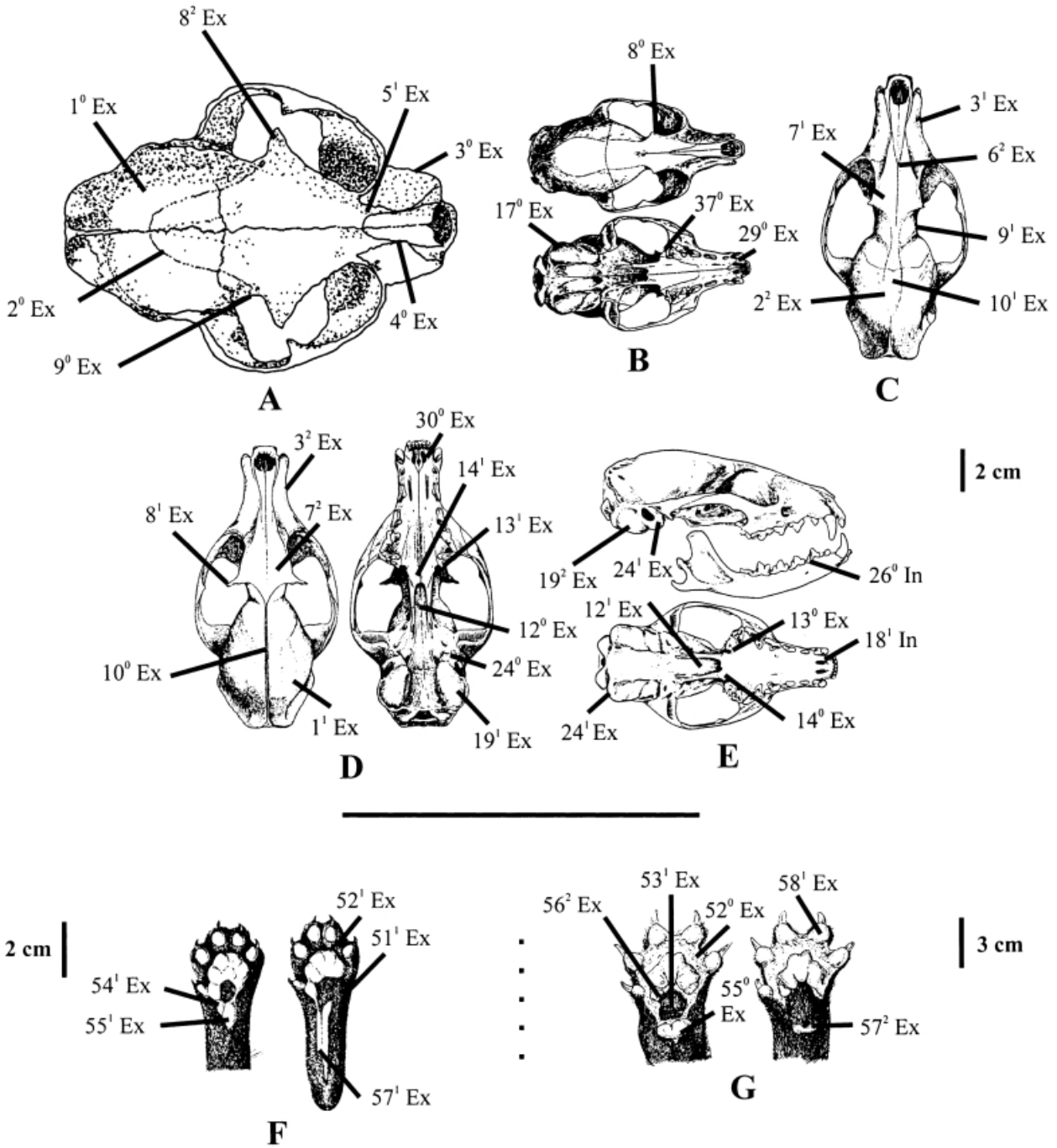


Figure 2. Illustration of some cranial and plantar characters (*Ex* indicates coding related to the intergeneric analysis; *In* indicates coding related to the intrageneric analysis). A: Skull of *Felis silvestris*. B: Skull of *Poiana richardsonii* (Allen, 1924; by courtesy of the American Museum of Natural History). C: Skull of *Genetta victoriae* (Allen, 1924; by courtesy of the American Museum of Natural History). D: Skull of *Osbornictis piscivora* (Allen, 1924; by courtesy of the American Museum of Natural History). E: Skull of *Genetta genetta* (Rosevear, 1974; by courtesy of The Natural History Museum, London). F: Left hindfoot and forefoot of *Genetta pardina* (Allen, 1924; by courtesy of the American Museum of Natural History). G: Left hindfoot and forefoot of *Civettictis civetta* (Pocock, 1915; by courtesy of Cambridge University Press).

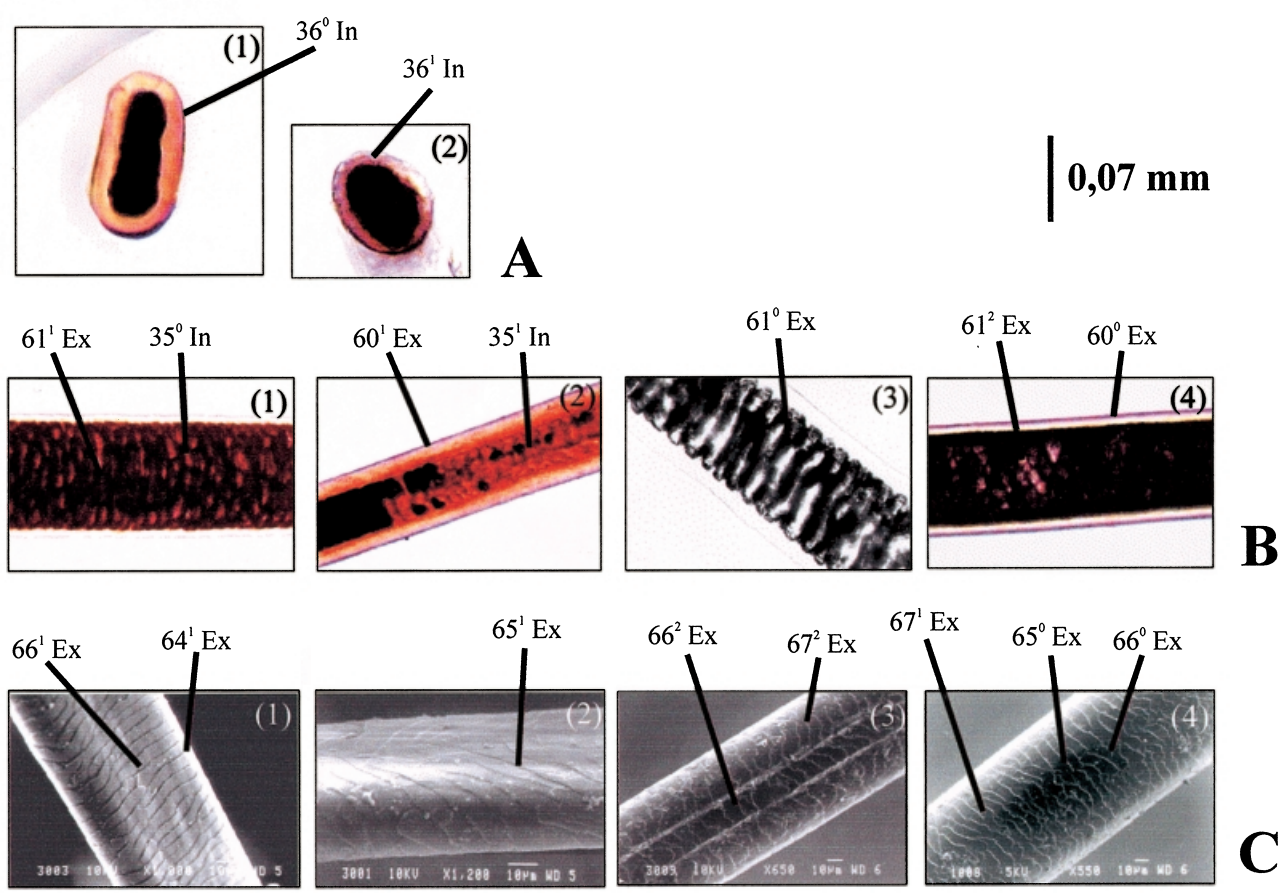


Figure 3. Illustration of some ultrastructural hair characters (*Ex* indicates coding related to the intergeneric analysis; *In* indicates coding related to the intrageneric analysis). A: Cross-section of the GH1 spatula base of *Genetta genetta* (1) and *Genetta abyssinica* (2). B: GH1 medullar structure of *Genetta genetta* (1), *Genetta johnstoni* (2), *Poiana richardsonii* (3) and *Viverricula indica* (4). C: GH1 middle part of the spatula of *Poiana richardsonii* (1), *Osbornictis piscivora* (2), *Nandinia binotata* (3) and *Genetta tigrina* (4).

Table 3. Data matrices and character coding related to the two cladistic analyses

	Number of taxa	Number of characters	Binary characters	Multiple state characters	Polymorphic characters
Intergeneric analysis	25	69	40	29 (up to state 3)	2
Intrageneric analysis	11	60	38	22 (up to state 2)	2

However, we avoided using characters that were polymorphic in a large number of taxa, as they might only be incorrectly defined characters.

Ingroup monophyly was tested by permutations of the outgroup taxa listed in the data matrices (Barriel & Tassy, 1998). In each analysis, we carried out successive ingroup taxa deletions in order to determine which ones stabilized or destabilized the tree topology. This form of manipulation allows us to identify which taxa (or clades) share a high number of character states with their respective sister groups.

In order to provide an estimation of the robustness of each node, the Decay Indice (DI) is shown for each cladogram node (Bremer, 1988). Consistency Index (CI) and Retention Index (RI) values, which reflect homoplasy levels (Farris, 1989) are shown. In addition, phylogenetic signal values (g1) for 100 000 trees (Hillis, 1991) are indicated for each topology.

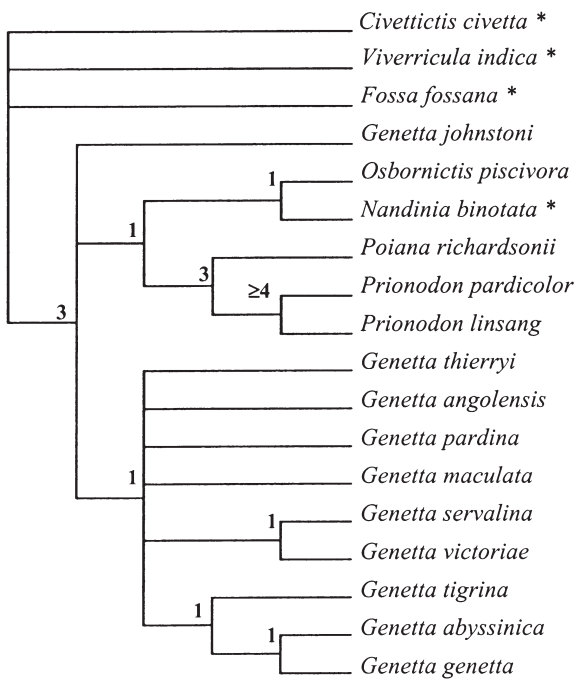
RESULTS

INTERGENERIC ANALYSIS

Four different trees, rooted with four different outgroups, were obtained (Figs 4–7). In each tree, the outgroups are marked with asterisks. Tree 1, rooted with four Viverridae species (Fig. 4), shows a basal polytomy including branches leading to the *Genetta* spp. clade (excluding *Genetta johnstoni*), the clade including the genera *Osbornictis*, *Nandinia* (outgroup taxon), *Poiana* and *Prionodon*, and the single species *Genetta johnstoni*. This polytomy is resolved in Tree 2 (rooted with three Herpestidae species), as *Genetta johnstoni* becomes the sister taxon of the *Osbornictis-Prionodon* clade (Fig. 5), this grouping being the sister clade to *Genetta* spp. The two civets included in the ingroup (*Civettictis civetta* and *Viverricula indica*) do not constitute a monophyletic group. *Fossa fossana* is the most basal ingroup species. Tree 3, rooted with the Felidae, shows a basal polytomy (Fig. 6). In this case, only the *Genetta* spp. and *Osbornictis-Nandinia* clades (plus the monophyletic group constituted by the Herpestidae) remain as suprageneric clades. Tree 4 (rooted both with the Felidae and the Canidae species) matches the topology of Tree 2 (Fig. 7). The only difference lies in the position of the Herpestidae, here located as the sister clade of the subfamily Viverrinae (including *Nandinia binotata*). The *Genetta* spp. clade displays unresolved internal phylogenetic relationships in all four analyses, although *Genetta servalina–Genetta victoriae* and *Genetta tigrina–Genetta abyssinica–Genetta genetta* always constitute monophyletic groups.

INTRAGENERIC ANALYSIS

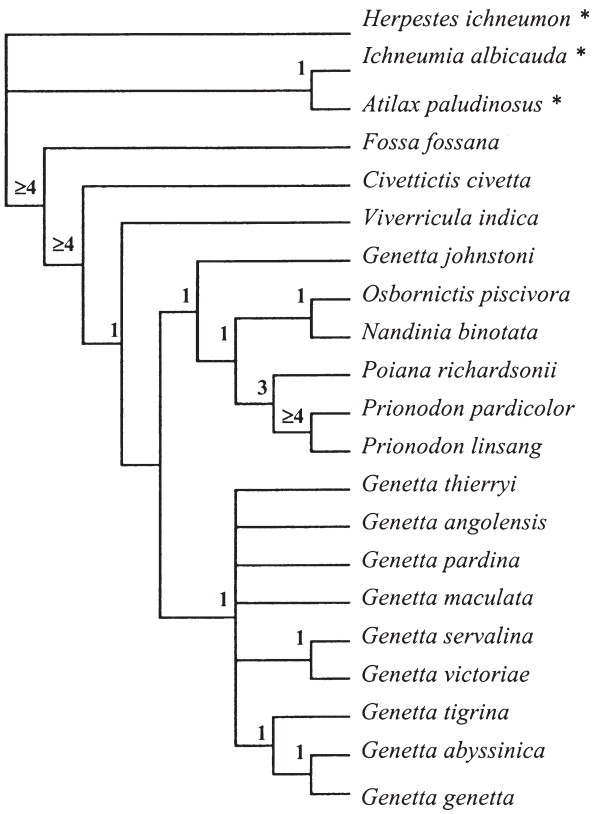
The phylogenetic relationships obtained for the *Genetta* spp. clade are totally resolved (Fig. 8). The clade *Genetta servalina–Genetta victoriae* is once again present and is located at the base of the ingroup.



Strict consensus of 30 equally parsimonious trees

tree length : 153 steps
CI = 0,479
RI = 0,565
g_1 = -0,712187

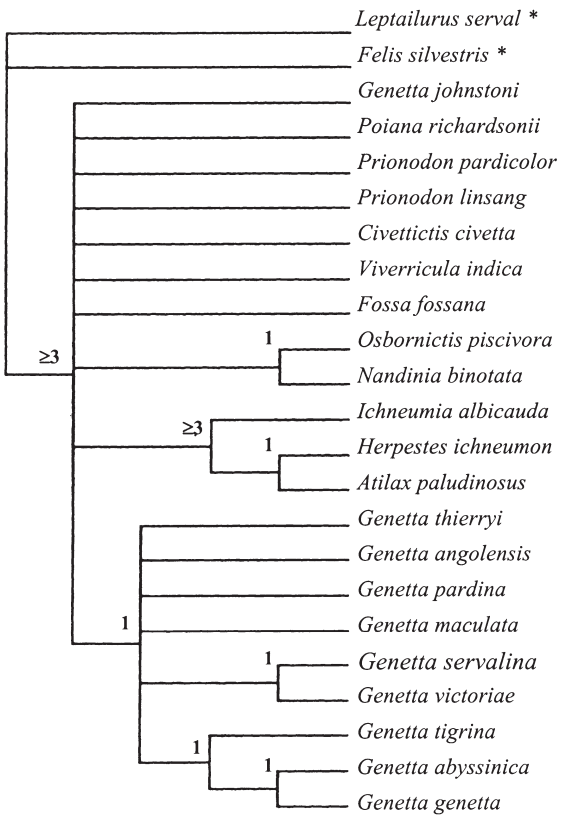
Figure 4. Tree 1 rooted with the Viverridae (intergeneric analysis).



Strict consensus of 15 equally parsimonious trees

tree length : 180 steps
CI = 0,462
RI = 0,622
g_1 = -0,807489

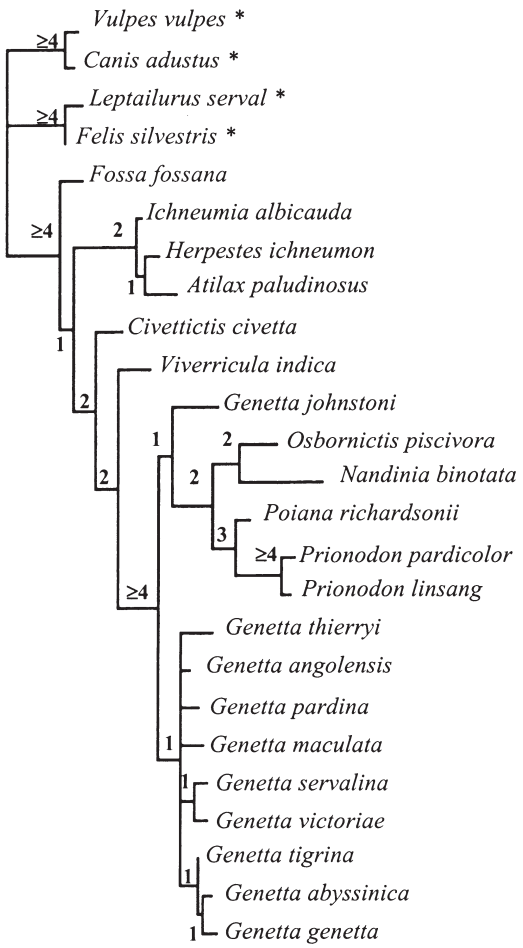
Figure 5. Tree 2 rooted with the Herpestidae (intergeneric analysis).



Strict consensus phylogeny of 45 equiparsimonious trees

tree length : 279 steps
CI = 0,463
RI = 0,640
g_1 = -0,751203

Figure 6. Tree 3 rooted with the Felidae (intergeneric analysis).



Strict consensus of 15 equally parsimonious trees (phylogram)

tree length : 227 steps
CI = 0,452
RI = 0,658
g_1 = -0,615634

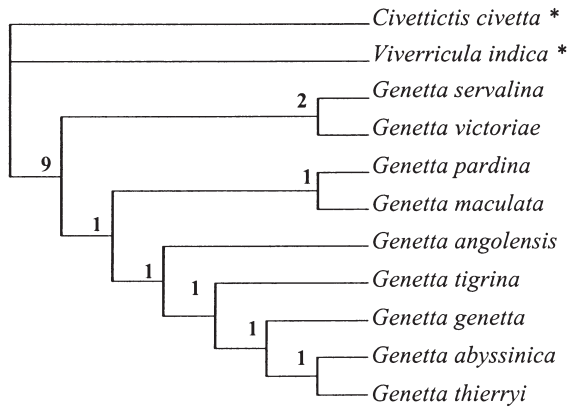
Figure 7. Tree 4 rooted both with the Felidae and the Canidae (intergeneric analysis).

In addition, a new monophyletic group consisting of *Genetta pardina* and *Genetta maculata* appears, and this is the sister clade of the *Genetta angolensis–Genetta thierryi* clade.

DISCUSSION

INTERGENERIC ANALYSIS AND THE OUTGROUP QUESTION

The choice of four different outgroups made it possible to identify some consequences related to the interpretation of the cladograms. Thus, rooting with ingroup sister taxa (Tree 1) does not provide the greatest resolution for the ingroup, as the basal polytomy of Tree 1 is resolved in Trees 2 and 4. In addition, we have noted the inclusion of an outgroup taxon (*Nandinia binotata*) in the ingroup in Tree 1. If we apply the method of Barriel & Tassy (1998), the resulting strict consensus tree is relatively uninformative as it only permits discussion of the *Poiana–Prionodon* and *Genetta* spp. clades. The use of different outgroups (with the successive inclusion of previous outgroups in the ingroup) showed the position of *Nandinia binotata* (within the subfamily Viverrinae and sister taxon to *Osbornictis piscivora*) to be stable (Tree 3 excepted). The choice of outgroup often remains problematical, particularly when no previous phylogenetic analysis of the group under study is available. The use of different outgroups seem to reduce information loss, as the position of the African palm civet, like those of some other taxa, is still debatable.



The most parsimonious tree

tree length : 125 steps
CI = 0,624
RI = 0,539
g_1 = -0,863899

Figure 8. Phylogenetic relationships within the *Genetta* spp. clade (intrageneric analysis).

As far as the intergeneric phylogeny is concerned, we have chosen to consider Tree 4 in our discussion (Fig. 9). Indeed, Tree 4 allows us to investigate the phylogenetic relationships of the Viverrinae (and even of the Viverridae) within the largest taxonomic sample. Despite the large number of taxa involved, it has a high RI value (0.641) and is the consensus of only 15 equally parsimonious trees. Its topology is the same as that of Tree 2 (rooted with the Herpestidae).

Tree 4 allows us to identify the exclusion of *Fossa fossana* from the Viverridae. Its basal position as sister taxon to the Herpestidae–Viverridae clade matches the results of Veron (1995) and the assertion of Petter (1974), who considered the Malagasy populations to have evolved from an early "protomongoose" migration.

Regarding *Nandinia binotata*, its inclusion within the Viverrinae is somewhat surprising, even though Dekeyser (1955) already placed the African palm civet in this subfamily (see also Wurster & Benirschke (1968) for karyological considerations). This species can be viewed in two ways: either it presents some primitive character states retained from ancestral Feloidea [see Hunt & Tedford (1993) and Veron (1995) for morphological analyses; Flynn & Nedbal (1998) for molecular analyses], or it constitutes a highly derived taxon with many autapomorphies (which is the case here). Nevertheless, a more exhaustive taxonomic set of the Viverridae has to be analysed before going further in our discussion, all the more so as deleting the species from the data does not change the tree topology.

The Viverrinae specifically addressed in our phylogenetic survey are separated into two sister clades, one including the problematical genera (*Osbornictis*, *Poiana* and *Prionodon*), as well as *Genetta johnstoni*, and one including all the other species of genets. The whole monophyly of the Viverrinae is well supported (DI ≥ 4), particularly by a synapomorphy related to tail proportions (character state 50^1). Moreover, we can see, even though the data remain incompleted, that chromosomal diploid numbers (see Wurster & Benirschke, 1968; Chiarelli & Capanna, 1973; Couturier & Dutrillaux, 1986) may support such a cladogenesis. In fact, evolution of the diploid number is observed from the civets (*Viverricula indica*, $2n = 36$; *Civettictis civetta*, $2n = 38$) to some relatively derived Viverrinae (first clade: *Nandinia binotata*, $2n = 38$; *Prionodon*, $2n = 34$; second clade: *Genetta genetta*, $2n = 54$; *Genetta maculata*, $2n = 52$, as is the case in *Genetta genetta neumanii*). However, additional karyological investigations of some crucial unkaryotyped species involved in the cladistic analysis remain necessary.

The genus *Genetta* is paraphyletic. But this paraphyly is only weakly supported and the removal of *Genetta johnstoni* from the analysis breaks the *Genetta* spp. clade, but does not influence the other topologies.

Genetta johnstoni, which has numerous autapomorphies, is characterized by a weak dentition with adaptations to insectivory (Lamotte & Tranier, 1983). Moreover, some juvenile character states are retained in adult specimens (Gaubert *et al*., in press), such as spots in the coat merging into lines and the posterior extension of the incisive foramen extended posterior to the upper canines. These considerations, in addition to the presence in this species of plesiomorphic character states shared with the civets (for example, 28° and 47^1), allow us to place it as a close relative of the ancestor of the two Viverrinae lineages (genets and 'genet-like' taxa).

On the other hand, the monophyly of the *Genetta* spp. clade is weakly supported (DI = 1), mainly by dental synapomorphies characterizing a common omnivorous diet.

The node identifying the clade consisting of the genera *Osbornictis*, *Nandinia*, *Poiana* and *Prionodon* is more robust (DI = 2). It is, in particular, supported by synapomorphies related to hair characters (64^1, 65^1 and 66^1). *Nandinia binotata* appears once again to be a derived taxon (66^2).

Osbornictis piscivora should be considered a derived taxon secondarily adapted to an aquatic (or semi-aquatic) way of life. It is more closely related to the genera *Prionodon* and *Poiana* than to the genus

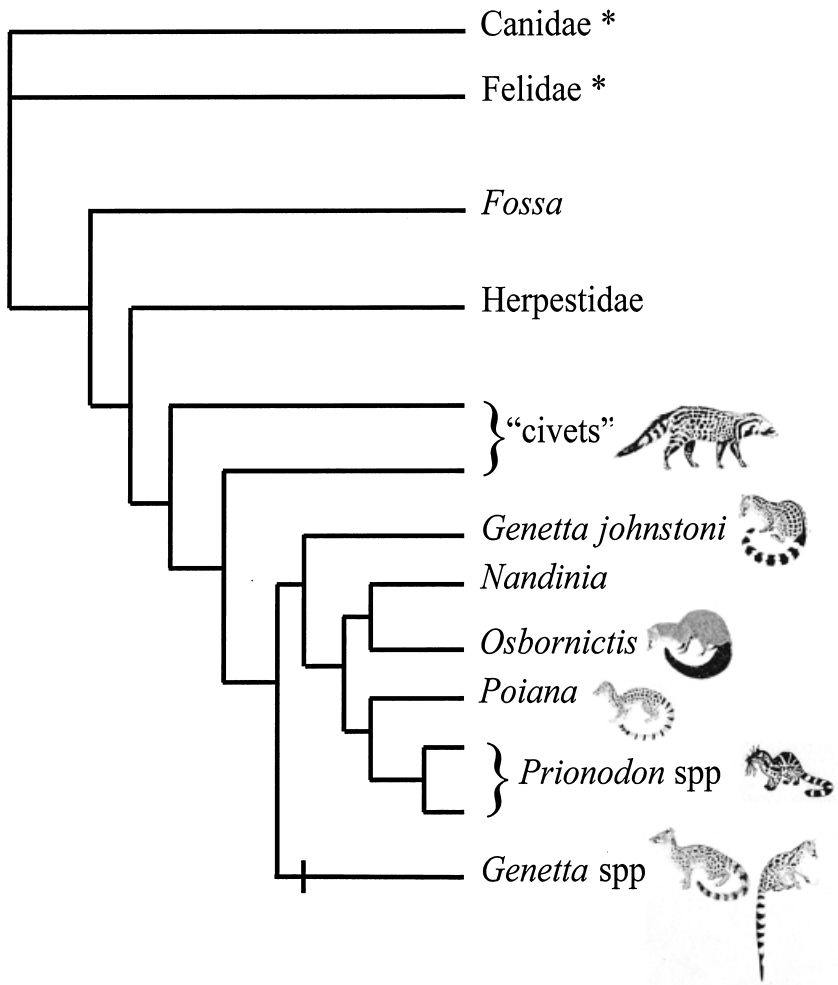


Figure 9. Illustration of the phylogenetic relationships within the subfamily Viverrinae obtained here in; civet by courtesy of Delachaux & Niestlé (Dorst & Dandelot, 1976); *Genetta johnstoni, Osbornictis, Poiana* and *Genetta* spp. by courtesy of Academic Press (Kingdon, 1997)]

Genetta, in opposition to the scenario of Gregory & Hellman (1939).

Finally, the clade consisting of the genera *Poiana* and *Prionodon* is relatively well supported (DI = 3) and appears in three different analyses. Its absence when rooting with the Felidae is due to a conserved set of shared character states (of the 45 equally parsimonious trees, *Poiana* and *Prionodon* are located at the ingroup base in 30). This convergence is the result of a common adaptation to hypercarnivory (2°, 36°) and arboreality (49[1], but also fully retractable claws), even if the relationship to these adaptations is not always obvious (57[3]). Moreover, the clade *Poiana–Prionodon* is supported by a synapomorphy related to hair characters (61°). According to our results, *Poiana* and *Prionodon* are derived taxa with some character state reversals (such as the loss of M^2 and metatarsal pads). This is in opposition with Gregory & Hellman (1939), who considered these two genera to be primitive Viverrinae. The phylogenetic relationships presented here are also in disagreement with the assertion of Crawford-Cabral (1993), regarding the composition of the two lineages within the Viverrinae (civets excluded): on the one hand, the genet lineage (*Poiana* included) and on the other hand the *Prionodon* lineage. Besides, our results disagree with the analysis of Veron (1995), which suggested a close affinity between *Prionodon* and the Felidae, although that author specified that such a topology may be due to convergent dental character states (M^2 absent and M_2 reduced).

As far as the metatarsal pads are concerned, we can propose an evolutionary hypothesis consisting in their regression within the *Osbornictis–Prionodon* clade, leading to complete loss in the genus *Prionodon* (Fig. 10). The position of the genus *Nandinia*, in which the pad pattern contrasts markedly with its close relatives

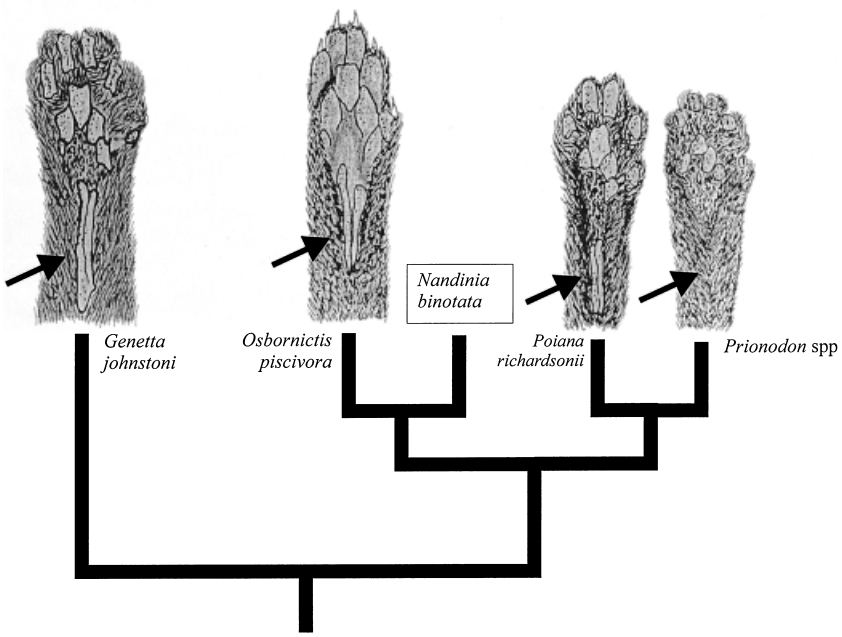


Figure 10. Evolution of the metatarsal pads within the *Genetta johnstoni* + *Prionodon* clade.

once again calls into question the supposed primitive status of such a species within the Viverridae, and even the Feloidea (see above).

The derived position of the Asiatic genus *Prionodon* within an Afro–Asiatic clade raises a biogeographic question. Indeed, the paraphyly of African and Asiatic civets, together with the position of *Prionodon*, are difficult to explain. As intermediate fossil taxa remain unknown, the extent radiation of Viverrinae is supposed to have taken place in a short space of time during the Pliocene (Hunt, 1996), so that several successive migrations towards Africa, but also 'retromigrations' (from Africa and/or Europe towards Asia), may have occurred.

INTRAGENERIC ANALYSIS

The results of the intergeneric analysis have shown the lack of resolution of the phylogenetic relationships within the *Genetta* spp. clade. However, taking coat characters into account allowed us to resolve this polytomy, though the resulting phylogenetic relationships have to be interpreted very carefully, as the degree of homoplasy rate is high among the characters.

The tree topology shows a distinction between the rain forest taxa (*Genetta servalina* and *Genetta victoriae*) and the other genets (Fig. 11). The monophyletic group *G. servalina–G. victoriae* (DI = 2), which is also present in the four trees of the intergeneric analysis, is well supported by synapomorphies related to coat characters (39° and 53^1) and is located at the base of the cladogram.

The monophyly of its sister clade is also supported by coat characters (47^1 and 50^2), indicating that adaptive value can be attributed to the characters supporting these groups. Overall, the tree topology indicates a gradual phylogenetic movement away from forest biotopes, with rain forest species at the base, followed by woodland species and then savanna species. Thus, the hypothesis of a forest origin for *Genetta* (including *Genetta johnstoni*) seems plausible, all the more so as the extension–regression ciclicity of the African rain forest during the Quaternary (Van Zinderen Bakker, 1962; deMenocal, 1995) may have promoted speciation events.

Even though the discrimination between *G. pardina* and *G. maculata* is confirmed by cranial characters, their sister taxon relationship, supported in particular by hair characters (37^2 and 38°), constitutes evidence for their very close affinities.

The savanna clade (*G. angolensis–G. abyssinica*) topology has weak support (numerous homoplasies) and we can thus hypothesize a brief duration for the radiation of genets out of closed biotopes such as rain forests and woodlands into the savannas. However, the study of this phenomenon is complicated by the multiple possibilities of NE/SW migrations offered by the forest corridors that appeared in Africa during the Pleistocene climatic cycles (Wells, 1962).

Finally, we may note the monophyly of the subgenus *Pseudogenetta* (*G. thierryi* and *G. abyssinica*), which is supported by several synapomorphies (31°, 39^1 and 48^1), as well as one particularly related to hair characters (36^1). The secondary invasion of the woodland

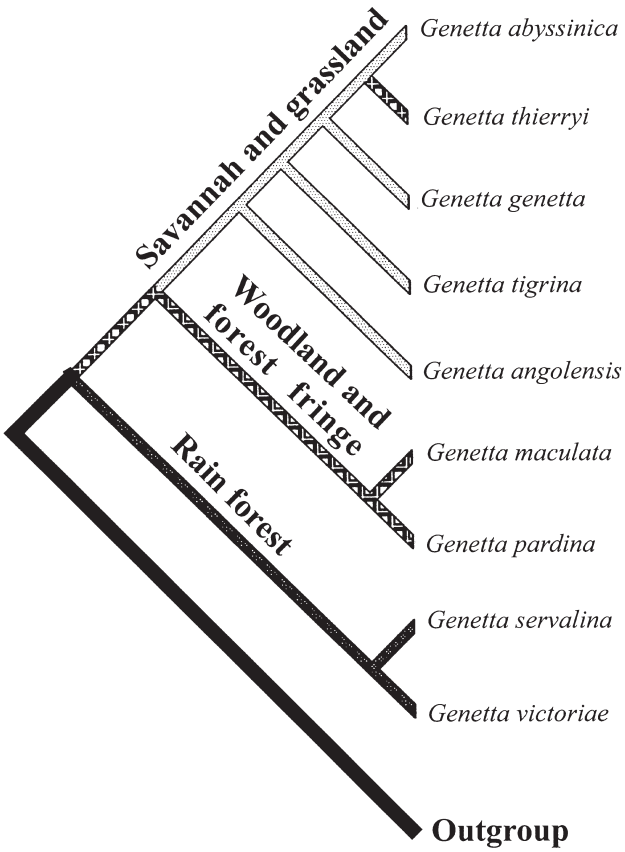


Figure 11. Phylogenetic relationships within the genus *Genetta*, illustrating biotope distribution.

habitat by *G. thierryi* is another example of the complexity of studying speciation phenomenona in taxa with high migration and plasticity potential such as the genets.

BIOGEOGRAPHIC AND TAXONOMIC IMPLICATIONS

In a more global phylogenetic perspective, our survey of genets and 'genet-like' taxa identifies two distinct clades: one consisting of taxa restricted to the rain forest (*Genetta johnstoni*, *Osbornictis*, *Poiana* and *Prionodon*) and the other including taxa that provide evidence for a transition from rain forest to savanna (the remaining genets). Thus, we can hypothesize a rain forest radiation of the four former as a preliminary explanation for the evolution of these Viverrinae.

In view of the phylogenetic relationships seen, several taxonomic changes should be considered, but pending further studies:

1. The tribes Viverrini and Prionodontini are invalid (the paraphyly of the subfamily Viverrinae will have to be tested with molecular methods and taxonomic resampling).
2. The attribution of the species *Genetta johnstoni* to a distinct genus which should be: *Paragenetta johnstoni* (Pocock, 1908).
3. The nonvalidity of the subgenera *Pseudogenetta* and *Genetta*.

CONCLUSIONS

This preliminary study has permitted us to identify the cladistic distinction between the tropical forest tree-dwelling species (except the special case of *Osbornictis piscivora*) and the other genet species. Moreover, our phylogenetic analysis supports a new set of relationships within the genets and 'genet-like' taxa, and allows us to hypothesize an African rain forest origin for them. However, the scarcity of palaeontological data hampers the development of a more precise scenario.

The high levels of homoplasy among the morphological characters leads to the need for further molecular studies, coupled with a taxonomic resampling in order to deal with the issue of the monophyly of the Viverrinae (Gaubert *et al*., in prep.). Hair characters were found to be very useful at the intergeneric level and this should lead to the development of new morphological characters for phylogenetic use. With regard to intrageneric study, the establishment of accurate morphological landmarks should be considered, in order to make hair characters useful at the species level.

The question of species limits within the genus *Genetta*, and even the genus *Poiana* (not discussed here), will also require other approaches (molecular divergence, karyology and ecological field studies).

ACKNOWLEDGEMENTS

We are very grateful to Paula Jenkins (Natural History Museum, London) and Wim Van Neer (Musée Royal d'Afrique Centrale, Tervuren) for access to their viverrine collections. We also wish to thank Jean Menier (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris; Laboratoire d'Entomologie) for his help with the MEB. We are thankful to Dr Lars Werdelin for his invaluable comments on the early draft of the manuscript. Jean-Pierre Vacher kindly checked the English language. This is a contribution of E.A. 2586 'Systématique et Evolution des Vertébrés Tétrapodes'.

REFERENCES

Allen JA. 1924. Carnivora collected by the American Museum Congo Expedition. *Bulletin of the American Museum of Natural History* **47** (3)**:** 73–281.

Aymerich M. 1982. Contribution à l'étude de la biologie de la genette (*Genetta genetta* L.) en Espagne. *Mammalia* **46** (3)**:** 389–393.

Barriel V, Tassy P. 1998. Rooting with multiple outgroups: consensus versus parsimony. *Cladistics* **14:** 193–200.

de Beaufort F. 1965. Taxinomie et répartition de *Pseudogenetta villiersi* Dekeyser, 1949. *Mammalia* **29** (2)**:** 281–283.

Bremer K. 1988. The limits of amino acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution* **42** (4)**:** 795–803.

Chiarelli AB, Capanna E. 1973. *Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution*. London: Academic Press.

Couturier J, Dutrillaux B. 1986. Evolution chromosomique chez les Carnivores. *Mammalia* **50:** 124–162.

Crawford-Cabral J. 1969. As genetas de Angola. *Separata do Bolletim do Instituto de Investigaçao Cientifica de Angola* **6** (1)**:** 3–33.

Crawford-Cabral J. 1970. As genetas de Africa central (Republica do Zaire, Ruanda e Burundi). *Bolletim do Instituto de Investigaçao Cientifica de Angola* **7** (2)**:** 7–27.

Crawford-Cabral J. 1981a. Analise de dados craniométricos no género *Genetta*. *Memorias do Junta de Investigaçoes Cientificas do Ultramar* **62** (**2**:a sér.): 1–329.

Crawford-Cabral J. 1981b. The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolletim de Sociedad Portuguesa do Ciênçao Naturale* **20:** 97–114.

Crawford-Cabral J. 1981c. A new classification of the genets. *African Small Mammal Newsletter* **6:** 8–10.

Crawford-Cabral J. 1993. A comment on the systematic position of *Poiana*. *Small Carnivore Conservation* **9:** 8.

Crawford-Cabral J, Pacheco AP. 1992. Are the large-spotted and the rusty-spotted genets separate species?. *Garcia de Orta, Séria de Zoologia* **16** (1–2)**:** 7–17.

De Chakraborty JK, Chakraborty S. 1996. Identification of dorsal guard hairs of Indian species of the genus *Panthera* Oken (Carnivora: Felidae). *Mammalia* **60** (3)**:** 473–480.

Debrot S, Fivaz G, Mermod C, Weber J-M. 1982. *Atlas des poils de Mammifères d'Europe*. Neuchâtel: Institut Zoologique Universitaire.

Dekeyser PL. 1949. Un Viverriné nouveau d'Afrique occidentale: *Pseudogenetta villiersi* (*Gen.* et *sp. nov*). *Bulletin Du Muséum d'Histoire Naturelle* **21** (4)**:** 421–424.

Dekeyser PL. 1955. *Les Mammifères de l'Afrique noire française.* Dakar: Institut d'Afrique Noire.

Dorst J, Dandelot P. 1976. *Guide des grands mammifères d'Afrique*. Lausanne: Delachaux & Niestlé.

Endler JA. 1990. On the measurement and classification of colour in studies of animal colour patterns. *Biological Journal of the Linnean Society* **41:** 315–352.

Farris JS. 1989. The retention index and the rescaled consistency index. *Cladistics* **5:** 417–419.

Flynn JJ, Nedbal MA. 1998. Phylogeny of the Carnivora (Mammalia): congruence vs incompatibility among multiple data sets. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **9** (3)**:** 414–426.

Gaubert P, Veron G, Tranier M. 2002. An investigation of morpho-anatomical characters within the genus, *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. *Proceedings of the 8th African Small Mammal Symposium*, IRD ed. Paris (in press).

Gray JE. 1864. A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proceedings of the Zoological Society of London* **1864:** 502–579.

Gregory WK, Hellman M. 1939. On the evolution and major classification of the civets (Viverridae) and allied fossil and recent Carnivora: a phylogenetic study of the skull and dentition. *Proceedings of the American Philosophical Society* **81** (3)**:** 309–392.

Grzimek B. 1990. *Encyclopedia of Mammals*, Vol. 3. NewYork: Mac Graw-Hill.

Hadley ME. 1972. Functional significance of vertebrate integumental pigmentation. *American Zoologist* **12:** 63–76.

Hillis DM. 1991. Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. In: Miyamoto MM, Cracraft J, eds. *Phylogenetic Analysis of DNA Sequences*. NewYork**:** Oxford University Press, 278–294.

Hunt RM Jr. 1996. Biogeography of the Order Carnivora. In: Gittleman JL, ed. *Carnivore Behaviour, Ecology and Evolution*. NewYork**:** Cornell University Press, 485–541.

Hunt RM Jr, Tedford RH. 1993. Phylogenetic relationships within the Aeluroid Carnivora and implications of their temporal and geographic distribution. In: Szalay FS, Novacek MJ, McKenna MC, eds. *Mammal phylogeny: placentals*. New York: Springer Verlag, 53–73.

Kingdon J. 1977. *East African Mammals. An Atlas of Evolution in Africa*, Vol. III-A. London: Academic Press.

Kingdon J. 1997. *The Kingdon Field Guide to African Mammals*. San Diego: Academic Press.

Lamotte M, Tranier M. 1983. Un specimen de *Genetta* (*Paragenetta*) *johnstoni* collecté dans la région du Nimba (Côte d'Ivoire). *Mammalia* **47** (3)**:** 430–431.

Mabee PM, Humphries J. 1993. Coding polymorphic data: exemples from allozymes and ontogeny. *Systematic Biology* **42** (2)**:** 166–181.

Maddison W, Maddison D. 1997. *MacClade, Version 3.07.* Sunderland, MA: Sinauer Associates.

Maddock AH, Perrin MR. 1993. Spatial and temporal ecology of an assemblage of Viverrids in Natal. *Journal of Zoology (London)* **229** (2)**:** 333–340.

deMenocal PB. 1995. Plio–Pleistocene African climate. *Science* **270:** 53–59.

Mivart St G. 1882. On the classification and distribution of the Aeluroidea. *Proceedings of the Zoological Society of London* **1882:** 135–208.

Nixon KC, Davis JI. 1991. Polymorphic taxa, missing values and cladistic analysis. *Cladistics* **7:** 233–241.

Nowak RM. 1991. *Walker's Mammals of the World*, Vol. II. Baltimore: The Johns Hopkins University Press.

Ortolani A, Caro TM. 1996. The adaptive significance of color patterns in Carnivores: phylogenetic tests of classic hypothesis. In: Gittleman JL, ed. *Carnivore Behavior, Ecology, and Evolution*, Vol. 2. New York: Cornell University Press, 132–188.

Petter G. 1969. Interprétation évolutive des caractères de la denture des Viverridés africains. *Mammalia* **33** (4)**:** 607–625.

Petter G. 1974. Rapports phylétiques des Viverridés (Carnivores, Fissipèdes). Les formes de Madagascar. *Mammalia* **38** (4)**:** 605–636.

Pocock RI. 1915. On the feet and glands and other external characters of the Viverrinae, with the description of a new genus. *Proceedings of the Zoological Society of London* **1915:** 131–149.

Pocock RI. 1933. The rarer genera of oriental Viverridae. *Proceedings of the Zoological Society of London* **1933:** 969–1035.

Rannala B. 1995. Polymorphic characters and phylogenetic analysis: a statistical perspective. *Systematic Biology* **44** (3)**:** 421–429.

Roeder J-J. 1984. *Contribution à l'étude des modalités de communication chez la Genette*. DPhil Thesis, Strasbourg, France: Université Louis Pasteur.

Rosevear DR. 1974. The carnivores of West Africa. *Trustees of the British Museum (N. H.) London* **723:** 1–548.

Schlawe L. 1981. Material, Fundorte, Text und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. Cuvier, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Zoologische Abhandlungen Staatliches Museum Fur Tierkunde in Dresden* **37** (4)**:** 85–182.

Simpson GG. 1945. The principles of classification and a classification of mammals. *Bulletin of the American Museum of Natural History* **85:** 1–350.

Smouse PE, Dowling TE, Tworek JA, Hoeh WR, Brown WM. 1991. Effects of intraspecific variation on phylogenetic inference: a likelihood analysis of mtDNA restriction site data in cyprinid fishes. *Systematic Zoology* **40** (4)**:** 393–409.

Sokolov VE, Rozhnov VV, Anh PT. 1997. New species of viverrids of the genus Viverra (Mammalia, Carnivora) from Vietnam. *Russian Journal of Zoology* **1** (2)**:** 204–207.

Stangl FB Jr, Grimes JV. 1987. Phylogenetic implications of comparative pelage morphology in Aplodontidae and the nearctic Sciuridae, with observations on seasonal pelage variation. *Occasional Papers – The Museum of Texas Technical University* **112:** 1–21.

Swofford DL. 1993. *PAUP – Phylogenetic Analysis Using Parsimony, Version 3.1.* Champaign: Illinois Natural History Survey.

Taylor ME. 1989a. Foot structure and phylogeny in the Viverridae (Carnivora). *Journal of Zoology (London)* **216** (1)**:** 131–139.

Taylor ME. 1989b. New records of two species of rare Viverrids from Liberia. *Mammalia* **53** (1)**:** 122–125.

Teerink BJ. 1991. *Hair of West-European Mammals – Atlas and Identification Key*. Cambridge: Cambridge University Press.

Teilhard de Chardin P. 1915. Les Carnassiers des Phosphorites du Quercy. *Annales de Paléontologie* **9** (3–4)**:** 103–193.

Van Zinderen Bakker EM. 1962. Botanical evidence for quarternary climates in Africa. *Annals of the Cape Province Museum* **II:** 16–31.

Veron G. 1995. La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia* **59** (4)**:** 551–583.

Wells LH. 1962. Pleistocene faunas and the distribution of mammals in Southern Africa. *Annals of the Cape Province Museum* **II:** 37–40.

Wemmer CH. 1977. Comparative ethology of the large-spotted genet *Genetta ligina* and some related Viverrids. *Smithsonian Contribution to Zoology* **239:** 1–93.

Werdelin L, Olsson L. 1997. How the leopard got its spots: a phylogenetic view of the evolution of felid coat patterns. *Biological Journal of the Linnean Society* **62:** 383–400.

Wiens JJ. 1995. Polymorphic characters in phylogenetic systematics. *Systematic Biology* **44** (4)**:** 482–500.

Wiens JJ. 1998. Testing phylogenetic methods with tree congruence: phylogenetic analysis of polymorphic morphological characters in phrysonomatid lizards. *Systematic Biology* **47** (3)**:** 427–444.

Wozencraft WC. 1989. Classification of the recent Carnivora. In: Gittleman JL, ed. *Carnivore Behavior, Ecology, and Evolution*. New York**:** Cornell University Press, 569–593.

Wozencraft WC. 1993. Order Carnivora. In: Wilson DE, Reeder DM, eds. *Mammal Species of the World*. Washington: Smithsonian Institution Press, 279–348.

Wurster DH, Benirschke K. 1968. Comparative cytogenetic studies in the order Carnivora. *Chromosoma* **24:** 336–382.

APPENDIX I

Data matrix related to the intergeneric analysis.

Characters	0000000001111111111222222222233333333334444444444555555555566666666666
Taxa	1234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789
Genetta johnstoni	1122101111010101011110100120021102011011010110110111111211011100001 00
Genetta abyssinica	1210??1111000001012110110011020?0202211102111???0111011211001110001 00
Genetta thierryi	1212011110000001011110110111010003022111021111000111011211001110001 00
Genetta angolensis	1210101110000101011110100111020002022111021111000111111211001100001 00
Genetta genetta	1210101011010001012110110011020002022111021111000111111211001100001 02
Genetta pardina	1212121110000001011110100121020002022111021111000111111211001100000 02
Genetta maculata	1212101110000001012110110121020002022111021111000111111211001100000 02
Genetta servalina	1212221011000101011110100121020002022111021111???0111111211001100001 00
Genetta tigrina	1210101111000001012110110111020002022111021111???0111111211001100001 00

APPENDIX I

Cont.

Characters	0000000001111111111222222222233333333334444444444555555555566666666666
Taxa	1234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789
Genetta victoriae	12121210110100010111101001110201010221110211110?011111121100110000100
Osbornictis piscivora	12201021000011010110101001010001120111110201110??100011211?1110111001
Poiana richardsonii	10100111010011010111101100110201020101110111????111011211000101110000
Prionodon pardicolor	10101010011021010121111002102000301011101011???111112113110010111000
Prionodon linsang	10101010011111101011111000110200030101110101 1???111112113110010111000
Civettictis civetta	12101210100100011101101001200201010331110301111000101102210011000020 0
Viverricula indica	12101011101021011101101000111200020231110301111000111202310021000020 1
Nandinia binotata	12111011101110000121110101010000130111110101111001010022010011000220 1
Fossa fossana	12201001000001010111011000200200010331110301111000101200311011000000 1
Herpestes ichneumon	12110012100002011101012011000200020221110311111000000110001111000020 3
Ichneumia albicauda	12111012100002011101012111000200010331110311111000000210?011110000203
Atilax paludinosus	11001012100022011101012011000200210221110311011000000021??011110000213
Leptailurus serval	00001021011121110001211001012200011001000000111010111200311000000000 2
Felis silvestris	00001012011111110001211001012200011001000000111010111200311000000020 0
Vulpes vulpes	21301000100120010011311011010200001221111201101100111200311110000020 0
Canis adustus	21301000000120010001311011010200001331111201101100111200311110000020 0

APPENDIX II

Data matrix related to the intrageneric analysis.

Characters	000000000111111111122222222223333333333444444444455555555556
Taxa	1234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890
Genetta abyssinica	0??2100000211101101010001100010011010110210000210211210000000
Genetta thierryi	2012000000100111100020001001010011010110100001211211210000001
Genetta angolensis	0101000010101011101010001110101101 10?0121101000100211210000001
Genetta genetta	0100101000201101111110001001011011002120210000102111210001 10
Genetta pardina	2121000000100012101010001001011011002021001000100211210000001
Genetta maculata	2101000000200112101010001100011011102021011000100211210000001
Genetta servalina	2220100010101012111010001101011011100100011000000010110000000
Genetta tigrina	0101100000201111101010001001011011 0?012111110010111021000001
Genetta victoriae	2120101000101011101000001001011011 0?010000101000001011010000
Civettictis civetta	0120001001001012001001110111101100100220200000002000002011 02
Viverricula indica	0101010111000001121011010101111210101020200001012000201001 20

APPENDIX III

Lists of characters used in the inter and intrageneric analyses (underlined character states are illustrated in Figs 2 and 3).

INTERGENERIC ANALYSIS

Skull

1. *Brainpan*: spheroid 0 – ovoid 1 – 'pear-shaped' (globular posterior part) 2.
2. *Crests for insertions of temporal muscles on the upper part of the parietal*: forming a large area 0 – forming a laterally reduced area 1 – forming a narrow sagittal crest 2.
3. *Rostrum*: very short 0 – short 1 – long 2 – very long 3.
4. *Premaxillary-frontal contact*: absent 0 – variable 1 – present 2.
5. *Fronto-nasal suture shape*: bilobate 0 – unilobate 1 – the end of the bones are not aligned 2.

6. *Fronto-nasal suture position in relation to the upperside of the lachrymal*: posterior to 0 – variable 1 – at the same level 2.
7. *Frontal*: the two bones are well differentiated and both inflated 0 – the two bones form a merged and convex part 1 – the two bones form a merged and concave part 2.
8. *Postorbital process*: weakly developed 0 – moderately developed 1 – very strongly developed 2.
9. *Interorbital constriction*: little apparent 0 – apparent 1.
10. *Sagittal crest*: present 0 – absent 1.
11. *Presphenoid anterior foramen*: narrow 0 – wide 1.
12. *Interpterygoidal width*: reduced 0 – significant 1.
13. *Staphylinal fissure*: indented 0 – with soft contours 1 – very little marked 2.
14. *Posterior extensions of palatines*: reduced 0 – developed 1 – very developed 2.
15. *Alisphenoid canal*: present 0 – absent 1.
16. *Entotympanic bone*: cartilaginous 0 – osseous 1.
17. *Entotympanic bone shape*: globular 0 – subpyramidal 1 [see Petter, 1974].
18. *Entotympanic bone overlap on the ectotympanic bone*: developed 0 – reduced 1.
19. *Entotympanic bone swelling in relation to the ectotympanic bone*: very considerable 0 – considerable 1 – weak 2.
20. *Inner anterior extension of the entotympanic bone*: separated from ectotympanic and basioccipital bones 0 – not separated 1.
21. *Paraoccipital process overlap on the posterior part of the entotympanic bone*: only the median zone is overlapped 0 – the overlapping is complete 1 – inner and external sides are overlapped 2 – only the inner side is overlapped 3.
22. *Ventral extension of the paraoccipital process*: present 0 – absent 1.
23. *Bilaminar septum of the bullae*: absent 0 – oblique 1 – horizontal 2.
24. *Ectotympanic bone shape*: little inflated 0 – inflated 1.
25. *Ectotympanic bone contribution to the external auditory canal*: absent 0 – present 1.
26. *Ectotympanic bone anterosinistral extension*: absent or very weak 0 – developed 1.
27. *Ectotympanic bone anterodestral extension*: not very marked 0 – reduced 1 – developed 1.
28. *Foramen magnum*: dorso-ventrally flattened 0 – not flattened 1.
29. *Incisive foramen shape*: elongated (laterally flattened) 0 – oval 1 – oblong 2.
30. *Incisive foramen curvature*: 'bean-shaped' 0 – sharp back part 1 – straight 2.
31. *Position of posterior part of incisive foramen in relation to the upper canines*: at the same level 0 – behind 1.
32. *Premaxillary-maxillary suture position in relation to* P^1: forward 0 – at the same level 1.
33. *Curvature of the anterior extension of the maxillary-palatine suture*: straight 0 – convex (palatine bones fit into maxillary bones) 1 – concave (maxillary bones fit into palatine bones) 2.
34. *Maxillary-palatine suture position in relation to* P^3 *main cusp*: far behind 0 – just behind 1 – at the same level 2 – forward 3.
35. *Palatine foramen position in relation to the maxillary-palatine suture*: forward 0 – in contact 1.

Teeth

36. M_2: absent 0 – reduced 1 – developed 2 – very developed 3.
37. M^2: absent 0 – reduced 1 – developed 2 – very developed 3.
38. *Lower canines*: weak 0 – strong 1.
39. M^1: reduced 0 – developed 1.
40. M_1: absent 0 – present 1.
41. M_3: absent 0 – present 1.
42. M_1 *talonid*: extremely reduced 0 – reduced 1 – developed 2 – very developed 3.
43. P^3 *lingual cusp*: absent 0 – present 1.
44. P_1: absent 0 – present 1.
45. P^1: absent 0 – present 1.

Post-cranial characters

46. *Supracondylar foramen (humerus)*: absent 0 – present 1 [see Allen (1924) for *Osbornictis piscivora* and *Genetta victoriae*].
47. *Carpal and radial articular surfaces of the ulna*: separated 0 – merged 1 [see Allen (1924) for *Osbornictis piscivora* and *Genetta victoriae*].
48. *Indentation located between the internal and external malleoli of the tibia*: wide 0 – narrowed 1 [see Allen (1924) for *Osbornictis piscivora* and *Genetta victoriae*].
49. *Hallux*: developed 0 – very reduced 1 [see Mivart (1882) for the genus *Prionodon* and the Felidae; Pocock (1915) for the other Viverrinae; Taylor (1989a) for the other Viverridae and Herpestidae].
50. *Tail*: much shorter than the body length 0 – equal or longer than the body length 1.

External characters

51. *Plantar soles*: hairless 0 – hairy 1.
52. *Forefeet zone between the apical pads and the interdigital pads*: hairless 0 – hairy 1.
53. *Central depression (forefeet)*: hairless 0 – hairy 1.
54. *Thenar pad*: very developed 0 – reduced 1 – extremely reduced 2.
55. *Hypothenar pad position in relation to the interdigital pads*: remote 0 – close 1 – very close (in contact) 2.

56. *Hallucal pad*: absent 0 – separated from the other interdigital pads 1 – in contact with the other interdigital pads 2.
57. *Metatarsal pads*: very developed 0 – developed 1 – reduced 2 – absent 3.
58. *Digits*: elongated 0 – short 1.

Soft parts

59. *Perineal glands*: present 0 – absent 1 [see Wemmer (1977) and Grzimek (1990)].

Hair ultrastructure

60. *GH1 spatula cortex*: thin 0 – thick 1.
61. *Spatula medullary structure of GH1*: continuous and arranged in a unicellular succession 0 – continuous and arranged in a reticulated multicellular succession 1 – continuous and arranged in an alveolated multicellular succession 2.
62. *Shape of GH1 spatula medullary cells*: laterally compressed 0 – rhomboid 1.
63. *Cross section shape of GH1 spatula base*: oblong 0 – round or slightly ovoid 1 [Debrot *et al*. (1982) for *Felis silvestris*, *Vulpes vulpes* and *Herpestes ichneumon*].
64. *Lateral compression of GH1 spatula*: absent 0 – present 1.
65. *Scale alignment in the middle of GH1 spatula*: follows a circle perpendicular to the baso-distal axis of the hair 0 – follows a circle oblique to the baso-distal axis of the hair 1.
66. *GH1 spatula median groove*: absent 0 – slightly marked 1 – very marked 2.
67. *Margin of the scales located in the middle of GH1 spatula*: smooth 0 – crenelated 1 – very crenelated 2.
68. *Margin of the scales located at the GH1 spatula base*: slightly crenelated 0 – very crenelated 1.
69. *Shape of the transition zone scales located between the base and the middle of GH1 spatula*: triangular 0 – rhomboid 1 – baso-distally compressed 2 – very baso-distally compressed 3.

INTRAGENERIC ANALYSIS (EACH CHARACTER FOR WHICH NO CODING CHANGES APPEAR IS ASSOCIATED WITH THE CORRESPONDING CHARACTER NUMBER IN THE INTERGENERIC ANALYSIS (IN PARENTHESIS))

Skull

1. (4); 2-(5); 3-(6); 5-(10); 6-(11); 7-(12); 10-(17); 11-(19); 14-(24); 15-(26); 16-(27); 17-(28);
4. *Postorbital process*: weak 0 – moderate 1 – developed 2.
8. *Staphylinal fissure*: indented 0 – very little marked 1.
9. *Posterior extensions of palatine*: reduced 0 – developed 1.
12. *Carotid foramen position*: central or lightly forward 0 – at the top of the inner anterior extension of the entotympanic bone 1.
13. *Basioccipital overlap of the carotid foramen*: absent 0 – present 1.
18. *Incisive foramen shape*: long and elongated (laterally compressed) 0 – short and elongated 1 – short and ovoid 2.
19. *Incisive foramen curvature*: sharp back part 0 – straight 1.
20. *Pre-maxilla width between the incisive foramina*: important 0 – weak 1.
21. *Maxillary-palatine suture position in relation to main cusp of* P^3: just behind 0 – at the same level 1 – anterior to 2.
22. *Parietal elongation at the interorbital constriction*: absent 0 – present 1.

Teeth

25. (43);
23. M_2: developed 0 – very developed 1.
24. M_2: developed 0 – very developed 1.
26. P_2 posterior accessory cusp: absent or extremely reduced 0 – present 1.
27. P_4 posterolingual accessory cusp: absent 0 – present 1.
28. M_1 hypoconid: weak 0 – strong 1.
29. M_1 talonid: developed 0 – very developed 1.

External characters

30. (52); 31. (53);
32. Metatarsal pads: developed 0 – reduced 1 – absent 2.
33. Claws: not retractile 0 – partly retractile 1 [see Rosevear (1974)].

Post-cranial characters

34. (50);

Hair ultrastructure

36. (63); 38. (67);
35. Zones of pigmentation loss in GH1 medulla: absent 0 – present 1.
37. *Shape of the transition zone scales located between the base and the middle of gh1 spatula*: triangular 0 – rhomboid 1 – baso-distally compressed 2.

Coat

39. *Mid-dorsal line*: suggested by aligned spots 0 – clear and bordered by dark sides 1 – full dark 2.

40. *Latero-dorsal spots*: full 0 – brownish and bordered by a dark outline 1.
41. *Spots of the first latero-dorsal row (contiguous to spine)*: not merged 0 – partly merged into stripe 1 – totally merged into stripe 2.
42. *Spot width of the second latero-dorsal row in relation to the mid-dorsal line (or spot) width*: approximately equal to 0 – greater than 1.
43. *Strip width between the two first latero-dorsal rows*: approximately equal to spot width 0 – greater than spot width 1.
44. *Dark stripe longitudinally crossing the rings of the tail*: present 0 – absent 1.
45. *Pair of wide median nuchal stripes*: absent 0 – present 1.
46. *Thin nuchal stripes*: well defined 0 – confused 1.
47. *Coat of hindfoot*: dark 0 – clear anterior part and dark back part (around pads) 1 – clear 2.
48. *Upper leg coat*: dark back part 0 – uniformly clear 1.
49. *Upper leg patterns*: numerous spots 0 – few spots 1 – spots merged in lines 2.
50. *Forefoot coat*: dark 0 – clear anterior part and dark back part (around pads) 1 – clear 2.
51. *Forefoot patterns*: spotted 0 – unspotted 1.
52. *Upper arm coat*: dark back part 0 – uniformly clear 1.
53. *Upper arm patterns*: numerous spots 0 – few spots 1 – no spot 2.
54. *Throat ring*: present 0 – absent 1.
55. *Sub-ocular spots*: clear 0 – dark 1 – absent 2.
56. *Upper labial spots*: clear and very contrasting 0 – reduced 1.
57. *Dark longitudinal line of the nose*: present 0 – absent 1.
58. *Tail hairs*: short (from 20 to 30 mm) 0 – long (from 40 to 45 mm) 1.
59. *Tip of the tail*: dark 0 – clear 1 – dark upper part and clear ventral part 2.
60. *Distal part of the tail*: alternation of dark and clear rings 0 – the last clear ring is hardly visible 1 – several clear terminal rings are hardly visible 2.

. Synthèse et commentaires

L'analyse cladistique morphologique a abouti à des résultats très contradictoires avec les hypothèses évolutives et la taxinomie traditionnelles des Viverrinae. La sous-famille apparaît ainsi paraphylétique, avec *Nandinia binotata* groupe-frère de *Osbornictis piscivora*. Les civettes terrestres (représentées par *Civettictis civetta* et *Viverricula indica*) sont elles aussi paraphylétiques, tout comme le genre *Genetta*, avec l'exclusion de l'espèce *G. johnstoni,* aux caractères crâniens et dentaires très transformés. *Poiana* et *Prionodon* forment quant à eux un clade dérivé relativement bien soutenu, inclus comme suit dans le groupe monophylétique suivant : (*G. johnstoni, ((Nandinia binotata, Osbornictis piscivora), (Poiana richardsonii, (Prionodon pardicolor, Prionodon linsang*)))). Les deux genres sont toutefois en position basale lorsque l'enracinement de l'arbre est effectué avec les Felidae. Dans ce dernier cas, les états de caractère liés à l'hypercarnivorie de leur denture apparaissent comme des synplésiomorphies partagées avec les Felidae, alors qu'ils constituent des convergences dans tous les autres cas d'enracinement. Notre analyse a permis de diagnostiquer un «mouvement phylogénétique » entre les genettes forestières, basales, puis les genettes de milieux plus ouverts (zones boisées) et très ouverts (savanes), dérivées. A noter que dans le clade des genettes de milieux ouverts, apparaît en position dérivée le sous-genre *Pseudogenetta* (*G. thierryi* et *G. abyssinica*), traditionnellement considéré comme « primitif » (Crawford-Cabral, 1981b). La phylogénie ainsi établie permet d'envisager une origine forestière pour l'ensemble des « Genet-like taxa » et du genre *Genetta*. Toutefois, malgré la contribution importante des caractères relatifs à l'ultrastructure des poils dans le support des nœuds, l'ensemble du jeu de données morphologique nous est apparu véhiculer un fort taux d'homoplasie (illustré entre autre par de faibles valeurs d'indice de Bremer).

Aussi, cet ensemble d'hypothèses phylogénétiques formulées à partir du support morphologique, ce dernier étant souvent considéré comme caractérisé par une forte valeur adaptative (e.g., caractères liés au pelage), a été testé par un support moléculaire, à commencer par les séquences du gène entier du cytochrome *b*. La matrice utilisée est donnée en Annexe XI.

2.a.2. Article 7

First molecular evidence for reassessing phylogenetic affinities between Genets (*Genetta*) and the enigmatic Genet-like taxa *Osbornictis, Poiana* and *Prionodon* (Carnivora, Viverridae)

P. Gaubert, M. Tranier, A.-S. Delmas, M. Colyn, G. Veron

Soumis à

Zoologica Scripta

First molecular evidence for reassessing phylogenetic affinities between Genets (*Genetta*) and the enigmatic Genet-like taxa *Osbornictis, Poiana* and *Prionodon* (Carnivora, Viverridae)

Philippe Gaubert, Michel Tranier, Anne-Sophie Delmas, Marc Colyn, Géraldine Veron

Philippe Gaubert, Michel Tranier & Géraldine Veron, Laboratoire Zoologie: Mammifères & Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, 55, rue Buffon, F-75005 Paris, France. Tel. (33)1 40 79 30 86 / Fax. (33)1 40 79 30 63, email: gaubert@mnhn.fr. Anne-Sophie Delmas, Laboratoire de Préhistoire, Institut de Paléontologie Humaine, 1 rue René Panhard, F-75013 Paris, France. Marc Colyn, CNRS UMR 6552 Ethologie - Evolution - Ecologie, Station Biologique de Paimpont, F-35380 Paimpont, France.

Abstract

The subfamily Viverrinae is a composite group of Carnivores comprising the massive and plantigrade terrestrial Civets (*Civettictis, Viverricula* and *Viverra*) and the slender and generally more arboreal Genets (*Genetta*) and Genet-like taxa (*Prionodon, Poiana, Osbornictis*), both having Asiatic and African representatives. The problematic phylogenetic relationships between Genets and Genet-like taxa were addressed for the first time on a molecular point of view through complete cytochrome *b* gene sequences. In this purpose, we used a large taxonomic sample set including some very rare and crucial species such as *Osbornictis piscivora, Poiana richardsonii* (museum specimen material) and *Genetta johnstoni*. The results from parsimony, distance and maximum-likelihood analyses do not support the monophyly of Viverrinae and contradict with previous morphological hypotheses. The Asiatic Linsangs *Prionodon* spp. are excluded from Viverrinae and represent either a basal Feliformia or Viverridae. The other Genet-like taxa constitute a strongly supported monophyletic African group, in which the African Linsang (represented by *Poiana richardsonii*) is sister-group to the Genets. The Aquatic Genet *Osbornictis piscivora* is included within the latter clade and genus *Osbornictis* should be considered a junior synonym of *Genetta*. African and Asiatic terrestrial Civets are monophyletic, but their phylogenetic affinities with the Genet-like clade is not clarified using our data set. On the basis of our molecular results, morphological convergences and adaptations to peculiar habitats and ways of life within Genets and Genet-like taxa are discussed.

Introduction

Despite the huge interest of systematists in the phylogeny of the emblematic order Carnivora, some taxonomic groups have curiously been neglected and still suffer from few investigations (see Bininda-Emonds *et al*. 1999). This is especially the case for two families of Feliformia: the "mongooses" (Herpestidae) and the "civets" (Viverridae). The Viverridae, as they are traditionally defined (Wozencraft 1993), appear to be polyphyletic, with taxa such as *Nandinia* and *Cryptoprocta* being excluded from the family (Pocock 1929; Hunt 1987; Veron & Catzeflis 1993; Veron 1995; Flynn & Nedbal 1998). The subfamily Viverrinae, distributed throughout Africa and tropical Asia, is representative of the systematic confusion prevailing within Viverridae. Viverrinae include very diversified predator morphotypes that are grouped under weak diagnostic characters such as a spotted coat pattern and a tail annulated with black and white rings (Gaubert & Veron in press). Following Wozencraft (1993), the subfamily Viverrinae consists of four African (*Civettictis, Osbornictis, Poiana* and *Genetta*) and three Asiatic genera (*Viverricula*, *Viverra* and *Prionodon*), which have been traditionally divided into two "sections": the large and mainly terrestrial Civets (*Civettictis, Viverra, Viverricula*), and the slender Genets (*Genetta*) and Genet-like taxa (*Genetta, Osbornictis, Poiana, Prionodon*) supposed to be more arboreal (except the Aquatic Genet *Osbornictis piscivora*). Taylor (1989) suggested that they could constitute "two natural groups" regarding the relative length of their metacarpal. Due to the diversity of their morphotypes and their supposed retention of ancestral feloid characters (Kingdon 1977; Hunt 1987; 1989), the Viverrinae have long been subjected to uncertain and contradictory taxonomic statements (Gray 1864; Mivart 1882; Pocock 1915; Gregory & Hellman 1939; Wenzel & Haltenorth 1972; Kingdon 1977; Wozencraft 1993; Hunt 2001). Their monophyly has never been given any well-supported evidence, and recent phylogenetic investigations based either on morphology or DNA did not support the monophyly of the group (Veron 1995; Veron & Heard 2000; Gaubert *et al*. 2002).

One of the main issues within Viverrinae systematics concerns the phylogenetic relationships between Genets (*Genetta*) and Genet-like taxa (*Osbornictis, Poiana, Prionodon*), which have not been investigated in a exhaustive perspective since the work of Gregory & Hellman (1939). *Poiana* and *Prionodon*, commonly named, respectively, African Linsangs and Asiatic Linsangs, share a very similar coat pattern, skull and dentition characteristics, together with a similar way of life (arboreal) in dense rain forests of both continents. They were at first placed in the tribe Prionodontini by Gray (1864) and Mivart

(1882), but further authors tended to consider *Poiana* to be a "primitive" genet, which had acquired a morphotype similar to *Prionodon* by convergence due to their common biology (Gregory & Hellman 1939; Simpson 1945; Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1993). *Prionodon* shares similarities with Felidae such as hypercarnivorous dentition, lack of metatarsal pads and absence of perineal glands (Horsfield, quoted in Mivart, 1884; Veron 1995), features that several authors have considered to be evolutionary convergences (Gray 1864; Pocock 1933; Gregory & Hellman 1939). Alternatively, *Prionodon* also shares common character states with some fossils of feliforms like the quite similar *Paleoprionodon*, but also *Proailurus* (Gregory & Hellman 1939; Veron 1995; but see Teilhard de Chardin 1915), which could be evidence for considering *Prionodon* as a very basal Viverridae or even Feliformia (see Peigné 2000). Recently, Hunt (2001), on the basis of basicranial anatomy, suggested that *Paleoprionodon*, *Prionodon* and *Poiana* may constitute a morphocline and grouped them in the subfamily Prionodontinae together with *Genetta*. The Aquatic Genet *Osbornictis piscivora* is morphologically very modified (e.g., hairless plantar soles, piscivorous dentition, uniform coat color and distal migration of the nostrils) because of its adaptation to a semi-aquatic mode of life (Allen 1924; Gregory & Hellman 1939). Comparative morphology is thus difficult to use for questioning its phylogenetic affinities within Viverrinae. Phylogenetic relationships within Genets and Genet-like taxa are also difficult to assess because of the confused systematics of genus *Genetta* (Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1981; Schlawe 1981; Crawford-Cabral & Pacheco 1992). The genus is traditionally divided into three subgenera (Schlawe 1981; Crawford-Cabral 1981; Wozencraft 1993): *Paragenetta* (monospecific), *Pseudogenetta* (two species) and *Genetta* (debated number of species), and its monophyly has been recently questioned (Gaubert *et al*., 2002).

In order to tackle, for the first time, the affinities between genus *Genetta* and Genet-like taxa through DNA sequences, we present herein a new data set of cytochrome *b* sequences for an exhaustive sample of Viverridae species. Cytochrome *b* has proved to be useful in questioning Carnivore relationships on a broad systematic range (e.g., Zhang & Ryder 1993; Masuda *et al*. 1994; Vrana *et al*. 1994; Ledje & Arnason 1996; Masuda *et al*. 1996; Dragoo & Honeycutt 1997; Flynn & Nedbal 1998; Koepfli & Wayne 1998). Samples from rare to very rare species of Viverrinae were obtained, through collaborations, field missions (*Pr. pardicolor* and *Pr. linsang*, *Po. richardsonii*, *G. johnstoni* and *G. thierryi*) and Museum collection material (*Po. richardsonii, Pr. pardicolor, O. piscivora*). A special effort was made to obtain an exhaustive sample set for Viverridae since a reduced number of taxa

might result in misleading phylogenetic assertions, particularly due to long branch attraction (Graybeal 1998; Hillis 1998; Flynn *et al*. 2000).

Materials and methods

Nucleotide sequence variation was examined for 31 species of Feliformia, and 10 species of Caniformia. The sample set includes 14 species of Viverrinae (all genera as well as subgenera within *Genetta* are represented) and five other genera of Viverridae (subfamily Paradoxurinae: *Paradoxurus, Paguma, Arctogalidia* and subfamily Hemigalinae: *Hemigalus, Chrotogale*; Table 1). "Viverrid" species having uncertain taxonomic status, like *Nandinia binotata*, *Cryptoprocta ferox* and *Fossa fossana*, were also sampled for the analysis. In order to reduce effects of possible long branch attraction, at least two species each belonging to the three other subfamilies of Feliformia were included (five Herpestidae, two Hyaenidae and two Felidae). All four subfamilies of Caniformia are represented and were used as outgroups. DNA from Viverridae (*sensu lato*), Herpestidae (four out of five) and Hyaenidae taxa were obtained from fresh tissue, hair or cell line samples. In the case of *O. piscivora, Po. richardsonii* and *Pr. pardicolor*, DNA was extracted from Museum specimens. Some partial cytochrome *b* sequences from Veron & Heard (2000) were completed for use in this study. Sequences for one Herpestidae and all Felidae and Caniformia taxa were taken from GenBank (see Table 1).

Total genomic DNA was prepared following standard methods described in Kocher *et al.* (1989). Concerning *O. piscivora*, we extracted DNA from a tooth root (upper canine) by using a modified protocol from Hardy *et al*. (1994). DNA extraction was undertaken in a physically isolated box solely dedicated to "ancient" DNA. The sample was digested in 2,5 ml buffer (Na_2EDTA 0.5M, NaOH 0.79M, N-Lauryl Sarcosine 0.5%, Proteinase K 0.1mg/ml) with constant agitation at 37°C. After one week, the softened sample was pounded and then put back into digestion buffer for 10 more days (Proteinase K added every three days). DNA was finally concentrated using Centricons Amicon 30. The complete fragment of the cytochrome *b* gene was obtained from fresh tissue extracts with a set of "universal" vertebrate primers (Table 2). This set was also successfully used to get amplifications from DNA extracts of the two Museum specimens representing *Po. richardsonii* (native skin) and *Pr. pardicolor* (dried tissue on palatine bones). A set of 20 specific primers (see Table 2) was designed from both sequences of civets and genets using Oligo 4.0 (Rychlik 1992), allowing to obtain the almost complete gene sequence for *O. piscivora* (998 bp). Reaction parameters

Table 1 Sample set of Carnivoran taxa and specimens included in this study. Collection numbers are indicated after DNA number between square brackets (MNHN: Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris; SBPUR1: Station Biologique de Paimpont, Université de Rennes 1, France).
[1] Material from Museum specimens.

Species	DNA / GenBank accession numbers	Material	Locality
Prionodon linsang	C-43 / AF511065 (Veron & Heard, 2000 – AF125141; this study)	hair	captivity
Prionodon pardicolor [1]	E-46 [1896-2065; MNHN] / AF511048	tissue	Cambodia
Poiana richardsonii [1]	EA-3 [2000-370; MNHN] / AF511049	skin	Gabon
Osbornictis piscivora [1]	EA-11 [Z2544; SBPUR1] / AF511050	tooth	Democratic Republic of Congo
Genetta (Paragenetta) johnstoni	E-73 / AF511051	hair	Ivory Coast
Genetta (Pseudogenetta) thierryi	E-14 / AF511052	tissue	Mali
Genetta (Genetta) servalina	C-20 / AF511053	tissue	Gabon
Genetta (Genetta) genetta	E-01 / AF511054	hair	France
Genetta (Genetta) maculata	E-28 / AF511055	tissue	Republic of South Africa
Viverricula indica	C-182 / AF511044	hair	Thailand
Civettictis civetta	E-38 / AF511043	tissue	Central African Republic
Viverra tangalunga	C-201 / AF 511045	tissue	Philippines
Viverra zibetha	C-183 / AF511047	hair	Thailand
Viverra megaspila	C-200 / AF511046	tissue	Cambodia
Chrotogale owstoni	C-31 / AF511066 (Veron & Heard, 2000 - AF125144; this sudy)	hair	Vietnam
Hemigalus derbyanus	C-40 / AF511067 (Veron & Heard, 2000 - AF125143; this sudy)	hair	captivity
Arctogalidia trivirgata	C-35 / AF511068 (Veron & Heard, 2000 - AF125140; this sudy)	tissue	captivity
Paguma larvata	C-72 / AF511069 (Veron & Heard, 2000 - AF125151; this sudy)	tissue	?
Paradoxurus hermaphroditus	C-136 / AF511056	tissue	Vietnam
Fossa fossana	C-69 / AF511062	DNA	Madagascar
Cryptoprocta ferox	C-13 / AF511070 (Veron & Heard, 2000 - AF125139; this sudy)	tissue	Madagascar
Mungotictis decemlineata	C-06 / AF511061	cell lines	Madagascar
Nandinia binotata	E-40 / AF511057	tissue	Central African Republic
Herpestes auropunctatus	X94926 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Ichneumia albicauda	C-79 / AF511058	hair	Saudi Arabia
Cynictis penicillata	C-111 / AF511060	hair	Republic of South Africa
Herpestes ichneumon	C-21 / AF511059	tissue	Spain
Hyaena hyaena	AM-60 / AF511063	DNA	captivity
Crocuta crocuta	C-70 / AF511064	tissue	captivity
Panthera tigris	X82301 (Arnason *et al*., 1995)	¤	¤
Felis catus	X82296 (Arnason *et al*., 1995)	¤	¤
Vulpes vulpes	X94929 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Canis familiaris	AB048590 (Ishiguro *et al*., 2000)	¤	¤
Mustela erminea	AB051240 (Hosoda *et al*., 2000)	¤	¤
Mustela putorius	X94925 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Procyon lotor	X94930 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Mephitis mephitis	X94927 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Bassaricyon gabii	X94931 (Ledje & Arnason, 1996)	¤	¤
Ursus arctos	X82308 (Arnason *et al*., 1995)	¤	¤
Tremarctos ornatus	U23554 (Talbot & Shields, 1996)	¤	¤
Odobenus rosmarus	X82299 (Arnason *et al*., 1995)	¤	¤

Table 2 List of primers used in this study. In universal primers, L and H respectively refer to the light and heavy strands, and numbers refer to the position of the 3' end of the oligonucleotide according to the numbering system for the human sequence (Anderson *et al.*, 1981). In specific primers (starting with PG-), numbers refer to the position in 5' of the oligonucleotide according to numbering from the first nucleotide of the cytochrome *b* gene.

Primer identification	Nucleotide sequence (5'® 3')	Source
GV-L14724	GATATGAAAAACCATCGTTG	modified from Irwin *et al.*, 1991
H15149	CTCAGAATGATATTTGTCCTCA	modified from Kocher *et al.*, 1989
L15146	CATGAGGACAAATATCATTCTGAG	reverse of H15149 from Kocher *et al.*, 1989
H15553	TAGGCAAAATAGGAAATATCATTCTGGT	Ducroz *et al.*, 1998
H15767 (Cytb17)	ATGAAGGGATGTTCTACTGGTTG	Edwards *et al.*, 1991
L15408	TCAGACAAAATCCCATTCCA	Irwin *et al.*, 1991
L15513	CTAGGAGACCCAGACAACTA	Irwin *et al.*, 1991
H15915	TTCATCTCTCCGGTTTACAAGAC	Irwin *et al.*, 1991
PG-L106	CTCTCTACTAGGAGTCTGCCTYAT	this study
PG-L217	CGTTAANTATGGNTGAATCATTCG	this study
PG-L287	AYGTAAYCGAGGARTATA	this study
PG-H239	GGCTCCATTGGCGTGTATNTATCG	this study
PG-L309	CTACGGCTCATTCACCTTC	this study
PG-H311	TCTGTGAAGGYRWATGAGCCGTA	this study
PG-L447	TTTTATCAGCCATTCCCTAC	this study
PG-H479	TCCTCAGATTCATTCTACCA	this study
PG-L495	GAGGAGGCTTTTCAGTAGA	this study
PG-H525	GAAGGCAAAGAATCGTGTTA	this study
PG-H557	CCATTCATYATCTCVGCYCTA	this study
PG-L602	CACGAAACAGGNTCCAACA	this study
PG-H641	AGGGGATTTTGTCTGAGTC	this study
PG-L679	TAAAGACATTCTAGG	this study
PG-H736	TCCTAAAAGNTCGGGTGAG	this study
PG-L794	CCACCCCATATNAAAC	this study
PG-H805	NTATCATTCGGGTTT	this study
PG-L932	AAACAACGAAGCATAATA	this study
PG-H968	TAANAGTCAGAATAAGCA	this study
PG-H1087	GGGNATTAGGATNAGG	this study

for amplification were the same as in Veron & Heard (2000). When running PCRs from DNA extracts of collection specimens, we used a poorly stringent Taq (Q Bio Taq) and a higher number of cycles (from 40 to 50). The reaction products were visualized in a 1,5 % agarose gel, and then either purified directly from the PCR mixture or from agarose gel (MinElute PCR Kit). Purified fragments were sequenced directly in both forward and reverse directions with an automated DNA sequencer (CEQ 2000 DNA Analysis System, Beckman).

All the sequences were manually aligned with BioEdit version 5.0.6 (Hall 1999) and analyzed using maximum parsimony (MP), neighbor joining (NJ) and maximum likelihood (ML) through PAUP* Beta version 4.0b2 (Swofford 2001). Likelihood models and parameters were estimated using ModelTest version 3.06 (Posada & Crandall 1998). Cladistic analysis was performed using the option "Heuristic Search – Stepwise Addition – Closest". Robustness of nodes was assessed using both the bootstrap method (Felsenstein 1985) -with 100 (ML) to 1000 (MP) and 10000 (NJ) replicates- and the Decay Index (DI; Bremer 1988) for the cladogram. The partitioned Bremer support (PBs; Baker & DeSalle 1997) was also estimated for the three codon positions using TreeRot.v2 (Sorenson 1999). Phylogenetic signal value (g1; 1000000 random trees) was used as an estimation of phylogenetic signal vs. random noise for the data set (Hillis 1991). Saturation tests (method described in Hassanin *et al*. 1998 and Vidal & Lecointre 1998) were evaluated using the MUST software (Philippe 1993). Alternative phylogenetic hypotheses were tested using the test of Kishino-Hasegawa (Kishino & Hasegawa, 1989) by comparing ML tree topologies.

Results

Cytochrome b *sequences*

Reliability of the sequences obtained from Museum specimens. Cytochrome *b* sequences obtained from Museum specimens of *Po. richardsonii* and *Pr. pardicolor* grouped together in the analysis with the sequences obtained from fresh tissue samples (G. Veron & P. Gaubert, unpubl. data). Each sequence fragment from *O. piscivora* was checked with the sample set of cytochrome *b* sequences from other Viverridae previously obtained from fresh tissues and mixed primer sets. Each fragment was different from the corresponding nucleotide portions of the other species, and the overlapping between the adjacent sequence fragments of *O. piscivora* was verified, thus excluding the eventuality of contamination events from the sample set of DNA extracts used herein. Furthermore, PCRs with two pairs of specific primers were run twice in order to check the similarity of the PCR products. In both cases, sequences were identical, dismissing the eventuality of DNA polymerase errors as well as miscoding lesions in the DNA sequence from Museum material (Hansen *et al.* 2001).

Characterization of cytochrome b sequences. The nucleotide sequences of cytochrome *b* from the species of Viverridae, Herpestidae and Hyaenidae obtained in this study are 1140

base pairs long and translate to a protein of 379 residues, which is similar to all the known mammalian cytochrome *b* gene sequences. As previously reported for cytochrome *b* genes of mammals, heterogeneity of nucleotide composition among species is present in our data set (not shown). The χ^2 test run by Paup revealed homogeneity at the first and second codon position (P=1.000) but high heterogeneity for the nucleotide composition at third position (P=0.000) and a characteristic low number of guanines (G). The same bias of composition for the third codon has already been reported in other groups of mammals (e.g., Irwin *et al*. 1991; Irwin & Arnason 1994; Jermiin *et al*. 1994; Andrews *et al*. 1998), including Carnivores (Masuda *et al*. 1996; Talbot & Shields 1996), and may strongly constrain evolutionary rates and preferentially orientate substitution types (Irwin *et al*. 1991; Meyer 1994). Saturation plots revealed a high saturation of the transitions at the third codon and a light one at the first codon (Fig. 1), also appearing within Viverrinae and genus *Genetta*. However, we did not perform any traditional weighting schemes for the transitions at the third codon position since 1/ they might be the most informative characters in reconstructing the phylogenetic tree (Björklund 1999; Källersjo *et al*. 1999) 2/ saturation patterns depend on substitution types (Hassanin *et al*. 1998; Hassanin & Douzery 1999) 3/ weighting schemes take into account neither the nucleotide composition bias from which substitution biases originate nor the heterotachy among sites and taxa (Philippe *et al*. 1996).

Phylogenetic analyses

The non-constant sites of the cytochrome *b* gene are partitioned in 505 informative characters and 99 autapomorphies. Within the ingroup, 841 synapomorphies (mean CI = 0.239) structure the phylogenetic relationships (Table 3). The respective contribution of each codon is as follows: the first codon (cd1) supplies 151 synapomorphies (mean CI = 0.284), the second codon (cd2) contributes with 37 synapomorphies (mean CI = 0.271) and the third codon (cd3) provides 653 synapomorphies (mean CI = 0.226). Transitions (Ts) are the highest contributors with regards to number of synapomorphies within the ingroup (544), but their

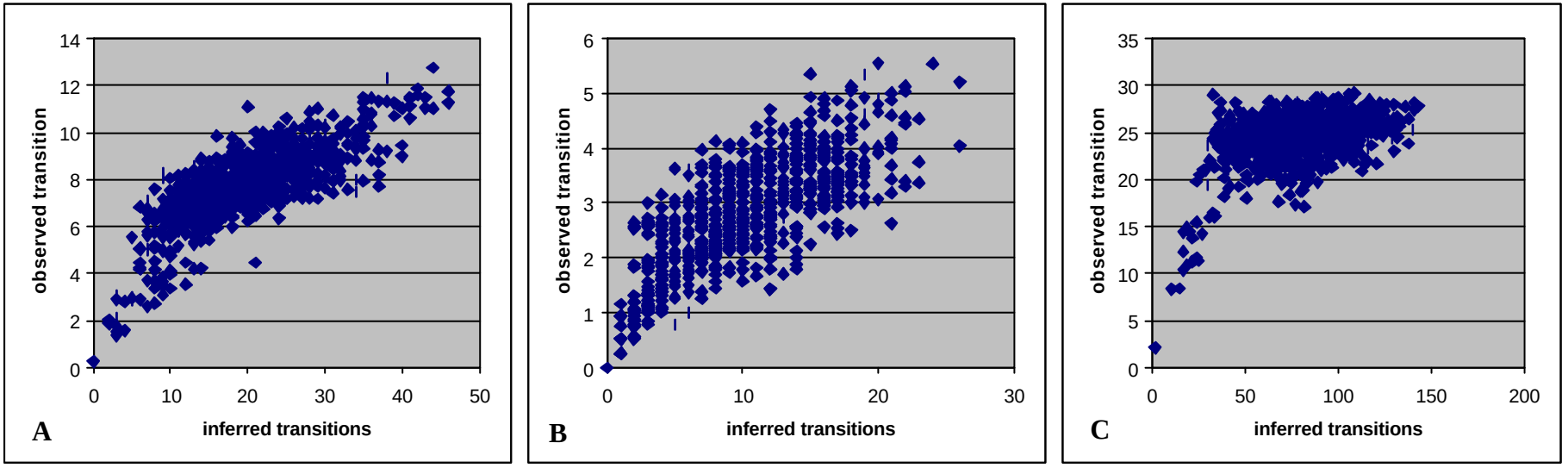


Fig. 1. A-C. Saturation plots for transitions according to codon positions. - A. first codon position. - B. second codon position. - C. third codon position.

Table 3 Types of substitution and their respective contribution as synapomorphies within the ingroup. Substitutions are partitioned as follows: Ts: the two types of transitions; Tv: the four types of transversions; Ts1: C – T; Ts2: A – G; Tv1: A – T; Tv2: A – C; Tv3: G – C; Tv4: G – T. Values in brackets correspond to the mean CI for each substitution.

Type of substitution	cd1	cd2	cd3
Ts: 544 (0.200)	115 (0.256)	30 (0.232)	399 (0.181)
Tv: 297 (0.310)	36 (0.369)	7 (0.447)	254 (0.298)
Ts1: 452 (0.185)	75 (0.256)	26 (0.240)	351 (0.166)
Ts2: 93 (0.271)	39 (0.255)	4 (0.172)	50 (0.295)
Tv1: 66 (0.326)	10 (0.330)	4 (0.500)	52 (0.311)
Tv2: 219 (0.308)	24 (0.381)	3 (0.378)	192 (0.298)
Tv3: 9 (0.218)	1 (0.286)	0	8 (0.209)
Tv4: 2 (0.450)	2 (0.450)	0	0

mean CI is relatively weak (0.200) compared to that of the 297 transversions (Tv) (0.310). However, a more detailed investigation within substitution type partitioning shows that Ts2 (A – G), less numerous (93) compared to Ts1 (C – T; 452), have a higher CI (0.271, compared to 0.185 for Ts1) and a more equilibrated repartition between the first (39) and the third (50) codon positions than Ts1 (respectively 75 and 351). Besides, mean CI for Ts2 at the third codon position is relatively high (0.295), nearing the contribution of Tv1 (A – T) and Tv2 (A – C) at the same position (CI = 0.311 and 0.298). This shows that transitions, although heterogeneously distributed throughout the cytochrome *b* gene sequences, contribute strongly to the structuration of the tree (skewed distribution of 1000000 random trees (not shown); g1 = -0.495428).

The MP analysis yielded five equiparsimonious trees of 3814 steps each (CI = 0.268 and RI = 0.424), from which the strict consensus is represented in Fig. 2. The consensus tree is 3853 steps long, with CI = 0.2655 and RI = 0.4164. DI and PBs estimations for each node constituting the ingroup are available in Table 4. In our analysis, the Feliformia split into two clades comprising 1/ Viverridae *sensu stricto* (i.e. without *Nandinia* and the Malagasian taxa *Cryptoprocta* and *Fossa*) and 2/ other Feliformia grouped as follows: (*Nandinia,* ((Felidae), (((Herpestidae), (Hyaenidae)), (*Fossa,* (*Cryptoprocta, Mungotictis*))))). The monophyly of the Viverridae clade is poorly supported. Viverrinae do not appear monophyletic, since genus *Prionodon* is excluded from the subfamily (sister-group of all the other Viverridae). The terrestrial Civets (*Civettictis, Viverricula* and *Viverra*) are sister-group of the Paradoxurinae + Hemigalinae clade (weakly supported). Terrestrial Civets constitute a strongly supported monophyletic group, with irresolution at the base of the clade between *Civettictis* and

Viverricula. Genus *Viverra* is monophyletic, with *Viverra tangalunga* as the sister-species of the largest Asiatic Civets *Viverra megaspila* and *Viverra zibetha*. The other strongly supported clade comprises the African Linsang (*Poiana*) and Aquatic Genet (*Osbornictis*), with the genets (*Genetta*). The position of *Poiana* at the base of this clade is strongly supported. Genus *Genetta* is not monophyletic since *Osbornictis* is included within the Genets. *G. thierryi* (subgenus *Pseudogenetta*) is the sister-species of a clade partitioned as follows: ((*Genetta servalina, Osbornictis piscivora, Genetta johnstoni*) (*Genetta genetta, Genetta maculata*)). The clade grouping together the Small-spotted Genet (*G. genetta*) with the Large-spotted Genet (*G. maculata*) is highly supported. Poorly supported branchings possibly due to saturations of cytochrome *b* were readdressed by running MP analysis of a translated amino acid matrix (the effect of synonymous substitutions is then not considered). The phylogenetic analysis yielded 568 equiparsimonious trees, from which a strict consensus tree of 569 steps long was derived (69 informative characters; CI = 0.540 and RI = 0.567; data not shown). The bootstrap tree is characterized by a basal polytomy for the ingroup, with clade *Poiana - Genetta - Osbornictis* being the only supported association within Viverridae. The ML analysis yielded one single tree (–lnL = 15969.95633) shown in Fig. 3. The topology of the ML tree is quite similar to the strict consensus cladogram. A major difference is that *Prionodon* is here sister-taxon to a group comprising Hyaenidae, Malagasian taxa and Herpestidae. In addition, the ML tree groups Terrestrial Civets and Paradoxurinae + Hemigalinae together, with Genet-like taxa as sister-group (bp < 50). Genus *Viverricula* appears in this case as the most basal Terrestrial Civet, followed by *Civettictis*. *Osbornictis* is here associated with *G. johnstoni* but the node support is weak, this clade being sister-group to the Small- and Large-spotted Genets (*G. genetta* and *G. maculata*). The NJ tree, obtained using the ML distances, yielded a similar topology (data not shown), with unresolved branchings between Terrestrial Civets, Paradoxurinae – Hemigalinae and *Poiana – Genetta – Osbornictis*. Rejections of alternative topologies by the test of Kishino-Hasegawa was highly significant in all but one case (Table 5). Placing the Asiatic Linsangs (*Prionodon*) either as sister-group of the Feliformia, Viverridae *sensu stricto* or other Viverrinae taxa was significantly incongruent with our phylogeny (P = 0.0108 – 0.0231). The hypothesis of monophyly between *Poiana* and *Prionodon* was also very significantly rejected (P < 0.0001 – 0.0002). The position of *Osbornictis* as included within genus *Genetta* is strongly supported by the data matrix (P = 0.0012), as well as the inclusion of *G. johnstoni* within the other genet species (P = 0.0008). Alternatively, the hypothesis of monophyly between the Terrestrial Civets and *Poiana – Genetta – Osbornictis* was not rejected (P = 0.6495). The phylogenetic

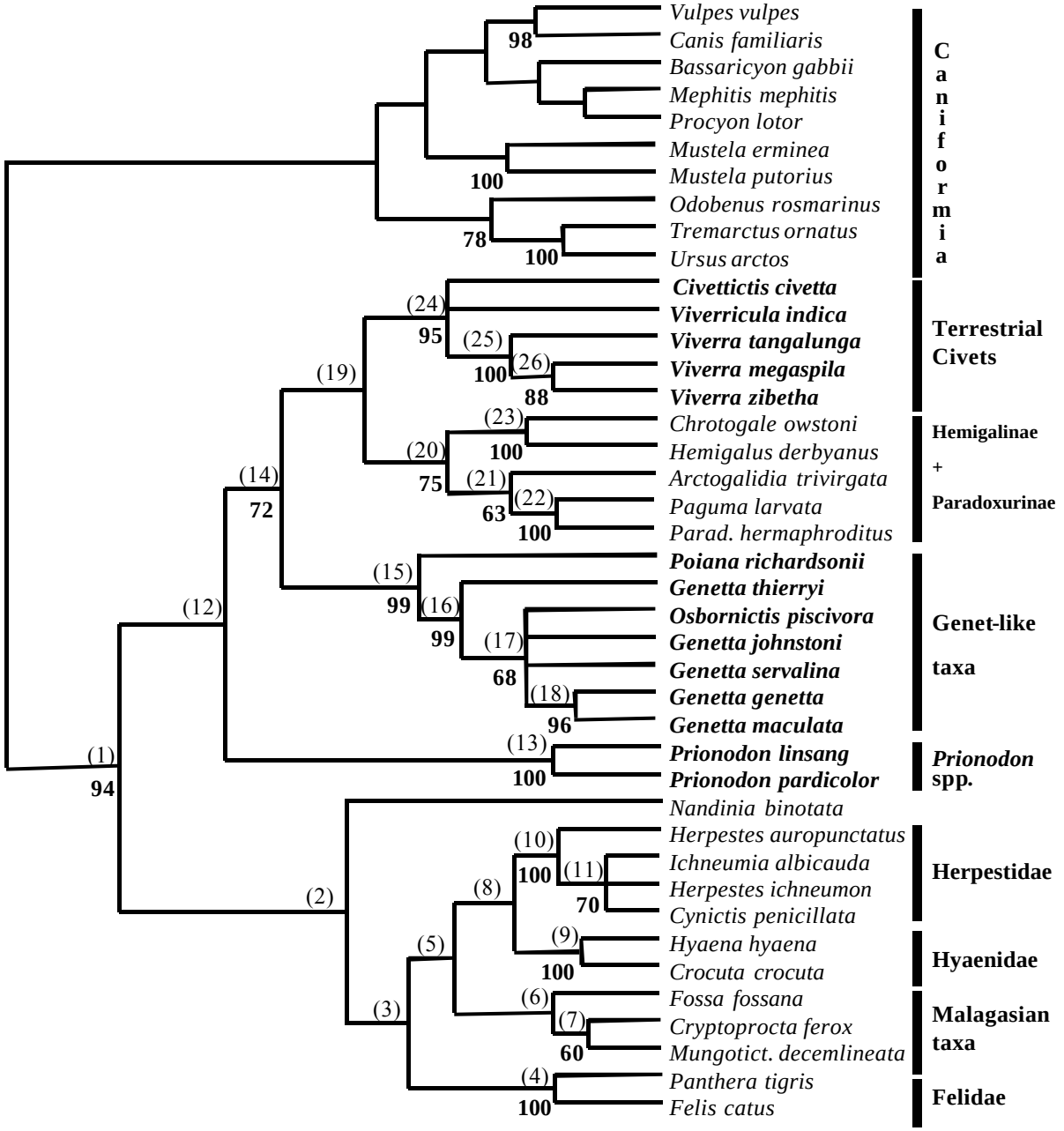


Fig. 2. Strict consensus tree based on the MP analysis of complete cytochrome *b* sequences. Values in brackets above branches refer to the numbering of the nodes within the ingroup. Numbers in bold under branches are boostrap values superior to 50 (1000 replicates). The Viverrinae taxa are indicated in bold.

Table 4 DI and PBs values for nodes of the ingroup. Numbering of the nodes refers to the cladogram in Fig. 2. For PBs estimations, the data matrix was partitioned into three sub-matrices corresponding to the three codon positions (cd1, cd2 and cd3).

node	DI	PBs		
		cd1	cd2	cd3
(1)	10	-3	-2	15
(2)	1	3	0	-2
(4)	22	2	2	18
(5)	1	3	0	-2
(6)	2	-2	-4	8
(7)	2	-2	-1	5
(8)	1	1	0	0
(9)	23	8	1	14
(10)	16	10	4	2
(11)	1	1	-1	1
(13)	33	9	4	20
(14)	2	-2	-5	9
(15)	12	2	1	9
(16)	13	4	-2	11
(17)	3	-7	-4	14
(18)	6	0	0	6
(19)	2	-6	-5	13
(20)	3	4	-3	2
(21)	3	-4	-5	12
(22)	18	6	-1	13
(23)	21	-3	-3	27
(24)	9	0	-1	11
(25)	18	3	-3	18
(26)	6	2	-2	6

Table 5 Alternative phylogenetic hypotheses and P values obtained using the Kishino & Hasegawa (1989) procedure. $P < 0.05$ indicates that the cytochrome *b* tree topology obtained in this study is significantly different from alternative topologies (marked with an asterisk).

Alternative phylogenetic hypotheses	Kishino-Hasegawa test
Prionodon sister-group of the Feliformia	P = 0.0212*
Prionodon sister-group of the Viverridae *sensu stricto*	P = 0.0231*
Prionodon sister-group of the other Viverrinae	P = 0.0108*
Poiana + *Prionodon* sister-group of the Feliformia	P < 0.0001*
Poiana + *Prionodon* sister-group of the Viverridae *sensu stricto*	P = 0.0002*
Poiana + *Prionodon* sister-group of the other Viverrinae	P < 0.0001*
Poiana + *Prionodon* sister-group of the *Genetta* + *Osbornictis* clade	P < 0.0001*
Viverrinae monophyletic (excluding *Prionodon*)	P = 0.6495
Poiana + *Genetta* + *Osbornictis* sister-group of the Paradoxurinae – Hemigalinae clade	P = 0.0216*
Genetta monophyletic (i.e., *Osbornictis* as sister-taxon to *Genetta*)	P = 0.0012*
G. johnstoni sister-species of the *Poiana* + *Genetta* + *Osbornictis* group	P = 0.0008*
G. johnstoni + *Poiana* monophyletic	P = 0.0008*
Phylogenetic relationships of Viverrinae based on the morphological analysis of Gaubert et al. (2002)	P < 0.0001*

tree topology of Gaubert et al. (2002) based on morphological characters was highly incongruent with the phylogenetic relationships of the cytochrome *b* tree ($P < 0.0001$).

Discussion

Variability of cytochrome b sequences

Variability along the cytochrome *b* sequences seems to be heterogeneously distributed when all the substitution types are taken into account (which is also testified by the low gamma shape value (0.6011) used in the ML analysis). Location of cytochrome *b* variable zones for Tv along the gene has already been characterized as mainly occurring in the transmembrane domains (mb) and being very reduced in regions such as Qo (external domain (ext)) and Qi redox centers (mb and internal domain (int)), especially at first and second codons (Irwin *et al*. 1991). However, according to our data set and following the structural model of Howell (1989) (adapted by Irwin *et al*. 1991), Tv (64) in the external domain were the most homoplasic, with a mean CI of 0.262, whereas Tv in the transmembrane and internal domains were respectively 0.313 (151) and 0.338 (61). Ts were the most homoplasic substitutions, with mean CI varying from 0.152 (170; ext) to 0.213 (256; mb) and 0.209 (133; int). The most homoplasic domain was the external domain, with a mean CI of 0.197 (218), compared to 0.250 (408) for the transmembrane domain and 0.259 (212) for the internal domain. Although structural domains might have strong constraints on amino acid variability as well as functional regions on substitution saturation (Griffiths 1997), our analysis shows that a large amount of variation in the distribution and phylogenetic contribution of the different types of substitution along the cytochrome *b* gene is however possible and might contribute to the production of a "mosaic" phylogenetic signal.

As exemplified in the Table 5, contribution at nodes of the third codon positions is very often in opposition to the contributions of first and second codon positions. It appears that it is the loss of conflicting signal within the data set that leads to the unresolved phylogenetic relationships within terminal taxa and increasing support at basal nodes shown by Irwin *et al*. (1991) when third codon positions are excluded from the analysis. For instance, basal nodes 1, 14, 15, 19 and 24 have a strong relative contribution of the third codon in their respective support. If a traditional weighting scheme like "third codon position excluded" was applied in this case, nodes 14 and 19 would disappear and nodes 1 and 24 would have very weak supports (similar when the weighting scheme "no transition at third

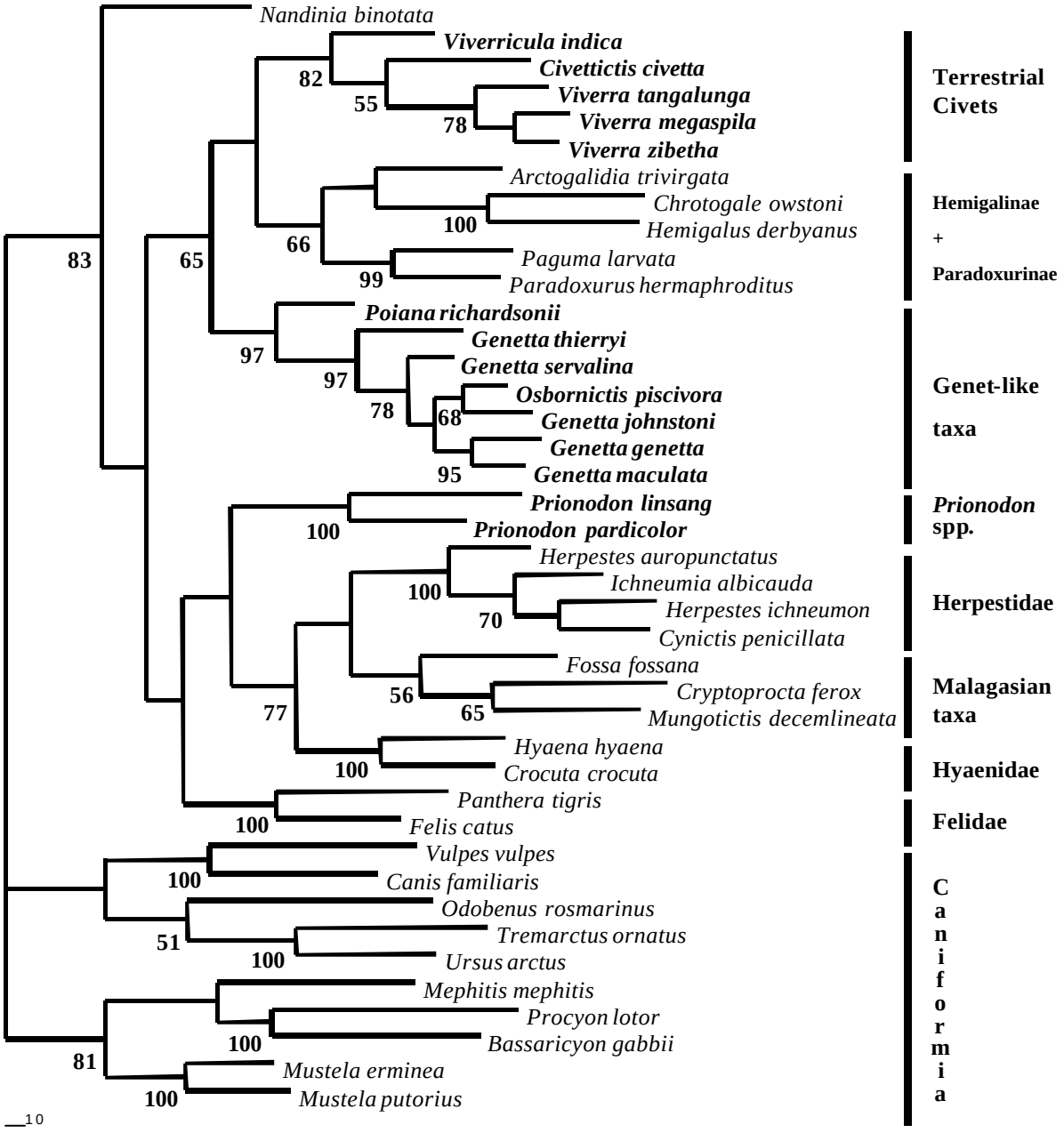


Fig. 3. Maximum likelihood tree based on the analysis of complete cytochrome *b* sequences (GTR + G + I model; modified from Rodriguez et al., 1990). The shape parameter of the gamma distribution (G) is 0.6011 and the assumed proportion of invariable sites (I) is 0.4174. Numbers in bold under branches are boostrap values superior to 50 (100 replicates). The Viverrinae taxa are indicated in bold.

codon position" is applied; trees and data not shown). Incongruence between codon positions within one single gene has already been evidenced as possibly being worse than incongruence between genes (Vidal & Lecointre 1998). When conflicting data subsets are put together in a single phylogenetic analysis, they often produce a different signal and lead to different phylogenetic hypotheses than when isolated (Wiens 1998). Thus, phylogenetic reconstruction for protein-coding genes -in our case, cytochrome b- will be envisaged as an interacting combination of conflicting signals depending on the structuration of the information (Vidal & Lecointre 1998), which is not the case when traditional weighting schemes are applied. Robustness of nodes should be evaluated through the extension of the study and comparison through different types of analysis instead, each method of analysis being sensitive to specific types of bias unique to the data set (Irwin et al. 1991; Hasegawa & Fujiwara 1993).

Molecular phylogeny of the Viverrinae and morphological convergences within Genet-like taxa

The Viverrinae are not monophyletic since the Asiatic Linsangs (*Prionodon* spp.) are excluded from the subfamily, a result found in the three methods of tree reconstruction. Determining whether *Prionodon* is a basal Feliformia (ML tree) or a basal Viverridae (MP and NJ trees) is not possible from the data set used in this study and will require further investigations (Gaubert *et al*. in prep.). Hunt (2001), mainly on the basis of basicranial characters, stated that the position of *Paleoprionodon* was "near the ancestry of only the linsangs and genets", and thus grouped together, under the subfamily Prionodontinae, genera *Paleoprionodon, Prionodon, Poiana* and *Genetta*. Our analysis does not support such a classification but strongly argues for considering *Prionodon* a basal Feliformia or Viverridae not related to any other extant Genet-like taxa. This follows the results of Veron & Heard (2000) and is not conflicting with the phylogenetic hypothesis proposed by Peigné (2000), but contrary to the hypothesis of close relationship between *Prionodon* and *Poiana* (Hunt 1989; Taylor 1989; Bininda-Emonds *et al*. 1999; Hunt 2001; Gaubert *et al*. 2002).

The African Linsang (represented by *Poiana richardsonii*) is the sister-taxon of an African clade *Genetta* + *Osbornictis*, confirming for the first time the hypothesis of morphological convergences leading to similar morphotypes between *Prionodon* and *Poiana* (Gregory & Hellman 1939; Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1993). Shared habitats and ways of life (i.e., rain forest and arboreality) are likely to have selected towards a similar morphotype in the two genera, with hypercarnivorous dentition, shortening of the metapodials

(Taylor 1989; Veron 1999), high relative tail length and convergent spotted coat pattern. Such a high degree of global morphological convergence between remote taxa should be kept in mind when using fossil records as phylogenetic "threshold" (as also concluded by Gregory and Hellman 1939), especially in this group for which characters related to dentition, general shape of the skull, bones involved in locomotion, tail length and coat pattern, seem highly adaptive with regards to extant taxa (Van Valkenburgh 1989; Veron 1995; Ortolani & Caro 1996). The position of *Poiana* as a "primitive" genet is interesting since the representatives of this genus are the only Viverrinae reported to build nests in trees (H.-J. Kuhn, quoted in Nowak 1991) and are the most plantigrade when compared to *Genetta* and *Osbornictis* (Veron, 1999), thus suggesting that *Poiana* may represent a plesiomorphic condition of the recent Genet-like taxa.

The Terrestrial Civets and Genet-like taxa (*Prionodon* excluded) are very strongly supported clades. However, the traditionally accepted sister-relationship between the two groups (see Bininda-Emonds *et al.* 1999) is not evidenced by our results since basal branching between them and the Asiatic clade Paradoxurinae + Hemigalinae is unresolved when considering results of the three analyses.

One of the most important results of our study consists in the inclusion of the Aquatic Genet (*Osbornictis piscivora*) within the *Genetta* clade. The Aquatic Genet is grouped either with *G. johnstoni* or *G. servalina*, and our results strongly argue for considering *Osbornictis* a very derived genet, which adapted piscivory and life near rain forest streams (Allen 1924; Gregory & Hellman 1939) through a drastic modification of its morphotype: sharp dentition, elongated skull shape, coat pattern uniformly rufous-brown and hairs with the ability of collapsing together when in contact with water (PG, pers. obs.). Plantar soles are hairless, but Gaubert *et al*. (2001) showed that the structure of pads was similar to that of *Genetta*. Although the caudal entotympanic bone is very inflated in *Osbornictis*, the characteristics of the auditory bulla is the same as in genets (Gaubert *et al*. 2002). Thus, regarding the results of the molecular phylogenetic analysis and morphological similarities, we follow the assertions of Verheyen (1962) and Stains (1983) in considering that genus *Osbornictis* should be synonymized with *Genetta* (contrary to Van Rompaey 1988).

G. johnstoni, the only representative of subgenus *Paragenetta*, is included in the *Genetta* clade. This species made the genus *Genetta* paraphyletic in a previous morphological analysis related to subfamily Viverrinae (Gaubert *et al*. 2002). Once again, transformed characters due to a peculiar way of life (in this case, insectivory; see Lamotte & Tranier 1983) and related to dentition and general shape of the skull may have misled the morphological

phylogenetic reconstruction. *G. thierryi*, representing subgenus *Pseudogenetta*, is the most basal genet, followed by three taxa with unresolved branching (*O. piscivora, G. johnstoni* and *G. servalina*). The most derived phylogenetic association is constituted by the Small- and Large-spotted Genets (respectively *G. genetta* and *G. maculata*). The position of *G. thierryi* at the base of the genet clade is also supported by shared morphological characters with *Poiana* such as the presence of a central depression between metacarpal pads (Crawford-Cabral 1993), high relative length of the tail, small body size and very light ground coloration, especially on feet (PG, pers. obs.).

The morphological analysis of Gaubert *et al*. (2002) is incongruent with the molecular results since it placed subgenus *Pseudogenetta* as the most derived taxon within genets. On the contrary, our results suggest that *G. genetta* and *G. maculata,* both inhabiting open habitats, constitute the most derived clade within genus *Genetta*. The highly significant incongruence between the topologies of our cytochrome *b* tree and the morphological tree of Gaubert *et al*. (2002) makes us consider that a high amount of homoplasy might be conveyed by the morphological data set when dealing with the Viverrinae. Such a homoplasy might be misleading when reconstructing phylogenetic relationships, as already suggested by Gregory & Hellman (1939), Veron (1995) and Veron & Heard (2000). From the topology of our molecular phylogeny and morpho-anatomical works (Pocock 1915; Hunt 1991; 2001; Hunt & Tedford 1993; Gaubert *et al*. in prep.), some morphological structures can however be considered as more conserved within Viverridae, i.e. less likely to be subject to convergence, like the basicranium (especially the auditory region), pads and perineal glands. These could be an appropriate and useful material for specifically questioning Viverridae evolution when morphological approaches have to be undertaken again (Wozencraft *et al*. in prep.).

Conclusion

Our analysis confirms that traditional assertions related to the classification and phylogenetic relationships within Viverrinae (see Bininda-Emonds *et al*. 1999) have to be definitely reconsidered, as exemplified by the exclusion of *Prionodon* of the subfamily. Genus *Poiana,* sister-taxon of genus *Genetta,* should be maintained given its high morphological divergence with the morphotypes of the genets (including the Aquatic Genet). On the contrary, genus *Osbornictis* should be abandoned and synonymized with *Genetta*. Subgenera within genus *Genetta* should be abandoned too, and *G. johnstoni* considered a "valid" genet. Our molecular-based study allowed us to identify or confirm some

morphological structures apparently slightly subject to homoplasy, such as the basicranium and auditory region, and the general structure of pads as well as perineal glands. The members of the African clade grouping *Poiana* and *Genetta* (including former *Osbornictis*) have their first clearly assigned fossil record dated from 5.0 Ma in Africa (genus *Genetta*; Hunt 1996). A recent African radiation within the *Genetta* clade may have been the cause of the current pattern of diversification and putative adaptive speciation observed throughout Africa. However, the scenario might be more complex since it was probably combined with relatively ancient speciation events occurring in rain forest (Gaubert *et al*. 2002). Cytochrome *b* proved to be useful in recovering the phylogenetic relationships of terminal taxa, but mostly failed in supporting basal branching among Viverridae and Feliformia. Since many taxa among Viverrinae have no fossil record (e.g., *Poiana, Prionodon, Osbornictis*), the phylogenetic hypotheses established here will have to be tested using a more exhaustive data set and other comparative material, and compared with biogeographical data in order to clearly delimit Viverrinae *sensu stricto* and question their origin and diversification on both African and Asian continents.

Acknowledgments

We are very grateful to the following people and organizations for their contribution and for having kindly supplied samples: T. Roth (Cincinatti Zoo and Botanical Garden, USA); J. Waltson (WCS, Cambodia); S. Lavoué, V. Volobouev, J-P. Hugot, and A-M. Drieux-Dumont (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France); A. Dunham (Stony Brook University, New York, USA); L. Granjon and B. Sicard (I.R.D. Bamako, Mali); D. Guérineau (Zoorama de Chizé, France); I. Parker (Kenya); P. Taylor (Durban Natural Science Museum, RSA); L. Grassman (Texas A&M University, Kingsville, USA); S. Goodman and L. Heaney (Field Museum of Natural History, Chicago, USA); S. Heard (University of Cambridge, United Kingdom); P. Martelli (Singapore Zoological Gardens, Singapore); R. Wayne (University of California, Los Angeles, USA); J. Patton (University of California, Berkeley, USA); B. Burgess, J. Martenson and R. Benveniste (N.I.H., Frederick, USA); F. Catzeflis (University of Montpellier, France); M. Gallet (Montpellier Zoo, France); P. Gaucher; C. & T. Stuart (African-Arabian Wildlife Research Centre, RSA); F. Palomares (Biological Station of Donana, Spain). Guillaume Lecointre, Nicolas Vidal, Peter J. Taylor, Eric Pasquet, Véronique Barriel and Pierre Deleporte provided invaluable comments on the early drafts of the manuscript. We thank Simon Tillier and the Service Commun de Systématique Moléculaire

(CNRS IFR 1541, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris) for supporting our molecular work. Annie Tillier, Céline Bonillo and Josie Lambourdière kindly helped in the sequencing activities. This paper is a contribution of E.A. 2586 "Systématique et évolution des vertébrés tétrapodes".

References

Allen, J. A. (1924). Carnivora collected by the American Museum Congo Expedition. *Bulletin of the American Museum of Natural History, 47,* 73-281.

Andrews, T. D., Jermiin, L. S. & Easteal, S. (1998). Accelerated evolution of cytochrome *b* in simian primates: adaptive evolution in concert with other mitochondrial proteins? *Journal of Molecular Evolution, 47*, 249-257.

Arnason, U., Bodin, K., Gullberg, A., Ledje, C. & Mouchaty, S. (1995). A molecular view of pinniped relationships with particular emphasis on the true seals. *Journal of Molecular Evolution, 40,* 78-85.

Baker, R. H. & DeSalle, R. (1997). Multiple sources of character information and the phylogeny of Hawaiian Drosophilids. *Systematic Biology, 46,* 654-673.

Bininda-Emonds, O. R. P., Gittleman, J. L. & Purvis, A. (1999). Building large trees by combining phylogenetic information: a complete phylogeny of the extant Carnivora (Mammalia). *Biological Review, 74,* 143-175.

Björklund, M. (1999). Are third positions really that bad? A test using vertebrate cytochrome *b*. *Cladistics, 15,* 191-197.

Bremer, K. (1988). The limits of amino acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution, 42,* 795-803.

Crawford-Cabral, J. (1981). The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolletim de Sociedad Portuguesa do Ciênçao Naturale, 20,* 97-114.

Crawford-Cabral, J. (1993). A comment on the systematic position of *Poiana*. *Small Carnivore Conservation, 9,* 8.

Crawford-Cabral, J. & Pacheco, A. (1992). Are the Large-spotted and the Rusty-spotted genets separate species (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*)?. *Garcia de Orta, Séria de Zoologia, 16,* 7-17.

Dragoo, J. W. & Honeycutt, R L. (1997). Systematics of mustelid-like carnivores. *Journal of Mammalogy, 78,* 426-443.

Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution, 39,* 783-791.

Flynn, J. J. & Nedbal, M. A. (1998). Phylogeny of the Carnivora (Mammalia): congruence vs incompatibility among multiple data sets. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 9,* 414-426.

Flynn, J. J., Nedbal, M. A., Dragoo, J. W. & Honeycutt, R. L. (2000). Whence the Red Panda? *Molecular Phylogenetics and Evolution, 17,* 190-199.

Gaubert, P. & Veron, G. in press. Viverrinae profile. In J. Kingdon & T. Butynski (Eds) *The Mammals of Africa. Vol. 4. Carnivora, Pinnipedia, Pholidota, Tubulidentata, Hyracoidea, Proboscidea, Sirenia, Perissodactyla.* Oxford: Academic Press.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. 2001. An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the aquatic genet. In C. Denys, L. Granjon & A. Poulet (Eds) *African Small Mammals* (pp. 81-89). Paris: IRD ed., collection Colloques et séminaires.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. (2002). Genets and « genet-like » taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zoological Journal of the Linnean Society, 134,* 317-334.

Gray, J. (1864). A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proceedings of the Zoological Society of London, 1864,* 502-579.

Graybeal, A. (1998). Is it better to add taxa or characters to a difficult phylogenetic problem? *Systematic Biology, 47,* 9-18.

Gregory, W. K. & Hellman, M. (1939). On the evolution and major classification of the civets (Viverridae) and allied fossil and recent Carnivora: a phylogenetic study of the skull and dentition. *Proceedings of the American Philosophical Society, 81,* 309-392.

Griffiths, C.S. (1997). Correlation of functional domains and rates of nucleotide substitution in cytochrome *b*. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 7,* 352-365.

Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium, Series 41,* 95-98.

Hansen, J. A., Willerslev, E., Wiuf, C., Mourier, T. & Arctander, P. (2001). Statistical evidence for miscoding lesions in ancient DNA templates. *Molecular Biology and Evolution, 18,* 262-265.

Hardy, C., Casane, D., Vigne, J. D., Callou, C., Dennebouy, N., Mounolou, J. C. & Monnerot, M. (1994). Ancient DNA from Bronze Age bones of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Experientia, 50,* 564-570.

Hasegawa, M. & Fujiwara, M. (1993). Relative efficiencies of the maximum likelihood, maximum parsimony, and neighbor-joining methods for estimating protein phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 2,* 1-5.

Hassanin, A., Lecointre, G. & Tillier, S. (1998). The 'evolutionary signal' of homoplasy in protein-coding gene sequences and its consequences for a priori weighting in phylogeny. *Comptes-Rendus de l'Académie des Sciences de Paris, Sciences de la Vie, 321,* 611-620.

Hassanin, A. & Douzery, E. (1999). Evolutionary affinities of the enigmatic saola (*Pseudoryx nghetinhensis*) in the context of the molecular phylogeny of Bovidae. *Proceedings of the Royal Society of London B, 266,* 893-900.

Hillis, D. M. 1991. Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. In M. M. Miyamoto & J. Cracraft (Eds.) *Phylogenetic analysis of DNA sequences* (pp. 278-294). Oxford: Oxford University Press.

Hillis, M. H. (1998). Taxonomic sampling, phylogenetic accuracy, and investigator bias. *Systematic Biology, 47,* 9-18.

Hosoda, T., Suzuki, H., Harada, M., Tsuchiya, K., Han, S. H., Zhang, Y., Kryukov, A. P. & Lin, L. K. (2000). Evolutionary trends of the mitochondrial lineage differentiation in species of genera *Martes* and *Mustela*. *Genes & Genetic Systems, 75,* 259-267.

Howell, N. (1989). Evolutionary conservation of protein regions in the proton-motive cytcohrome *b* and their possible roles in redox catalysis. *Journal of Molecular Evolution, 29,* 157-169.

Hunt, R. M. Jr. (1987). Evolution of the Aeluroid Carnivora: significance of auditory structure in the Nimravid Cat *Dinictis*. *American Museum Novitates, 2886,* 1-74.

Hunt, R. M. Jr. (1989). Evolution of the Aeluroid Carnivora: significance of the ventral promontorial process of the petrosal, and the origin of basicranial patterns in the living families. *American Museum Novitates, 2930,* 1-32.

Hunt, R. M. Jr. (1991). Evolution of the aeluroid Carnivora: Viverrid affinities of the Miocene carnivoran *Herpestides*. *American Museum Novitates, 3023,* 1-34.

Hunt, R. M. Jr. 1996. Biogeography of the Order Carnivora. In J. L. Gittleman (Ed.) *Carnivore behavior, Ecology and Evolution. Vol. 2* (pp. 485-451). New York: Cornell University Press.

Hunt, R. M. Jr. (2001). Basicranial anatomy of the living Linsangs *Prionodon* and *Poiana* (Mammalia, Carnivora, Viverridae), with comments on the early evolution of Aeluroid carnivorans. *American Museum Novitates, 3330,* 1-24.

Hunt, R. M. Jr. & Tedford, R. H. 1993. Phylogenetic relationships within the Aeluroid Carnivora and implications of their temporal and geographic distribution. In F. S. Szalay, M. J. Novacek & M. C. MacKenna (Eds) *Mammal phylogeny: Placentals* (pp. 53-73). New York: Springer-Verlag.

Irwin, D. M. & Arnason, U. (1994). Cytochrome *b* gene of marine mammals: phylogeny and evolution. *Journal of Mammalian Evolution, 2,* 37-55.

Irwin, D. M., Kocher, T. D. & Wilson, A. C. (1991). Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. *Journal of Molecular Evolution, 32,* 128-144.

Ishiguro, N., Nakajima, A., Terai, S., Horiuchi, M. & Shinagawa, M. (2000). Multiple nuclear pseudogenes of mitochondrial DNA exist in the canine genome (unpublished; direct submission to GenBank).

Jermiin, L. S., Graur, D., Lowe, R. M. & Crozier, R. H. (1994). Analysis of directional mutation pressure and nucleotide content in mitochondrial cytochrome *b* genes. *Journal of Molecular Evolution, 39,* 160-173.

Källersjo, M., Albert, V. A. & Farris, J. S. (1999). Homoplasy *increases* phylogenetic structure. *Cladistics, 15,* 91-93.

Kingdon, J. (1977). *East african Mammals: an atlas of evolution in Africa. Vol. III-A*. London: Academic Press.

Kishino, H. & Hasegawa, M. (1989). Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea. *Journal of Molecular Evolution, 29,* 170-179.

Kocher, T. D., Thomas, W. K., Meyer, A., Edwards, S. V., Paabo, S., Villablanca, F. X. & Wilson, A. C. (1989). Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 86,* 6196-6200.

Koepfli, K. P. & Wayne, R. K. (1998). Phylogenetic relationships of otters (Carnivora: Mustelidae) based on mitochondrial cytochrome *b* sequences. *Journal of Zoology, 246,* 401-416.

Lamotte, M. & Tranier, M. (1983). Un spécimen de *Genetta (Paragenetta) johnstoni* collecté dans la région du Nimba (Côte d'Ivoire). *Mammalia, 47,* 430-432.

Ledje, C. & Arnason, U. (1996). Phylogenetic analysis of complete cytochrome *b* genes of the order Carnivora with particular emphasis on the Caniformia. *Journal of Molecular Evolution, 42,* 135-144.

Masuda, R., Yoshida, M. C., Shinyashiki, F. & Bando, G. (1994). Molecular phylogenetic status of the Iriomot Cat *Felis iriomotensis*, inferred from mitochondrial DNA sequence analysis. *Zoological Sciences, 11,* 597-604.

Masuda, R., Lopez, J. V., Pecon Slattery, J., Yuhki, N. & O'Brien, S. J. (1996). Molecular phylogeny of mitochondrial cytochrome *b* and 12 S rRNA sequences in the Felidae: Ocelot and Domestic Cat lineages. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 6,* 351-365.

Meyer, A. (1994). Shortcomings of the cytochrome *b* gene as a molecular marker. *T.R.E.E., 9,* 278-280.

Mivart, S.-G. (1882). On the classification and distribution of the Ailuroidea. *Proceedings of the Zoological Society of London, 1882,* 135-208.

Nowak, R. M. (1991). *Mammals of the World. Vol. II*. Baltimore & London: The Johns Hopkins University Press.

Ortolani, A. & Caro, T. 1996. The adaptive significance of colour patterns in Carnivores: phylogenetic tests of classic hypothesis. In J. L. Gittleman (Ed) *Carnivore behavior, ecology and evolution. Vol. 2* (pp. 132-188). New York: Cornell University Press.

Peigné, S. (2000). *Systématique et évolution des Feliformia (Mammalia, Carnivora) du Paleogene d'Eurasie*. Unpubl. PhD thesis, Université de Poitiers, France, 395 p.

Philippe, H. (1993). MUST: a computer package of management utilities for sequences and trees. *Nucleic Acids Research, 21,* 5264 – 5272.

Philippe, H., Lecointre, G., Hoc Lanh Van Le & Le Guyader, H. (1996). A critical study of homoplasy in molecular data with the use of a morphologically based cladogram, and its consequences for character weighting. *Molecular Biology and Evolution, 13,* 1174-1186.

Pocock, R. I. (1915). On the feet and glands and other external characters of the Viverrinae, with the description of a new genus. *Proceedings of the Zoological Society of London, 1915,* 131-149.

Pocock, R. I. (1929). Carnivora [14th ed.]. *Encyclopedia Britannica, 14,* 896-900.

Pocock, R. I. (1933). The rarer genera of Oriental Viverridae. *Proceedings of the Zoological Society of London, 1933,* 969-1035.

Posada, D. & Crandall, K. A. (1998). MODELTEST: testing the model of DNA substitution, *Bioinformatics Applied Note, 14,* 817-818.

Rodriguez, F., Oliver, J. F., Marin, A. & Medina, J. R. (1990). The general stochastic model of nucleotide substitution. *Journal of Theoretical Biology, 142,* 485-501.

Rosevear, D. R. (1974). *The Carnivores of West Africa*. London, Trustees of the British Museum (N.H.).

Rychlik, W. 1992. OLIGO 4.0 - *OLIGO Primer Analysis Software*. Plymouth: National Biosciences.

Schlawe, L. (1981). Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zoologische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde in Dresden, 37,* 85-182.

Simpson, G. G. (1945). The principles of classification and a classification of Mammals. *Bulletin of the American Museum of Natural History, 85,* 1-350.

Sorenson, M. D. 1999. TreeRot. *Version 2*. Boston: Boston University.

Stains, H. J. (1983). Calcanea of members of the Viverridae. *Bulletin of the South California Academy of Sciences, 82,* 17-38.

Swofford, D. L. 2001. PAUP*: *Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods). Beta version 4.0b2*. Sunderland: Sinauer Associates.

Talbot, S. L. & Shields, G. F. (1996). A phylogeny of the bears (Ursidae) inferred from complete sequences of three mitochondrial genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 5,* 567-575.

Taylor, M. E. (1989). Foot structure and phylogeny in the Viverridae (Carnivora). *Journal of Zoology, 216,* 131-139.

Theilard de Chardin, P. (1915). Les Carnassiers des Phosphorites du Quercy. *Annales de Paléontologie, 9,* 103-191.

Van Rompaey, H. (1988). *Osbornictis piscivora*. *Mammalian species, 309,* 1-4.

Van Valkenburg, B. 1989. Carnivore dental adaptations and diet: a study of trophic diversity within guilds. In J. L. Gittleman (Ed.) *Carnivore behavior, ecology and evolution* (pp. 410-436). New York and London: Cornell University Press.

Verheyen, W. (1962). Quelques notes sur la zoogéographie et la crâniologie d'*Osbornictis piscivora* Allen, 1919. *Revue de Zoologie et de Botanique Africaines, 65,* 121-128.

Veron, G. (1995). La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia, 59,* 551-582.

Veron, G. (1999). Pads morphology in the Viverridae (Carnivora). *Acta Theriologica, 44,* 363-376.

Veron, G. & Catzeflis, F. (1993). Phylogenetic relationships of the endemic Malagasy Carnivore *Cryptoprocta ferox* (Aeluroidea): DNA/DNA hybridization experiments. *Journal of Mammalian Evolution, 1,* 169-185.

Veron, G. & Heard, S. (2000). Molecular systematics of the Asiatic Viverridae (Carnivora) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence analysis. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 38,* 209-217.

Vidal, N. & Lecointre, G. (1998). Weighting and congruence: a case study based on three mitochondrial genes in Pitvipers. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 9,* 366-374.

Vrana, P. B., Milinkovitch, M. C., Powell, J. R. & Wheeler, W. C. (1994). Higher level relationships of the Arctoid Carnivora based on sequence data and "Total evidence". *Molecular Phylogenetics and Evolution, 3,* 47-58.

Wayne, R. K., Benveniste, R. E., Janczewski, D. N. & O'Brien, J. O. 1989. Molecular and biochemical evolution of the Carnivora. In J. L. Gittleman (Ed) *Carnivore behavior, ecology and evolution* (pp. 465-498). New York and London: Cornell University Press.

Wenzel, E. & Haltenorth, T. (1972). System der Schleichkatzen (Viverridae). *Säugetierkunde Mitteilungen, 20,* 110-127.

Wiens, J. J. (1998). Combining data sets with different phylogenetic histories. *Systematic Biology, 47,* 568-581.

Wozencraft, W. C. 1993. Order Carnivora. In D. E. Wilson & D. M. Reeder (Eds) *Mammal species of the world – A taxonomic and geographic reference* (pp. 279-348). Washington & London: Smithsonian Institution Press.

Wurster, D. H. & Benirschke, K. (1968). Comparative cytogenetic studies in the order Carnivora. *Chromosoma, 24,* 336-382.

Zhang, Y.-P. & Ryder, O. A. (1993). Mitochondrial DNA sequence evolution in the Arctoidea. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 90,* 9557-9561.

. Synthèse et commentaires

Notre analyse phylogénétique basée sur les séquences de cytochrome *b* soutiennent des regroupements très incongruents avec les relations de parenté proposées par l'analyse morphologique, mais aussi par rapport aux données traditionnelles de la littérature. La genette aquatique, *Osbornictis piscivora*, est clairement incluse dans le clade des genettes, le genre *Osbornictis* devant par là même être abandonné (mise en synonymie avec le genre *Genetta*). La genette de Johnston, *G. johnstoni*, est également retrouvée au sein du clade des genettes, la monophylie du genre *Genetta* tel que nouvellement défini (i.e. incluant la genette aquatique) étant très fortement soutenue. Le cytochrome *b* délivre également un signal très clair en ce qui concerne la position du linsang africain *Poiana richardsonii*, groupe-frère de *Genetta*. Les linsangs asiatiques sont, quant à eux, très éloignés des genettes et autres « Genet-like taxa », et sont exclus des Viverrinae, avec toutefois une position basale irrésolue. La monophylie des civettes terrestres est très fortement soutenue, mais leur relation, au sein des Viverridae *sensu stricto* (i.e. excluant les taxons malgaches et *Nandinia binotata*) avec le clade des genettes et des Hemigalinae + Paradoxurinae n'est pas résolue. Cette première étude met en évidence l'homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques notamment liés au pelage et à la denture, mais aussi pour des caractères que l'on aurait pu penser moins adaptatifs comme ceux relatifs à l'ultrastructure des poils et au crâne. L'arbre du cytochrome *b* suggère des phénomènes de convergence morphologique globale très importants entre les linsangs africains et asiatiques, dont la relation de groupes-frères n'est absolument pas supportée par notre jeu de données. Il illustre également un phénomène de divergence morphotypique très poussé avec l'inclusion au sein du clade *Genetta* de la genette aquatique, atypique de par son pelage uni et roux, sa queue sombre et non annelée, et son crâne et sa denture transformés (adaptation à la vie semi-aquatique et au régime piscivore). L'absence de données fossiles relatives aux « Genet-like taxa », et une apparition des genettes datée du Pliocène laissent supposer des évènements de spéciation relativement récents pour les membres du clade *Poiana – Genetta*. Toutefois, la saturation du cytochrome *b* aux nœuds basaux et les conflits de signaux entre les positions de codon 1-2 et 3 ne permettent ni d'établir la position des linsangs asiatiques au sein des Feliformia, ni de tester la monophylie des Viverrinae *sensu stricto* (i.e. excluant le genre *Prionodon*).

Aussi, un marqueur nucléaire, l'intron I de la transthyrétine, plus conservé, a été utilisé dans le cadre d'une seconde analyse, afin de répondre non seulement aux problématiques précédemment évoquées, mais aussi de confirmer les résultats obtenus à partir du cytochrome *b*, gène mitochondrial. La matrice d'alignement est donnée en Annexe XII.

2.a.3. Article 8

Exhaustive sample set among Viverridae reveals the sister-group of felids: the Linsangs as a case of extreme morphological convergence within Feliformia

P. Gaubert, G. Veron

Soumis à

Proceedings of the Royal Society of London, Biological Sciences

Exhaustive sample set among Viverridae reveals the sister-group of felids: the Linsangs as a case of extreme morphological convergence within Feliformia

Philippe Gaubert and Géraldine Veron

Département Systématique et Evolution - Unité Origine, structure et évolution de la Biodiversité - Zoologie : Mammifères & Oiseaux - Muséum National d'Histoire Naturelle - 55, rue Buffon - F-75005 Paris - France

Summary - Taxonomic boundaries of the problematic family Viverridae have been lately clarified. However, a recent phylogenetic investigation based on cytochrome *b* (cytb) has excluded the Asiatic Linsangs (genus *Prionodon*) from the family. In order to assess the phylogenetic position of the Asiatic Linsangs within Feliformia, we used an exhaustive taxonomic sample set with cytb and newly produced transthyretin intron I sequences (TR-i-I). TR-i-I alone and cytb + TR-i-I combined (maximum likelihood analysis) highly support the Asiatic Linsangs as sister-group of Felidae. The estimation of minimum divergence dates from molecular data suggests a splitting event around 33.3 Myr, which rises historical assertions considering the Asiatic Linsangs to be "living fossils" that share a plesiomorphic morphotype with the Oligocene feliform *Paleoprionodon*. The African Linsang is estimated to appear more than 20 Myr later and is sister-group of genus *Genetta*. Our phylogenetic results illustrate numerous morphological convergences of "diagnostic" characters among Feliformia that might be problematic for the identification of fossil taxa. The morphotype re-appearance from the Asiatic to the African Linsangs suggests that the genome of the Feliformia conserved its potential ability of expression for a peculiar adaptive phenotype throughout evolution, in this case arboreality and hypercarnivory in tropical forest.

Key words: Viverridae – *Prionodon* – Felidae – transthyretin intron I – phylogeny – morphological convergence.

1. INTRODUCTION

The phylogeny of the problematic family Viverridae has been clarified by recent molecular studies (Veron & Catzeflis 1993; Flynn & Nedbal 1998; Veron & Heard 2000; Yoder *et al*. 2003). The family, as traditionally delimited (Simpson 1945; Wozencraft 1989), is polyphyletic, with *Nandinia* sister-group of the other Feliformia, and Malagasy 'viverrids' and 'mongooses' forming a clade sister-group of Herpestidae. A preliminary phylogenetic investigation based on cytochrome *b* (cytb) and focused on African taxa has excluded the Asiatic Linsangs (genus *Prionodon*) from the Viverridae, thus questioning again the monophyly of the family (Gaubert *et al*. submitted). However, the phylogenetic position of *Prionodon* within Feliformia remains unresolved.

The Asiatic Linsangs are traditionally included under the "Genet-like taxa" in the subfamily Viverrinae. The latter consists of an assemblage of dissimilar mesopredator morphotypes from the large, digitigrade and mainly terrestrial Civets, to the slender and semi-digitigrade Genets and Genet-like taxa (Taylor 1988; Veron 1999), distributed in the Afro-Asian intertropical zone and adapted to almost all terrestrial habitats (Nowak 1999). Recent phylogenetic investigations based either on morphology or DNA did not support the monophyly of the Viverrinae (Veron 1995; Veron & Heard 2000; Gaubert *et al.* 2002). Genus *Prionodon* shares a global morphological similarity with the African Linsangs (genus *Poiana*), including a very similar spotted coat pattern, a small and rounded skull (figure 1), a hypercarnivorous dentition and an absence of M^2 (Wozencraft 1984). Phylogenetic relationships between Genets (genus *Genetta*) and Linsangs are poorly understood, and have not been questioned in an exhaustive evolutionary framework since the work of Gregory & Hellman (1939). Asiatic and African Linsangs were first placed in the tribe Prionodontini (Gray 1864; Mivart 1882), but subsequent authors considered *Poiana* a "primitive" genet, which had acquired a morphotype similar to *Prionodon* by convergence due to their common way of life in tropical rain forests of both continent (Gregory & Hellman 1939; Simpson 1945; Rosevear 1974; Crawford-Cabral 1981; Crawford-Cabral 1993). In addition, *Prionodon* shares similarities with both Viverrinae and Felidae (Horsfield 1821; Veron 1995; Hunt 2001) that several authors have also considered to be evolutionary convergences (Gray 1864; Pocock 1933; Gregory & Hellman 1939). Alternatively, *Prionodon* shares a similar morphology of the basicranial region with Oligocene fossils of Feliformia like the quite similar *Paleoprionodon*, but also *Proailurus* (Teilhard de Chardin 1915; Gregory & Hellman 1939; Veron 1995; Hunt 2001). Recently, Hunt (2001) suggested that the transformation of bullar elements observed from *Paleoprionodon* to the Linsangs may constitute a morphocline

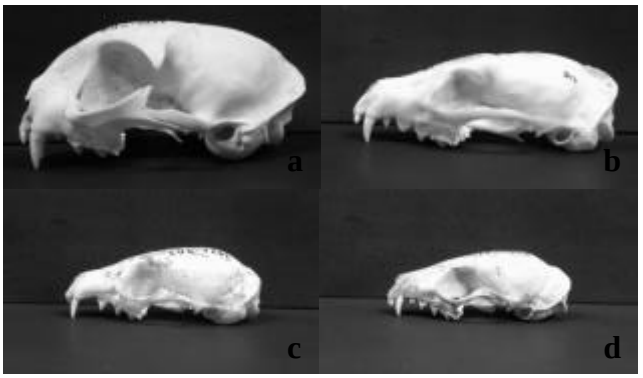


Figure 1. Skulls in lateral view of (a) *Felis silvestris* (MNHN 1995-443), (b) *Genetta genetta* (MNHN 1995-417), (c) *Poiana richardsonii* (MNHN 1976-389) and (d) *Prionodon pardicolor* (MNHN 1929-424). The greatest condylo-basal length of *Prionodon pardicolor* (b) is 669 mm. MNHN = Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris (France).

and thus grouped them in the subfamily Prionodontinae together with *Genetta*. However, the fossil data are not helpful since both Asiatic and African Linsangs have no fossil records (McKenna & Bell 1997). The major classifications currently in use include *Prionodon* within the Viverrinae under the monogeneric tribe Prionodontini (Gray 1864; Simpson 1945; Wozencraft 1989).

Although material for DNA investigations is difficult to obtain in the case of the rare Genet-like taxa, we managed to sample an exhaustive taxonomic sample set in order to investigate in a 'Feliformia framework' the phylogenetic relationships of the Asiatic Linsangs. In this purpose, we enriched our data set with new sequences of the Transthyretin Intron I (TR-i-I), a nuclear gene already successfully used for questioning the deep relationships within the order Carnivora (Flynn & Nedbal 1998; Flynn *et al.* 2000; Yoder *et al.* 2003). On the basis of the obtained phylogeny and estimations of divergence times, the high morphological convergence evidenced among Feliformia and its implications on the interpretation of fossil record are discussed.

2. MATERIALS AND METHODS

(a) *Taxonomic sampling*

The TR-i-I data matrix represents 29 species of Carnivores consisting of 13 species of Viverrinae (the seven genera are represented) and three species representing two other subfamilies of Viverridae (Paradoxurinae: *Paradoxurus, Paguma* and Hemigalinae: *Chrotogale*). Taxonomically problematic species among 'viverrids', such as *Nandinia binotata* and *Cryptoprocta ferox*, were also considered. At least one species belonging to the

three other families of Feliformia were included (two Herpestidae, one Hyaenidae and two Felidae). All four families of Caniformia were represented and used as outgroups. DNA extracts were obtained from fresh tissue, hair samples or tooth material (in the case of *G. piscivora*).

***(b)* DNA extraction and sequencing**

Total genomic DNA was prepared following standard methods (Kocher et al. 1989). The amplification of TR-i-I was performed with a set of 16 new specific primers designed from available sequences of Viverridae and Herpestidae (Flynn & Nedbal 1998) using Oligo 4.0 (Rychlik 1992). Oligonucleotide primers are listed with U and L referring to upper and lower strands. The numbers correspond to the 5' first position of primer on the aligned sequences of Viverridae and Herpestidae. Squared brackets indicate pairs: [VIVN1U 5' -GAT GAA GTA GAA GTG CCT- 3'; VIVN504L 5' -CAC AGG ACC AAA TAG TT- 3'] [VIVN504U 5' -ACA AAC TAT TTG GTC CTG TG- 3'; VIVN807L 5' -CAG TGA GAG GTC AAC GAA- 3'] [VIVN28U 5' -TCT GCC AGY CAG CTT GTG T- 3'; VIVN30U 5' -GCC AGC CAG CTT GTG TAM T- 3'; VIVN543L 5' -GCC TTG CCA TTT GAG TGG A- 3'] [VIVN486U 5' -AAA WGT TCT CAG GAA AAA CA- 3'; VIVN750L 5' -AAC AAG GCA ARA AGT CCA T- 3'] [VIVN2U 5' -GAC GAA GGA GAA GTG- 3'; VIVN812L 5' -CCA GTG ACA GGT CAA- 3'] [OSB175U 5' -CAC TGR GTT TMC CGT GCC T- 3'; OSB341L 5' -GTW GTC CRT CCA GCC TTT C- 3'] [OSB339U 5' -TTG AAA GGC TGG AYG GAC- 3'; OSB508L 5' -TGC CAC ARG ACC AAR TAG- 3'] [HERP5U 5' -AAG TAG CAR TGY CTT MCT C- 3'; HERP459L 5' -ACT GCY GCT RTA GTA ATT C- 3']. Reaction parameters for amplification are described in Veron & Heard (2000). We used variable temperatures of annealing (48-52°C) and numbers of cycles (40-50), depending on the primer pairs. The reaction products were visualized in a 1,5 % agarose gel, then either purified directly from the PCR mixture or from agarose gel (MinElute PCR Kit), and sequenced directly in both forward and reverse directions with an automated DNA sequencer (CEQ 2000 DNA Analysis System, Beckman). Nucleotidic sequences were obtained manually in the case of G. piscivora. The 17 new sequences of TR-i-I have been deposited at GenBank with the following accession numbers: *Prionodon pardicolor* AY23261; *Herpestes ichneumon* AY232611; *Cryptoprocta ferox* AY232612; *Nandinia binotata* AY232613; *Chrotogale owstoni* AY232614; *Paguma larvata* AY232615; *Viverra zibetha* AY232616; *Viverra megaspila* AY232617; *Viverricula indica* AY232618; *Civettictis civetta* AY232619; *Poiana richardsonii* AY232620; *Genetta piscivora* AY232621, AY232622 and AY232623;

Genetta johnstoni AY232624; *Genetta thierryi* AY232625; *Genetta servalina* AY232626; *Genetta maculata* AY232627; and *Genetta genetta* AY232628.

(c) *Phylogenetic analyses and data partition*

TR-i-I sequences were first aligned with ClustalX (Thompson *et al.* 1997) using default settings. Sequences were then manually adjusted through BioEdit version 5.0.6 (Hall 1999). Phylogenetic analyses were run under PAUP* Beta version 4.0b2 (Swofford 2001), using maximum parsimony (MP) and maximum likelihood (ML) with heuristic search (TBR branch-swapping - random stepwise addition: 10 replicates). Likelihood models and parameters were estimated using ModelTest version 3.06 (Posada & Crandall 1998). Saturation tests (Hassanin *et al.* 1998; Vidal & Lecointre 1998) were performed using the MUST software (Philippe 1993). Indels -following the definition of Simmons & Ochoterena (2000)- resulting from the alignment of TR-i-I were either excluded or included (as fifth state) in the analyses. Phylogenetic signal value (g1; 100000 random trees) was used as an estimation of the structuring of the signal vs. random noise (Hillis 1991; Hillis & Huelsenbeck 1992).

The combination of TR-i-I and cytb resulted in a matrix of 23 taxa since we considered the species in common between the two data sets only. However, sequences were also combined between representatives of a same genus, namely *Canis familiaris* and *C. lupus, Mustela erminea* and *M. frenata*, *Felis catus* and *F. silvestris*, and *Panthera tigris* and *P. leo*. There has been a long debate about estimating heterogeneity among data partitions and whether or not to combine data sets in a single analysis (Kishino & Hasegawa 1989; Kluge 1989; De Queiroz *et al.* 1995; Miyamoto & Fitch 1995; Huelsenbeck *et al.* 1996; Page 1996; Cunningham 1997). We estimated the conflicts in phylogenetic signals between the two data sets through several methods. The incongruence length difference (ILD; Farris *et al.* 1995) was measured in order not to justify data combination, but to estimate the extent of conflict among data sets (Liu & Miyamoto 1999). Tree comparisons were made in order to statistically test the difference between alternative phylogenetic hypotheses using the test of Kishino-Hasegawa (Kishino & Hasegawa 1989), as implemented in PAUP*. We also measured data partition incongruence by the values of nodal support between conflicting topologies, using bootstrap values (bp; 100 and 1000 replicates in ML and MP analyses, respectively) together with the likelihood ratio test of branch length in ML trees (Felsenstein 1993). We assumed that node support reflects phylogenetic signal (Mason-Gamer & Kellogg 1996; Flynn & Nedbal 1998) and considered values superior to 70 % as strongly supported

(Hillis & Bull 1993; Mason-Gamer & Kellogg 1996). The repeatability of clades observed throughout the different phylogenetic analyses was an additional criterion of node reliability (Springer *et al.* 1999).

(d) ***Estimation of divergence time***

We used the test of Kishino-Hasegawa (Kishino & Hasegawa 1989) in order to test for the significance ($p < 0.05$) in branch length differences between enforced (molecular clock) and non-enforced ML trees. In order to estimate divergence times within a ML framework, we used Rhino, a modified version of the software QDate (Rambaut & Bromham 1998) allowing to take into account more than four taxa, as used in recent works (Cooper *et al.* 2001; Paxinos *et al.* 2002). Rhino provides an estimation of confidence interval for each node that reflects uncertainties occurring in the phylogenetic reconstruction process and stochasticity of the molecular clock (Rambaut & Bromham 1998; Paxinos *et al.* 2002). We used the divergence *Felis - Panthera*, well documented in the fossil record, as the calibration point of our analysis. It is estimated from clearly diagnosable fossil remains at 3 Myr (first occurrence of genus *Panthera*; see Turner 1987; Wayne *et al.* 1991), which corresponds to the minimal divergence date (mdd).

(e) ***Estimation of morphological convergence***

In order to assess the morphological convergence between the Asiatic and African Linsangs, we compared pairwise ML genetic distances (from combined analysis) with morphological "distances". The latter were estimated as the number of different morphological character states between two taxa divided by the total number of characters, on the basis of the morphological matrix of 69 characters produced by Gaubert *et al.* (2002), to which an Asiatic Civet (*Viverra zibetha*) was added. The taxonomic sample set consisted of the Spotted Asiatic Linsang (*Prionodon pardicolor*), the Central African Linsang *(Poiana richardsonii)*, the Aquatic Genet (*Genetta piscivora)*, genus *Felis* (Felidae) and respectively three representatives of Terrestrial Civets (*Civettictis civetta, Viverra zibetha, Viverricula indica*) and genus *Genetta* (*G. johnstoni, G. thierryi, G. genetta*). The correlation between genetic and morphological distances was tested using the coefficient of correlation of Bravais-Pearson (r).

3. RESULTS

(a) *Phylogenetic estimates*

The TR-i-I sequence length varied from 802 (*Chrotogale owstoni*) to 1060 (*Canis lupus*) bp, and the data matrix after alignment was constituted by 1096 characters. Complete sequences were difficult to obtain for two taxa, namely *Genetta piscivora* (tooth material) and *Viverricula indica*, which are represented by nearly 55% of the total bp number. The large 266 bp indel reported to characterize Caniformia (Flynn & Nedbal 1998) is only 228 bp in our alignment and was included in the analysis. The χ^2 test run by Paup detected no significant heterogeneity among base frequencies ($p > 0.999$): A = 0.28078, C = 0.21881, G = 0.19667, T = 0.30374. The data matrix with indel excluded is 775 bp long. Relations between patristic and observed distances are linear for transitions (not saturated). Transversions are not saturated but pairwise distances show a more heteroclite distribution (data not shown). A strong structuring of the signal is present in the TR-i-I data set, indels included or excluded, since the shape of tree-length distribution is clearly left-skewed (g1 = -1.837535 and -1.017820, respectively; $p < 0.01$). The ML analysis used a shape parameter of gamma distribution of 1.9145, indicating a low heterogeneity of rate variation among sites.

The MP and ML analyses of TR-i-I yielded very similar topologies and node supports. Figure 2 shows one of the three equiprobable trees obtained using the ML criteria. As previously reported (Flynn & Nedbal 1998), *Nandinia* appears basal to the other Feliformia. *Cryptoprocta* is sister-taxon to Herpestidae (bp = 100%), whereas *Crocuta* (Hyaenidae) is sister-taxon to the latter clade (bp < 70%). The most striking result of our analysis resides in the highly-supported phylogenetic position of *Prionodon*, which is sister-taxon of Felidae (bp = 98%). The African Linsangs (*Poiana*) shares no close affinities with *Prionodon*, since it is nested in a derived clade as sister-taxon of *Genetta* (bp = 100%). The node defining Terrestrial Civets as sister-group of the clade *Poiana* - *Genetta* is highly supported (bp = 78-95%). The MP analyses strongly support (bp = 76-81%) a sister-relationship between *Viverricula* and *Viverra* (Asiatic Terrestrial Civets), with *Civettictis* (African Terrestrial Civet) as sister-taxon (bp = 99-100%). However, the missing data in the sequence of *V. indica* must temper the support of this hypothesis, especially since relationships are unresolved in the ML strict consensus. The monophyly of Viverridae as newly defined (i.e., excluding *Nandinia, Cryptoprocta* and *Prionodon*) is strongly supported (bp = 90-100%).

The phylogenetic hypotheses resulting from the analysis of cytb had low resolutions at basal nodes mainly due to saturation at third codon position (see Zhang & Ryder 1993; Meyer 1994; and Honeycutt *et al.* 1995), and *Prionodon* occupied an unresolved position among

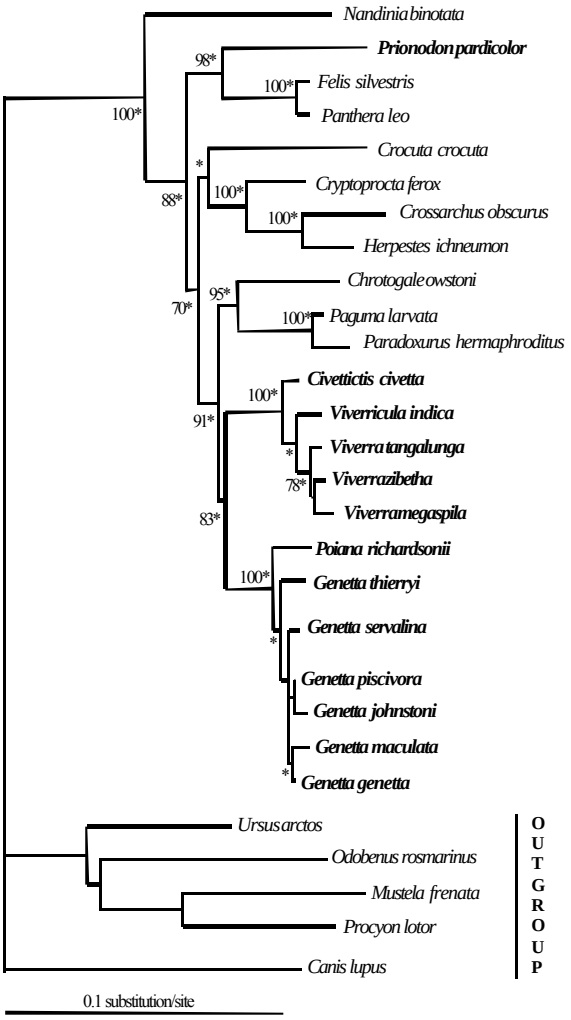


Figure 2. One of the 3 equiprobable maximum likelihood trees (GTR model with Ã rate distribution = 1.9145) illustrating the phylogenetic relationships of the subfamily Viverrinae and based on 775 bp of Transthyretin Intron I sequences (indels excluded; -ln likelihood = 4991.79477). Bootstrap values above 70% are shown at nodes together with an asterisk when branch length is significant. Scale bar corresponds to 10% sequence divergence. Taxa traditionally included in Viverrinae appear in bold.

Feliformia (Gaubert *et al.* submitted). The ILD test revealed incongruence ($p < 0.05$) between TR-i-I and cytb, but the null hypothesis was not rejected -although p value neared the rejection threshold- when excluding indels and the two incomplete sequences of *G. piscivora* and *V. indica* ($p = 0.058$). We then chose to combine the two data sets (indels excluded), all the more since the phylogenetic hypotheses based on the analysis of the separate matrices were the same or did not conflict (low node supports). The signal structuring of the combined matrix was significant and the shape of tree-length distribution left-skewed (g1 = -0.69442; $p < 0.01$). The tree topology based on TR-i-I alone was recovered by the combined analysis using ML criteria (figure 3). Combination of data sets increased the support at node linking

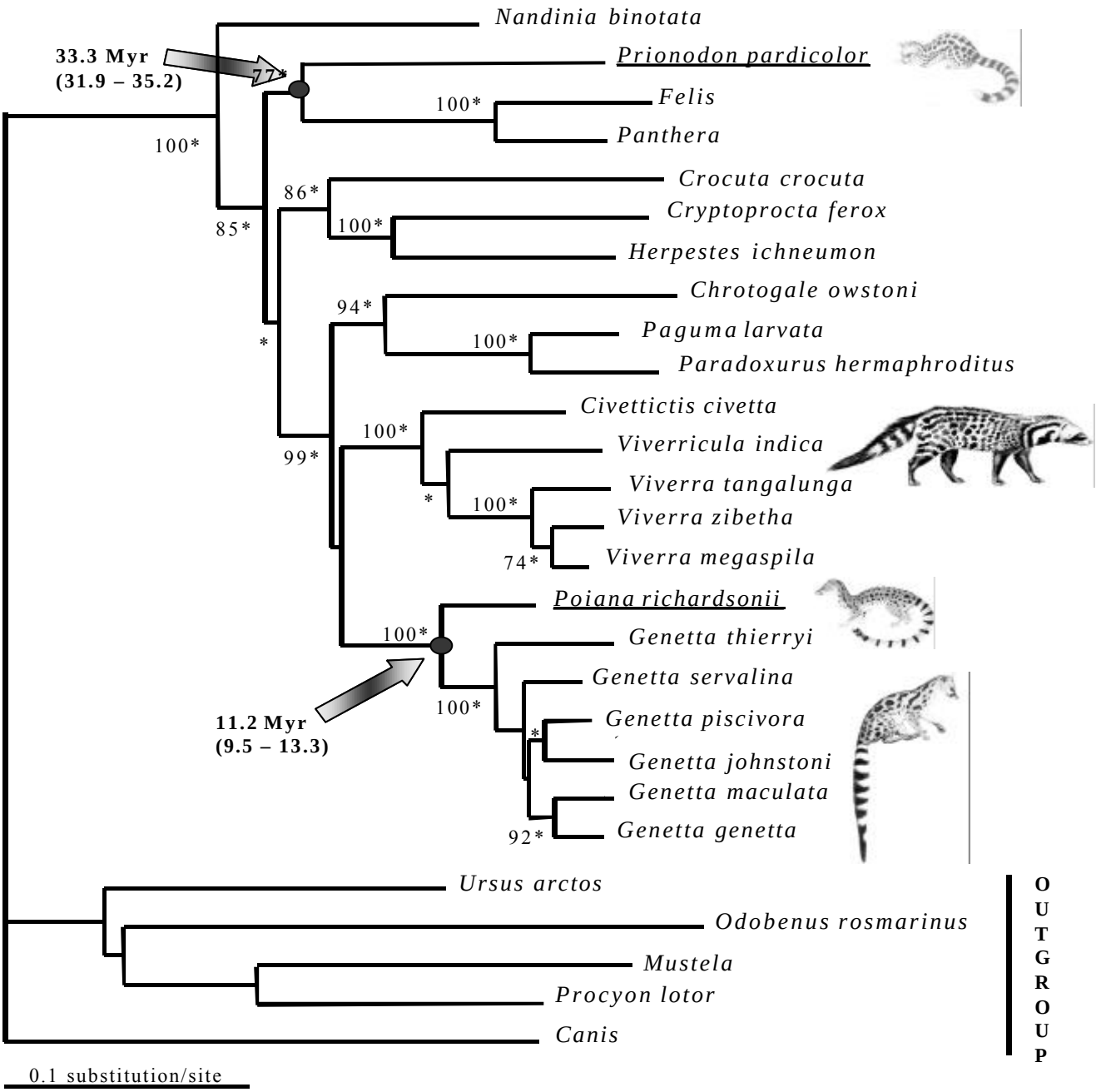


Figure 3. Maximum-likelihood tree (GTR model with Ã rate distribution = 0.3201) based on the 1915-bp combined data set of Transthyretin Intron I and cytochrome *b* sequences (-ln likelihood = 16514.20506). Bootstrap values above 70% are shown at nodes together with an asterisk when branch length is significant. Scale bar corresponds to 10% sequence divergence. Grey circles and arrows indicate nodes and estimates of minimum divergence date (with confidence interval) between 1/ *Prionodon* and Felidae, and 2/ *Poiana* and genets (genus *Genetta*). Genera *Felis, Panthera, Mustela* and *Canis* represent combined sequences from two different species (see Materials and Methods).

Hyaenidae to Herpestidae + *Cryptoprocta* (bp = 86%), whereas it reduced bootstrap values at the node supporting Terrestrial Civets as sister-group of the clade *Poiana* - *Genetta* (< 50%). Although the latter case is isolated, it exemplifies that saturated positions, base composition

biases and heterogeneity in evolutionary rates -characterizing cytb in this case - might cause a lower resolution within the combined analysis tree, even if one of the data set supplies a "clear" phylogenetic signal (De Queiroz *et al.* 1995; Cunningham 1997; Hillis & Bull 1993; Prychitko & Moore 2000). The sister-relationship of the Asiatic Linsangs with felids is recovered (bp = 77%) and strongly supported by five strict synapomorphies (TR-i-I: three transitions and one transversion; cytb: one transversion). Moreover, the test of Kishino-Hasegawa significantly rejected ($p < 0.05$) the phylogenetic hypotheses of *Prionodon* as 1/ sister-taxon of *Poiana* or 2/ sister-taxon of Viverridae, for both TR-i-I and combined trees (data not shown). However, in the latter case, p value was very low but did not reach the rejection threshold for the second hypothesis (0.0741).

(b) ***Divergence times***

The estimations were made with genera *Canis* and *Procyon* as outgroup taxa. The Kishino-Hasegawa test rejected the hypothesis of global molecular clock for the ML trees resulting from the separated analyses ($p < 0.0001$) but did not detect significant branch length differences for the combined analysis ($p = 0.8795$). The ML tree resulting from the combined data set was then used for estimating divergence times with Rhino, using the general time-reversible model (GTR) along with a discrete gamma distribution and invariable site estimates. As a criterion of reliability, our estimates of minimal divergence dates (mdd) for the age of Malagasian taxa (*Cryptoprocta*) were 19.4 (16.5 – 22.7) Myr, which is very congruent with the estimates of Yoder *et al*. (2003). Mdd between taxa of the Viverridae clade (Paradoxurinae, Hemigalinae and Viverrinae without *Prionodon*) is estimated around 23.4 (20.8 - 26.3) Myr, fitting with the fossil record (*Herpestides*; 21 - 23 Myr; Hunt 1991; Hunt 1996). One of the most striking results concerns the mdd estimation between the Asiatic Linsang and Felidae lineages, predicting a split around 33.3 (31.9 - 35.2) Myr, which is antecedent to the dates of appearance of the first fossils representing the Felidae (*Haplogale, Proailurus*: 24-30 Myr; see Ginsburg 1983; Hunt & Tedford 1993) and Viverridae. The African Linsangs are estimated to diverge at 11.2 (9.5 - 13.3) Myr, ca. 20 Myr later than the split between the Asiatic Linsangs and Felidae.

(c) ***Morphological convergence***

The correlation between morphological and ML genetic distances was highly significant for the data sets constituted by Terrestrial Civets / *Felis*, and *Genetta* / *Felis* (respectively, $r = 0.96641$ and 0.92064; $p < 0.01$), indicating strongly correlated distances among Terrestrial

Civets and *Genetta* as well as among these two groups and *Felis*. The extreme morphological convergence between *Poiana* and *Prionodon* was evidenced by a non-significant correlation between morphological and molecular distances when *Poiana* was compared to the entire sample set, i.e. including *Prionodon* ($r = 0.44465$; $p > 0.05$), whereas the correlation was highly significant after the exclusion of the Asiatic Linsang ($r = 0.93173$; $p < 0.001$).

4. DISCUSSION

(a) *The Asiatic Linsangs as the sister-group of felids*

This is the first time that the phylogenetic relationships of the enigmatic Asiatic Linsangs have been established. The placement of *Prionodon* as the sister-group of the family Felidae is strongly supported, both by TR-i-I alone and the combined data set (ML). Strong evidences are provided by the repeatability of clade observed throughout different methods of analysis, high bootstrap supports and unique synapomorphies at node. Horsfield (1821) placed the Asiatic Linsangs within the Felidae as "Prionodontidae" (dixit the author), but all subsequent authors considered morphological similarities between the Asiatic Linsangs and felids as acquired by convergence and adaptation to hypercarnivory (Gray 1864; Pocock 1933; Gregory & Hellman 1939; Rosevear 1974; Veron 1995). As a probable consequence, molecular investigations questioning the phylogenetic relationships between families of Carnivora have never included the Asiatic Linsangs and have concerned very few family representatives (Wayne *et al*. 1989; Zhang & Ryder 1993; Flynn & Nedbal 1998). The uncertainty among previous hypotheses proposed for the sister-group of felids is here solved by using a large taxonomic sample set among Viverridae and sequences of TR-i-I, which is an appropriate marker for questioning the deep phylogenetic relationships within Feliformia (Flynn & Nedbal 1998; Yoder *et al.* 2003).

Several differences between the morphotypes of the Asiatic and African Linsangs were previously reported (Gregory & Hellman 1939; Rosevear 1974; Veron 1995) but the Asiatic Linsangs were not suspected of being excluded from the Viverridae since Horsfield's publication. Also, our results support a new definition of the Viverridae as excluding *Prionodon*, and we propose that the Asiatic Linsangs be placed in the monogeneric family Prionodontidae Horsfield, 1821. Our investigations also clarify the controversial issue of the boundaries of subfamily Viverrinae (Veron 1995; Veron & Heard 2000; Gaubert *et al.* 2002) in that it supports Viverrinae as being constituted by two monophyletic groups, namely the Terrestrial Civets and *Poiana* + *Genetta*.

(b) ***Divergence dates and biogeography***

Our estimations of divergence dates fit with previous assertions considering the Asiatic Linsangs "living fossils" that have shown little morphological changes in 25-30 Myr (Gregory & Hellman 1939; Hunt 2001). Although the study of auditory bulla characteristics revealed a light evolution in *Prionodon* from the plesiomorphic morphotype found in *Paleoprionodon* (Hunt 2001), the dates of divergence estimates make possible to hypothesize that the Asiatic Linsangs and *Paleoprionodon* are part of a same and very ancient Eurasian lineage. This is in disagreement with the recent hypothesis considering the genus *Prionodon* as a critical link between *Paleoprionodon* and the African Linsangs and Genets (Hunt 2001), since the two latter share no close phylogenetic affinities with the Asiatic Linsangs and are estimated to diverge more than 20 Myr later.

Area mapping using MacClade (Maddison & Maddison 2000) and Bremer's method (Bremer 1992) congruently argues (results not shown) for an Asiatic origin of the newly defined Viverridae (mdd ca. 23.4 Myr). The hypothesis of a migration from the Asiatic continent leading to a subsequent diversification into Africa (Schmidt-Kittler 1987; Hunt 1987) is then plausible. However, the geographic origin of the subfamily Viverrinae is uncertain since the presence of an extant African taxon (*Civettictis*) within the Terrestrial Civets makes ambiguous the reconstruction of ancestral area, as well as the presence of a recently discovered Civet-like fossil from the Middle Miocene of Africa (Morales *et al.* 2000).

(c) ***Morphotype convergence and implications for fossil taxonomy***

The Asiatic Linsangs share a high morphological similarity with the African Linsangs, but given our phylogenetic results, this similarity was achieved by a phenomenon of convergence characterizing the whole morphotype. The phylogenetic position of *Prionodon* confirms the homoplasy of dental characters (Hunt & Tedford 1993) and hair ultrastructure (Gaubert *et al.* submitted). It also suggests that morphological characters previously considered as diagnostic and "reliable", such as the structure of the auditory bulla (Hunt 1987; Hunt 1991; Hunt 2001) and the relative length of metacarpal bones (Taylor 1988), are on the contrary subject to convergence. General shape of the skull and dentition might be highly adaptive traits, as exemplified by the morphotypes of the Linsangs, whereas perineal gland and pad characteristics are likely to be less homoplastic within Feliformia. We argue that given the high potential for morphological homoplasy characterizing this group, the attribution of taxonomic affinities of fossils with extant taxa, often based on a very reduced number of

available characters (Hunt 1996; Morales *et al.* 2000), should be envisaged cautiously and on the basis of well-documented records.

Our study points out an extreme case of morphological convergence at least partly due to ecological constraints, which is a unique phenomenon among the order Carnivora. The morphotype resurgence from *Prionodon* to *Poiana* suggests that the genome of the Feliformia conserved its potential ability of expression for a peculiar adaptive phenotype (i.e., hypercarnivory and arboreality in tropical forest) throughout evolution. Our results also dramatically exemplify the need for taking into account exhaustive taxonomic sample sets when questioning large-scale phylogenetic relationships.

We thank Joe Walston (Wildlife Conservation Society - Cambodgia Program) and Sébastien Lavoué (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris; WWF- Freshwater Region Program, Gabon) for their contribution in achieving crucial samples. The list of collaborators who kindly provided the other samples is given in a previous work (Gaubert *et al.* submitted). They are thanked once again. We are grateful to Simon Tillier and the Service Commun de Systématique Moléculaire (CNRS IFR 1541, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris) for supporting our molecular work. Annie Tillier, Céline Bonillo and Josie Lambourdière kindly helped in the sequencing activities. Andrew Rambaut provided the updated version of Rhino together with invaluable comments on the exploitation of the software. We thank François Catzeflis, Alexandre Hassanin and Peter J. Taylor for having kindly provided fruitful comments on the early drafts of the manuscript.

References

Bremer, K. 1992 Ancestral areas: a cladistic reinterpretation of the center of origin concept. *Syst. Biol.* 41, 436-445.

Cooper, A., Lalueza-Fox, C., Anderson, S., Rambaut, A., Austin, J. & Ward., R. 2001 Complete mitochondrial genome sequences of two extinct moas clarify ratite evolution. *Nature* 409, 704-707.

Crawford-Cabral, J. 1981 The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolm. Soc. port. Ciênc. nat.* 20, 97-114.

Crawford-Cabral, J. 1993 A comment on the systematic position of *Poiana*. *Small Carnivore Conservation* 9, 8.

Cunningham, C. W. 1997 Can three incongruence tests predict when data should be combined?. *Mol. Biol. Evol.* 14, 733-740.

De Queiroz, A., Donoghue, M. J. & Kim J. 1995 Separate versus combined analysis of phylogenetic evidence. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 26, 657-681.

Farris, J. S., Kallersjo, M., Kluge, A. G. & Bult, C. 1995 Testing significance of incongruence. *Cladistics* 10, 315-319.

Felsenstein, J. 1993 *PHYLIP Phylogenetic Inference Package - version 3.5c*. Seattle: Department of Genetics, University of Washington.

Flynn, J. J. 1996 Carnivoran phylogeny and rates of evolution: morphological, taxic, and molecular. In *Carnivore Behavior, Ecology and Evolution* (ed. J. L. Gittleman), pp. 542-581. Ithaca and London: Cornell University Press.

Flynn, J. J. & Nedbal, M. A. 1998 Phylogeny of the Carnivora (Mammalia): congruence vs incompatibility among multiple data sets. *Mol. Phyl. Evol.* 9, 414-426.

Flynn, J. J., Nedbal, M. A., Dragoo, J. W. & Honeycutt, R. L. 2000 Whence the Red Panda?. *Mol. Phyl. Evol.* 17, 190-199.

Gaubert, P., Veron, G. & Tranier, M. 2002 Genets and "genet-like" taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zool. J. Linn. Soc.* 134, 317-334.

Gaubert, P., Tranier, M., Delmas, A. -S., Colyn, M. & Veron G. submitted First molecular evidence for reassessing phylogenetic affinities between Genets (*Genetta*) and the enigmatic Genet-like taxa *Osbornictis, Poiana* and *Prionodon* (Carnivora, Viverridae). *Zool. Scripta.*

Ginsburg, L. 1983 Sur les modalités d'évolution du genre néogène *Pseudaelurus* Gervais (Felidae, Carnivora, Mammalia). In *Modalités, Rythmes et Mécanismes de l'Evolution Biologique* (ed. J. Chaline), pp. 131-136. Paris: Colloques Internationaux du C.N.R.S., 330.

Gray, J. E. 1864 A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proc. Zool. Soc. Lond.* 1864, 502-579.

Gregory, W. K. & Hellman, M. 1939 On the evolution and major classification of the civets (Viverridae) and allied fossil and recent Carnivora: a phylogenetic study of the skull and dentition. *Proc. Am. Phil. Soc.* 81, 309-392.

Hall, T. A. 1999 BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41, 95-98.

Hassanin, A., Lecointre, G. & Tillier S. 1998 The 'evolutionary signal' of homoplasy in protein-coding gene sequences and its consequences for a priori weighting in phylogeny. *C-R. Acad. Sci. Paris, Sci. Vie* 321, 611-620.

Hillis, D. M. 1991 Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. In *Phylogenetic analysis of DNA sequences* (eds. M. M. Miyamoto & J. Cracraft), pp. 278-294. Oxford: Oxford University Press.

Hillis, D. M. & Bull, J. J. 1993 An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Syst. Biol*. 42, 182-192.

Hillis, D. M. & Huelsenbeck, J. P. 1992 Signal, noise, and reliability in molecular phylogenetic analysis. *J. Hered*. 83, 189-195.

Honeycutt, R. L., Nedbal, M. A., Adkins, R. M., Janecek, L. L. 1995 Mammalian mitochondrial DNA evolution: a comparison of the cytochrome *b* and cytochrome *c* oxidase II genes. *J. Mol. Evol*. 40, 260-272.

Horsfield, T. 1821 *Zoological Researches in Java, and the neighbouring islands.* London: Kingbury, Parbury & Allen.

Huelsenbeck, J. P., Bull, J. J. & Cunningham, C. W. 1996 Combining data in phylogenetic analysis. *TREE* 11, 152-158.

Hunt, R. M. Jr. 1987 Evolution of the Aeluroid Carnivora: significance of auditory structure in the Nimravid Cat *Dinictis. Am. Mus. Nov.* 2886, 1-74.

Hunt, R. M. Jr. 1991 Evolution of the aeluroid Carnivora: viverrid affinities of the Miocene carnivoran *Herpestides. Am. Mus. Nov.* 3023, 1-34.

Hunt, R. M. Jr. 1996 Biogeography of the Order Carnivora. In *Carnivore Behavior, Ecology and Evolution,* Vol. 2 (ed. J. L. Gittleman), pp. 485-541. Ithaca and London: Cornell University Press.

Hunt, R. M. Jr. 2001 Basicranial anatomy of the living Linsangs *Prionodon* and *Poiana* (Mammalia, Carnivora, Viverridae), with comments on the early evolution of Aeluroid Carnivora. *Am. Mus. Nov.* 3330, 1-24.

Hunt, R. M. Jr. & Tedford, R. H. 1993 Phylogenetic relationships within the Aeluroid Carnivora and implications of their temporal and geographic distribution. In *Mammal phylogeny: Placentals* (eds. F. S. Szalay, M. J. Novacek & M. C. McKenna), pp. 53-73. New York: Springer-Verlag.

Kishino, H. & Hasegawa, M. 1989 Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea. *J. Mol. Evol*. 29, 170-179.

Kluge, A. G. 1989 A concern for evidence and a phylogenetic hypothesis of relationships among Epicrates (Boidae, Serpentes). *Syst. Zool*. 38, 7-25.

Kocher, T. D., Thomas, W. K., Meyer, A., Edwards, S. V., Pääbo, S., Villablanca, F. X. & Wilson, A. C. 1989 Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 86, 6196-6200.

Liu, F. G. R. & Miyamoto, M. M. 1999 Phylogenetic assessment of molecular and morphological data for Eutherian mammals. *Syst. Biol*. 48, 54-64.

Maddison, W. P. & Maddison, D. R. 2000 *MacClade: Analysis of Phylogeny and Character Evolution - version 4.0.* Sunderland, USA: Sinauer Associates.

Mason-Gamer, R. J. & Kellogg, E. A. 1996 Testing for phylogenetic conflict among molecular data sets in the tribe Triticeae (Gramineae). *Syst. Biol*. 45, 524-545.

McKenna, M. C. & Bell, S. K. 1997 *Classification of Mammals Above the Species Level.* New York: Columbia University Press.

Meyer, A. 1994 Shortcomings of the cytochrome *b* gene as a molecular marker. *TREE* 9, 278-280.

Mivart, S. -G. 1882 On the classification and distribution of the Ailuroidea. *Proc. Zool. Soc. Lond.* 1882, 135-208.

Miyamoto, M. M. & Fitch, W. M. 1995 Testing species phylogenies and phylogenetic methods with congruence. *Syst. Biol*. 44, 64-76.

Morales, J., Pickford, M., Salesa, M. & Soria, D. 2000 New Viverrinae (Carnivora, Mammalia) from the basal Middle Miocene of Arrisdrift, (Namibia). *Ann. Pal.* 86, 243-251.

Nowak, R. M. 1999 *Walker's Mammals of the World. Vol. I*, 6th edn. Baltimore, USA: Johns Hopkins University Press.

Page, R. D. M. 1996 On consensus, confidence, and "total evidence". *Cladistics* 12, 83-92.

Paxinos, E. E., James, H. F., Olson, S. L., Sorenson, M. D., Jackson, J. & Fleischer, R. C. 2002 mtDNA from fossils reveals radiation of Hawaiian geese recently derived from the Canada goose (*Branta canadensis*). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99, 1399-1404.

Philippe, H. 1993 MUST: a computer package of management utilities for sequences and trees. *Nucl. Acids Res*. 21, 5264-5272.

Pocock, R. I. 1933 The rarer genera of Oriental Viverridae. *Proc. Zool. Soc. Lond.* 1933, 969-1035.

Posada, D. & Crandall, K. A. 1998 MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinf. Appl. Note* 14, 817-818.

Prychitko, T. M. & Moore, W. S. 2000 Comparative evolution of the mitochondrial cytochrome *b* gene and nuclear B-fibrinogen intron 7 in woodpeckers. *Mol. Biol. Evol*. 17, 1101-1111.

Rambaut, A. & Bromham, L. 1998 Estimating divergence dates from molecular sequences. *Mol. Biol. Evol*. 15, 442-448.

Rosevear, D. 1974 *The Carnivores of West Africa*. London: Trustees of the British Museum (N.H.).

Rychlik, W. 1992 *OLIGO 4.0 - OLIGO Primer Analysis Software.* Plymouth, USA: National Biosciences.

Schmidt-Kittler, N. 1987 The Carnivora (Fissipeda) from the lower Miocene of East Africa. *Paleontographica* A197, 85-126.

Simmons, M. P. & Ochoterena, H. 2000 Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Syst. Biol*. 49, 369-381.

Simpson, G. G. 1945 The principles of classification and a classification of Mammals. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.* 85, 1-350.

Springer, M. S., Amrine, H. M., Burk, A. & Stanhope, M. J. 1999 Additional support for Afrotheria and Paenungulata, the performance of mitochondrial versus nuclear genes, and the impact of data partitions with heterogeneous base composition. *Syst. Biol*. 48, 65-75.

Swofford, D. L. 2001 *PAUP* Beta version 4.0b2: Phylogenetic Analysis Using Parsimony *and other methods.* Washington, USA: Smithsonian Institution, Laboratory of Molecular Systematics.

Taylor, M. E. 1988 Foot structure and phylogeny in the Viverridae (Carnivora). *J. Zool.* 216, 131-139.

Teilhard de Chardin, P. 1915 Les Carnassiers des Phosphorites du Quercy. *Ann. Pal*. 9, 103-191.

Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. & Higgins, D. G. 1997 The CLUSTAL X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucl. Acids Res.* 24, 4876-4882.

Turner, A. 1987 New fossil carnivore remains from the Sterkfontein hominid site (Mammalia: Carnivore). *Ann. Transvaal Museum* 34, 319-347.

Veron, G. 1995 La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia* 59, 551-582.

Veron, G. 1999 Pads morphology in the Viverridae (Carnivora). *Act. Ther.* 44, 363-376.

Veron, G. & Heard, S. 2000 Molecular systematics of the Asiatic Viverridae (Carnivora) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence analysis. *J. Zool. Syst. Evol. Res.* 38, 209-217.

Vidal, N. & Lecointre, G. 1998 Weighting and congruence: a case study based on three mitochondrial genes in Pitvipers. *Mol. Phyl. Evol.* 9, 366-374.

Wayne, R. K., Van Valkenburgh, B. & O'Brien, S. J. 1991 Molecular distance and divergence time in Carnivores and Primates. *Mol. Biol. Evol.* 8, 297-319.

Wozencraft, W. C. 1984 *A phylogenetic reappraisal of the Viverridae and its relationship to other Carnivora.* Doctoral dissertation, Lawrence, USA: University of Kansas.

Wozencraft, W. C. 1989 Classification of the recent Carnivora. In *Carnivore Behavior, Ecology and Evolution* (ed. J. L. Gittleman), pp. 569-593. Ithaca and London: Cornell University Press.

Yoder, A. D., Burns, M. M., Zehr, S., Delefosse, T., Veron, G., Goodman, S. M. & Flynn, J. J. 2003 Single origin of Malagasy Carnivora from an African ancestor. *Nature* 421, 734-737.

Zhang, Y. -P. & Ryder, O. A. 1993 Mitochondrial DNA sequence evolution in the Arctoidea. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90, 9557-9561.

. Synthèse et commentaires

L'analyse incluant les séquences de l'intron I de la transthyrétine (TR-i-I) a permis de clarifier les relations de parenté des linsangs asiatiques (genre *Prionodon*) au sein des Feliformia. L'analyse phylogénétique basée sur TR-i-I uniquement ou combinée avec le cytochrome *b* (ML) place *Prionodon* en tant que groupe-frère des Felidae, cette relation étant fortement soutenue, notamment par des synapomorphies strictes issues des deux jeux de données moléculaires. Les linsangs asiatiques devraient donc être considérés comme les seuls représentants d'une famille particulière de féliformes : Prionodontidae Horsfield, 1824. Nos estimations de temps de divergence minimum datent la séparation *Prionodon* – Felidae aux alentours de 33,3 Ma, au début de l'Oligocène. Les gisements fossiles contenant le genre *Paleoprionodon,* avec lequel les linsangs asiatiques partagent un ensemble d'états de caractères crâniens similaires, sont également datés de cette période, laissant ainsi supposer que *Prionodon* et *Paleoprionodon* appartiennent à une même lignée eurasiatique d'origine très ancienne. Les linsangs africains (*Poiana* spp.) ne partagent pas d'ancêtres communs proches avec les linsangs asiatiques, et sont groupe-frère des genettes (*Genetta* spp.). Leur période de divergence est estimée à environ 11,2 Ma (Miocène moyen), soit 20 Ma d'années après l'apparition des linsangs asiatiques. De tels résultats illustrent des phénomènes importants de convergence morphologique globale, et suggèrent que la résurgence chez *Poiana* d'un morphotype commun avec *Prionodon* constitue une adaptation à un mode de vie (hypercarnivorie et vie arboricole) et à un habitat (forêts tropicales) particulier. Ils confirment par là même l'homoplasie des caractères morphologiques déjà démontrée par l'arbre du cytochrome *b*, mais mettent aussi en évidence la labilité des caractères liés aux bulles tympaniques et aux os métacarpiens, pourtant considérés comme critères diagnostiques dans l'attribution des liens de parenté chez les Feliformia, et notamment les Viverridae (Taylor, 1988 ; Hunt, 1989, 1991, 2001). L'homoplasie de tels caractères, illustrée à partir d'une étude phylogénétique sur des espèces actuelles, jette une ombre sur les identifications de taxons fossiles basées sur un faible nombre de caractères diagnostiques. La question de la pertinence des attributions de relations de parenté « fossiles – actuels » apparaît ainsi problématique, d'autant plus que des caractères identifiés ici comme plus « fiables », (e.g. la structure des coussinets et des glandes périnéales) ne sont pas observables sur les restes fossiles.

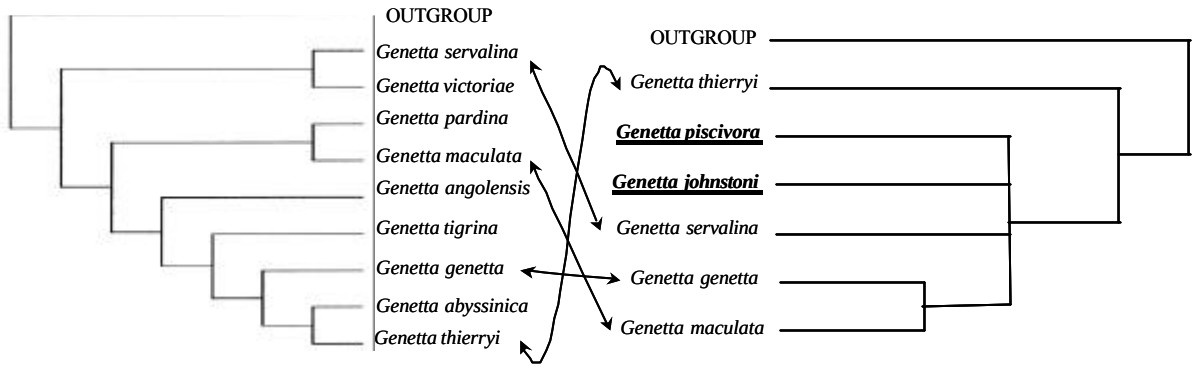
Les analyses basées sur la matrice de TR-i-I soutiennent également la monophylie des Viverrinae *sensu stricto* (*Prionodon* exclu), et confirment l'existence du clade africain *Poiana* – *Genetta* (incluant la genette aquatique). Les deux familles strictement asiatiques de Viverridae (Hemigalinae et Paradoxurinae) sont groupe-frère des Viverrinae. D'après une

telle topologie, nous avons pu établir une origine asiatique des lignées de Viverridae actuels (aux alentours de 23,4 Ma), puis une migration et une diversification sur le continent africain. Toutefois, l'origine géographique des Viverrinae reste incertaine puisque 1/ le clade asiatique des civettes terrestres contient un représentant africain (*Civettictis civetta*) et les relations de parenté entre les genres sont irrésolues et 2/ une espèce fossile au crâne typiquement « civettomorphe » a été récemment signalée dans le Miocène moyen d'Afrique (Morales et al., 2001).

Mis à part la position basale de *Genetta thierryi* dans le clade des genettes, les relations de parenté au sein du genre *Genetta* sont globalement irrésolues. Tenter d'établir une phylogénie solide du genre nécessite l'emploi d'un échantillonnage taxinomique exhaustif et de jeux de données de différentes natures. Ce deuxième volet phylogénétique est traité dans le chapitre suivant.

2.b. Phylogénie du genre *Genetta* et délimitations interspécifiques

La phylogénie du genre *Genetta* n'a jamais vraiment été abordée. Crawford-Cabral (1981b et c) est l'un des rares à avoir jamais attribué des statuts « primitifs » et « évolués » aux différents sous-genres et espèces de genettes, mais ses assertions n'étaient pas basées sur des investigations d'ordre phylogénétique. En fait, toute l'énergie des auteurs s'est focalisée sur la taxinomie, si débattue, du genre. Comme nous l'avons vu précédemment (cf § I-2.d.), la classification qui fait référence chez les mammalogistes identifie 9 espèces de genettes (Wozencraft, 1993), alors que certains auteurs sont allés jusqu'à en dénombrer 25 (Matschie, 1902). La distinction de trois sous-genres (*Paragenetta, Pseudogenetta* et *Genetta*) semble relativement consensuelle (Coetzee, 1977 ; Crawford-Cabral, 1981c ; Wozencraft, 1993 ; Kingdon, 1997). Toutefois, les limites interspécifiques au sein du sous-genre *Genetta* restent très problématiques à établir, ces difficultés étant notamment liées à l'homogénéité morphologique du « Large-spotted genet complex », mais aussi à la variabilité des patrons de coloration et des motifs du pelage. Les premières investigations phylogénétiques portant sur les genettes ont été entamées au cours de notre DEA (Gaubert, 1999). L'analyse cladistique basée sur une matrice morphologique (cf § III-2.a.1.) a abouti à proposer une topologie très contradictoire à celle de l'arbre de cytochrome *b*, la majorité des nœuds caractérisant les deux topologies étant toutefois peu soutenue (Gaubert et al., 2002a ; § III-2.a.2.) :



Arbre morphologique Arbre de cytochrome *b*

Tout d'abord, la genette aquatique (*G. piscivora*) et la genette de Johnston (*G. johnstoni*) sont incluses dans le clade des genettes suivant l'information délivrée par le cytochrome *b*, alors que ces deux espèces sont exclues des genettes dans l'analyse morphologique. Ensuite, les positions de certaines espèces sont «inversées» entre les deux phylogénies, avec par exemple *G. thierryi*, dérivée dans l'arbre morphologique, et basale dans l'arbre du cytochrome *b*. Toutefois, l'échantillonnage taxinomique relatif aux deux analyses était par trop restreint, et la complexité de la caractérisation morphologique des taxons de genettes n'avait pas pu être envisagée en profondeur puisque nous n'avions pas eu l'opportunité d'observer une quantité exhaustive et un échantillonnage représentatif des membres du genre *Genetta*.

Aussi, le travail suivant consistera à aborder la phylogénie des genettes en utilisant un échantillonnage taxinomique exhaustif aussi bien en cytochrome *b* (50 spécimens représentants 15 espèces morphologiques sur 16) qu'en morphologie (la totalité des espèces morphologiques). La matrice morphologique est revue à la lumière des nouvelles observations de milliers de spécimens. Les données moléculaires et morphologiques seront ensuite confrontées afin d'évaluer les conflits aux nœuds et apporter un point de vue inédit sur les phénomènes de convergence morphologique au sein des genettes. Une partie de l'obtention des séquences est ici aussi réalisée à partir de matériel de collection. Quelques séquences ont été produites dans le cadre d'une collaboration en cours avec C.A. Fernandes, doctorant à Cardiff University (Royaume-Uni). La matrice de cytochrome *b* utilisée est disponible en Annexe XIII (la matrice morphologique étant incluse dans l'article 9, qui suit).

2.b.1. Article 9

Genets in Africa: an evolutionary synthesis based on cytochrome *b* sequences and morphological characters

P. Gaubert, C.A. Fernandes, M.W. Bruford, G. Veron

Soumis à

Biological Journal of the Linnean Society

Genets in Africa: an evolutionary synthesis based on cytochrome *b* sequences and morphological characters

Philippe Gaubert,[a,*] Carlos A. Fernandes,[b] Michael W. Bruford,[b] and Géraldine Veron[a]

[a] *Département Systématique et Evolution, Unité Origine, structure et évolution de la Biodiversité, Zoologie : Mammifères & Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France*

[b] *Biodiversity and Ecological Processes Group, Cardiff School of Biosciences, Cardiff University, Main Building, Park Place, PO Box 915, Cardiff CF10 3TL, Wales, United Kingdom*

Abstract

The taxonomy of the genets (genus *Genetta*) has long been discussed, thus hampering endeavours of evolutionary reconstruction. Sequence data from the complete cytochrome *b* gene (cytb) were generated for 50 specimens representing 15 morphological species in order to allow the production of the first exhaustive molecular phylogeny of the genets. Secondly, a revised morphological matrix comprising 50 characters was combined with the cytb data to estimate the level of morphological homoplasy. Phylogenetic analyses were conducted using parsimony and likelihood (cytb only) criteria. Our results based on cytb contradict a part of the traditional taxonomy of genus *Genetta,* the servaline and small-spotted genets being paraphyletic, but confirmed the species status recently re-investigated for three genets belonging to the large-spotted complex, including the newly described *G. bourloni*. The combined analysis yielded similar results although morphological characters were clearly homoplasic. Partitioned Bremer supports indicated conflicting signals between the two data sets all throughout the tree, and species-diagnostic characters, useful for delimiting species boundaries, were significantly correlated to habitat. However, morphological data supported the monophyly of clades (*G. victoriae*, other genets), (*G. servalina, G. cristata*), large-spotted genet complex, and forest forms. Our results suggest a complex evolutionary history of the genets in Africa, with a *Poiana*-like ancestor inhabiting rain forest, and then a diversification involving two independent invasions of open habitats and one reversion to rain forest. Divergence estimates based on cytb revealed that splitting events within genets partly follow a climatic speciation model during the cyclic periods of Quaternary, although "primitive" rain forest lineages diverged earlier, during the Late Miocene and Early Pliocene.

KEY WORDS: phylogeny - morphology - *Genetta* - maximum likelihood - correlated evolution - ancestral estimate - divergence time - speciation - rain forest refugia - evolutionary scenario.

INTRODUCTION

Members of genus *Genetta* Cuvier, 1816, the "genets", are small spotted Carnivores belonging to the family Viverridae. They are restricted to sub-Saharan Africa, with one species (*Genetta genetta*) also occurring in the Arabian Peninsula, Maghreb and SW Europe (introduced in the latter region; Morales, 1994; Amigues, 1999). Genets occupy a wide range of habitats, from rainforest to open savannah and grassland (Kingdon, 1997). The systematics and phylogeny of *Genetta* have long been debated. Interspecific boundaries are difficult to assess on the basis of "traditional" morphological characters, i.e. craniometry and coat pattern (Gaubert, in press a). The diversity in species number and genus subdivisions described in the major classifications of the last 150 years illustrate this difficulty. The most recent authority on the taxonomy of the genus (Wozencraft, 1993) listed nine species grouped under three subgenera, namely: *Paragenetta* (*G. johnstoni*), *Pseudogenetta* (*G. thierryi* and *G. abyssinica*), and *Genetta (G. angolensis, G. genetta, G. maculata, G. servalina, G. tigrina, G. victoriae).* However, previous investigations on the genus considered a higher number of species (e.g. Wenzel & Haltenorth, 1972; Rosevear, 1974; Crawford-Cabral 1981; Schlawe, 1981).

The most problematic taxon in terms of species boundaries delimitation is formed by the morphologically-similar species of the large-spotted genet complex. Crawford-Cabral (1981) suggested that populations of the large-spotted genets be divided into three geographical entities corresponding to valid species: west of the Volta River (*G. pardina*), east of the Volta River (*G. "rubiginosa"*; *G. maculata sensu* Gaubert, Veron & Tranier, 2002; in press; Gaubert, in press b) and the coastal area of South Africa (*G. tigrina*). This is partly conflicting with Coetzee (1977), Kingdon (1977) and Wozencraft (1993), but craniometric analyses (Crawford-Cabral & Pacheco, 1992) and morphology (Schlawe, 1981; Powell & Van Rompaey, 1998; Gaubert et al., 2001; 2002) support the species status of the three taxa. In addition, Crawford-Cabral (1981), Crawford-Cabral & Pacheco (1992) and Crawford-Cabral & Fernandes (1999; 2001) suggested that *G. maculata* might constitute a super-species comprising several valid species. Taxonomic uncertainties mainly concern forest "forms" recorded within and at the boundaries of the range of the complex, such as *genettoides* in the

Upper Guinean Bloc and Dahomey Gap (Rosevear, 1974), *schoutedeni* in Upper Zaire (Crawford-Cabral, 1970) and *poensis* in rain forests from Liberia to Congo (Pocock, 1908; Rosevear, 1974; Crawford-Cabral, 1981). Two other cases of debated species concern 1/ the very similar servaline genets *G. cristata* and *G. servalina* (the former being either synonymized or not with the latter; see respectively Hayman, in Sanderson (1940); Wozencraft, 1993; and Rosevear, 1974; Crawford-Cabral, 1981; Van Rompaey & Colyn, 1998) and 2/ the widely distributed small-spotted genet *G. genetta*, for which the subspecies *G. g. felina* has been sometimes attributed the status of species , but with contradicting distribution ranges (Roberts, 1951; Cabral, 1966; Schlawe, 1981; Honacki, Kinman & Koeppl, 1982; Harrison & Bates, 1991).

The phylogeny of the genets was recently addressed by an exhaustive morphological analysis (Gaubert et al., 2002), but was confounded by outgroup rooting bias and possible use of adaptive morphological characters (coat pattern). The morphological tree excluded *G. johnstoni* from the clade of the other genet species, and suggested an ecological transition from the basal rain forest genets to the derived woodland and savannah species. However, preliminary phylogenetic analyses using cytochrome *b* (Gaubert et al., submitted) and nuclear DNA sequences (P. Gaubert & G. Veron, unpubl.), focused on other phylogenetic issues among Viverridae, strongly support the monophyly of genus *Genetta* (i.e. including *G. johnstoni* and former genus *Osbornictis*).

Our study follows a species-level study focused on the large-spotted genet complex and based on a combination of new diagnostic morphological characters (Gaubert, in press b), which discriminates one new species (*G. bourloni*), re-erects *G. poensis* as a valid species and suggests a possible species status for *G. "schoutedeni"*. In order to test for the validity of traditional and newly established morphological species in a phylogenetic framework, we present a phylogenetic analysis based on complete cytochrome *b* sequences from an exhaustive taxonomic sample set, involving DNA extracted from Museum specimens, that represents almost all the morphological species of genus *Genetta* (50 specimens, 15 species). Secondly, cytochrome *b* and revised morphological characters are combined in a cladistic analysis, and the obtained phylogenies are used to describe for the first time an evolutionary history of the genus *Genetta* in Africa.

MATERIALS AND METHODS

TAXONOMIC SAMPLING

Nucleotide sequence variation was examined for 50 specimens representing 15 morphological species of genets (only the species *G. abyssinica* was not included; Table 1). The molecular tree was rooted with two other Viverridae, *P. richardsonii* (African Linsang) and *Viverricula indica* (small Indian Civet). In order to check for putative contamination (Hassanin & Douzery, 2000), nuclear copies (*Numt*; Zhang & Hewitt, 1996; Bensasson, Zhang & Hewitt, 2000) and chimeric sequences, we sequenced at least two individuals per species when possible. Replicates of different DNA extractions and/or amplifications were performed for all individuals in order to authenticate the respective sequences. The majority of the samples comprosed tissue, hair or cell lines stored in 70% ethanol at -4°C. We also used canine roots, dry palatine connective tissues and small pieces of skin from 16 Museum specimens, especially in the case of some crucial taxa that were not represented by fresh samples (*G. cristata, G. piscivora* (Gaubert et al., submitted), *G. angolensis, G. poensis, G. bourloni* and *G. "schoutedeni"*).

Morphological characters were re-examined following the survey of more than 4000 specimens belonging to major European and South African museums (see Acknowledgments) and newly collected specimens in the Muséum National d'Histoire Naturelle of Paris. From this exhaustive material, the previous morphological matrix produced by Gaubert et al. (2002) was redefined. Modifications are given in Table 2 and Appendix 1. The final matrix comprises 17 taxa and 50 characters (Appendix 2), distributed as: skull (11), dentition (6), body proportion (1), pads (1), teats (1), hair ultrastructure (4) and coat (26). The morphological tree was rooted with *P. richardsonii* since it has been proposed as the sister-species of genus *Genetta* (Gaubert et al., submitted). The use of the single *P. richardsonii* as outgroup allows us to avoid the rooting bias encountered in Gaubert et al. (2002) when using the terrestrial civets, which have acquired by convergence similar coat pattern to the genets. The ingroup is divided into 16 morphological species on the basis of Crawford-Cabral (1981)[1], Wozencraft (1993)[2], Van Rompaey & Colyn (1998)[3] and recent investigations of Gaubert (in press b[4]) and Gaubert et al. (submitted[5]): *G. johnstoni*[1,2], *G. thierryi*[1,2], *G. abyssinica*[1,2], *G. piscivora*[5], *G. victoriae*[1,2], *G. servalina*[1,2,3], *G. cristata*[3], *G. angolensis*[1,2], *G. genetta, G. "felina", G. pardina*[1,4], *G. maculata*[1,4], *G. tigrina*[1,2,4], *G. poensis*[1,4], *G. bourloni*[4] and *G. "schoutedeni"*[4]. We decided to split the *G. genetta* morphotype in two morphological species (namely, *G. genetta* and *G. "felina"*) since we detected

Table 1. Sample set of taxa included in this study, with GenBank accession numbers, type of material and countries of origin. Numbers between square brackets correspond to museum collection catalogue numbers (KM: Amathole Museum (formerly Kaffrarian Museum), King William's Town, Republic of South Africa; MNHN: Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France; MRAC: Musée royal d'Afrique Centrale, Tervuren, Belgium; MVZ: Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley, USA; NMB: National Museum, Bloemfontein, Republic of South Africa; SBPUR1: Station Biologique de Paimpont, Université de Rennes 1, France).
* Material from Museum specimens.
1 sequenced by P.G.. 2 sequenced by C.A.F.

Species	GenBank accession number	Material	Locality
Viverricula indica 1	AY241890	hair	Taiwan
Poiana richardsonii 1	AY241891	tissue	Gabon
Genetta johnstoni 1	AF511051	hair	Ivory Coast
Genetta johnstoni 1	AY241892	hair	Ivory Coast
Genetta thierryi 1	AF511052	tissue	Mali
Genetta thierryi 1	AY241893	hair	Nigeria
*Genetta victoriae * 1*	AY241894	tooth	Democratic Republic of Congo
Genetta servalina 1	AF511053	tissue	Gabon
*Genetta cristata * 2*	[MRAC 95-53-M-2] / AY241887	skin	Nigeria
*Genetta cristata * 2*	[MRAC 98-49-M-20] / AY241888	skin	Nigeria
*Genetta piscivora * 1*	[SBPUR1 Z2544] / AF511050	tooth	Democratic Republic of Congo
*Genetta angolensis * 2*	[MVZ 118448] / AY241882	skin	Zambia
*Genetta angolensis * 2*	[MVZ 118449] / AY241883	skin	Zambia
Genetta genetta 1	AF511054	hair	France
Genetta genetta 1	AY241905	tissue	France
Genetta genetta 1	AY241907	hair	Spain
Genetta genetta 1	AY241922	hair	Algeria
Genetta genetta 1	AY241908	hair	Republic of South Africa
Genetta genetta 1	AY241909	hair	Republic of South Africa
*Genetta genetta * 2*	[KM 27708] / AY241879	skin	Republic of South Africa
Genetta genetta 1	AY241902	tissue	Saudi Arabia
Genetta genetta 1	AY241904	tissue	Oman
Genetta genetta 1	AY241911	tissue	Mali
Genetta genetta 1	AY241903	hair	Republic of South Africa
Genetta genetta 1	AY241906	hair	Namibia
Genetta genetta 1&2	AY241910	tissue	Republic of South Africa
*Genetta genetta * 2*	[NMB 8544] / AY241886	skin	Republic of South Africa
Genetta pardina 1	AY241895	hair	(unknown)
Genetta pardina 1	AY241896	tissue	Liberia
Genetta maculata 1	AY241901	tissue	Burundi
Genetta maculata 1&2	AY241917	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241913	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241919	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241912	tissue	Lesotho
Genetta maculata 1&2	AY241920	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241914	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241921	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241915	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241918	tissue	Republic of South Africa
Genetta maculata 1&2	AY241916	tissue	Republic of South Africa
*Genetta tigrina * 2*	[KM 31276] / AY241881	skin	Republic of South Africa

*Genetta tigrina * 2*	[NMB 4470] / AY241884	skin	Republic of South Africa
Genetta tigrina 1&2	AY241876	cell lines	Republic of South Africa
*Genetta tigrina * 2*	[NMB 4786] / AY241885	skin	Republic of South Africa
*Genetta tigrina * 2*	[KM 31185] / AY241880	skin	Republic of South Africa
Genetta tigrina 1&2	AY241877	cell lines	Republic of South Africa
Genetta tigrina 1&2	AY241878	cell lines	Republic of South Africa
Genetta tigrina 1&2	AY241889	cell lines	Republic of South Africa
*Genetta poensis * 1*	[MNHN 1894-263] / AY241897	connective tissue	Congo
*Genetta bourloni * 1*	[MNHN 2001-1156] / AY241898	salted skin	Guinea
*Genetta "schoutedeni" * 1*	[MNHN 2001-1158] / AY241899	skin	Congo
*Genetta "schoutedeni" * 1*	[SBPUR1 Z1588] / AY241900	tooth	Democratic Republic of Congo

Table 2. Detailed partition of the morphological matrix, with qualitative information on the modifications from the matrix provided by Gaubert et al. (2002).

	Complete matrix	**skull**	**dentition**	**body proportion / teats**	**pads**	**hair ultrastructure**	**coat**
Gaubert et al. (2002) (11 taxa, including 2 outgroups)	60	22	7	1 / 0	4	4	22
This study (17 taxa, including 1 outgroup)	50	11	6	1 / 1	1	4	26
Characters suppressed from the intrageneric matrix of Gaubert et al. (2002)	27	16	2	0	3	1	5
Characters in common with the intra- and intergeneric matrices of Gaubert et al. (2002)	19	4	3	0	1	4	7
Redefined / new characters	20 / 11	5 / 2	3 / 0	1 / 1	0 / 0	0 / 0	11 / 8

fixed differences in morphological character states related to coat pattern that allowed for clear discrimination (methodology concerning morphological data collection is given in Gaubert et al., 2002). Because information on discriminative coat pattern characters related to specimens collected for DNA analysis was not available, all samples attributed to the small-spotted genet were then given the species name *G. genetta* (see Table 1).

DNA EXTRACTION, AMPLIFICATION AND SEQUENCING

Sequences were obtained in two different Laboratories (see Table 1), namely the Service Commun de Systématique Moléculaire, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris (P.G.), and the Biodiversity and Ecological Processes Group, Cardiff School of Biosciences, Cardiff University (C.A.F.).

P.G. prepared total genomic DNA following standard methods described in Kocher *et al.* (1989). For tooth samples, DNA was extracted in a physically isolated box solely dedicated to "ancient" DNA and using a modified protocol from Hardy *et al*. (1994). The complete fragment of the cytochrome *b* gene was obtained from fresh tissue extracts with a set of "universal" vertebrate primers. DNA from Museum material was amplified using a set of 20 specific primers producing overlapping fragments (Table 3). Details concerning the modified protocol and primers are given in Gaubert et al. (submitted). Reaction parameters for amplification were the same as in Veron & Heard (2000), with annealing temperature between 48 and 52° C depending on the pair of primers. When running PCRs from DNA extracts of collection specimens, a less stringent Taq polymerase (*Q Bio Taq*) and a higher number of cycles (from 40 to 50) were used. The reaction products were visualized in a 1,5 % agarose gel, and then either purified directly from the PCR mixture or from agarose gel (MinElute PCR Kit). Purified fragments were sequenced directly in both forward and reverse directions using the Dye Terminator Cycle Sequencing with Quick Start Kit for CEQ 2000 DNA Analysis System automated DNA sequencer (Beckman COULTER).

C.A.F. extracted DNA from samples of museum skins using a commercial kit (DNeasy Tissue Kit, Qiagen) and the protocol described by Mundy, Unitt & Woodruff (1997). Overlapping fragments from the cytochrome *b* gene were amplified via PCR with a set of 15 specific primers described in Table 3. Reaction parameters for amplification were as follows: one step at 94° C for 3 min, followed by 45-50 cycles at 94° C for 30s, 50-55° C (depending on the primer pair) for 45s, and 72° C for 1 min. The final extension at the end of the profile was 72° C for 7 min. Amplified PCR product was purified with the GeneClean

Table 3. List of primers used in this study. L and H respectively refer to the light and heavy strands, and numbers refer to the position of the 3' end of the oligonucleotide according to the numbering system for the human sequence (Anderson et al., 1981). In specific primers produced by P.G., numbers refer to the position in 5' of the oligonucleotide according to numbering from the first nucleotide of the cytochrome b gene.

Primer identification	Nucleotide sequence (5' ® 3')	Source
GV-L14724	GATATGAAAAACCATCGTTG	modified from Irwin *et al*., 1991
H15149	CTCAGAATGATATTTGTCCTCA	modified from Kocher *et al*., 1989
L15146	CATGAGGACAAATATCATTCTGAG	reverse of H15149 from Kocher *et al*., 1989
H15553	TAGGCAAAATAGGAAATATCATTCTGGT	Ducroz *et al*., 1998
H15767	ATGAAGGGATGTTCTACTGGTTG	Edwards *et al*., 1991
L15408	TCAGACAAAATCCCATTCCA	Irwin *et al*., 1991
L15513	CTAGGAGACCCAGACAACTA	Irwin *et al*., 1991
H15915	TTCATCTCTCCGGTTTACAAGAC	Irwin *et al*., 1991
PG-L106	CTCTCTACTAGGAGTCTGCCTYAT	P.G.
PG-L217	CGTTAANTATGGNTGAATCATTCG	P.G.
PG-L287	AYGTAAYCGAGGARTATA	P.G.
PG-H239	GGCTCCATTGGCGTGTATNTATCG	P.G.
PG-L309	CTACGGCTCATTCACCTTC	P.G.
PG-H311	TCTGTGAAGGYRWATGAGCCGTA	P.G.
PG-L447	TTTTATCAGCCATTCCCTAC	P.G.
PG-H479	TCCTCAGATTCATTCTACCA	P.G.
PG-L495	GAGGAGGCTTTTCAGTAGA	P.G.
PG-H525	GAAGGCAAAGAATCGTGTTA	P.G.
PG-H557	CCATTCATYATCTCVGCYCTA	P.G.
PG-L602	CACGAAACAGGNTCCAACA	P.G.
PG-H641	AGGGGATTTTGTCTGAGTC	P.G.
PG-L679	TAAAGACATTCTAGG	P.G.
PG-H736	TCCTAAAAGNTCGGGTGAG	P.G.
PG-L794	CCACCCCATATNAAAC	P.G.
PG-H805	NTATCATTCGGGTTT	P.G.
PG-L932	AAACAACGAAGCATAATA	P.G.
PG-H968	TAANAGTCAGAATAAGCA	P.G.
PG-H1087	GGGNATTAGGATNAGG	P.G.
L14841 Genetta	CCC TCC AAT ATT TCA GCA TGR TGA AA	C.A.F.
H15044 Genetta	ATG AGC CGT AGT ATA CTC CTC G	C.A.F.
L15007 Genetta	ATA TAT WCA CGC TAA YGG AGC C	C.A.F.
H15229 Genetta	CCT CCT CAG ATY CAT TCT	C.A.F.
L15171 Genetta	TGR GGC CAA ATA TCC TTC TGA GG	C.A.F.
H15350 Genetta	GGG TTG TTG GAR CCT GTT TC	C.A.F.
L15280 Genetta	AAG CCA CCY TAA CAC GAT TC	C.A.F.
H15493 Genetta	AAT TGT CGG GGT CTC CTA AA	C.A.F.
H15557 Genetta	GCR AAT AGA AAA TAT CAT TC	C.A.F.
L15442 Genetta	AAA GAY ATT CTA GGC CTC	C.A.F.
H15684 Genetta	GGT CGG AAT ATT ATG CTT C	C.A.F.
L15563 Genetta	CCA CCC CAT ATT AAA CCC GAA TGA T	C.A.F.
H15762 Genetta	GTG TTC TAC TGG TTG TCC AC	C.A.F.
L15631 Genetta	AGG AGT CCT AGC CCT YGT C	C.A.F.
H15857 Genetta	GGG ACG RTT TTC GAT AAT	C.A.F.

Turbo Kit (Bio 101, Q-Biogene), following the manufacturer's instructions. Sequencing was carried out using the ABI Prism Dye Terminator cycle sequencing ready reaction kit (Perkin-Elmer) for ABI 377 automated DNA sequencer.

PHYLOGENETIC ANALYSIS

Molecular and morphological characters were coded unordered and as having equal weights. Sequences were manually aligned with BioEdit version 5.0.6 (Hall, 1999) and Sequencher™ 3.0 (Gene Codes Corporation Inc.), and analyzed using maximum parsimony (MP; heuristic search) and maximum likelihood (ML; heuristic search and neighbor-joining method) with PAUP* Beta version 4.0b2 (Swofford, 2001). The morphological matrix was analyzed using MP (heuristic search) and multistate characters treated as "polymorphism". Heuristic searches were performed using stepwise-addition branch-swapping (10 random additions) and TBR swapping algorithm. The best-fitting model of sequence evolution and parameters used in the ML analyses were estimated with ModelTest 3.06 (Posada & Crandall, 1998). Distance criterion used for calculating the genetic distances between taxa was maximum likelihood. Robustness of nodes was assessed with the Decay Index (DI; Bremer, 1988) in the case of the morphological cladogram and the bootstrap method (Felsenstein, 1985) for molecular trees, with100 (ML: heuristic search) to 1000 (MP; ML: neighbor-joining reconstruction) replicates. Confidence in nodes was also estimated for ML analyses with the likelihood ratio test of branch length (Felsenstein, 1993) as implemented in PAUP.

When the morphological and molecular matrices were combined, we estimated the conflicts in phylogenetic signals between the two data sets with the incongruence length difference test (ILD test; Farris et al., 1995) as implemented in PAUP, in order not to justify data combination but to estimate the extent of conflict among the data sets (see Liu & Miyamoto, 1999). For this purpose, we ran 1000 randomizations and non-variable characters were removed. We also used the partitioned Bremer support (PBS; Baker & DeSalle, 1997), using TreeRot.v2 (Sorenson, 1999). In order to estimate the conflicting signals at nodes between and within the data sets, partitions were as follows: first codon positions – second codon positions – third codon positions (cytochrome *b*) – skull – teeth – body proportion – pads – teats – hair ultrastructure – coat (morphology). Phylogenetic signal value (g1; 100000 random trees) was used as an estimation of the structuration of the signal vs. random noise (Hillis, 1991; Hillis & Huelsenbeck, 1992) for each data set alone and then combined. In order to examine statistical significance of the difference in tree topologies in a ML framework, we

used the test of Kishino-Hasegawa (Kishino & Hasegawa, 1989) from a pruned tree consisting in one representative per morphological species.

ANCESTRAL STATE RECONSTRUCTION, CORRELATED EVOLUTION AND ESTIMATION OF DIVERGENCE TIME

The ML cytochrome *b* tree topology (fully resolved) was used as a basis for ancestral state reconstruction and correlated evolution. We estimated the ancestral state of habitat and five morphological characters traditionally used as diagnostic of the genets using both ML and MP methods. Given the molecular-based assumption of a Late Miocene origin of the genus Genetta (P. Gaubert & G. Veron, unpubl.), the poor fossil record related to the genus (Hendey, 1974; Hunt, 1996; Geraads, 1997) and the relative uncertainty surrounding habitat delimitations for this period (Maley, 1996), we restricted the coding of habitat to "rain forest" and "open habitat". The morphological traits were all binary characters as indicated in Appendix 1. The ML estimates of ancestral state were done using Discrete 4.0 (Pagel, 2000). We used a two-rate model for change between states since it offered in several cases a significantly better fit than the one-rate model (see Mooers & Schluter, 1999). We calculated overall tree likelihoods at the node grouping the clade of the genets for each character or habitat, the node being successively fixed at one of its two possible states. We then calculated the likelihood ratio (LR), which is the natural logarithm of the ratio of the two likelihoods (Pagel, 1994; 1999). LR values equal or superior to 2 may be considered as roughly analogous to 95 % confidence intervals (Pagel, 1999; Belshaw et al., 2000). Further details about the successive steps of the ancestral state reconstruction are given in Mooers & Schluter (1999). We compared these estimations with the results obtained from the "Ancestral states" command (Independent menu) using the "global method" (see Pagel, 1999; 2000). This command allows the estimation of the best simultaneous set of ancestral states on the tree and may differ from the ancestral states obtained by calculating separately the most probable state at each node (Pagel, 2000). The MP estimates of ancestral states were made by mapping characters and habitat using MacClade 4.0 (Maddison & Maddison, 2000). This method uses Wagner parsimony (see Swofford & Maddison, 1987) and opts for the ancestral state that minimizes the number of evolutionary events necessary to explain the distribution of character states on the tree (Maddison & Maddison, 1992; Cunningham, Omland & Oakley, 1998). In order to give a relative support to the estimates, we then assigned the character state that implied the least parsimonious option at the base of the Genetta clade, and calculated the number of necessary evolutionary events on the tree. We

then calculated the ratio between the latter value and the number of steps for the ancestral character state that implied the most parsimonious option, obtaining an MP index that reflects the proportional difference in additional steps between the most and the least parsimonious choice of ancestral character states. We assume that the support for an MP ancestral state estimate is higher with higher values of MP ratio.

The correlated evolution of the five diagnostic characters with habitat was tested through both ML and MP methods. We used Discrete in order to estimate in a ML framework whether the changes in two variables (one morphological character and habitat) were independent, i.e. whether the state of one character affected the probability of a change in the other (Pagel, 1994). We first calculated the log-likelihood of the model of independent evolution for the two variables (Pagel, 1994; 1997), allowing the traits to evolve independently on the tree. We then calculated the likelihood of the eight-parameter model of dependent trait evolution by estimating the rate at which one morphological character state changes into another when habitat is "rain forest" and "open habitat" (see Pagel, 1994; 2000). Similarly to the estimation of ancestral states, we then used LR between the likelihoods estimated from the dependent and independent tests in order to test the null hypothesis of absence of correlation between the changes of the two characters. We used MacClade in order to compare the ML estimation of evolution between characters to a MP method. The concentrated-changes test (Maddison, 1990) was used in order to determine whether correlation between morphological character states and habitat occurred, i.e. if the evolution of a trait (dependant character) is more likely when another character is in a particular state (independent character). The test was performed using the "exact count" option (n = 1000) with "distinguished areas" as having the habitat trait "rain forest" (for further details about methodology, see Maddison & Maddison, 1992). The concentrated-changes test is considered to be conservative (Lorch & Eadie, 1999). Following Ortolani & Caro (1996), Lorch & Eadie (1999), Ord, Blumstein & Evans (2001) and Ord & Blumstein (2002), p-values less than 0.05 were considered as highly significant and p-values between 0.05 and 0.10 were considered as marginally significant.

In order to estimate divergence times within a ML framework, we used Rhino, a modified version of the software QDate (Rambaut & Bromham, 1998) allowing to work on more than four taxa, as used in Cooper et al. (2001) and Paxinos et al. (2002). Rhino requires molecular clock-like evolution of DNA sequences. We thus tested for significance ($P < 0.05$) in branch length differences between enforced (molecular clock) and non-enforced ML trees using the test of Kishino-Hasegawa as implemented in PAUP. Rhino considers only one

calibration point by analysis but provides an estimation of confidence interval for each node, reflecting uncertainties occurring in the phylogenetic reconstruction process and stochasticity of the molecular clock (Rambaut & Bromham, 1998; Paxinos et al., 2002). Since fossil remains for members of genera *Poiana* and *Genetta* are scarce or not available, we used data from both cytochrome *b* and a nuclear gene (transthyretin Intron I) applied to a large taxonomic sample set representing Feliformia in order to estimate the minimal divergence date (mdd) between *Poiana* and *Genetta* (Gaubert & Veron, unpubl.). The divergence *Felis – Panthera*, well documented in the fossil record, was used as the calibration point of this analysis (first occurrence of genus *Panthera:* 3 Myr; Turner, 1987; Wayne, Van Valkenburg & O'Brien, 1991). The value of mdd between *Poiana* and *Genetta* was estimated at 8.5 (7.2 – 10.0) Myr. We then used this "calibration" in Rhino for estimating mdd within the *Genetta* clade. In order to avoid large confidence interval estimations, we restricted the calibration point to 8.5 Myr, but acknowledge that the date estimates from this analysis should be interpreted with cautiousness.

RESULTS

PHYLOGENETIC ANALYSES AND SEQUENCE DIVERGENCE BASED ON CYTOCHROME *b*

The complete cytochrome *b* (1140 bp) was obtained from fresh samples. Approximately 850 to 1000 bp were sequenced from Museum specimens, depending on the set of primers used and the quality of DNA extracts.

The data matrix showed a significant structuring of the phylogenetic signal, with a shape of tree-length distribution clearly left-skewed ($g1 = -0.38319$; $P < 0.01$). The three methods of phylogenetic analysis produced topologies partly conflicting, especially at the base of the trees, but conflicting nodes were characterized by low bootstrap values (data not shown). Such incongruence is probably due to the saturation of cytochrome *b* at basal branchings of the genus phylogeny (Gaubert et al., submitted). The ML analysis (heuristic search) resulted in one tree, given with parameters in Fig. 1. The most basal species is *G. thierryi*, which represents subgenus *Pseudogenetta*. The second species to branch off is *G. victoriae*, which is sister-species of all the other genets (branch length significant, but bootstrap value (bp) < 70 %). *G. servalina* and *G. cristata* are sister-species and group with the remaining genets, although the latter hypothesis has low bootstrap support. Thus, the traditional servaline group, consisting of the two latter species plus *G. victoriae*, is

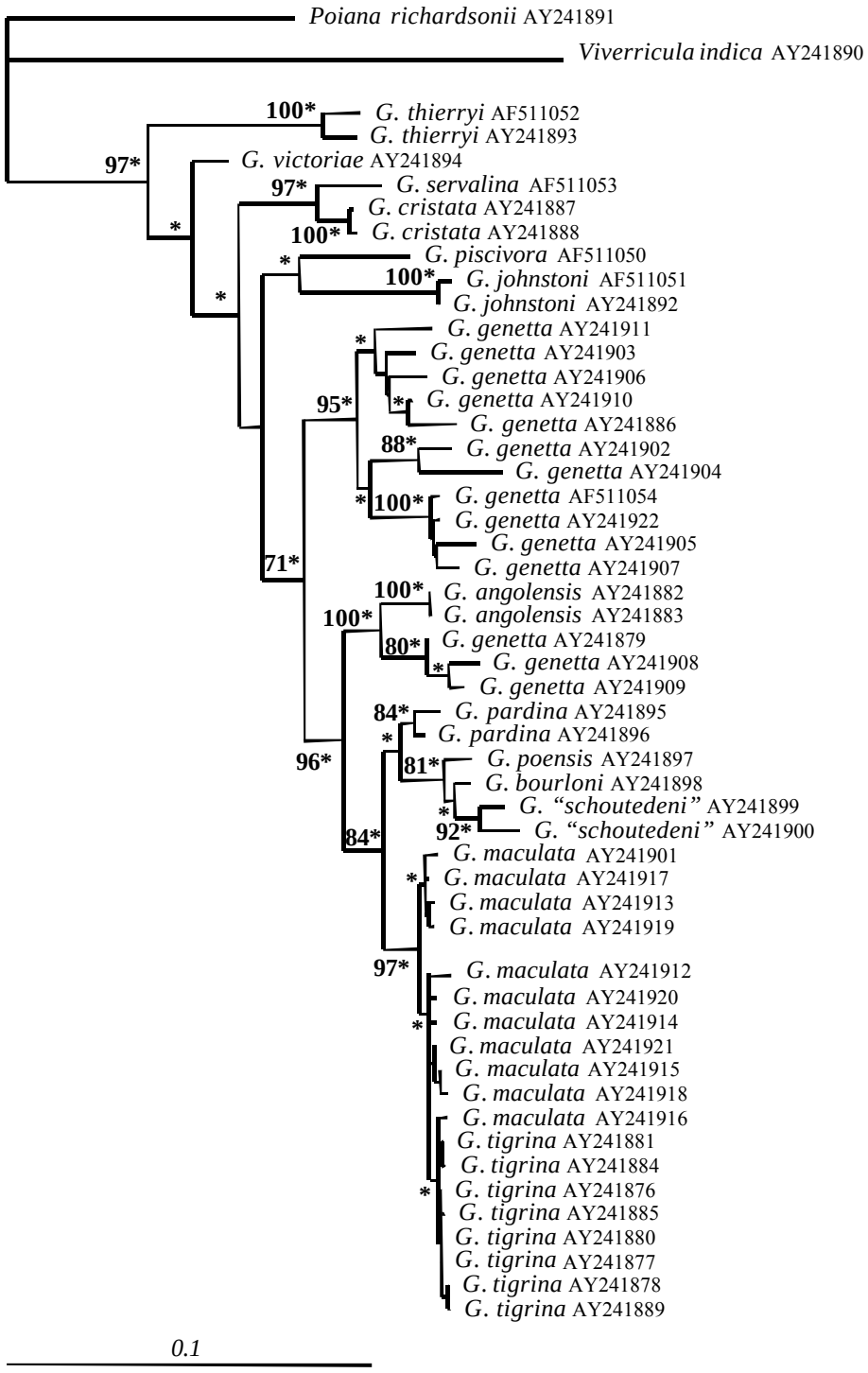


Figure 1. ML tree (heuristic search) for 50 specimens representing 15 morphological species of genus *Genetta* based on cytochrome *b* sequences (-Ln likelihood = 6313.06275). The model of sequence evolution estimated by ModelTest is GTR (Rodriguez *et al.*, 1990) using a gamma shape (G) of 0.3201. The estimated substitution rates are: 1.1393 (A-T), 4.1832 (A-G), 0.7488 (A-C), 0.4114 (T-G), 8.8521 (T-C), and 1.0000 (G-C). Numbers in bold at branches are boostrap values superior to 70 % (see Hillis & Bull, 1993; Mason-Gamer & Kellogg, 1996) and asterisks at nodes mean that branch length is significant. Scale bar corresponds to 10 % sequence divergence.

paraphyletic. *G. piscivora* and *G. johnstoni* form a monophyletic group, which is sister-group of the small-spotted genets + *G. angolensis* + large-spotted genets (bp < 70 %). One of the major phylogenetic results that arise from our study is that populations grouped under the morphological species *G. genetta* do not form a monophyletic group. Indeed, specimens E-04, E-05 and KM 27708 (from Victoria West District and Northern Cape, Republic of South Africa) form a clade, temporarily named *G. "felina"* (see Discussion), which is sister-group of *G. angolensis*. The other small-spotted genets group in a clade geographically structured as ((Sub-Saharan Africa, (Arabian Peninsula, Maghreb + Europe)), which is the sister-group of *G. angolensis* + small-spotted genets (strictly South African group) + large-spotted genets. The monophyly of the large-spotted genet complex is well supported (bp > 70 %; branch length significant). The morphological species of the large-spotted genet complex form a monophyletic group structured as follows: ((*G. pardina*, (*G. poensis*, (*G. bourloni*, *G. "schoutedeni"*))), (*G. maculata*, *G. tigrina*)), with the specimen *G. maculata* E-33 included in the *G. tigrina* group. The NJ tree using ML as distance criterion yielded a similar topology and confirmed the well-supported phylogenetic hypotheses (minimum evolution score = 0.98288; tree not shown). Contrary to the ML tree, bootstrap values were high at the node joining *G. victoriae* to the other genets (82 %) and very high for the clade including the small-spotted genets, *G. angolensis* and the large-spotted genets (95 %). The MP analysis yielded 186 equally parsimonious trees (985 steps; CI = 0.461; RI = 0.716), which resulted in a strict consensus tree of 1003 steps (CI = 0.453; RI = 0.706; tree not shown). Out of the 1140 characters of the total matrix, 400 were variable, of which 305 were parsimony-informative. The well-supported nodes of the ML tree were found again in the MP tree topology. However, confidence in basal relationships between *G. thierryi, G. victoriae*, (*G. servalina, G. cristata*), *G. johnstoni* and *G. piscivora* was low (bp < 70 %).

Given the paraphyly of two traditional morphological taxa (servaline and small-spotted genets) that resulted from our analyses, we tested for significance in difference with tree topologies reflecting monophyly (Table 4). The test of Kishino-Hasegawa supported the hypothesis of paraphyly for the small-spotted genets (P = 0.0232 and 0.0314). The difference in tree topologies with the servaline genets paraphyletic or monophyletic was not significant, but the P value neared the threshold of null hypothesis rejection (0.0711).

Pairwise distances (%) within genus *Genetta* are given in Table 5. They ranged from 13.902 (*G. "schoutedeni"* EA-1 – *G. thierryi* E-14) to 0.85 (*G. tigrina* A270 – *G. tigrina* A272). Between unambiguously delimited morphological species (i.e. those exhibiting very discriminant diagnostic characters: *G. thierryi, G. johnstoni, G. piscivora, G. victoriae* and *G.*

Table 4. Test of alternative phylogenetic hypotheses for the servaline and small-spotted genets using the procedure of Kishino & Hasegawa (1989). The -Log likelihood value of the phylogenetic tree based on the pruned analysis (one specimen per morphological species) is indicated between brackets.

	Maximum Likelihood	
Phylogenetic hypothesis	-Log likelihood (3852.48371)	Kishino-Hasegawa
.Monophyly of the servaline genets (*G. victoriae* + *G. servalina* + *G. cristata*)	3865.18253	p = 0.0711
.Monophyly of the small-spotted genets (G. *genetta* + *G. "genetta"*)	3871.58661	p = 0.0232
.Monophyly of *G. angolensis* + small-spotted genets	3871.81414	p = 0.0314

angolensis), ML distances varied from 12.730 (*G. piscivora – G. thierryi*) to 6.015 (*G. victoriae – G. piscivora*). Mean pairwise distance between the similar species *G. servalina* and *G. cristata* was lower (2.221), and was included in the range of variation characterizing the set of sibling species that constitutes the large-spotted genet complex (from 4.558 (*G. "schoutedeni" – G. maculata*) to 0.770 (*G. maculata – G. tigrina*)). Within the large-spotted genets, mean pairwise distances were inferior to 2 % in three cases: 1/ *G. bourloni – G. "schoutedeni"* (1.882) 2/ *G. bourloni – G. poensis* (1.242) and 3/ *G. maculata – G. tigrina* (0.770). Roughly speaking, pairwise distances between morphological species seem to be correlated to morphological "divergence" (i.e. the number of differing morphological character states between pairs of species). This trend is however contradicted by two exceptions. First, the mean divergence was surprisingly high between *G. genetta* and the other clade of small-spotted genets (6.932) although both taxa exhibit similar morphological patterns. Second, *G. maculata* and *G. tigrina* have the lowest pairwise divergence but show distinct morphological patterns that make them easily identifiable (not the case for the small-spotted genets). Finally, the mean variability within species ranged from 0.000 (*G. angolensis*; two specimens) to 3.624 ("true" *G. genetta*; 11 specimens), the latter value exemplifying that variability within species may be much higher than pairwise distance between species.

Table 5. Pairwise distances among representatives of genus *Genetta* estimated from ML parameters. Numbers correspond to the mean values, with lowest and highest estimates between parentheses. Values included in the grey diagonal correspond to the estimated intraspecific variability.
* small-spotted genets restricted to South Africa and not included in the *G. genetta* clade.

	G. thie	G. john	G. pisc	G. vict	G. serv	G. crist	G. gene	S-s. g. *	G. ango	G. pard	G. poen	G. bour	G. scho	G. macu	G. tigr
G. thierryi	1.900														
G. johnstoni	12.523 (12.199 – 12.847)	0.348													
G. piscivora	12. 730 (12.657 – 12.803)	6.677 (6.609 – 6.745)	-												
G. victoriae	7.069 (6.939 – 7.199)	6.948 (6.713 – 7.183)	6.015	-											
G. servalina	11.666 (11.446 – 11.885)	8.989 (8.844 – 9.133)	6.368	5.194	-										
G. cristata	10.557 (10.396 – 10.719)	7.826 (7.570 – 8.083)	5.878 (5.723 – 6.032)	4.207 (4.134 – 4.280)	2.221 (2.157 – 2.284)	0.322									
G. genetta	12.397 (11.255 – 13.466)	9.322 (8.194 – 10.553)	8.110 (7.052 – 9.083)	6.605 (5.681 – 7.281)	8.326 (7.707 – 9.211)	6.798 (5.319 – 8.054)	3.624 (0.899 – 5.929)								
small-spotted genet *	12.257 (10.997 – 13.694)	8.867 (8.335 – 9.580)	7.633 (6.952 – 8.086)	6.483 (6.173 – 6.665)	7.567 (5.876 – 8.773)	6.360 (5.707 – 6.922)	6.932 (5.980 – 8.309)	1.109 (0.831 – 1.251)							
G. angolensis	12.384 (12.306 – 12.462)	9.228 (9.138 – 9.318)	8.117	6.605	6.347	6.723 (6.660 – 6.787)	6.889 (5.803 – 7.769)	3.277 (2.428 – 3.946)	0.000						
G. pardina	11.888 (11.406 – 12.233)	8.666 (8.242 – 9.095)	7.631 (7.261 – 8.000)	5.559 (5.166 – 5.951)	7.033 (6.728 – 7.338)	5.964 (5.456 – 6.473)	6.654 (5.435 – 8.589)	4.731 (3.817 – 5.359)	4.695 (4.413 – 4.976)	0.966					
G. poensis	11.786 (11.636 – 11.936)	8.536 (8.278 – 8.793)	7.188	4.528	6.277	5.688 (5.624 – 5.751)	7.426 (6.630 – 8.304)	5.054 (4.020 – 5.809)	4.864	2.624 (2.338 – 2.910)	-				
G. bourloni	12.231 (12.079 – 12.383)	8.694 (8.855 – 8.838)	7.356	5.098	6.427	5.467 (5.404 – 5.529)	6.939 (6.006 – 7.845)	4.690 (4.010 – 5.387)	4.858	2.341 (1.999 – 2.682)	1.242	-			
G."schoutedeni"	13.128 (12.525 – 13.902)	9.138 (8.929 – 9.346)	8.216 (7.918 – 8.513)	6.358 (6.200 – 6.515)	7.470 (7.095 – 7.844)	6.463 (5.880 – 7.047)	7.667 (6.334 – 8.622)	5.206 (4.675 – 6.197)	5.190 (5.115 – 5.265)	3.424 (2.703 – 4.156)	2.287 (2.228 – 2.345)	1.882 (1.660 – 2.104)	1.754		
G. maculata	12.098 (11.454 – 13.068)	8.848 (8.233 – 9.483)	7.738 (7.224 – 8.346)	6.479 (5.830 – 6.965)	7.686 (7.376 – 8.081)	6.440 (5.682 – 7.166)	6.351 (4.581 – 8.242)	5.050 (3.597 – 5.958)	4.657 (4.348 – 4.999)	2.632 (2.198 – 3.326)	3.611 (3.355 – 3.909)	3.182 (2.886 – 3.381)	4.558 (3.992 – 5.045)	0.767 (0.171 – 1.442)	
G. tigrina	12.163 (11.102 – 13.029)	9.486 (9.190 – 10.223)	8.007 (7.755 – 8.332)	6.973 (6.241 – 7.284)	6.966 (5.905 – 7.768)	6.349 (5.974 – 6.587)	6.494 (3.738 – 8.476)	5.134 (2.573 – 6.096)	4.528 (3.794 – 4.758)	2.773 (2.249 – 3.335)	3.692 (2.827 – 4.276)	3.145 (2.650 – 3.475)	4.339 (3.131 – 5.136)	0.770 (0.344 – 1.437)	0.278 (0.096 – 0.707)

PHYLOGENETIC ANALYSES INCLUDING MORPHOLOGICAL CHARACTERS

The MP analysis based on the 50 morphological characters yielded seven equally parsimonious trees (201 steps; CI = 0.557; RI = 0.536), which resulted in a strict consensus tree of 225 steps (CI = 0.498; RI = 0.411). There were 43 parsimony-informative characters and seven autapomorphies. The morphological data exhibited a weak structuring of the phylogenetic signal similar to that expected at random, with a distribution of tree lengths almost not skewed (g1 = -0.425280; due to the heterogeneity in number of character states, P is not available). The consensus tree was characterized by a general lack of resolution of the branchings, with low DI values (tree and data not shown) that reached a maximum value of 2 for three monophyletic groups: 1/ (*G. servalina*, (*G. cristata, G. victoriae*)) 2/ (*G. genetta, G. "felina"*) and 3/ (*G. angolensis, G. tigrina,* (*G. genetta, G. "felina"*)). Values of bootstrap (1000 replicates), all less than 60 %, confirmed the very low support for nodes of the morphological tree.

The result from the ILD test between the morphological and the pruned cytochrome *b* matrices (one specimen per species) indicated high conflict between the two data sets (P = 0.001). However, we ran a combined analysis in order to estimate the conflicting signals at nodes between and within the data sets by calculating PBS. The MP analysis resulted in a single most parsimonious tree described in Fig. 2. The concatenated data matrix showed a high structuring of phylogenetic signal, with a shape of tree-length distribution clearly left-skewed (g1 = -0.495250; P not available). The tree topology was very similar to the cytochrome *b* ML tree. However, because of conflicts between phylogenetic signals from cytochrome *b* and morphological characters, some nodes were less supported (bp < 70 % and low DI values). PBS values also suggest conflicting signals within cytochrome *b* at basal nodes between first and second positions, not saturated, and third positions, saturated (see Gaubert et al., submitted). Morphology was conflicting with the branchings supported by cytochrome *b* in numerous parts of the tree (see Fig. 2). Most morphological characters involved in signal conflicts were coat and skull partitions, and to a lesser degree teeth, pads and teats. Coat characters have an important contribution in making morphological traits contradicting cytochrome *b* at nodes grouping *G. piscivora* and *G. johnstoni* (clade 1), *G. "felina"* and *G. angolensis* (clade 2), clade 2 with the large-spotted genet complex (clade 3), clade 3 with *G. genetta* (clade 4) and clade 4 with clade 1. However, phylogenetic signals from morphological and cytochrome *b* data were sometimes cumulative and supported the placement of *G. thierryi* (*Pseudogenetta*) at the base of the genet tree, as well as the sister-relationship between *G. servalina* and *G. cristata* and the monophyly of the large-spotted

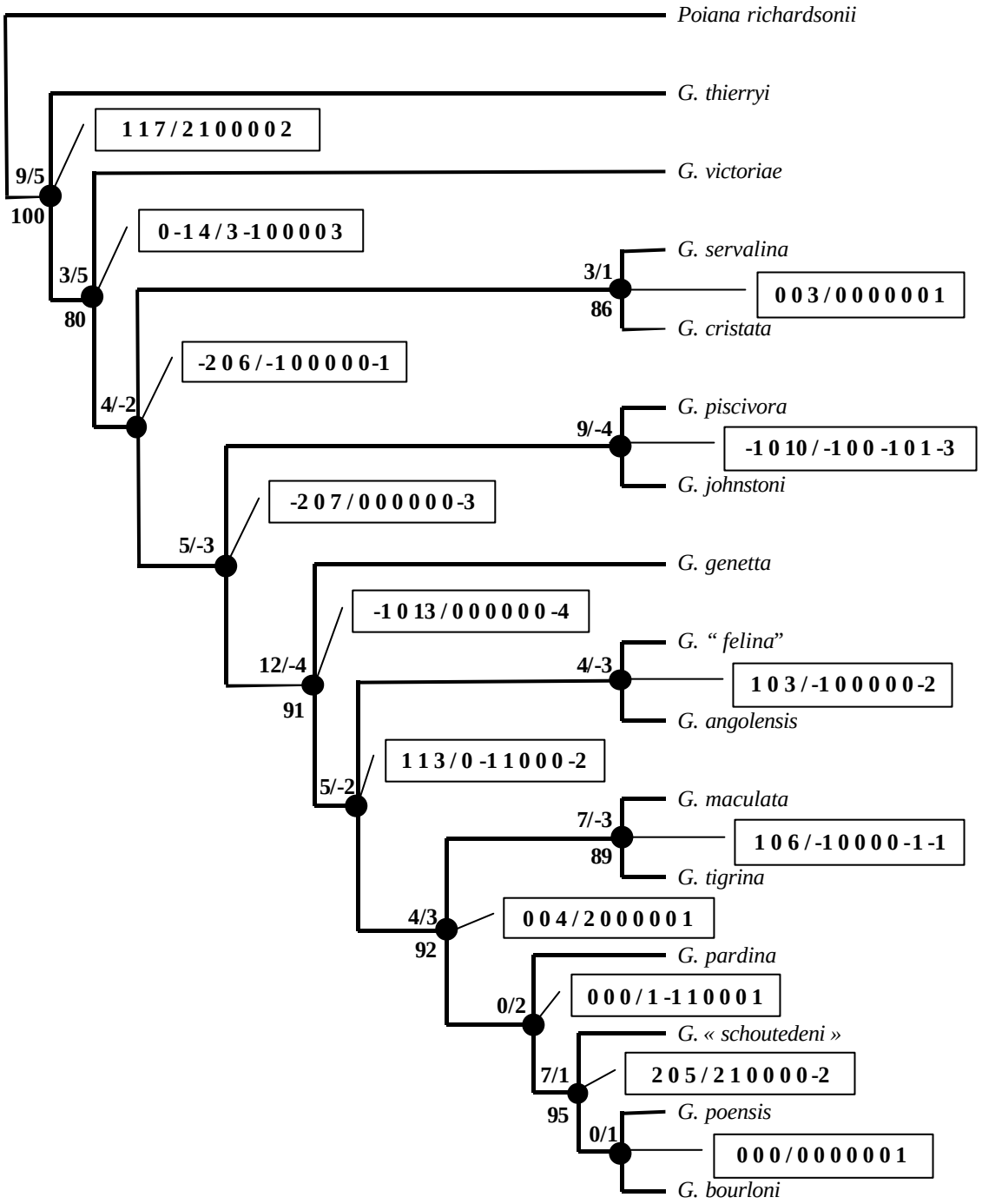


Figure 2. The most parsimonious tree based on the combined analysis of cytochrome *b* and morphological data (4237 steps; CI = 0.928; RI = 0.478; 519 variable characters, 203 parsimony-informative). Numbers below branches represent bootstrap values superior to 70 %. Values above branches are the estimates of Partitioned Bremer Supports (PBS) for the following partition: cytochrome b / morphology. Suit of numbers in boxes linked to tree nodes correspond to the estimates of PBS for the following detailed partition: first codon positions – second codon positions – third codon positions (cytochrome *b*) / skull – teeth – body proportion – pads – teats – hair ultrastructure – coat (morphology). We associated the haplotypes of the clade constituted by the South African small-spotted genets to the morphological species designed in this study as *G. "felina"* (see Discussion).

genet complex. Interestingly, morphological characters supported uncertain phylogenetic positions such as *G. victoriae* as sister-species of the other genets (excluding *G. thierryi*) and *G. pardina* sister-species of the forest forms belonging to the large-spotted genet complex. The combined analysis allowed for identifying one strict morphological synapomorphy among the 50 morphological characters, consisting in the apparition of a thick cortex in the spatula of dorsal guard hair on the branch leading to (*G. johnstoni, G. piscivora*).

RECONSTRUCTION OF ANCESTRAL STATES, TEST OF CORRELATED EVOLUTION AND DIVERGENCE TIME

Reconstruction of ancestral states and tests of correlated evolution gave very similar results using either ML or MP methods (Table 6). ML ancestral states were not significantly more likely to characterize the ancestor of the genets than the other possible states (LR < 0.4). However, reconstructions from the two ML methods were identical, and were also very similar with the ancestral state estimates using the MP method (with the exception of character "distribution of dorsal spots"). Ancestral states of diagnostic morphological characters recovered by both ML and MP methods are as follows: long anterior extension of the caudal entotympanic bone (highest MP ratio: 1.75), one pair of teats (MP ratio = 1.5), narrow mid-dorsal spots (MP = 1.25) and absence of a mid-dorsal crest (MP = 1.75). In addition, the ancestral estimates support rain forest as the original habitat of the ancestor of the genets.

The test of correlation of morphological characters with habitat (see Table 6) using the ML method rejected the model of character independence (LR values between 6 and 8). The correlation to habitat was confirmed by the results from the concentrated-changes test (MP method), with numbers of gains and losses significantly correlated to rain forest in all cases but one (one pair of teats; P > 0.1). Thus, morphological characters used as diagnostic at the species level are very likely to be linked to habitat.

The hypothesis of a clock-like behaviour of cytochrome *b* sequences was not rejected using either complete or pruned taxonomic sets (Kishino-Hasegawa test: -lnL = 6318,27070; P = 0.6430, and -lnL = 3852,48371; P = 1.0000, respectively). Estimations of minimum divergence date (mdd) are given in Table 7. There is a large gap between the estimated divergence of *G. thierryi* (8.5 Myr) and the other species of genets, since mdd of the second species to emerge (*G. victoriae*) is 4.92 (3.98 – 6.01) Myr. The period of divergence of the three basal rain forest lineages (*G. victoriae, G. piscivora – G. johnstoni* and *G. servalina – G. cristata*) are estimated to be Late Miocene and Early Pliocene, with splitting events between

Table 6. Reconstruction of ancestral states and test of correlated evolution for / between five morphological diagnostic characters and habitat. Values of –Lnl correspond to likelihood estimate of best simultaneous set of ancestral states on the tree ("Ancestral states" command). Values of á1 and á2 are the instantaneous transition rates from state 0 to 1 and from state 1 to 0, respectively. LR is the likelihood ratio statistic comparing the goodness of fit between 1/ the overall tree likelihoods calculated with the two character states as ancestral and 2/ the dependent and independent models of evolution. MPO and LPO mean Most and Least Parsimonious Option, respectively. Numbers of gains and losses correspond to the evolutionary events occurring in rain forest lineages.

	Discrete		MacClade	
	Ancestral state	**Correlation to habitat**	**Ancestral state**	**Correlation to rain forest**
(11) Anterior extension of the caudal entotympanic bone	**Long** (state 1) -Lnl = 22.34103 á1 = 0.00041 á2 = 1.06478 LR = 0.3456 (not significant)	**Yes** LR = 7.00491 (significant)	**Long** (state 1) MPO = 4 steps LPO = 7 steps MP ratio = 1.75	**Yes** gain = 1 losses = 3 P = 0.024928 (significant)
(20) Teats	**One pair** (state 0) -Lnl = 28.70267 á1 = 0.0083 á2 = 0.00041 LR = 0 (not significant)	**Yes** Significant LR = 7.34935 (significant)	**One pair** (state 0) MPO = 2 steps LPO = 3 steps MP ratio = 1.5	**No** gain = 0 losses = 2 P = 0.149194 (not significant)
(27) Mid-dorsal spots	**Narrow** (state 1) -Lnl = 28.40688 á1 = 0.00043 á2 = 2.08628 LR = 0.3634 (not significant)	**Yes** Significant LR = 7.99946 (significant)	**Narrow** (state 1) MPO = 4 steps LPO = 5 steps MP ratio = 1.25	**No** gain = 1 losses = 2 P = 0.079919 (marginally significant)
(29) Distribution of dorsal spots	**Densely spotted** (state 1) -Lnl = 22.47135 á1 = 0.00037 á2 = 1.05199 LR = 0.44858 (not significant)	**Yes** LR = 7.02232 (significant)	**Not densely spotted** (state 0) MPO = 4 steps LPO = 5 steps MP ratio = 1.25	**Yes** gains = 2 losses = 2 P = 0.030952 (significant)
(43) Mid-dorsal crest	**Absent** (state 0) -Lnl = 28.70263 á1 = 0.06498 á2 = 0.00037 LR = 0 (not significant)	**Yes** LR = 6.89535 (significant)	**Absent** (state 0) MPO = 4 steps LPO = 7 steps MP ratio = 1.75	**Yes** gain = 0 losses = 4 P = 0.013091 (significant)
Habitat	**Rain forest** -Lnl = 28.70265 á1 = 0.12017 á2 = 0.00037 LR = 0 (not significant)	-	**Rain forest** MPO = 4 steps LPO = 5 steps MP ratio = 1.25	-

species of the two latter rain forest clades at Middle Pliocene and Late Pliocene – Pleistocene periods, respectively. The widely distributed species *G. genetta* is estimated to diverge from the rest of the genets during Middle Pliocene, whereas *G. "felina"*, restricted to South African localities, arises ca. 1 Myr later. Mdd estimate between *G. "felina"* and *G. angolensis* is between Late Pliocene and Early Pleistocene, as is dated the emergence of the large-spotted genet complex. Species of the complex that are more likely to occur in closed habitats like woodlands and rain forest (*G. poensis, G. bourloni, G. "schoutedeni"*) diverged during the Middle Pleistocene, whereas *G. maculata* and *G. tigrina*, which are sibling species inhabiting savannahs, constitute the most recent species, splitting during the Late Pleistocene.

Table 7. Estimations of minimum divergence date (mdd) between genet taxa (in Myr). We used 8.5 Myr as the divergence date between G. thierryi and the rest of the extant genet species (see Material and Methods). "Node" corresponds to mdd between a species or clade (left) and another (right) that constitute the monophyletic group defined by this node; clades are represented by one species name. Values between parentheses are confidence intervals estimated with Rhino.

"Node"	**Minimum divergence date (mdd)**
G. thierryi – G. maculata	-
G. victoriae – G. maculata	**4.92** (3.98 – 6.01)
G. servalina – G. maculata	**4.51** (3.69 – 5.45)
G. piscivora – G. maculata	**4.31** (3.52 – 5.21)
G. genetta – G. maculata	**3.61** (2.86 – 4.50)
G. piscivora – G. johnstoni	**3.56** (2.66 – 4.61)
G. "felina" – G. maculata	**2.70** (2.11 – 3.42)
G. "felina" – G. angolensis	**1.95** (1.36 – 2.68)
G. pardina – G. maculata	**1.91** (1.42 – 2.51)
G. pardina – G. "schoutedeni"	**1.59** (1.12 – 2.16)
G. servalina – G. cristata	**1.43** (0.85 – 2.25)
G. poensis – G. "schoutedeni"	**0.99** (0.65 – 1.44)
G. bourloni – G. "schoutedeni"	**0.86** (0.55 – 1.27)
G. maculata – G. tigrina	**0.31** (0.13 – 0.60)

DISCUSSION

PHYLOGENETIC RESULTS AND SPECIES BOUNDARIES REVISITED

Thanks to the use of Museum specimens and an effective network of field collectors, we were able to present for the first time an exhaustive molecular phylogeny of genus *Genetta* including all but one (*G. abyssinica*) of its morphological species representatives. Combined with a considerably revised morphological matrix, cytochrome *b* sequences shed new light on the evolutionary history of the genets. A synthetic phylogenetic tree of the genets is given in Fig. 3.

G. thierryi, traditionally grouped with *G. abyssinica* under subgenus *Pseudogenetta*, is the most basal species, confirming the assumptions of Crawford-Cabral (1981) concerning the primitiveness of the subgenus. This is in complete contrast with the derived position occupied by the species in the morphological analysis of Gaubert et al. (2002). However, as previously said, the morphological tree faced a rooting bias using terrestrial civets as outgroup, profoundly affecting the position of the opposite morphotype represented by *Pseudogenetta* to the most derived part of the tree. The hypothesis supported by our combined analysis is that *G. thierryi* is a "primitive" genet that shares several plesiomorphic characters with genus *Poiana* (Gaubert et al., submitted).

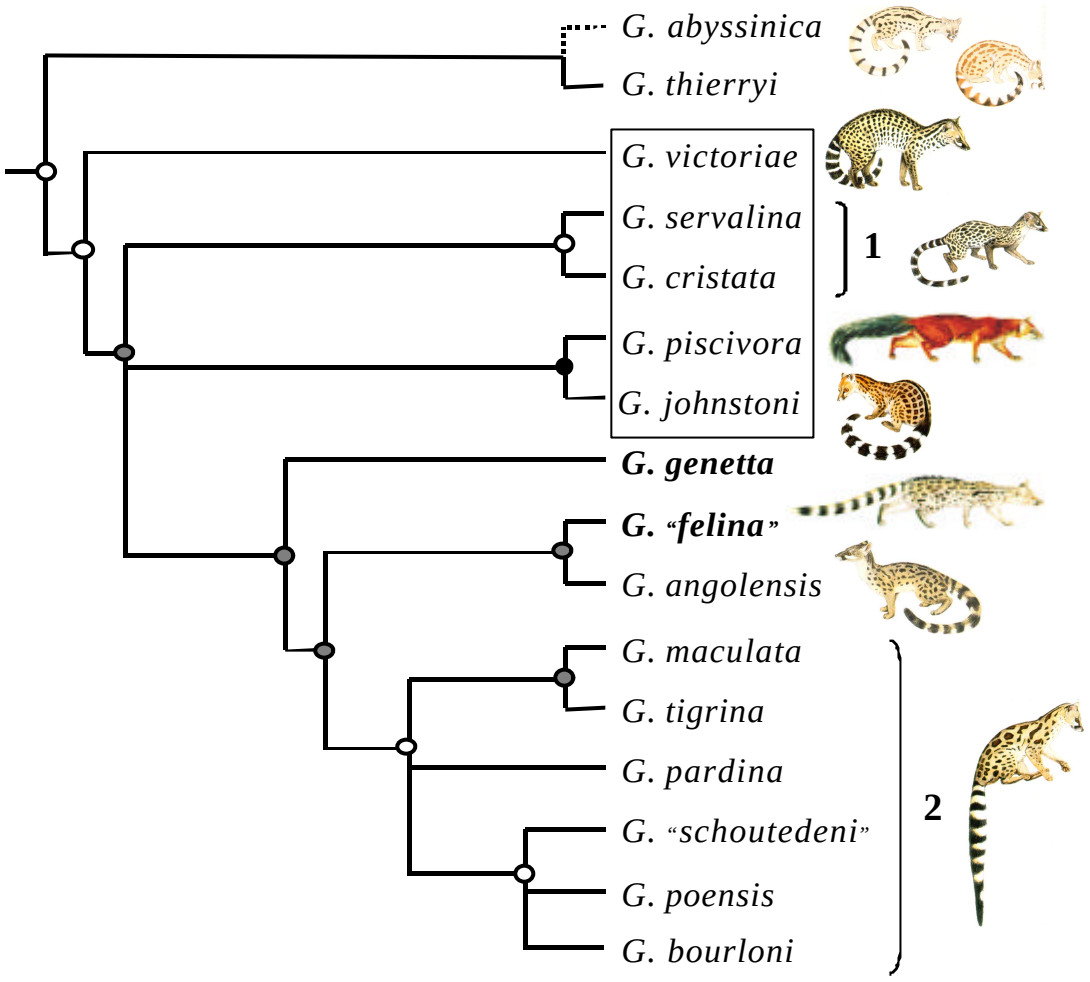


Figure 3. A synthetic phylogenetic tree of the genets. White circles indicate nodes highly supported by both cytochrome *b* and morphological data. Black circles with white lines in diagonal correspond to nodes highly supported by cytochrome *b* but that evidence homoplasy of morphological characters (conflict). We maintained the weakly supported node that groups *G. piscivora* and *G. johnstoni* (black circle) because it is characterized by the only strict morphological synapomorphy of the tree (see Results). The dashed branch leading to *G. abyssinica* does not represent a hypothesis tested with our data set, but relies on diagnostic morphological synapomorphies shared with *G. thierryi* (see Gaubert et al., 2002). **1** represents the "true" servaline genets, and **2** includes the species of the large-spotted genet complex. "Primitive" rain forest genets are included in the black-bordered box (*G. victoriae*: NE Zaire; *G. servalina*: Central African rain forests; *G. cristata*: Lower Guinean Block; *G. piscivora*: NE Zaire; *G. johnstoni*: Upper Guinean Block). Species in bold represent the small-spotted genets, which constitutes a paraphyletic group.

The second species to branch off in the genet tree is *G. victoriae*, the phylogenetic position of which is supported by both molecular and morphological data. The giant genet *G. victoriae* is traditionally included with *G. servalina* and *G. cristata* in the servaline genet group due to their shared densely spotted coat and absence of continuous mid-dorsal line (Crawford-Cabral, 1981; Gaubert et al., 2002), and this is the first time that the paraphyly of the group is evidenced. The observations of a great number of specimens revealed that this global similarity was misleading since the giant genet shows marked morphological differences, even in skull characteristics (see Appendix 2). The true servaline genets are then constituted by the morphologically similar species *G. servalina* and *G. cristata*. The genetic distance between these two genets is higher than intraspecific divergence estimates within each species (*G. genetta* excepted; but see below), thus supporting the status of valid species for *G. cristata* (Rosevear, 1974; Crawford-Cabral, 1981; Van Rompaey & Colyn, 1998; but contrary to Wozencraft, 1993).

The association between the Johnston's genet *G. johnstoni* and the aquatic genet *G. piscivora* has weak bootstrap support, but is found in all methods of analysis and is the only one to be supported by a strict synapomorphy related to hair ultrastructure (thick cortex in the spatula of dorsal guard hair; character 21). The two species are characterized by important morphological transformations (Kuhn, 1959; Lamotte & Tranier, 1983; Van Rompaey, 1988), which make them very different from the classical genet morphotype. We hypothesise that the lineage leading to these genets may have developed adaptive and accelerated evolution of their morphology in response to habitat selective pressure in rain forests. Basal branching between the servaline genets and the clade grouping *G. johnstoni* and *G. piscivora* is unresolved, but the phylogenetic tree clearly shows that the giant, servaline, aquatic and Johnston's genets form a paraphyletic group of "primitive" genets restricted to rain forest. The most derived clade, to be described below, consists of species from more open habitats like woodlands and savannahs, with two exceptions.

One of our major results is the strongly supported paraphyly of the small-spotted genets, resulting in the distinction of two species that emerged first in the "open habitat" clade. Crawford-Cabral (1981) considered *G. genetta* a polytypic species, and distinguished between two OTUs: the "west-and-northern group" (Europe, Maghreb, West Africa) and "east-and-southern group" (Arabian Peninsula, East and South Africa). Our phylogenetic conclusions disagree with this point of view, since 1/ *G. genetta* is paraphyletic and 2/ West African specimens cluster with those from Sub-Saharan Africa, and Arabian Peninsula individuals are sister-group of Maghreb and Europe populations (but weakly supported).

Some authors split the small-spotted genets into two species using names *G. genetta* and *G. felina* (see Roberts, 1951; Cabral, 1966; Schlawe, 1981; Honacki et al., 1982; Harrison & Bates, 1991), but attributed a wide Sub-Saharan range, sometimes including the Arabian Peninsula, to the latter, and generally restricted *G. genetta* to Europe and Maghreb. On the contrary, the exhaustive sample set used in this study allows for restricting the South African clade that makes small-spotted genets paraphyletic to the Republic of South Africa (haplotypes), Namibia and southern Angola (observations from Museum specimens; P. Gaubert, pers. obs.). The oldest available name for designating the species is *Genetta felina* (Thunberg, 1811), which was described from Cape of Good Hope, and we recommend its use until further taxonomic investigations. The species shows a close morphological similarity with *G. genetta*, and a few diagnostic characters are available, such as bright ash-grey-white ground colouration, hindfeet covered by a dark "sock" and posterior part of forefeet completely dark. We acknowledge that distinguishing between the two small-spotted genets in sympatric regions of occurrence (i.e. Namibia, Angola, and north-eastern Republic of South Africa) may be ambiguous. *G. "felina"* is strongly supported by cytochrome *b* as sister-species of *G. angolensis,* a relationship not supposed by previous investigations (Crawford-Cabral, 1969; Crawford-Cabral, 1981). The newly restricted *G. genetta* had intraspecific genetic divergences by far the highest among the genets (mean value = 3.624, with a maximum of 5.929), and exceeded the majority of divergence estimates that occurred between sister-species (servaline and large-spotted genets). This suggests that *G. genetta* may constitute a clade containing several allopatric species, but this assertion requires further investigation.

The monophyly of the large-spotted genet complex is highly supported by both cytochrome *b* and morphological data. Our analysis identified three distinct lineages consisting in *G. pardina,* (*G. maculata, G. tigrina*) and the "forest forms" (*G. poensis, G. bourloni, G. "schoutedeni"*). The latter clade is characterized by a trifurcation and low genetic divergence between the three morphological species. Given the stability, all along their range, of discriminative morphological characters in *G. poensis, G. "schoutedeni"* and the new species *G. bourloni*, we consider them as valid species, and interpret low genetic distances as an evidence for recent speciation events. Similarly, the placement of one specimen belonging to *G. maculata* within the *G. tigrina* group, genets which exhibit a divergent morphology, is probably due to the retention of ancestral polymorphism in cytochrome *b* and indicates a very recent split between the two species. The coat pattern of *G. poensis*, which could have been considered aberrant like the similar "King Cheetah" pattern

(see Gaubert, in press b), is in fact a clear species-discriminative character. Moreover, numerous morphological autapomorphies support the species status of this genet (see Appendix 2), as already suggested by Rosevear (1974) and Crawford-Cabral (1981). Similarly, the dark coat of *G. bourloni*, with partially coalesced mid-dorsal spots, could have been interpreted as characteristics of a "form" of *G. pardina* adapted to life in forest (but see Gaubert, in press b). Our phylogenetic results show that these traits are good species-diagnostic characters since *G. bourloni* and *G. pardina* do not share an exclusive common ancestor. The name *G. "schoutedeni"* should be used temporarily, waiting for clarifications about whether or not the type specimen described by Crawford-Cabral (1970) corresponds to the species concerned. *G. "schoutedeni"* exhibits a very similar coat pattern with *G. maculata* and was described on this basis as a subspecies of the latter by Crawford-Cabral (1970). Our results indicate that the two species do not share close phylogenetic affinities. Thus, two genets having almost similar ranges and coat pattern live in sympatry in woodlands and savannahs of sub-Saharan Africa (after morphological re-definition, *G. "schoutedeni"* does not appear to be restricted to rain forest; see Gaubert, in press b).

Given the high morphological heterogeneity of the species grouped under genus *Genetta*, all subgenera should be abandoned. In the light of our results based on cytochrome *b* and morphological data, we propose a new classification of the genets that fixes to 16 the number of species:

.Genus *Genetta* G. Cuvier, 1816

-*Genetta thierryi* Matschie, 1902 [Hausa Genet]

-*Genetta abyssinica* (Rüppel, 1836) [Abyssinian Genet]

-*Genetta victoriae* Thomas, 1901 [Giant Genet]

-*Genetta servalina* Pucheran, 1855 [servaline Genet]

-*Genetta cristata* (Hayman, 1940) [Crested servaline Genet]

-*Genetta piscivora* (Allen, 1919) [Aquatic Genet]

-*Genetta johnstoni* Pocock, 1908 [Johnston's Genet]

-*Genetta genetta* (Linnaeus, 1758) [Common small-spotted genet]

-*Genetta "felina"* (Thunberg, 1811) [South African small-spotted genet]

-*Genetta angolensis* Bocage, 1882 [Miombo Genet]

-*Genetta tigrina* (Schreber, 1776) [Cape Genet]

-*Genetta maculata* (Gray, 1830) [Rusty-spotted Genet]

-*Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilaire, 1832 [Pardine Genet]

-*Genetta poensis* Waterhouse, 1838 [King Genet]

-*Genetta "schoutedeni"* (Crawford-Cabral, 1970) [Schouteden's Genet]

-*Genetta bourloni* Gaubert, 2003 [Bourlon's Genet]

EVOLUTIONARY HISTORY OF THE GENETS IN AFRICA

Some of the phylogenetic hypotheses and species delimitations resulting from our analysis strongly contradict the traditional taxonomy of genus *Genetta* and evidence the great homoplasy conveyed by morphological characters. Characters related to coat pattern and skull appear particularly labile, as shown by numerous conflicts between Partitioned Bremer support estimations. A constant evolutionary rate of morphological characters seems to be unlikely, since our analyses evidenced important morphological differences between species with low cytochrome *b* divergence (*G. maculata* and *G. tigrina*) and almost similar morphotypes for species highly cytochrome *b*-divergent (*G. genetta* and *G. "felina"*). Thus, accelerated morphological evolution (as also suspected in the (*G. johnstoni – G. piscivora*) lineage) and morphological stasis might have been frequent events in the genus *Genetta*, and be responsible for the difficulty in assessing species boundaries and phylogenetic patterns.

Tests using ML and MP methods indicated in their huge majority a significant correlation between the diagnostic morphological characters traditionally used for genets and habitat, thus indicating that at least a part of the morphological traits used in taxonomy are adaptive and, as such, inappropriate for phylogenetic reconstructions. Although the estimates of ancestral states concerning diagnostic characters were not significant (ML method) and are difficult to interpret, in terms of support, using the MP method, they congruently suggested an ancestor of the genets characterized by morphological traits typical of *Poiana*, the sister-group of the genets (long anterior extension of the caudal entotympanic bone, one pair of teats, narrow mid-dorsal spots and absence of a mid-dorsal crest). In addition, ML and MP methods support rain forest as the ancestral habitat of the genets, thus confirming the hypothesis of an African rain forest origin for the whole group (Gaubert et al., 2002), and a *Poiana*-like ancestor of genets (Gaubert et al., submitted).

However, the first genet species to branch off in the tree is *G. thierryi*, which is distributed in moist and dry savannahs with open woodlands from Gambia to Cameroon (P. Gaubert, pers. obs.), thus suggesting the "exit" of an early lineage (ca. 8.5 Myr) into African open habitats that antedates rain forest contraction and the savannah turnover of a majority of mammals around 2.8 Myr (Vrba, 1995; Wessleman, 1995). The genet tree then consists of a paraphyletic group of "primitive" rain forest species, which diverged during Late Miocene – Early Pliocene, at a period where equatorial Africa was warmer and more humid (Morley,

2000) and rain forest covered a larger area than today (Maley, 1996). Although these species have in their majority a restricted range that corresponds to rain forest refuges (see fig. 3), the molecular estimates of divergence time do not indicate that divergence of the lineages leading to *G. victoriae*, (*G. piscivora*, *G. johnstoni*) and (*G. servalina*, *G. cristata*) occurred during the contraction of rain forest, which started from ca. 3.5 Myr (Maley, 1996; Morley, 2000). Thus, the phylogenetic results concerning the basal part of the genet tree reject the hypothesis of a climatically induced speciation model (Fjeldsa, 1994; deMenocal, 1995) as well as the role of rain forest refuges in species diversification by isolation (Mayr & O'Hara, 1986; Lynch, 1988). Instead, it is suggested that more complex forces of selection than simply habitat (e.g., environmental gradients, inter-specific competition) acted on the evolutionary history of these rain forest genets. In this case, refuges supposed to have persisted since ca. 3.5 Myr (Maley, 1996) have clearly influenced the current range of the species, supposing a low capacity of re-colonization after rain forest re-expansion (*G. servalina* excepted), but seem to have not played a role in speciation (see Roy, Sponer & Fjeldsa (2001) for a similar case on African forest birds). The emergence of the derived savannah clade coincides with the starting period of rain forest contraction and increase in savannah vegetation, ca. 3.5 – 3.4 Myr (Cerling, 1992; Maley, 1996; Morley, 2000), thus marking a second invasion of open habitats some 5 Myr ago after *G. thierryi*. The climatic cooling around 2.8 Myr (deMenocal & Bloemendal, 1995) corresponds to the divergence between *G. "felina"* and the ancestor of the large-spotted genet complex. The three lineages constituting the latter appeared during following cool-dry episodes (deMenocal & Rind, 1993). The model of speciation in savannah is thus very different from what is hypothesized for the rain forest genets, with this time a diversification of lineages linked to savannah expansion and forested zones contraction. One interesting point that highlights the complexity of the evolutionary history of genus *Genetta* resides in the Late Pliocene – Middle Pleistocene splitting between *G. cristata* and *G. servalina*, which are allopatric sister-species, suggesting that speciation in rain forest may also be due to isolation in refuges during the Quaternary period (Mayr & O'Hara, 1986). Similarly, two species belonging to the large-spotted genets (*G. bourloni* and *G. poensis*), which diverged during Pleistocene, exemplify a recent reversion to rain forest habitat from a savannah clade, contradicting once again the common point of view that transitions in African mammals were generally made from rain forest to savannah (see Grubb, 1978).

CONCLUSIONS

The evolutionary history of the genets seems very complex and influenced by a variety of factors. Our results show that variation in habitat cover related to climatic changes might constitute a part of the explanation of the species diversity currently observed, and confirm that speciation events within African taxa were numerous during the alternation of cool and warm Quaternary periods (Diamond, 1980; deMenocal, 1995) inducing displacement of ecotones (Ambrose & Sikes, 1991). However, such a climatic speciation model cannot explain the most ancient splitting events in the genet tree, and further investigations are needed in order to understand the evolutionary processes that yielded *G. thierryi* (with *G. abyssinica*) and basal rain forest lineages. One striking point of our results concerns the double role of rain forest refuges, since they may 1/ influence the current range of "ancient" species without having played a role in their diversification (*G. johnstoni, G. piscivora, G. victoriae*) and 2/ have been decisive in the speciation of recently evolved genets (*G. bourloni, G. poensis*). Moreover, the correlation between some diagnostic morphological characters and habitat may suggest a model of ecological speciation (Schluter, 2001; Via, 2002), at least among species of the derived savannah clade. Finally, the scarcity of fossil record and succession of heterogeneous morphotypes appeared in a relatively short time in the genet tree let suppose that genus *Genetta* experienced regular extinction events, especially in rain forest where it started speciating. Unfortunately, the acidity of rain forest soils and the lack of caves would make the fossil record unavailable (Hare, 1980; Van Neer, 1990).

Species grouped under the large-spotted genet complex consists of at least six species and is the most dynamic clade in terms of "recent" evolution. The split between *G. maculata* and *G. tigrina* is the latest speciation event, estimated to Late Pleistocene. Hybridisations in the wild between *G. maculata - G. tigrina* and *G. maculata - G. pardina* are strongly suspected (Pringle, 1977; P. Gaubert, pers. obs.). Moreover, as seen before, reversions to rain forest habitat are recorded within this savannah clade. The large-spotted genet complex might constitute a source of ongoing and for future speciation events, which should be studied in the next future with more rapidly evolving markers (C.A. Fernandes.& P. Gaubert, in prep.).

The confirmed species that are *G. bourloni* and *G. poensis*, only known from Museum specimens, should urgently be the subject of field surveys in order to achieve information on their biology and status, both totally unknown.

ACKOWLEDGMENTS

We are very grateful to the following people and organizations for their contribution and for having kindly supplied samples: L.-L. Lee (National Taiwan University, Taiwan), M. Tranier, S. Lavoué, C. Crémière and J.-P. Hugot, (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France), A. Dunham (Stony Brook University, New York, USA), L. Granjon and B. Sicard (I.R.D. Bamako, Mali), R. Zingg (Zoo of Zurich, Switzerland), M. Colyn (Station Biologique de Paimpont, Université de Rennes 1, France), D. Guérineau (Zoorama de Chizé, France), P. Taylor (Durban Natural Science Museum, RSA), F. Catzeflis (University of Montpellier, France), F. Palomares (Biological Station of Donana, Spain), C. & T. Stuart (African-Arabian Wildlife Research Centre, RSA), M. Gouichiche (Centre Cynégétique de Zéralda, Algeria), A. Kitchener (National Museums of Scotland, Edinburgh, United Kingdom), P. Vercammen (Sharjah Desert Park, Oman), S. de Vries (Rotterdam Zoo, Netherlands), J. Tobias (Miller Park Zoo, USA), J. Eger and M. Engstrom (Royal Ontario Museum, Canada), L. Heaney and J. Phelps (The Field Museum, Chicago, USA), E. Harley (Department of Chemical Pathology, Cape Town, RSA), L. Wingate and F. Kigozi.(Amathole Museum, King William's Town, RSA), N. Avenant and J. Eksteen (South African National Museum, Bloemfontein, RSA), J. Patton and Y. Leite (Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley, USA), W. Van Neer and W. Wandelen (Musée royal d'Afrique Centrale, Tervuren, Belgium). We thank Simon Tillier and the Service Commun de Systématique Moléculaire (CNRS IFR 1541, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris) for supporting the molecular work of P.G. Annie Tillier, Céline Bonillo and Josie Lambourdière kindly helped P.G. in the sequencing activities. Stephan Funk (Institute of Zoology, London) provided C.A.F. with fruitful advice and suggestions in lab procedures.

REFERENCES

Ambrose SH, Sikes NE. 1991. Soil carbon isotope evidence for Holocene habitat change in the Kenya Rift Valley. *Science* **253:** 1402-1405.

Amigues, S. 1999. Les belettes de Tartessos. *Anthropozoologica* **29:** 55-64.

Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJ, Staden R, Young IG. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* **290:** 457-465.

Baker RH, DeSalle R. 1997. Multiple sources of character information and the phylogeny of Hawaiian drosophilids. *Systematic Biology* **46:** 654-673.

Belshaw R, Dowton M, Quicke DLJ, Austin AD. 2000. Estimating ancestral geographical distributions: a Gondwanan origin for aphid parasitoids?. *Proceedings of the Royal Society of London B* **267**: 491-496.

Bensasson D, Zhang D-X, Hewitt GM. 2000. Frequent assimilation of mitochondrial DNA by grasshopper nuclear genomes. *Molecular Biology and Evolution* **17:** 406-415.

Bremer K. 1988. The limits of amino acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution* **42:** 795-803.

Cabral JCM. 1966. Note on the taxonomy of *Genetta*. *Zoologica Africana* **2:** 25-26.

Cerling TE. 1992. Development of grasslands and savannas in East Africa during the Neogene. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* **97:** 241-247.

Coetzee C. 1977. Order Carnivora. Part 8. In: Setzer J, Meester HW, eds. *1971-1977. The mammals of Africa: an identification manual.* Washington D.C.: Smithsonian Institution Press.

Cooper A, Lalueza-Fox C, Anderson S, Rambaut A, Austin J, Ward R. 2001. Complete mitochondrial genome sequences of two extinct moas clarify ratite evolution. *Nature* **409:** 704-707.

Crawford-Cabral J. 1969. As genetas de Angola. *Boletim do Instituto de Investigação Científica de Angola* **6:** 3-33.

Crawford-Cabral J. 1970. As genetas da Africa Central. *Boletim do Instituto de Investigação Científica de Angola* **7:** 3-23.

Crawford-Cabral J. 1981. The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Boletim da Sociedade Portuguesa de Ciências Naturais* **20:** 97-114.

Crawford-Cabral J, Fernandes C. 1999. A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted genet. *Small Carnivore Conservation* **21:** 12.

Crawford-Cabral J, Fernandes C. 2001. The Rusty-spotted genets as a group with three species in Southern Africa (Carnivora: Viverridae). In: Denys C, Granjon L, Poulet A, eds. *African Small Mammals*. Paris: IRD, 65-80.

Crawford-Cabral J, Pacheco A. 1992. Are the Large-spotted and the Rusty-spotted genets separate species (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Garcia de Orta, Séria de Zoologia* **16:** 7-17.

Cunningham CW, Omland KE, Oakley TH. 1998. Reconstructing ancestral character states: a critical reappraisal. *TREE* **13:** 361-366.

deMenocal PB. 1995. Plio-Pleistocene African climate. *Science* **270:** 53-59.

deMenocal PB, Bloemendal J. 1995. Plio-Pleistocene climatic variability in Subtropical Africa and the paleoenvironment of hominid evolution: a combined data-model approach. In: Vrba ES, Denton GH, Partridge TC, Burckle LH, eds. *Paleoclimate and evolution, with emphasis on human origins.* New Haven: Yale University Press, 262-288.

deMenocal PB, Rind D. 1993. Sensitivity of Asian and African climate to variations in seasonal insolation, glacial ice cover, sea surface temperature, and Asian orography. *Journal of Geophysical Research* **98D4:** 7265-7287.

Diamond AW, Hamilton AC. 1980. The distribution of forest passerine birds and Quaternary climatic change in tropical Africa. *Journal of Zoology* **191:** 379-402.

Ducroz JF, Volobouev V, Granjon L. 1998. A molecular perspective on the systematics and evolution of the genus *Arvicanthis* (Rodentia; Muridae): Inferences from complete cytochrome *b* gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **10:** 104–117.

Edwards SV, Arctander P, Wilson AC. 1991. Mitochondrial resolution of a deep branch in the genealogical tree for perching birds. *Proceedings of the Royal Society of London B* **243:** 99-108.

Farris JS, Kallersjo M, Kluge AG, Bult C. 1995. Testing significance of incongruence. *Cladistics* **10:** 315-319.

Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* **39:** 783-791.

Felsenstein J. 1993. *PHYLIP (Phylogenetic Inference Package) version 3.5c*. Seattle: Department of Genetics, University of Washington.

Fjeldsa J. 1994. Geographical patterns of relict and young species of birds in Africa and South America and implications for conservation priorities. *Biodiversity Conservation* **3:** 107-226.

Gaubert P. in press a. *Genetta*. In: Kingdon J, Butynski T, eds. *The Mammals of Africa. Vol. 4. Carnivora, Pinnipedia, Pholidota, Tubulidentata, Hyracoidea, Proboscidea, Sirenia, Perissodactyla*. London: Academic Press.

Gaubert P. in press b. Description of a new species of genet and taxonomic revision of forest forms related to the Large-spotted Genets (Carnivora; Viverridae; genus *Genetta*). *Mammalia*.

Gaubert P, Tranier M, Veron G, Kock D, Dunham AE, Taylor PJ, Stuart C, Stuart T, Wozencraft WC. in press. *Viverra maculata* Gray, 1830 (currently *Genetta maculata*; Mammalia, Carnivora): proposed conservation of the specific name (Case 3204). *Bulletin of Zoological Nomenclature.*

Gaubert P, Veron G, Tranier M. 2001. An investigation of morpho-anatomical characters within the genus *Genetta* (Carnivora, Viverridae), with a remark on *Osbornictis*, the Aquatic genet. In: Denys C, Granjon L, Poulet A, eds. *African Small Mammals*. Paris: IRD, 81-89.

Gaubert P, Veron G, Tranier M. 2002. Genets and "genet-like" taxa (Carnivora, Viverrinae): Phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zoological Journal of the Linnean Society* **134:** 317-334.

Geraads D. 1997. Carnivores du Pliocène terminal de Ahl al Oughlam (Casablanca, Maroc). *Geobios* **30:** 127-164.

Grubb P. 1978. Patterns of speciation in African mammals. *Bulletin of the Carnegie Museum of Natural History* **6:** 152-167.

Hall TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* **41:** 95-98.

Hardy C, Casane D, Vigne J-D, Callou C, Dennebouy N, Mounolou J-C, Monnerot M. 1994. Ancient DNA from Bronze Age bones of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Experientia* **50:** 564-570.

Hare PE. 1980. Organic geochemistry of bone and its relation to the survival of bone in the natural environment. In: Hill AP, Behrensmeyer AK, eds. *Fossils in the making*. Chicago: University of Chicago Press, 208-219.

Harrison DL, Bates JJ. 1991. *The mammals of Arabia, 2nd ed.* Kent: Harrison Zoological Museum Publication.

Hassanin A, Douzery EJP. 2000. Is the newly described Vietnamese bovid *Pseudonovibos spiralis* a chamois (Genus *Rupicapra*)?. *Naturwissenschaften* **87:** 122-124.

Hendey QB. 1974. The Late Cenozoic Carnivora of the south-western Cape Province. *Annals of the South African Museum* **63:** 1-369.

Hillis DM. 1991. Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. In: Miyamoto MM, Cracraft J, eds. *Phylogenetic analysis of DNA sequences*. Oxford: Oxford University Press, 278-294.

Hillis DM, Bull JJ. 1993. An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Systematic Biology* **42:** 182-192.

Hillis DM, Huelsenbeck JP. 1992. Signal, noise, and reliability in molecular phylogenetic analyses. *Journal of Heredity* **83:** 189-195.

Honacki JH, Kinman KE, Koeppl JW. 1982. Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference. Lawrence, Kansas: Allen Press.

Hunt RM Jr. 1996. Biogeography of the Order Carnivore. In: Gittleman JL, ed. *Carnivore behavior, ecology and evolution, Vol. 2.* New York: Cornell University Press, 485-451.

Irwin DM, Kocher TD, Wilson AC. 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. *Journal of Molecular Evolution* **32:** 128-144.

Kingdon J. 1977. *East African mammals: an atlas of evolution in Africa. Vol. III-A.* London: Academic Press.

Kingdon J. 1997. *The Kingdon field guide to African mammals*. San Diego: Academic Press.

Kishino H, Hasegawa M. 1989. Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea. Journal of Molecular Evolution 29: 170-179.

Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX, Wilson AC. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* **86:** 6196-6200.

Kuhn H-J. 1959. *Genetta (Paragenetta) lehmanni*, eine neue Schleichkatze aus Liberia. *Saugetierkunde Mitteilungen* **8:** 154-160.

Lamotte M, Tranier M. 1983. Un spécimen de *Genetta (Paragenetta) johnstoni* collecté dans la région du Nimba (Côte d'Ivoire). *Mammalia* **47:** 430-432.

Liu F-GR, Miyamoto MM. 1999. Phylogenetic assessment of molecular and morphological data for Eutherian mammals. *Systematic Biology* **48:** 54-64.

Lorch PD, Eadie JMcA. 1999. Power of the concentrated changes test for correlated evolution. *Systematic Biology* **48:** 170-191.

Lynch JD. 1988. Refugia. In: Myers AA, Giller PS, eds. *Analytical biogeography*. New York: Chapman & Hall, 311-342.

Maddison WP, Maddison DR. 1992. *MacClade: Analysis of Phylogeny and Character Evolution, version 3.* Sunderland: Sinauer Associates.

Maddison WP, Maddison DR. 2000. *MacClade: Analysis of Phylogeny and Character Evolution, version 4.0*. Sunderland: Sinauer Associates.

Maley J. 1996. The African rain forest - main characteristics of changes in vegetation and climate from the Upper Cretaceous to the Quaternary. *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh* **104B:** 31-73.

Mason-Gamer RJ, Kellogg EA. 1996. Testing for phylogenetic conflict among molecular data sets in the tribe Triticeae (Gramineae). *Systematic Biology*, **45:** 524-545.

Mayr E, O'Hara RJ. 1986. The biogeographic evidence supporting the Pleistocene forest refuge hypothesis. *Evolution* **40:** 55-67.

Morales A. 1994. Earliest genets in Europe. *Nature* **370:** 512-513.

Morley RJ. 2000. *Origin and evolution in tropical rain forests.* New York: Wiley.

Mooers AO, Schluter D. 1999. Reconstructing ancestor states with maximum likelihood: support for one- and two-rates models. *Systematic Biology* **48:** 623-633.

Mundy NI, Unitt P, Woodruff DS. 1997. Skin from feet of museum specimens as a non-destructive source of DNA for avian genotyping. *The Auk* **114:** 126-129.

Ord TJ, Blumstein DT. 2002. Size constraints and the evolution of display complexity: why do large lizards have simple displays?. *Biological Journal of the Linnean Society* **76:** 145-161.

Ord TJ, Blumstein DT, Evans CS. 2001. Intrasexual selection predicts the evolution of signal complexity in lizards. *Proceedings of the Royal Society of London B* **268:** 737-744.

Ortolani A, Caro TM. 1996. The adaptive significance of colour patterns in Carnivores: phylogenetic tests of classic hypothesis. In: Gittleman JL, ed. *Carnivore behavior, ecology and evolution, Vol. 2*. New York: Cornell University Press, 132-188.

Pagel M. 1994. Detecting correlated evolution on phylogenies: a general method for the comparative analysis of discrete characters. *Proceedings of the Royal Society of London B* **255:** 37-45.

Pagel M. 1997. Inferring evolutionary processes from phylogenies. *Zoologica Scripta* **26:** 331-348.

Pagel M. 1999. The maximum likelihood approach to reconstructing ancestral character states of discrete characters on phylogenies. *Systematic Biology* **48:** 612-622.

Pagel M. 2000. *User's manual for Discrete 4.0*. Reading: School of Animal and Microbial Sciences.

Paxinos EE, James HF, Olson SL, Sorenson MD, Jackson J, Fleischer RC. 2002. mtDNA from fossils reveals a radiation of Hawaiian geese recently derived from the Canada goose (*Branta canadensis*). *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* **99:** 1399-1404.

Pocock RI. 1908. Report upon a small collection of Mammalia brought from Liberia by Mr. Leonard Leighton. *Proceedings of the Zoological Society of London* **1907:** 1037-1047.

Posada D, Crandall KA. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics Applications Note* **14:** 817-818.

Powell CB, Van Rompaey H. 1998. Genets of the Niger Delta, Nigeria. *Small Carnivore Conservation* **19:** 1-7.

Pringle JA. 1977. The distribution of mammals in Natal. Part 2. Carnivora. *Annals of the Natal Museum* **23:** 93-115.

Rambaut A, Bromham L. 1998. Estimating divergence dates from molecular sequences. *Molecular Biology and Evolution* **15:** 442-448.

Roberts A. 1951. *The mammals of South Africa*. Johannesburg: Trustees of "The mammals of South Africa" Book Fund.

Rodriguez F, Oliver JF, Marin A, Medina JR. 1990. The general stochastic model of nucleotide substitution. *Journal of Theoretical Biology* **142:** 485-501.

Rosevear D. 1974. The Carnivores of West Africa. London: Trustees of the British Museum (N.H.).

Roy RS, Sponer R, Fjeldsa J. 2001. Molecular systematics and evolutionary history of Akalats (genus *Sheppardia*): a Pre-Pleistocene radiation in a group of African forest birds. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **18:** 74-83.

Sanderson IT. 1940. The Mammals of the North Cameroons Forest Area. *Transactions of the Zoological Society of London* **24:** 623-725.

Schlawe L. 1981. Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zoologische Abhandlungen des staatlichen Museums für Tierkunde Dresden* **37:** 85-182.

Schluter D. 2001. Ecology and the origin of species. *TREE* **16:** 372-380.

Sorenson MD. 1999. *TreeRot, version 2*. Boston: Boston University.

Swofford DL. 2001. *PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods). Beta version 4.0b2.* Sunderland: Sinauer Associates.

Turner A. 1987. New fossil carnivore remains from the Sterkfontein Hominid Site (Mammalia: Carnivora). *Annals of the Transvaal Museum* **34:** 319-347.

Van Neer W. 1990. Les faunes de vertébrés quaternaires en Afrique centrale In: Lanfranchi R, Schwartz D, eds. *Paysages Quaternaires de l'Afrique centrale atlantique*. Paris : ORSTOM, 195-220.

Van Rompaey H. 1988. *Osbornictis piscivora*. *Mammalian species* **309:** 1-4.

Van Rompaey H, Colyn M. 1998. A new servaline genet (Carnivora, Viverridae) from Zanzibar Island. *South African Journal of Zoology* **33:** 42-46.

Veron G, Heard S. 2000. Molecular systematics of the Asiatic Viverridae (Carnivora) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence analysis. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* **38:** 209-217.

Via S. 2002. The ecological genetics of speciation. *American Naturalist* **159:** S1-S7.

Vrba ES. 1995. The fossil record of African antelopes (Mammalia, Bovidae) in relation to human evolution and paleoclimate. In: Vrba ES, Denton GH, Partridge TC, Burckle LH, eds. *Paleoclimate and evolution, with emphasis on human origins*. New Haven: Yale University Press, 385-424.

Wayne RK, Van Valkenburg B, O'Brien SJ. 1991. Molecular distance and divergence time in Carnivores and Primates. *Molecular Biology and Evolution* **8:** 297-319.

Wenzel E, Haltenorth T. 1972. System der Schleichkatzen (Viverridae). *Saugetierkunde Mitteilungen* **20:** 110-127.

Wessleman HB. 1995. Of mice and almost-men: regional paleoecology and human evolution in the Turkana Basin. In: Vrba ES, Denton GH, Partridge TC, Burckle LH, eds. *Paleoclimate and evolution, with emphasis on human origins*. New Haven: Yale University Press, 356-368.

Wozencraft WC. 1993. Order Carnivora In: Wilson DE, Reeder DM, eds. *Mammal species of the world - A taxonomic and geographic reference*. Washington & London: Smithsonian Institution Press, 279-348.

Zhang DX, Hewitt GM. 1996. Nuclear integrations: challenges for mitochondrial DNA markers. *TREE* **11:** 247-251.

Appendix 1. List of the 50 characters constituting the morphological matrix. Numbers between parentheses correspond to the numbering used in the intrageneric analysis of Gaubert et al. (2002). If followed by "inter-", numbering refers to the intergeneric analysis.

.Skull

1- Crest of insertion of temporal muscles (upper part of the parietal): forming a large area slightly elevated 0 – forming a laterally narrowed area 1 – forming a narrow and elevated crest 2 – forming a narrow but not elevated area 3. (2: inter-, redefinition)

2- Premaxillary-frontal contact: absent 0 - variable 1 - present 2. (1)

3- Postorbital process: very sloped 0 – moderately sloped 1 – poorly sloped 2.

4- Posterior extension of the frontal bones: very large, almost completely overlapping the dorsal part of the interorbital constriction 0 – moderated, overlapping cc. 50 % of the dorsal part of the interorbital constriction 1 – very narrow, overlapping the dorsal part of the interorbital constriction only in its median part 1. (4: redefinition).

5- Interorbital constriction: strong 0 (inferior to 1 – 0.12) – intermediate 1 (equal to 1 ± 0.12) – weak 2 (superior to 1 + 0.12). (9 inter-, redefinition) [The interorbital constriction corresponds to the ratio between the inter-parietal constriction (just posterior to the postorbital process) and the inter-frontal constriction (just anterior to the postorbital process, vertical to the lacrymal foramen). The value 0.12 is the mean of the standard

deviation for the means concerning the measures of the interorbital constriction from all the taxa, out- and ingroup included].

6- Ventral extension of the pterygoid bones: weakly developed 0 – strongly developed 1. (7: redefinition)

7- Staphylinal fissure: indented 0 – very little marked 1. (8)

8- Curve of the anterior part of the caudal entotympanic bone (internal side): broken 0 – continuous 1.

9- Premaxillary-maxillary suture position in relation to P^1: forward 0 – at the same level 1. (33: inter-)

10- Maxillary-palatine suture position in relation to main cusp of P^3: just behind 0 – at the same level 1 – anterior to 2. (21)

11- Anterior extension of the caudal entotympanic bone: short, posterior to the anterior foramen lacerum 0 – long, reaching or anterior to the anterior foramen lacerum 1. (18: inter-, redefinition)

.Teeth

12- M_2: reduced 0 - developed 1. (23: redefinition)

13- M^2: absent 0 - present 1. (24: redefinition)

14- Lower canines: weak 0 - strong 1. (38: inter-)

15- M_1 talonid: reduced 0 - developed 1. (29: redefinition)

16- P_2 posterior accessory cusp: absent or extremely reduced 0 - present 1. (26)

17- P^3 lingual cusp: absent or extremely reduced 0 – present 1. (25)

.Body proportion

18- Ratio head + body / tail length: [superior to 1.5] 0 - [between 1.3 and 1.4] 1 - [equalling 1.2] 2 - [equalling 1.1] 3 - [equalling 1] 4. (50: inter-, redefinition)

.Pads

19- Central depression of the forefeet: hairless 0 - hairy 1. (31)

.Teats

20- Number of teats: one pair 0 – two pairs 1.

.Hair ultrastructure

21- Spatula cortex of dorsal guard hair: thin 0 - thick 1. (60 : inter-)

22- Cross section shape of the spatula base of dorsal guard hair: oblong 0 - round or slightly ovoid 1. (36)

23- Margin of the scales located in the middle of the spatula of dorsal guard hair: smooth 0 - crenelated 1 – very crenelated 2. (38)

24- Shape of the transition zone scales located between the base and the middle of dorsal guard hair: triangular 0 - rhomboid 1 – baso-distally compressed 2. (37)

.Coat

25- Mid-dorsal line pattern: broken, suggested by aligned spots 0 – continuous 1. (39: redefinition)

26- Mid-dorsal line : bright and bordered by a pair of longitudinal stripes 0 – full dark 1. (39: redefinition)

27- Mid-dorsal spots: large 0 – narrow 1. (42: redefinition)

28- Longitudinal coalescence of the first row (contiguous to mid-dorsal line) of mid-dorsal spots: absent 0 – partial 1 – important 2 – complete, forming a continuous stripe 3. (41: redefinition)

29- Distribution of dorso-lateral spots: not densely spotted 0 – densely spotted 1.

30- Dark stripe longitudinally crossing the rings of the tail: very marked 0 – moderately marked 1 – just appearing 2. (44 : redefinition) [the darkening of the distal part of the tail (character 47) is not related to a putative enlargement of the dark stripe, but to a darkening of the bright rings. Characters 30 and 47 are thus independent]

31- Pair of wide median nuchal stripes: absent 0 - present 1. (45)

32- Thin nuchal stripes: well defined 0 - confused 1. (46)

33- Coat of hindfoot: dark 0 – bright anterior part and dark back part (around pads) 1 - bright 2. (47)

34- Upper leg coat: uniformly dark 0 – bright anterior part and dark back part 1 – uniformly bright 2. (48 : redefinition)

35- Coat of inner upper leg: bright 0 – dark 1.

36- Upper leg spots: not merged 0 – merged in partial horizontal lines 1. (49: redefinition)

37- Forefoot coat: dark 0 – bright anterior part and dark back part (around pads) 1 – bright 2. (50)

38- Upper arm coat: uniformly dark 0 – bright anterior part and dark back part 1 – uniformly bright 2. (52: redefinition)

39- Upper arm patterns: numerous spots 0 – few spots 1 – no spot 2. (53)

40- Upper arm spots: not merged 0 – merged 1.

41- Sub-ocular spots: bright and contrasting 0 - absent 1. (55: redefinition)

42- Upper labial spots: bright and very contrasting 0 – reduced and poorly contrasting 1. (56: redefinition)

43- Hairs of mid-dorsal crest: relatively short 0 – relatively long 1 [when compared to the adjacent dorsal hairs, “relatively short” means “similar length”]

44- Tail hairs: short (from 20 to 30 mm) 0 - long (from 40 to 45 mm) 1. (58)

45- Number of bright rings on tail: four 0 – five 1 – six 2 – seven 3 – eight 4 – nine 5 – ten 6 – eleven 7 – twelve 8.

46- Distal part of the tail: alternation of dark and bright rings 0 – the last bright ring is hardly visible 1 – several bright terminal rings are hardly visible 2. (60)

47- Tip of the tail: dark 0 - bright 1. (59 : redefinition)

48- Chin: inferior chops bordered by a large dark stripe 0 – inferior chops bordered by a thin dark stripe 1 – inferior chops uniformly bright 2.

49- Sagital crest: present 0 - absent 1. [The sagital crest is defined as a thin stripe of nuchal hairs orientated the opposite way to the adjacent nuchal hairs]

50- Relative witdth of the bright rings over the dark rings (middle of the tail): less than 20 % 0 – between 50 and 75 % 1 – cc. 100 % 2 – cc. 200 % 3.

Appendix 2. Morphological matrix.

	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	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
Poiana richardsonii	0	0	0	0	2	1	1	1	0	2	0	0	0	1	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	2	0	0	2	2	1	0	1	1	0	0	6/8	0	1	2	1	3
Genetta thierryi	2	0	0	1	1	1	0	1	1	2	1	1	1	1	1	0	1	3	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1/2	0	1	0	1	2	2	0	0	2	2	1	0	0	0	0	0	4/5	1	0	2	1	2
Genetta johnstoni	1	?	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	4	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1/3	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3/4	0	1	0	1	0
Genetta servalina	1	2	0	1	2	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0/1	1	3	1	0	0	0	1	0	0	0	0/1	0	1	2	0	0	0	1	1	0/1	0	1	0	0	0	0	0	0	5/7	0	1	1	1	0
Genetta victoriae	1/3	2	0	1/2	0	1	0	1	0/1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	2	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	2/4	0	0	0	0	0
Genetta genetta	1/3	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0/1	1	3	1	1	0	0	1	2	1	1	0/1	1/2	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0/1	0	0	1	1	4/5	0	1	0	1	2
Genetta "felina"	1	0	0	1	1	0	0	0	0/1	1/2	0	1	1	1	1	0/1	1	4	1	1	0	0	1	2	1	1	1	2	0	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	4/5	0	1	0	1	3
Genetta angolensis	1/3	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	3	1	1	0	0	1	0	1	1	1	2	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	6/7	1	0	0	1	1
Genetta pardina	2/3	2	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	2	1	1	0	0	0	2	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	2	1	0	0	1	0
Genetta poensis	2	1/2	0	2	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	?	0	0	0	0	1	1	1	3	1	1	0	1	0	1/2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0/2	2	0	1	1	0
Genetta bourlon	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	?	0	0	0	0	1	1	0	2	1	1	0	0	0	1/2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1/3	2	0	1	1	0
Genetta "schoutedeni"	2	2	0	2	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	?	1	1	0	0	?	?	1	1	0	0/1	0	1	0	0	1	1	?	0	2	2	1	0	0	0	0	0	3/4	1	0	1	1	1
Genetta maculata	2	1	0	2	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0/1	0/1	3	1	1	0	0	0	2	1	1	0	0/1	0	1	0	0	1	1	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	2/5	1	0	1	1	1
Genetta tigrina	3	1	0	1	1	1	0	0	0	2	0	1	1	1	1	0	0	3	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	2/4	1	0	0	1	1
Genetta cristata	1	2	0	1	1	1	0	1	0	1/2	1	1	1	1	1	0	1	1	1	?	?	?	?	?	0	0	1	1	1	2	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	4/6	0	1	1	0	1
Genetta piscivora	2	0	1	2	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	?	0	0	0	?	1	0	0	1	?	?	?	?	?	?	0	?	0	2	0	?	0	2	?	?	0	0	0	0	?	?	?	?	1	1	?

. Synthèse et commentaires

L'analyse basée sur les séquences de cytochrome *b* et un échantillonnage taxinomique exhaustif a permis d'établir des relations de parenté inédites au sein du genre *Genetta*. La position basale de *G. thierryi* est confirmée. Toutefois, les genettes servalines sont paraphylétiques, avec *G. victoriae* groupe-frère des autres genettes. Cette relation de parenté est également soutenue par les deux jeux de données (moléculaire et morphologique) dans l'analyse combinée. Les autres genettes servalines, *G. servalina* et *G. cristata,* sont espèces-sœurs. *G. johnstoni* forme un groupe monophylétique avec *G. piscivora*, mais une telle association reste faiblement soutenue. On note toutefois la présence d'une synapomorphie stricte liée à l'ultrastructure des poils. *G. victoriae, G. servalina – G. cristata, G. johnstoni* et *G. piscivora* constituent ainsi un groupe paraphylétique de genettes forestières « primitives », aux relations de parenté irrésolues. La genette commune *G. genetta* apparaît paraphylétique, puisqu'un clade constitué d'haplotypes sud-africains est groupe-frère de *G. angolensis.* Les localités d'origine de ces haplotypes sud-africains, couplées à l'examen des collections, indiquent que ce taxon correspond au morphotype de *G. felina*. L'espèce *G. genetta* telle que nouvellement définie est quant à elle groupe-frère du clade ((*G. felina, G. angolensis*), « Large-spotted Genet complex »). La monophylie du « Large-spotted Genet complex » est très soutenue par le cytochrome *b* et la morphologie, et le statut spécifique de *G. bourloni, G. poensis* et «*G. schoutedeni* », est confirmé. La combinaison des jeux de données moléculaire et morphologique et l'utilisation des Indices de Bremer Partitionnés ont mis en évidence, tout au long de l'arbre des genettes, un conflit général entre les signaux issus des deux matrices, illustrant encore une fois l'homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques. Les tests phylogénie-dépendants de corrélation entre traits diagnostiques et habitat se sont révélés dans leur grande majorité hautement significatifs, laissant supposer qu'une partie au moins des caractères morphologiques sont de valeur purement adaptative. L'histoire évolutive des genettes en Afrique semble complexe, puisque nos résultats proposent un ancêtre « *Poiana*-like » forestier, puis une diversification impliquant deux sorties indépendantes en milieu ouvert (*G. thierryi*, basale, et le clade des espèces savanicoles) et, au sein du clade le plus dérivé, un retour à la forêt tropicale humide (*G. bourloni* et *G. poensis*). Les estimations de temps de divergence minimum basées sur les séquences de cytochrome *b* indiquent qu'une partie des évènements de spéciation coïncide avec les phases cycliques d'alternance «forêts-savanes » apparues au cours du Quaternaire, ce qui laisse dans ce cas supposer un modèle de spéciation écologique. Toutefois, les lignées aboutissant à *G. victoriae, G. johnstoni* et *G. piscivora*, trois espèces à l'aire de répartition confinée aux refuges forestiers du nord-est du

Zaïre et du Bloc forestier guinéen, sont estimées divergentes à une période bien antérieure, entre le Miocène inférieur et le Pliocène supérieur. Le rôle des refuges forestiers apparaît ainsi double, puisqu'ils semblent à la fois pouvoir induire, par isolement de populations inféodées au milieu forestier, des phénomènes de spéciation lors des phases de «contraction-extension» du Quaternaire, ou / et jouer un rôle dans la restriction des aires de répartition actuelles de certaines espèces forestières.

Notre approche combinée a permis de clarifier la phylogénie et les limites interspécifiques au sein du genre *Genetta*. Cependant, la saturation du cytochrome *b* aux nœuds basaux, couplée à l'absence de structuration du signal et la valeur adaptative véhiculées par les données morphologiques, rendra nécessaire l'emploi d'autres marqueurs moléculaires, à taux d'évolution plus lents (relations basales) et plus rapides (au sein du « Large-spotted Genet complex ») que le cytochrome *b*, afin d'établir une phylogénie solide des genettes. Bien que notre analyse soit basée sur un échantillonnage taxinomique exhaustif, elle souffre d'une sous-représentation en nombre d'individus concernant le clade du « Large-spotted Genet complex », en particulier pour les espèces *G. pardina, G. bourloni, G. poensis* et *G. « schoutedeni »*. Aussi, une collaboration est en cours avec C.A. Fernandes (Cardiff University, Royaume-Uni), afin d'aborder la phylogéographie du complexe (ainsi que celle de *G. genetta*) sur la base des séquences de cytochrome *b* et de D-loop, un autre marqueur mitochondrial, à évolution plus rapide.

2.c. Vers une redéfinition de la sous-famille des Viverrinae et l'élaboration d'un scenario évolutif pour les genettes et les « Genet-like taxa »

L'ensemble des résultats issus de notre travail de thèse nous permet d'envisager une redéfinition taxinomique de la sous-famille des Viverrinae, basée à la fois sur des considérations morphologiques (caractères discrets) et moléculaires (ADN mitochondrial et nucléaire). L'analyse de ces données dans un cadre phylogénétique permet également d'élaborer, pour la première fois, un scenario évolutif concernant les relations entre les faunes viverrines des continents asiatiques et africains, ainsi que la phase de diversification des genettes en Afrique. C'est donc une synthèse de nos investigations que nous proposons ici au lectorat, synthèse incluant parfois des résultats non évoqués -pour cause de contraintes de « format »- dans le cadre de certains articles.

-Redéfinition de la sous-famille des Viverrinae : une proposition de classification

La sous-famille des Viverrinae telle que redéfinie d'après nos résultats exclut le genre *Prionodon*, ce dernier devant désormais constituer une famille à part entière, les Prionodontidae (groupe-frère des Felidae). L'inclusion du genre fossile *Paleoprionodon,* dont la similarité morphologique avec *Prionodon* a été évoquée au § 2.a.3., au sein des Prionodontidae, demeure une question en suspens.

Alors que les analyses basées sur le cytochrome *b* ne permettaient pas de statuer sur certaines relations de parenté intra-Viverridae, les séquences de l'intron I de la transthyrétine apportent un signal phylogénétique clair quant à la monophylie du groupe « civettes terrestres – genettes et poianes ». Sur la base de nos investigations combinées, nous considérons que les Viverrinae doivent être définis comme étant constitués de 24 espèces représentant cinq genres (en guise de comparaison, Wozencraft (1993) identifie 19 espèces et sept genres). Les trois sous-genres couramment usités pour les genettes sont à abandonner puisqu'ils n'ont pas de signification phylogénétique. Bien que la majorité des statuts spécifiques ait été attribuée suivant un principe de congruence entre les données morphologiques et moléculaires, certains taxons n'ont, hélas, pas pu être pris en compte dans le cadre de l'analyse moléculaire. Le statut spécifique qui leur est attribué ici est toutefois justifié sur la base de caractères diagnostiques discriminants et constants (fixés) pour l'ensemble des Viverrinae. Nous proposons de définir dans cette présente classification deux tribus, qui correspondent aux deux groupes monophylétiques constituant la sous-famille des Viverrinae, à savoir les civettes terrestres et le clade *Poiana* + *Genetta*. Il nous est apparu judicieux de définir de tels rangs taxinomiques étant donné les synapomorphies morphologiques claires qui les caractérisent :

.Famille des Viverridae Gray, 1821

.Sous-famille des Viverrinae Gray, 1821

.tribu des Viverrini Winge, 1895

[**synapomorphies :** membres digitigrades - coussinets thénaires et hypothénaires réduits - rapport tête + corps / queue en général supérieur à 1,5 - présence d'un « collier » noir et blanc au niveau de la gorge - paire de glandes périnéales très développées, avec un espace interglandulaire formant une large poche de stockage - os entotympanique caudal très enflé et de forme pyramidale - processus paroccipital fort et de forme triangulaire, avec un prolongement ventral - denture forte et M_1 caractérisée par un talonide très développé]

.Genre *Viverra* Linné, 1758

-*Viverra zibetha* Linné, 1758

-*Viverra tangalunga* Gray, 1832
-*Viverra megaspila* Blyth, 1862
-*Viverra civettina* Blyth, 1862
.Genre *Viverricula* Hodgson, 1838
-*Viverricula indica* (Desmarest, 1804)
[présence d'une « forme » à deux paires de mamelles]
.Genre *Civettictis* Pocock, 1915
-*Civettictis civetta* (Schreber, 1776)

.tribu des Genettini trib. nov.

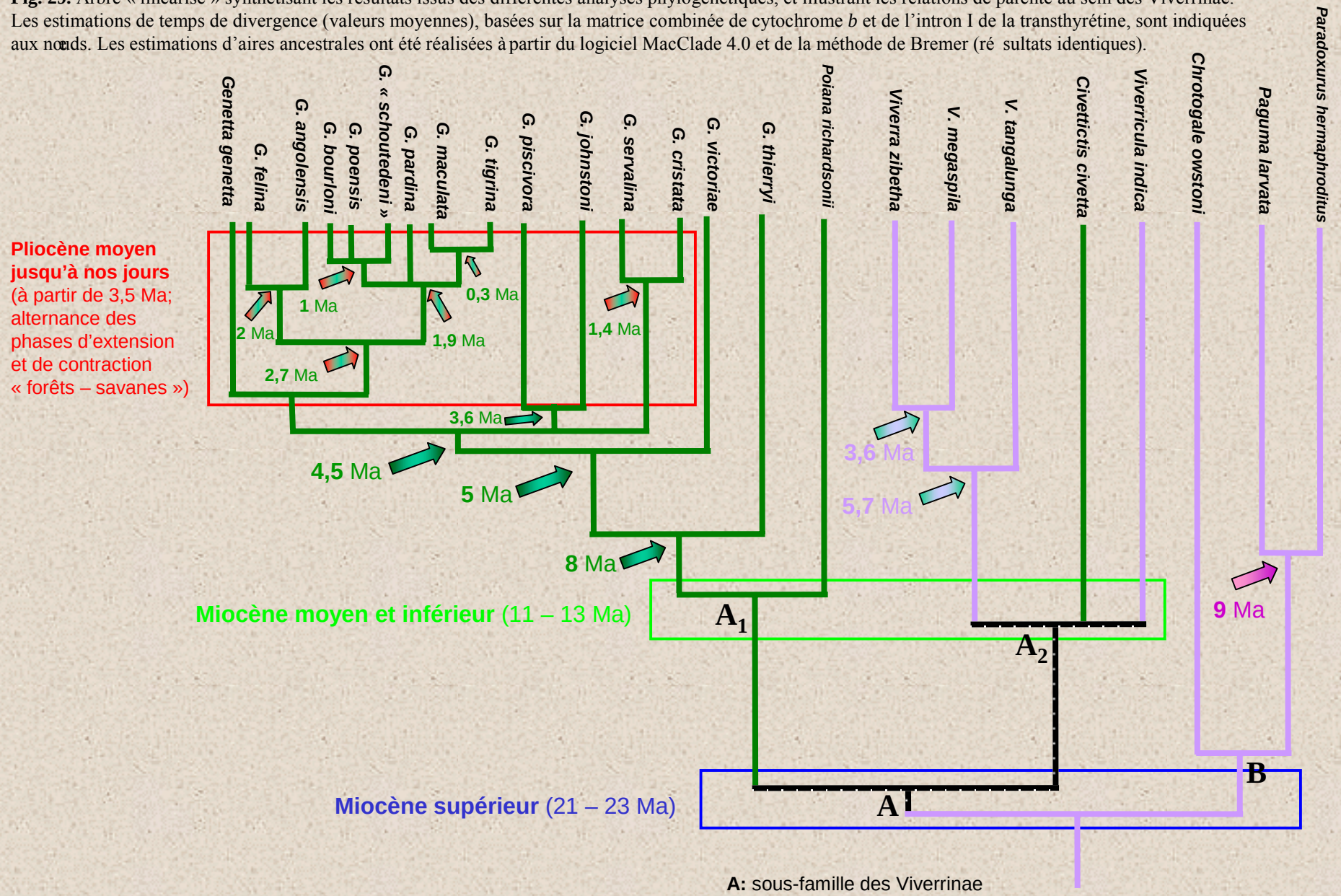
[**synapomorhies :** membres antérieurs plantigrades et membres postérieurs digitigrades (semi-digitigrades) - coussinets métatarsiens fins mais bien développés - rapport tête + corps / queue inférieur à 1,5 - « masque » facial constitué de paires de taches claires supra-labiales, sous- et supra-orbitaires - os entotympanique caudal peu enflé et de forme globuleuse - processus paroccipital arrondi et court - denture fine et tranchante, et talonide de M_1 réduit]

.Genre *Genetta* G. Cuvier, 1816
-*Genetta genetta* (Linné, 1758)
-*Genetta tigrina* (Schreber, 1776)
-*Genetta felina* (Thunberg, 1811)
-*Genetta maculata* (Gray, 1830)
-*Genetta pardina* I. Geoffroy Saint-Hilare, 1832
-*Genetta abyssinica* (Rüppell, 1836)
-*Genetta poensis* Waterhouse, 1838
-*Genetta servalina* Pucheran, 1855
-*Genetta angolensis* Bocage, 1882
-*Genetta victoriae* Thomas, 1901
-*Genetta thierryi* Matschie, 1902
-*Genetta johnstoni* Pocock, 1908
-*Genetta piscivora* (A. Allen, 1919)
-*Genetta cristata* (Hayman, 1940)
-*Genetta "schoutedeni"* (Crawford-Cabral, 1970)
[attribution du nom d'espèce incertaine ; cf § III.2.b.1.]
-*Genetta bourloni* Gaubert, 2003
.Genre *Poiana* Gray, 1865
-*Poiana richardsonii* (Thomson, 1845)
-*Poiana leightoni* (Pocock, 1908)

-Relations Asie - Afrique, et diversification du morphotype «genette » au sein du continent africain

Nos analyses indiquent clairement une origine asiatique des taxons actuels de Viverridae tels que nouvellement définis (i.e. excluant le genre *Prionodon*), avec une radiation aboutissant aux trois sous-familles que sont les Viverrinae, les Hemigalinae et les Paradoxurinae, au cours du Miocène supérieur (fig. 29). La présence du plus ancien taxon fossile attribué aux Viverridae, le genre *Herpestides,* dans les gisements français de

Fig. 29. Arbre « linéarisé » synthétisant les résultats issus des différentes analyses phylogénétiques, et illustrant les relations de parenté au sein des Viverrinae. Les estimations de temps de divergence (valeurs moyennes), basées sur la matrice combinée de cytochrome *b* et de l'intron I de la transthyrétine, sont indiquées aux nœuds. Les estimations d'aires ancestrales ont été réalisées à partir du logiciel MacClade 4.0 et de la méthode de Bremer (résultats identiques).



l'Aquitanien (Miocène inférieur : 23-25 Ma ; cf Hunt, 1991, 1996), est en accord avec nos estimations de temps de divergence basées sur les données moléculaires. Dans un tel contexte, une origine eurasiatique des Viverridae (taxons fossiles et actuels) semble être envisageable (Hunt, 1991). L'exploitation des gisements fossiles de Chine et de Mongolie (e.g. Chow, 1991, et Meng & McKenna, 1998) pourrait toutefois apporter des éléments cruciaux à la question relative à l'émergence du groupe (cf Hunt, 1996). Les données paléomagnétiques indiquent une collision du continent australien avec la plaque des Philippines aux alentours de 25 Ma, avec des effets géologiques majeurs qui se sont propagés ensuite vers l'ouest de l'Asie (Hall, 1996 ; 1998) et ont pu influencer les conditions climato-écologiques du continent eurasiatique à une époque correspondant à l'émergence des Viverridae actuels. Toutefois, les reconstitutions écologiques et climatiques pour cette période de fin d'Oligocène et de début de Miocène restent peu nombreuses, et se heurtent à un cruel manque de données fossiles (Holloway & Hall, 1998). Sur la base du degré d'hypsodontie des faunes fossiles de mammifères herbivores d'Eurasie, Fortelius et al. (2002) suggèrent un climat humide et une végétation principalement forestière en Asie pour le début du Miocène (jusqu'à 15 Ma), sans bouleversement climatique particulier et en continuité avec les conditions climatiques de la fin de l'Oligocène. Aussi, d'après le peu de données concernant la paléo-écologie de l'Asie à l'époque de la divergence entre Viverrinae et Hemigalinae + Paradoxurinae, il reste très difficile de mettre en relation l'apparition des sous-familles de Viverridae actuels avec quelque événement d'ordre écologique. Enfin, l'existence de gisements fossiles africains datés de l'Orléanien (Miocène inférieur : 19-22 Ma) contenant *Herpestides* (île de Rusinga, au Kenya) suggère une invasion de l'Afrique à peine postérieure à la période d'apparition de la famille en Eurasie (Schmidt-Kittler, 1987 ; Hunt, 1996).

L'origine géographique des Viverrinae est, quant à elle, incertaine (cf fig. 29). D'après nos estimations de temps de divergence, une origine africaine du groupe impliquerait la migration en Afrique d'un stock de « proto-viverrinés » asiatiques ou eurasiatiques au tout début du Miocène. Or, les estimations d'apparition des liaisons continentales Asie-Afrique sont très controversées. La collision de la microplaque Arabe avec le continent eurasien, reliant ainsi l'Asie à l'Afrique, est supposée survenir au cours du Miocène moyen, à une période postérieure à 16 Ma (LePichon & Angelier, 1979 ; Woodruff & Savin, 1989 ; Krijgsman, 2002). De plus, la datation du passage de faunes par l'Europe au cours de la jonction « messinienne » avec l'Afrique repousse la possibilité d'une migration en Afrique à une période beaucoup plus récente, autour de 6 Ma (Garces et al., 1998 ; Krijgsman et al.,

1999 ; Garces et al., 2001). Des passages transméditerranéens par la voie siculo-tunisienne ou la Sardaigne-Corse et la Toscane ont été suggérés pour le début du Miocène (Hurzeler, 1975 ; Hurzeler & Engesser, 1976 ; Azzaroli, 1977), mais ils constituent des hypothèses dont la validité a été fortement remise en question (e.g., Thomas et al., 1982 ; Rosenbaum et al., 2002). La présence de viverridés fossiles en Afrique entre 17 et 20 Ma, et notamment *Orangictis gariepensis*, considéré comme le premier représentant fossile des Viverrinae actuels (cf § I-1.b.), implique toutefois une migration rapide vers l'Afrique, au début du Miocène, à partir du stock eurasien. Cox (2000) est l'un des rares auteurs à proposer un échange effectif de faunes entre l'Asie et l'Afrique, à partir d'environ 19 Ma, via la péninsule arabe. Un tel modèle nous permettrait ainsi d'envisager une origine eurasiatique des Viverrinae, avec un passage sur le continent africain dès le début du Miocène. Toutefois, des données supplémentaires, à la fois géologiques et fossiles, sont nécessaires afin de reconstituer une histoire du bassin méditerranéen antérieure à 15 Ma (cf Krijgsman, 2002), et ainsi d'appréhender un scénario évolutif argumenté pour la première phase de diversification des Viverrinae. A partir du Miocène moyen (ca. 16 Ma), les voies de migration Afrique-Eurasie par la péninsule arabe, et plus tard, à la fin du Miocène, par l'Europe, sont clairement établies, et permettent d'envisager des mouvements migratoires bidirectionnels (impliquant des rétromigrations) entre les deux continents (Steininger et al., 1985 ; Braithwaite, 1987 ; Cox, 2000). Ces échanges fauniques ont pu perdurer jusqu'au début du Pliocène aussi bien pour la voie arabe (apparition des régions désertiques actuelles ; cf Anton, 1984, et Cox, 2000) que pour la voie bético-rifaine (ouverture du passage Océan Atlantique – Méditerranée ; cf Hsu et al., 1973, et Krijgsman, 2002).

La tribu des Viverrini (constituée des civettes terrestres), comme vu précédemment, est constituée de genres actuels à la fois asiatiques (*Viverra* et *Viverricula*) et africains (*Civettictis*). De plus, les taxons fossiles qui lui sont rattachés sont distribués aussi bien en Europe (*Viverrictis* (sous-genre de *Viverra*), *Jourdanictis* ; Miocène moyen et supérieur), en Asie (*Vishnuictis, Megaviverra, Jourdanictis* ; Plio-Pléistocène) qu'en Afrique (*Orangictis*, Miocène supérieur, et *Pseudocivetta,* Plio-Pléistocène). Aussi, une hypothèse probable est que le groupe ait exploité les routes à la fois arabe et bético-rifaine d'échanges fauniques, cette grande « mobilité » ayant participé à l'invasion d'un large éventail d'habitats et à l'importante phase de diversification du Plio-Pléistocène (cf Hunt, 1996). Les données fossiles et le faible nombre de représentants actuels (six espèces, dont une seule africaine ; absents en Europe) laissent toutefois supposer une phase d'extinction très importante au Pléistocène, qui pourrait

être liée à l'aboutissement d'un processus de refroidissement général, dans l'hémisphère nord tout au moins, et d'augmentation de la saisonnalité suite à l'apparition des calottes glaciaires (Cox, 2000 ; Fortelius et al., 2002). Si l'on fait l'hypothèse que l'inféodation des civettes terrestres actuelles aux habitats tropicaux et subtropicaux relativement fermés (forêts, zones boisées) est extrapolable aux taxons fossiles, alors les patrons d'extinction du groupe dans l'hémisphère nord (Eurasie) sont en effet largement imputables aux variations climatiques. Toutefois, un tel modèle ne suffit pas à expliquer la présence d'une seule espèce en Afrique, ainsi que la réduction à cinq espèces (représentant deux genres) en Asie tropicale. L'émergence du genre *Viverra* est datée d'après nos estimations moléculaires aux environs de 5,7 Ma, à la fin d'une phase d'humidité caractérisant l'est de l'Asie (Ding et al., 1999 ; An et al., 2001), mais précédant à peine une période d'ouverture des milieux du Pliocène (Fortelius et al., 2002). L'identification, dès le Miocène supérieur, de taxons fossiles exhibant une similarité crânienne et dentaire très poussée avec les civettes terrestres actuelles, laisse supposer que le morphotype « Viverrini » ait été fixé à une période bien antérieure à la charnière Miocène-Pliocène. En outre, la similarité morphologique de *Viverrictis,* apparu aux alentours de 20 Ma en Europe, avec le genre *Viverra,* implique, d'après nos résultats phylogénétiques et nos estimations de temps de divergence, des phénomènes de convergence morphologique globale importants entre les deux taxons.

Le morphotype « genette » apparaît très tard, dans les gisements fossiles du Pliocène, et en Afrique uniquement (cf § I-2.b.). Or, nos estimations de temps de divergence basées sur la combinaison des séquences de cytochrome *b* et de l'intron I de la transthyrétine fixent à environ 11 Ma l'apparition de la tribu des Genettini (*Poiana* et *Genetta*). L'absence de taxons fossiles avant le Pliocène suggère une origine de la tribu ainsi qu'une première phase de diversification en forêt humide africaine (non conservation des résidus fossiles liée à l'acidité des sols et à l'absence de grottes). Comme chez les Viverrini, d'importantes phases d'extinction peuvent être envisagées afin d'expliquer le patron phylogénétique observé entre les espèces actuelles (grande diversité des morphotypes), bien que dans ce cas précis il soit impossible d'appréhender le phénomène par l'intermédiaire de la documentation fossile, quasi absente. Pour une discussion détaillée de l'histoire évolutive du groupe et une synthèse des résultats obtenus, nous renvoyons le lectorat au § III-2.b.1. et à l'Article 9. En résumé, nous pouvons dire que la tribu des Genettini constitue un exemple d'histoire évolutive complexe, illustrant notamment des phénomènes multi-directionnels d'invasion d'habitats, aussi bien à la base de l'arbre phylogénétique (*Genetta thierryi :* « sortie » en milieu savanicole ; Miocène

inférieur) qu'en position dérivée (*G. bourloni* et *G. poensis :* « retour » aux forêts tropicales humides ; Pléistocène supérieur). L'histoire évolutive de la tribu suit partiellement un modèle de spéciation écologique, avec une phase de grande diversification à partir du Pliocène moyen, marquant le début des périodes cycliques d'alternance « forêts – savanes » (cf fig. 29). Toutefois, des espèces endémiques à des zones de refuges forestiers, comme *G. victoriae*, divergent bien avant ces phases de contraction-extension du couvert forestier, suggérant un double rôle pour ces mêmes refuges : 1/ facteur de spéciation (par exemple, par isolement) et / ou 2/ facteur de restriction de l'aire de répartition des taxons forestiers actuels. Enfin, le cas du « Large-spotted Genet complex » demeure très intéressant en terme de dynamique évolutive puisqu'il semble être « en cours » de spéciation : divergences récentes (au moins six espèces en moins de 2 Ma), phénomènes d'hybridation dans les zones de contact entre différentes espèces (*G. pardina, G. tigrina* et *G. maculata*) et réversion récente (ca. 1 Ma), à partir du milieu savanicole, vers l'habitat de forêt tropicale humide.

2.d. Conclusions et perspectives

Nos analyses phylogénétiques ont permis de clarifier les relations de parenté entre les genettes et les «Genet-like taxa ». L'exclusion du genre *Prionodon*, groupe-frère des Felidae, démontre un phénomène insoupçonné d'homoplasie des caractères morphologiques au sein des Feliformia. De la même façon, l'inclusion de la genette aquatique (*Genetta piscivora*, jusqu'à maintenant désignée sous le nom de genre *Osbornictis*), caractérisée par un morphotype atypique et adapté aux conditions de vie semi-aquatique, au sein du clade des genettes, démontre la labilité générale des caractères morphologiques au sein des Viverrinae. Ceci explique les difficultés rencontrées par les systématiciens morphologistes depuis des dizaines d'années dans leurs tentatives de (re)classification du groupe. Nos analyses moléculaires ont de plus permis de proposer une relation de groupe-frère très soutenue entre les genres *Poiana* et *Genetta,* avec un morphotype ancestral des genettes estimé comme proche du morphotype actuel des poianes, tout au moins en ce qui concerne certains caractères diagnostiques. Ces derniers semblent en outre avoir une valeur adaptative très forte, mais restent très utiles pour la discrimination au niveau espèce (cf § III-1.f.). L'arbre phylogénétique final (fig. 29) permet toutefois d'identifier des structures morphologiques plus conservées au sein des Viverridae, comme les coussinets et les glandes périnéales. A un niveau d'investigation taxinomique plus fin, un ensemble de caractères relatifs aux bulles tympaniques, à la denture, au squelette post-crânien et au pelage, a également été identifié comme strictement diagnostique (tribus des Viverrini et Genettini, par exemple).

La première période de l'histoire évolutive des Viverrinae (Miocène moyen et supérieur) reste en grande partie spéculative et son étude demeure cruellement en attente de nouvelles données géologiques et fossiles. L'évolution du genre *Genetta*, d'après le patron phylogénétique établi, semble complexe. Elle viole notamment l'assertion biogéographique traditionnelle consistant à considérer que les transitions d'habitat chez les taxons africains se font dans leur extrême majorité dans le sens « forêt tropicale humide *vers* savane ». De plus, elle démontre que l'hypothèse des refuges forestiers du Pléistocène en tant que source majeure de spéciation (Mayr & O'Hara, 1986) est à reconsidérer en partie, les refuges ayant pu simplement modeler l'aire de répartition actuelle de certains taxons, sans « participer » à leur différenciation.

La phylogénie du genre *Genetta* suggère elle aussi une importante homoplasie des traits morphologiques. Le test des limites interspécifiques, établies sur la base de caractères morphologiques discrets, par les séquences de cytochrome *b*, a pu clarifier certains points problématiques concernant la systématique du genre (« Large-spotted Genet complex », notamment) tout en les replaçant dans un contexte phylogénétique.

Malgré notre effort concernant l'échantillonnage taxinomique et l'extraction d'ADN à partir de matériel de collection, une phylogénie totalement exhaustive des Viverrinae nécessiterait toutefois d'inclure les trois espèces non échantillonnées que sont *Viverra civettina, Poiana leightoni* et *Genetta abyssinica*, extrêmement peu représentées en collection. Les séquences déjà obtenues à partir de spécimens de collection bénéficieraient également d'une « vérification » par des séquences issues d'autres individus, pour notamment *G. piscivora, G. victoriae, G. bourloni* et *G. poensis,* afin d'estimer le biais potentiel induit par les erreurs de lecture de Taq polymérase et la dégradation de l'ADN génomique. Dans le cas de *G. bourloni* et *G. poensis*, un échantillonnage exhaustif de spécimens et l'utilisation de marqueurs moléculaires à évolution rapide paraissent nécessaire afin de mieux comprendre les évènements de spéciation récents et / ou en cours caractérisant le « Large-spotted Genet complex », ce type de problématique requérant une approche d'ordre phylogéographique. De façon similaire, les prérequis sont les mêmes en ce qui concerne le questionnement des limites intraspécifiques et l'histoire évolutive de l'espèce à large aire de répartition *G. genetta* (travaux en cours, en collaboration avec C.A. Fernandes). Obtenir un tel échantillonnage nécessite d'une part de dynamiser un réseau de collaborateurs de terrain, d'organiser des missions de piégeage dans des régions biogéographiques cruciales (blocs forestiers, mais également zones d'hybridation supposées entre les espèces du « Large-spotted Genet

complex ») et d'exploiter le matériel de collection, bien que cette dernière activité soit caractérisée par un taux de succès aléatoire.

L'analyse des séquences de l'intron I de la transthyrétine a permis de fixer clairement la position du genre *Prionodon* en tant que groupe-frère des Felidae. La combinaison des séquences de cytochrome *b,* à évolution rapide, et de l'intron I de la transthyrétine, relativement conservé, ne permet toutefois pas de résoudre certains branchements au sein des Viverrinae. Aussi, d'autres marqueurs, à taux d'évolution intermédiaire, devront être séquencés afin d'obtenir une phylogénie robuste de la sous-famille.

Enfin, afin de tendre vers une meilleure compréhension des phénomènes évolutifs caractérisant les Viverrinae, il nous semble particulièrement intéressant d'intégrer les taxons fossiles traditionnellement rattachés aux Viverrinae / Viverridae au sein d'une phylogénie morphologique des Feliformia contrainte par la topologie d'un arbre moléculaire « consensuel ». Ceci permettrait de resituer au sein des Feliformia les phénomènes de convergence morphologique observés chez les Viverrinae, et de traiter de l'émergence des morphotypes plésiomorphes de féliformes traditionnellement rattachés aux Viverridae (cf Hunt, 1996). Une telle approche pourrait également jeter une lumière nouvelle sur les premières phases de diversification des Viverrinae et les échanges Afrique – Asie au cours de la période Miocène-Pliocène. Dans ce même contexte, l'histoire de la sous-famille des Viverrinae semble constituer un cas particulièrement approprié afin de développer des modèles d'estimation de taux d'extinction, à partir à la fois des données biogéographiques, fossiles et des longueurs de branche des arbres moléculaires.

CONCLUSION GENERALE

L'essence de notre travail réside dans l'approche comparative et combinée. La congruence des données nous a servi d'argument pour valider nos conclusions concernant à la fois les questions d'ordre taxinomique (données relatives à la répartition, aux caractères morphologiques discrets et aux séquences du cytochrome *b*) et phylogénétique (jeux de données morphologiques et moléculaires). Une telle approche nous a permis de clarifier, dans le cadre « dynamique » de l'analyse phylogénétique, les limites interspécifiques au sein des Viverrinae, et plus particulièrement chez les genettes et les « Genet-like » taxa, ainsi que d'identifier les marqueurs les plus appropriés à répondre aux différentes problématiques. Ainsi, les caractères morphologiques, très utiles en terme de délimitations au niveau espèce, se sont révélés fortement homoplasiques et de nature adaptative, aussi bien entre les genettes et les «Genet-like taxa » qu'au sein du genre *Genetta*. Le cytochrome *b*, très utile pour établir les relations de parenté entre taxons ayant divergé relativement récemment, présente une saturation en troisième position de codon qui brouille le signal phylogénétique au niveau des branchements basaux. L'utilisation des séquences de l'intron I de la transthyrétine a donc été nécessaire et complémentaire puisque ce gène nucléaire est apparu très conservé au sein de différentes « lignées », mais il présente un patron de variabilité idéal pour la reconstruction des relations de parenté basales, aussi bien au sein des Viverrinae / Viverridae que des Feliformia.

Nos investigations, dans un premier temps basées sur l'observation des caractères morphologiques discrets, ont démontré la nécessité de « poser » un certain nombre d'hypothèses de statuts taxinomiques et de clarifier la nomenclature du groupe avant d'aborder les questions d'ordre phylogénétique. Deux approches complémentaires, mais à notre avis indissociables. L'observation des caractères morphologiques et la définition d'aires de répartition argumentées nous ont ainsi permis de décrire une nouvelle espèce de genette (*Genetta bourloni*), de proposer un statut spécifique pour *G. poensis*, et de considérer *G. « schoutedeni », G. felina,* et une forme à deux paires de mamelles de *Viverricula indica,* comme très probablement des espèces valides. La majorité de ces délimitations a pu ensuite être testée par des analyses moléculaires, grâce notamment à l'extraction d'ADN à partir de matériel de collection. Aussi, notre étude a contribué à mettre en évidence le rôle crucial joué par les collections des musées d'histoire naturelle en tant que matériel disponible pour l'extraction d'ADN, mais aussi en tant que support incontournable pour l'étude de la morphologie et de l'aire de répartition des taxons.

Nos analyses ont permis de proposer des relations phylogénétiques inédites et soutenues entre le genre *Genetta* et les « Genet-like taxa », ainsi qu'au sein-même des genettes. L'exclusion des linsangs asiatiques (genre *Prionodon*) de la sous-famille des Viverrinae et leur placement comme groupe-frère des Felidae illustrent d'importants phénomènes de convergence morphologique globale et constituent un des résultats majeurs de notre travail de thèse. Ils ouvrent un champ d'exploration nouveau relatif à l'émergence des taxons fossiles féliformes et l'histoire morphologique du sous-ordre des Feliformia. De tels phénomènes de convergence, bien que rares au sein des Carnivora, ont également été mis en évidence au sein du sous-ordre des Caniformia avec le cas des moufettes au sens large (genres *Mephitis, Spilogale, Conepatus, Ictonyx* et *Mydaus*). Traditionnellement incluses au sein de la famille des Mustelidae sur la base de considérations morphologiques (Pocock, 1921 ; Simpson, 1945 ; Petter, 1971), les moufettes, suite à de récentes analyses moléculaires (Ledje & Arnason, 1996a et b ; Dragoo & Honeycutt, 1997), se sont avérées devoir constituer une famille à part entière, les Mephitidae. Les caractères morphologiques homoplasiques sur lesquels étaient basés le regroupement moufettes - Mustelidae sont de même nature que les caractères impliqués dans la ressemblance globale entre *Poiana* et *Prionodon* : morphotype général, denture, bulle tympanique et patron du pelage (Dragoo & Honeycutt, 1997). Aussi, les procédures d'affiliation taxinomique des restes fossiles de Carnivores devraient dorénavant tenir compte de la labilité démontrée de cet ensemble de traits morphologiques. Le cas des moufettes renforce de plus l'hypothèse que la structure des glandes odoriférantes constitue un critère diagnostique très utile (synapomorphie stricte du groupe), car non homoplasique, pour la taxinomie des Carnivora.

Les hypothèses phylogénétiques relatives aux genettes constituent également un support crucial pour la compréhension de l'évolution morphologique, relative cette fois-ci à la tribu des Genettini, avec notamment la présence d'une espèce au morphotype très divergent des autres genettes, *Genetta piscivora*. Nos résultats ont en outre montré que le rôle des refuges forestiers africains était à réévaluer en ce qui concerne leur implication dans le processus de spéciation des espèces forestières endémiques. D'autres données, notamment relatives aux espèces d'oiseaux, confirment cette assertion (Roy et al., 2001). Bien que des modèles de spéciation écologique aient été proposés afin d'expliquer les patrons de distribution et la répartition de la diversité spécifique de vertébrés actuels (cf Cerling et al., 1997, et Flagstad et al., 2001), il reste toutefois très difficile, dans le cadre d'une reconstruction de scenarii évolutifs, de faire la distinction entre l'histoire évolutive des

espèces et « l'inertie » liée aux facteurs écologiques, ces derniers modelant les patrons de répartition observés chez les espèces actuelles. A ce sujet, Jansson (2003) suggère que les patrons d'endémicité observés de nos jours chez les plantes et les vertébrés sont principalement dus aux variations d'amplitude climatique ayant eu lieu au cours des 100 000 dernières années.

Enfin, la sous-famille des Viverrinae inclut un ensemble de taxons directement concernés par des priorités de conservation (cf § I-2.d.), certains restant très menacés, comme *Prionodon pardicolor, Viverra civettina, Poiana leightoni, Genetta cristata* et *Genetta genetta isabelae*. Notre travail de thèse a permis de décrire et redéfinir deux espèces de genettes (respectivement, *Genetta bourloni* et *Genetta poensis*) qui devront faire l'objet d'estimations urgentes quant au statut de leurs populations, car ces genettes sont représentées par un très faible nombre de spécimens en collection et leur biologie reste à ce jour inconnue. En parallèle de nos investigations systématiques, les nouvelles données récoltées sur la genette de Johnston (*G. johnstoni*) suite à notre mission de terrain au Parc National de Taï en Côte d'Ivoire nous ont permis de réévaluer son statut UICN (utilisation du logiciel RAMAS Red List ; en collaboration avec A.E. Dunham, Stony Brook University, USA), l'espèce passant de « Data Deficient » à « Vulnerable ». Le champ de la systématique nous paraît naturellement lié, en amont, de par son rôle dans la délimitation taxinomique et la caractérisation des taxons, mais aussi de par les missions de terrain et la récolte de nouvelles données qu'elles impliquent, à des préoccupations liées aux activités de conservation. Nous espérons ainsi que notre travail, bien qu'en partie préliminaire, servira de base aux mesures de conservation à envisager dans le futur proche pour les membres de ce groupe de petits Carnivores.

BIBLIOGRAPHIE

Abebe, Y. 2000. Sustainable utilisation of the African Civet (*Civettictis civetta*) in Ethiopia. *2nd Pan-African Symposium on the Sustainable Use of Natural Resources in Africa (Ouagadougou, Burkina Faso, July 2000)* : 1-10.

Achen, M.G., Duan, W., Pettersson, T.M., Harms, P.J., Richardson, S.J., Lawrence, M.C., Wettenhall, R.E.H., Aldred, A.R. & Schreiber, G. 1993. Transthyretin gene expression in choroid plexus first evolved in Reptiles. *Am. J. Physiol*., 265 : 982-989.

Agrawal, V.C., Chakraborty, S. & Chakraborty, R. 1992. Taxonomic study on the Large Indian civet, *Viverra zibetha* (Linnaeus) from the Indo-Burmese subregion (Mammalia: Viverridae). *Rec. Zool. Surv. India,* 91 (1) : 1-7.

Allen, G.M. 1939. A checklist of African mammals. *Bull. Mus. Comp. Zool*., 83 : 1-763.

Allen, J.A. 1919. Preliminary notes on African Carnivora. *J. Mamm.,* 1 : 23-31.

Allen, J.A. 1924. Carnivora collected by the American Museum Congo Expedition. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.,* 47 (3) : 73-281.

Amigues, S. 1999. Les belettes de Tartessos. *Anthropozool.,* 29 : 55-64.

Amori, G., Angelici, F.M. & Boitani, L. 1999. Mammals of Italy: a revised checklist of species and subspecies (Mammalia). *Senckenberg. Biol.,* 79 (2) : 271-286.

An, Z., Kutzbach, J.E., Prell, W.L. & Porter, S.C. 2001. Evolution of Asian monsoons and phased uplift of the Hymalaya-Tibetan plateau since Late Miocene times. *Nature,* 411 : 62-66.

Anderson, S., Bankier, A.T., Barrell, B.G., de Bruijn, M.H., Coulson, A.R., Drouin, J., Eperon, I.C., Nierlich, D.P., Roe, B.A., Sanger, F., Schreier, P.H., Smith, A.J., Staden, R., Young, I.G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature,* 290 : 457-465.

Angelici, F.M. 2000. Food habits and resource partitioning of Carnivores (Herpestidae, Viverridae) in the rainforests of Southeastern Nigeria: preliminary results. *Rev. Ecol. (Terre Vie),* 55 : 67-76.

Angelici, F.M., Luiselli, L. & Politano, E. 1999a. Distribution and habitat of selected carnivores (Herpestidae, Mustelidae, Viverridae) in the rainforests of southeastern Nigeria. *Z. Säugetierk.,* 64 : 116-120.

Angelici, F.M., Luiselli, L., Politano, E. & Akani, G.C. 1999b. Bushmen and mammal-fauna: A survey of the mammals traded in bush-meat markets of local people in the rainforests of South-Eastern Nigeria. *Anthropozool.,* 30 : 51-58.

Ansell, W.F.H. 1978. *The Mammals of Zambia*. The National Parks & Wildlife Service, Chilanga, Zambia. 126 p.

Anton, D. 1984. Aspects of geomorphological evolution; paleosols and dunes in Saudi Arabia. In Jado, A.R. & Zotl, J.G. (Eds.), *Quaternary period in Saudi Arabia. 2*, Springer-Verlag, Vienna. Pp. 275-296.

Applegate, A.D. 2000. *ArcView GIS 3.2a*. Environmental Systems Research Institute Inc., New York.

Atlas Mondial Encarta. 1998. *[CD-ROM]*. Microsoft Corporation.

Aulagnier, S. 1990. Zoogéographie et statut des carnivores sauvages du Maroc. *Vie Milieu,* 40 (2/3) : 150-155.

Aulagnier, S. & Thévenot, M. 1986. *Catalogue des Mammifères sauvages du Maroc*. Institut Scientifique Charia IBN Batouta, Rabat. 164 p.

Austin, S.C. & Tewes, M.E. 1999. Observations of viverrid, mustelid and herpestid species in Khao Yai NP, Thailand. *Small Carnivore Conservation,* 21 : 13-15.

Avise, J.C. & Ball, R.M. Jr. 1990. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy. *Oxf. Surv. Evol. Biol.,* 7 : 45-67.

Avise, C., Arnold, J., Ball, R.M. Jr, Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J.E., Reeb, C.A. & Saunders, N.C. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annu. Rev. Ecol. Syst.,* 18 : 269-292.

Aymerich, M. 1982. Contribution à l'étude de la biologie de la genette (*Genetta genetta* L.) en Espagne. *Mammalia,* 46 (3) : 389-393.

Azzaroli, A. 1977. Late Miocene interchange of terrestrial faunas across the Mediterranean. *Mem. Soc. Geol. It.,* 13/2 : 261-265.

Baker, R.H. & DeSalle, R. 1997. Multiple sources of character information and the phylogeny of Hawaiian drosophilids. *Syst. Biol.,* 46 (4) : 654-673.

Baker, R.H., Yu, X. & DeSalle, R. 1998. Assessing the relative contribution of molecular and morphological characters in simultaneous analysis trees. *Mol. Phyl. Evol.,* 9 (3) : 427-436.

Baker, W., van den Broek, A., Camon, E., Hingamp, P., Sterk, P., Stoesser, G. & Tuli, M.A. 2000. The EMBL nucleotide sequence database. *Nucl. Ac. Res.,* 28 (1) : 19-23.

Beckman. 1998. *CEQ™ Sequencing software*. Beckman Instruments CEQ sequencing, Beckman Coulter, Inc., Fullerton.

Belshaw, R. & Quicke, D.L.J. 2002. Robustness of ancestral state estimates: evolution of life history strategy in ichneumoid parasitoids. *Syst. Biol.,* 51 (3) : 450-477.

Bininda-Emonds, O.R.P., Gittleman, J.L. & Purvis, A. 1999. Building large trees by combining phylogenetic information: a complete phylogeny of the extant Carnivora (Mammalia). *Biol. Rev.*, 74 : 143-175.

BioTech Resources Web Project. 1998. *http://biotech.icmb.utexas.edu/pages/about.html.*

Bjorklund, M. 1999. Are third positions really that bad? A test using vertebrate cytochrome *b*. *Cladistics*, 15 : 191-197.

Blake, C.C.F., Geisow, M.J. & Oatley, S.J. 1978. Structure of prealbumin: Secondary, tertiary and quarternary interactions determined by Fourier refinement at 1.8Å. *J. Mol. Biol.* 121 : 339-356.

Booth, C.L. 1990. Evolutionary significance of ontogenetic colour change in animals. *Biol. J. Linn. Soc.*, 40 : 125-163.

Bradley, R.D. & Baker, R.J. 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-*b* sequences and mammals. *J. Mamm.*, 82 (4) : 960-973.

Braithwaite, C. 1987. Geology and paleogeography of the Red Sea region. In Edwards, A.J. & Head, S.M. (Eds.), *Red Sea*, Pergamon Press, Oxford. Pp. 22-44.

Bremer, K. 1988. The limits of amino acid sequence data in angiosperm phylogenetic reconstruction. *Evolution*, 42 (4) : 795-803.

Bremer, K. 1990. Combinable component consensus. *Cladistics*, 6 : 369-372.

Bremer, K 1992. Ancestral areas: a cladistic reinterpretation of the centre of origin concept. *Syst. Biol.*, 41 (4) : 436-445.

Brown, W.M., George, M. Jr. & Wilson, A.C. 1979. Rapid evolution of mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 76 : 1967-1971.

Buck-Sorlin, G.H. & Bachmann, K. 2000. Simulating the morphology of barley spike phenotypes using genotype information. *Agronomie*, 20 : 691-702.

Bull, J.J., Huelsenbeck, J.P., Cunningham, C.W., Swofford, D.L. & Waddell, P.J. 1993. Partitioning and combining data in phylogenetic analysis. *Syst. Biol.*, 42 : 384-397.

Cabral, J.C.M. 1966. Note on the taxonomy of *Genetta*. *Zool. Afr.*, 2 (1) : 25-26.

Camin, J.H. & Sokal, R.R. 1965. A method for deducing branching sequences in phylogeny. *Evolution*, 19 : 311-326.

Cao, Y., Adachi, J., Janke, A., Paabo, S. & Hasegawa, M. 1994. Phylogenetic relationships among Eutherian orders estimated from inferred sequences of mitochondrial proteins: instability of a tree based on a single gene. *J. Mol. Evol.*, 39 : 519-527.

Carpenter, G. 1970. Some observations on the Rusty-spotted Genet (*Genetta rubiginosa zuluensis*). *Lammergeyer*, 11 : 60-63.

Cerling, T.E., Harris, J.M., MacFadden, B.J., Leakey, M.G., Quade, J., Eisenmann, V. & Ehleringer, J.R. 1997. Global vegetation change through the Miocene / Pliocene boundary. *Nature*, 389 : 153-158.

Chang, L., Munro, S.L.A., Richardson, S.J. & Schreiber,G. 1999. Evolution of thyroid hormone binding by transthyretin in birds and mammals. *Eur. J. Biochem*., 259 : 534-542.

Chow, M. 1991. Tertiary mammal faunas of the Lantian region, Shaanxi Province. *Professional Papers on Stratigraphy and Paleontology*, 7 : 98-108.

Clayton, D.A. 1982. Replication of animal mitochondrial DNA. *Cell*, 28 : 693.

Clevenger, A. 1993. Status of martens and genets in the Balearic and Pityusic Islands, Spain. *Small Carnivore Conservation,* 9 : 18-19.

Clevenger, A. 1996. Frugivory of *Martes martes* and *Genetta genetta* in an insular Mediterranean habitat. *Rev. Ecol. (Terre Vie),* 51 : 19-28.

Coetzee, C. 1977. Order Carnivora. Part 8. In Meester, J. & Setzer, H.W. (Eds.), *1971-1977. The mammals of Africa: an identification manual,* Smithsonian Inst. Press, Washington DC.

Colon, C. 1996. Ecology of the Malay civet (*Viverra tangalunga*) in logged and unlogged forests. *Small Carnivore Conservation,* 15 : 17.

Colon, C. 2002. Ranging behaviour and activity of the Malay civet (*Viverra tangalunga*) in a logged and an unlogged forest in Danum Valley, East Malaysia. *J. Zool.,* 257 : 473-485.

Colon, W. & Kelly, J.W. 1992. Partial denaturation of transthyretin is sufficient for amyloid fibril formation in vitro. *Biochemistry*, 31 : 8654-8660.

Cooper, A., Lalueza-Fox, C., Anderson, S., Rambaut, A., Austin, J. & Ward, R. 2001. Complete mitochondrial genome sequences of two extinct moas clarify ratite evolution. *Nature,* 409 : 704-707.

Corbet, G.B. & Hill, J.E. 1992. *The mammals of the Indomalayan region: a systematic review*. Oxford University Press, Oxford. 488 p.

Corlett, R. 1998. Frugivory and seed dispersal by vertebrates in the Oriental (Indomalayan) region. *Biol. Rev.,* 73 : 413-448.

Corneli, P.S. & Ward, R.H. 2000. Mitochondrial genes and mammalian phylogenies: increasing the reliability of branch length estimation. *Mol. Biol. Evol.,* 17 (2) : 224-234.

Couturier, J. & Dutrillaux, B. 1986. Evolution chromosomique chez les Carnivores. *Mammalia,* 50 (n° spécial) : 124-162.

Cox, C.B. 2000. Plate tectonics, seaways and climate in the historical biogeography of mammals. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz*, 95 (4) : 509-516.

Cracraft, J. 2000. Species concepts in theoretical and applied biology: a systematic debate with consequences. In Wheeler, Q. D. & Meier, R. (Eds.), *Species concepts and phylogenetic theory*, Columbia University Press, New York. Pp. 3-14.

Crawford-Cabral, J. 1969. As genetas de Angola. *Bol. Inst. Invest. cient. Ang.,* 6 (1) : 3-33.

Crawford-Cabral, J. 1970. As genetas da Africa Central. *Bol. Inst. Invest. cient. Ang.,* 7 (2) : 3-23.

Crawford-Cabral, J. 1973. As genetas da Guiné Portuguesa e de Moçambique. *"Livro de Homenagem" ao Professor Fernando Frade Viegas da Costa 70.° aniversario* : 133-155.

Crawford-Cabral, J. 1981a. A new classification of the genets. *African Small Mammal Newsletter,* 6 : 8-10.

Crawford-Cabral, J. 1981b. Anàlise de dados craniometricos no género *Genetta* G. Cuvier (Carnivora, Viverridae). *Memorias da Junta de Investigaçoes Cientificas do Ultramar Centro de Zoologica,* 66 : 1-329.

Crawford-Cabral, J. 1981c. The classification of the genets (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Bolm. Soc. port. Ciênc. nat.,* 20 : 97-114.

Crawford-Cabral, J. 1993. A comment on the systematic position of *Poiana*. *Small Carnivore Conservation,* 9 : 8.

Crawford-Cabral, J. sous presse. *Genetta angolensis*. In Kingdon, J. & Butynski, T. (Eds.), *Mammals of Africa. Vol. 4. Carnivora, Pinnipedia, Pholidota, Tubulidentata, Hyracoidea, Proboscidea, Sirenia, Perissodactyla,* Academic Press, London.

Crawford-Cabral, J. & Fernandes, C. 1999. A comment on the nomenclature of the Rusty-spotted genet. *Small Carnivore Conservation,* 21 : 12.

Crawford-Cabral, J. & Fernandes, C. 2001. The Rusty-spotted genets as a group with three species in Southern Africa (Carnivora: Viverridae). In Denys, C., Granjon L. & Poulet, A. (Eds.), *African Small Mammals*, IRD, Paris. Pp. 65-80.

Crawford-Cabral, J. & Pacheco, A. 1992. Are the Large-spotted and the Rusty-spotted genets separate species (Carnivora, Viverridae, genus *Genetta*). *Garcia de Orta, Sér. Zool.,* 16 (1-2) : 7-17.

Cunningham, C.W. 1997. Can three incongruence tests predict when data should be combined? *Mol. Biol. Evol.,* 14 : 733-740.

Cunningham, C.W. 1999. Some limitations of ancestral character-state reconstruction when testing evolutionary hypotheses. *Syst. Biol.,* 48 (3) : 665-674.

Cunningham, C.W., Omland, K.E. & Oakley, T.H. 1998. Reconstructing ancestral character states: a critical reappraisal. *T.R.E.E.,* 13 (9) : 361-366.

Cunningham, C.W., Jeng, K., Husti, J., Badgett, M., Molineux, I.J., Hillis, D.M. & Bull J.J. 1997. Parallel molecular evolution of deletions and nonsense mutations in bacteriophage T7. *Mol. Biol. Evol.*, 14 : 113-116.

Darlu, P. & Tassy, P. 1993. *La reconstruction phylogénétique. Concepts et méthodes*. Masson, Paris. 241 p.

Date, Y., Nakazato, M., Kangawa, K., Shirieda, K., Fujimoto, T. & Matsukura, S. 1997. Detection of three transthyretin gene mutation in familial amyloidotic polyneuropathy by analysis of DNA extracted form formalin-fixed and paraffin-embedded tissues. *J. Neurol. Sci.,* 150 : 143-148.

Davis, D.H.S. & Misonne, X. 1964. Gazetteer of collecting localities of African Rodents. *Ann. Sci. Zool.*, 7 : 1-100.

De Beaufort, F. 1965a. Taxinomie et répartition de *Pseudogenetta villiersi* Dekeyser, 1949. *Mammalia,* 59 (2) : 281-283.

De Beaufort, F. 1965b. Répartition et taxinomie de la Poiane (Viverridae). *Mammalia,* 29 (2) : 275-280.

De Beaumont, G. 1973. Contribution à l'étude des Viverridés (Carnivora) du Miocène d'Europe. *Arch. Sci. Genève*, 26 : 285-296.

De Luca, D. & Mpunga, N.E. 2002. Preliminary observations of Lowe's Servaline Genet (*Genetta servalina lowei*) from Udzungwa Mountains National Park, Tanzania. *Small Carnivore Conservation*, 27 : 17-18.

De-Sheng, D. 1986. Civet Cat in China. *Perfumer and Flavourist*, 11: 97-104.

Debruyne, R., Barriel, V. & Tassy, P. 2003. Mitochondrial cytochrome *b* of the Lyakhov mammoth (Proboscidea, Mammalia): new data and phylogenetic analyses of Elephantidae. *Mol. Phylogenet. Evol*. 26 : 421-434.

Degnan, S. 1993. The perils of single gene trees: mitochondrial vs. single-copy nuclear DNA variation in white-eyes (Aves: Zosteropiidae). *Mol. Ecol.,* 2 : 219-225.

Dekeyser, P. 1949. Un Viverriné nouveau d'Afrique Occidentale: *Pseudogenetta villiersi* (*Gen.* et *sp. nov.*). *Bull. Mus. Nat. Hist. Nat.,* 2-è sér., XXI (4) : 421-424.

Dekeyser, P. 1955. *Les Mammifères de l'Afrique noire française*. 2-è ed., Institut d'Afrique noire, Dakar. 426 p.

Delibes, M., Rodriguez, A. & Parreno, F.F. 1989. Food of the common genet (*Genetta genetta*) in northern Africa. *J. Zool.,* 218 : 321-326.

Depierre, D. & Vivien, J. 1992. *Mammifères sauvages du Cameroun*. ONC / Ministère de la Coopération et du Développement, Fontainebleau. 249 p.

DeSalle, R. & Brower, A.V.Z. 1997. Process partitions, congruence, and the independence of characters: inferring relationships among closely related Hawaiian *Drosophila* from multpile gene regions. *Syst. Biol.,* 46 (4) : 751-764.

Desmet, K. & Hamdine, W. 1988. Densités de genettes (*Genetta genetta* Linné, 1758) en yeuseraie algérienne. *Mammalia,* 52 (4) : 604-607.

Dickson, P.W., Howlett, G.J. & Schreiber, G. 1985. Rat transthyretin (prealbumin): molecular cloning, nucleotide sequence, and gene expression in liver and brain. *J. Biol. Chem.,* 260 : 8214-8219.

Ding, Z.L., Xiong, S.F., Sun, J.M., Yang, Z.Y. & Liu, T.S. 1999. Pedostratigraphy and paleomagnetism of a 7.0 Ma eolian loess-red clay sequence at Lingtai, Loess Plateau, north-central China and the implications for paleomonsoon evolution. *Palaeogeogr. Palaeoclimatol. Palaeoecol.*, 152 : 49-66.

Dobson, M. 1998. Mammal distributions in the western Mediterranean: the role of human intervention. *Mammal Rev.,* 28 (2) : 77-88.

Dorst, J. & Dandelot, P. 1976. *Guide des grands Mammifères d'Afrique* [2è éd.]. Delachaux et Niestlé, Neuchâtel. 287 p.

Dragoo, J.W. & Honeycutt, R.L. 1997. Systematics of mustelid-like Carnivores. *J. Mamm*., 78 : 426-443.

Duan, W., Cole, T. & Schreiber, G. 1989. Cloning and nucleotide sequencing of transthyretin (prealbumin) cDNA from rat choroid plexus and liver. *Nucl. Ac. Res.,* 17 : 3979.

Duan, W., Richardson, S.J., Babon, J.J., Heyes, R.J., Southwell, B.R., Harms, P.J., Wettenhall, R.E.H., Dziegielewska, K.M., Selwood, L., Bradley, A.J., Brack, C.M. & Schreiber, G. 1995. Evolution of transthyretin in marsupials. *Eur. J. Biochem*., 227 : 396-406.

Dubost, G. 1991. Body coloration and colour alternation among tropical forest mammals. *J. Zool. Syst. Evol. Res.,* 29 : 123-138.

Duckworth, J.W. 1994. Field observations of Large-spotted civet *Viverra megaspila* in Laos with notes on the identification of the species. *Small Carnivore Conservation*, 11 : 1-3.

Duckworth, J.W. 1995. Viverrids in an Ethiopian Rift Valley national park. *Small Carnivore Conservation,* 12 : 5-8.

Ducroz, J.-F., Volobouev, V. & Granjon, L. 1998. A molecular perspective on the systematics and evolution of the genus *Arvicanthis* (Rodentia, Muridae): Inferences from complete cytochrome *b* gene sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 10 : 104-117.

Edwards, A.W.F. 1972. *Likelihood*. Cambridge University Press, Cambridge. 275 p.

Edwards, K., Johnstone, C. & Thompson, C. 1991. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. *Nucl. Ac. Res.,* 19 : 1349.

Ellerman, J.R. & Morrison-Scott, T.C.S. 1951. *Checklist of Palaearctic and Indian Mammals*. British Museum of Natural History, London. 810 p.

Endler, J.A. 1990. On the measurement and classification of colour in studies of animal colour patterns. *Biol. J. Linn. Soc.,* 41 : 315-352.

Engel, T.R. 1998a. Long-term latrine use by Rusty-spotted genet *Genetta rubiginosa* in Kenya. *Small Carnivore Conservation,* 18 : 5-8.

Engel, T.R. 1998b. Seeds on the roundabout - tropical forest regeneration by *Genetta rubiginosa*. *Small Carnivore Conservation,* 19 : 13-20.

Engel, T.R. 2000. *Seed dispersal and forest regeneration in a tropical lowland biocoenosis (Shimba Hills, Kenya)*. Logos Verlag, Berlin. 344 p.

Episkopou, V., Maeda, S., Nishiguchi, S., Shimada, K., Gaitanaris, G.A., Gottesman, M.E. & Robertson, E.J. 1993. Disruption of the transthyretin gene results in mice with depressed levels of plasma retinol and thyroid hormone. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 90 : 2375-2379.

Ewer, R.F. 1973. *The Carnivores*. Wendenfeld & Nicolson, London. 494 p.

Farris, J.S. 1970. Methods for computing Wagner trees. *Syst. Zool.,* 19 : 83-92.

Farris, J.S. 1989. The retention index and homoplasy excess. *Syst. Zool*., 38 : 406-407.

Farris, J.S., Kallersjo, M., Kluge, A.G. & Bult, C. 1995. Testing significance of incongruence. *Cladistics,* 10 : 315-319.

Fausser, J.-L., Prosper, P., Donati, G., Ramanamanjato, J.-B. & Rumpler, Y. 2002. Phylogenetic relationships between *Hapalemur* species and subspecies based on mitochondrial DNA sequences. *BMC Evolutionary Biology*, 2 : 1-9.

Felsenstein, J. 1973. Maximum-likelihood estimation of evolutionary trees from continuous characters. *Am. J. Hum. Gen*., 25 : 471-492

Felsenstein, J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *J. Mol. Evol*., 17 : 368-376.

Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39 : 783-791.

Felsenstein, J. 1993. *PHYLIP manual, version 3.5*. University of Washington, Seattle.

Fitch, W.M. & Beintema, J.J. 1990. Correcting parsimonious trees for unseen nucleotide substitutions: the effect of dense branching as exemplified by ribonuclease. *Mol. Biol. Evol.*, 7 (5) : 438-443.

Flagstad, O., Syvertsen, P.O., Stenseth, N.C. & Jakobsen, K.S. 2001. Environmental change and rates of evolution: the phylogeographic pattern within hartebeest complex as related to climatic variation. *Proc. R. Soc. Lond., B*, 268 : 667-677.

Flower, W.H. 1869. On the value of the characters of the base of the cranium in the classification of the Order Carnivora, and on the systematic position of *Bassaris* and other disputed forms. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1869 : 4-37.

Flynn, J.J. 1996. Carnivoran phylogeny and rates of evolution: morphological, taxic, and molecular. In Gittleman, J.L. (ed.)., *Carnivore Behavior, Ecology, and Evolution. Vol 2*, Comstock Publishing Associates, Ithaca, NY. Pp. 542-581.

Flynn, J.J. & Nedbal, M.A. 1998. Phylogeny of the Carnivora (Mammalia): congruence vs incompatibility among multiple data sets. *Mol. Phylogenet. Evol.,* 9 (3) : 414-426.

Flynn, J.J., Nedbal, M.A., Dragoo, J.W. & Honeycutt, R.L. 2000. Whence the Red Panda? *Mol. Phylogenet. Evol.,* 17 (2) : 190-199.

Flynn, J.J., Neff, N.A. & Tedford, R.H. 1988. Phylogeny of the Carnivora. In Benton, M.J. (Ed.), *The phylogeny and classification of the tetrapods. Vol. 2: Mammals*, Clarendon Press (The Systematics Association - Special Volume No. 35B), Oxford. Pp. 73-116.

Fortelius, M., Eronen, J., Jernvall, J., Liu, L., Pushkina, D., Rinne, J., Tesakov, A., Vislobokova, I., Zhang, Z. & Zhou, L. 2002. Fossil mammals resolve regional patterns of Eurasian climate change over 20 million years. *Evol. Ecol. Res.*, 4 : 1005-1016.

Fredga, K. 1972. Comparative chromosome studies in mongooses (Carnivora, Viverridae). I. Idiograms of 12 species and karyotype evolution in Herpestinae. *Hereditas,* 71 : 1-74.

Frumhoff, P.C. & Reeve, H.K. 1994. Using phylogenies to test hypotheses of adaptation: a critique of some current proposals. *Evolution*, 48 : 172-180.

Fuller, T.K., Biknevicius, A.R. & Kat, P.W. 1990. Movements and behavior of large spotted genets (*Genetta maculata* Gray 1830) near Elmenteita, Kenya (Mammalia Viverridae). *Trop. Zool.,* 3 : 13-19.

Fung, W.-P., Thomas, T., Dickson, P.W., Aldred, A.R., Milland, J., Dziadek, M., Power, B., Hudson, P. & Schreiber, G. 1988. Structure and expression of the rat transthyretin (prealbumin) gene. *J. Biol. Chem*., 263 : 480-488.

Garcés, M., Krijgsman, W. & Agusti J. 1998. Chronology of the late Turolian deposits of the Fortuna basin (SE Spain): implications for the Messinian evolution of the eastern Betics. *Earth Planet. Sci. Letters*, 163 : 69-81.

Garcès, M., Krijgsman, W. & Agusti, J. 2001. Chronostratigraphic framework and evolution of the Fortuna basin (Eastern Betics) since the late Miocene. *Basin Research*, 13 : 199-216.

Gaubert, P. 1999. *Phylogénie des Viverrinae (Carnivora, Viverridae) et relations interspécifiques au sein du genre* Genetta*: deux analyses morphologiques complémentaires*. Mémoire de DEA, Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris / Université Claude Bernard Lyon I. 42 p.

Gaubert, P., Veron, G., Tranier, M. 2002a. Genets and "genet-like" taxa (Carnivora, Viverrinae) : phylogenetic analysis, systematics and biogeographic implications. *Zool. J. Linn. Soc.*, 134 : 317-334.

Gaubert, P., Veron, G., Colyn, M., Dunham, A., Shultz, S., Tranier, M. 2002b. A reassessment of the distributional range of the rare *Genetta johnstoni* (Viverridae, Carnivora), with some newly discovered specimens. *Mamm. Rev.*, 32 (2) : 132-144.

Geraads, D. 1997. Carnivores du Pliocène terminal de Ahl al Oughlam (Casablanca, Maroc). *Geobios*, 30 (1) : 127-164.

Gingerich, P.D. & Winkler, D.A. 1985. Systematics of Paleocene Viverravidae (Mammalia, Carnivora) in the Bighorn and Clark's Fork Basins, Wyoming. *Contributions from the Museum of Paleontology, University of Michigan*, 27 : 87-128.

Goodwin, H.A. & Holloway, C.W. 1972. *Red Data Book. Vol. 1. Mammalia*. IUCN, Morges, Suisse.

Gray, A.P. 1954. *Mammalian hybrids - A check-list with bibliography*. Commonwealth Agricultural Bureaux, Bucks, England. 144 p.

Gray, A.P. 1971. *Mammalian hybrids - A check-list with bibliography.* 2nd ed., Commonwealth Agricultural Bureaux, Bucks, England. 262 p.

Gray, J.E. 1830. *Spicilegia Zoologica*. Treüttel, Würtz and Co., London. 12 p.

Gray, J.E. 1864. A revision of the genera and species of Viverrine animals (Viverridae) founded on the collection in the British Museum. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1864 : 502-579.

Gregory, W.K. & Hellman, M. 1939. On the evolution and major classification of the civets (Viverridae) and allied fossil and recent Carnivora: a phylogenetic study of the skull and dentition. *Proc. Am. Phil. Soc.,* 81 (3) : 309-392.

Grubb, P., Jones, T.S., Davies, A.G., Edberg, E., Starin, E.D. & Hill, J.E. 1998. *Mammals of Ghana, Sierra Leone and The Gambia*, The Trendrine Press, St. Ives, Cornwall. 265 p.

Grzimek, B. 1974. *Le Monde animal. Tome XII.* Editions Stauffacher S. A., Zurich. 574 p.

Grzimek, B. 1990. *Encyclopedia of Mammals. Vol. 3*. Mac Graw-Hill, New York. 643 p.

Hadley, M.E. 1972. Functional significance of Vertebrate integumental pigmentation. *Am. Zool.,* 12 : 63-76.

Halanych, K.M., Demboski, J.R., van Vuuren, B.J., Klein, D.R. & Cook, J.A. 1999. Cytochrome *b* phylogeny of North American Hares and Jackrabbits (*Lepus*, Lagomorpha) and the effects of saturation in outgroup taxa. *Mol. Phylogenet. Evol.,* 11 (2) : 213-221.

Hall, R. 1996. Reconstructing Cenozoic SE Asia. In Hall, R. & Blundel, D. (Eds.), *Tectonic evolution of southeast Asia,* Geological Society of London Special Publication (Vol. 106), London. Pp. 153-184.

Hall, R. 1998. The plate tectonics of Cenozoic SE Asia and the distribution of land and sea. In Hall, R. & Holloway, J.D. (Eds.), *Biogeography and geological evolution of SE Asia,* Backhuys Publishers, Leiden. Pp. 99-131.

Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser*., 41 : 95-98.

Haltenorth, T. & Diller, H. 1980. *A field guide to the mammals of Africa, including Madagascar.* Collins, London. 397 p.

Happold, D.C.D. 1987. *The Mammals of Nigeria*. Oxford University Press, London. 402 p.

Hardwicke, T. 1821. Description of the Wild Dog of Sumatra, a new species of *Viverra*, and a new species of Pheasant. *Trans. Linn. Soc. Lond.,* 13 : 235-238.

Hardy, C., Casane, D., Vigne, J.-D., Callou, C., Dennebouy, N., Mounolou, J.-C. & Monnerot, M. 1994. Ancient DNA from Bronze Age bones of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Experientia,* 50 : 564-570.

Harris, D., Rogers, D.S. & Sullivan, J. 2000. Phylogeography of *Peromyscus furvus* (Rodentia; Muridae) based on cytochrome *b* sequence data. *Mol. Ecol.*, 9 : 2129-2135.

Harrison, D.L. 1980. The mammals obtained in Dhofar by the 1977 Oman flora and fauna survey. *Journal of Oman Studies, Special Report*, 2 : 387-397.

Harrison, D.L. & Bates, J.J. 1991. *The mammals of Arabia*. 2nd ed., Harrison Zoological Museum Publication, Kent, England. 354 p.

Hart J.A. & Timm, R.M. 1978. Observations on the aquatic genet in Zaire. *Carnivore,* 1 : 130-132.

Hassanin, A. 1999. *Phylogénie des Bovidae (Mammalia, Artiodactyla). Apports de l'ADN ancien, évolution moléculaire et stratégies de pondération*. Thèse de doctorat, Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris. 243 p.

Hassanin, A. & Douzery, E. 1999. Evolutionary affinities of the enigmatic saola (*Pseudoryx nghetinhensis*) in the context of the molecular phylogeny of Bovidae. *Proc. R. Soc. Lond. B,* 266 : 893-900.

Hassanin, A., Pasquet, E. & Vigne, J.-D. 1998a. Molecular systematics of the subfamily Caprinae (Artiodactyla, Bovidae) as determined from cytochrome-*b* sequences. *J. Mamm. Evol.*, 5 : 217-236.

Hassanin, A., Lecointre, G. & Tillier, S. 1998b. The 'evolutionary signal' of homoplasy in protein-coding gene sequences and its consequences for a priori weighting in phylogeny. *C-R. Acad. Sci. Paris, Sci. Vie,* 321 : 611-620.

Heard, D. & Van Rompaey, H. 1990. Rediscovery of the crested genet. *Mustelid and Viverrid Conservation,* 3 : 1-4.

Heim de Balsac, H. 1936. Biogéographie des mammifères et des oiseaux de l'Afrique du nord. *Bull. Biol. France-Belgique,* Suppl. 21 : 1-447.

Hendey, Q.B. 1974. The Late Cenozoic Carnivora of the south-western Cape Province. *Ann. S. Afr. Mus*., 63 : 1-369.

Hennig, W. 1950. *Grundzuge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*. Deutscher Zentralverlag, Berlin. 370 p.

Hennig, W. 1969. *Die Stammesgeschichte der Insekten*. E. Kramer, Frankfurt am Main. 436 p.

Hillis, D.M. 1991. Discriminating between phylogenetic signal and random noise in DNA sequences. In Miyamoto, M.M. & Cracraft, J. (Eds.), *Phylogenetic analysis of DNA sequences*, Oxford University Press, Oxford. Pp. 278-294.

Holloway, J.D. & Hall, R. 1998. SE Asian geology and biogeography: an introduction. In Hall, R. & Holloway, J.D. (Eds.), *Biogeography and geological evolution of SE Asia,* Backhuys Publishers, Leiden. Pp. 1-23.

Honacki, J., Kinman, K. & Koeppl, J. 1982. *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference*. Allen Press, Lawrence, Kansas. 694 p.

Horsfield, T. 1824. *Zoological researches in Java, and the neighbouring islands*. Kingsbury, Parbury & Allen, London. 328 p.

Howell, N. 1989. Evolutionary conservation of protein regions in the protonmotive cytochrome *b* and their possible role in redox catalysis. *J. Mol. Evol*., 29 : 157-169.

Hsu, K.J., Ryan, W.B.F. & Cita, M.B. 1973. Late Miocene desiccation of the Mediterranean. *Nature,* 242 : 240-244.

Hunt, R.M. Jr. 1974. The auditory bulla in Carnivora: an anatomical basis for reappraisal of Carnivore evolution. *J. Morph.,* 143 (1) : 21-76.

Hunt, R.M. Jr. 1987. Evolution of the Aeluroid Carnivora: significance of auditory structure in the Nimravid Cat *Dinictis*. *Am. Mus. Novit.,* 2886 : 1-74.

Hunt, R.M. Jr. 1989. Evolution of the Aeluroid Carnivora: significance of the ventral promontorial process of the petrosal, and the origin of basicranial patterns in the living families. *Am. Mus. Novit.,* 2930 : 1-32.

Hunt, R.M. Jr. 1991. Evolution of the Aeluroid Carnivora: viverrid affinities of the Miocene carnivoran *Herpestides*. *Am. Mus. Novit.,* 3023 : 1-34.

Hunt, R.M. Jr. 1996. Giant viverrids (Mammalia, Carnivora) of Africa and Asia: Basicranial anatomy of the giant viverrid from 'E' Quarry, Langebaanweg, South Africa. In Stewart, S.M. & Seymour, K.L. (Eds.), *Palaeoecology and palaeoenvironments of Late Cenozoic mammals: C.S. Churcher Volume*, University of Toronto Press, Toronto. Pp. 588-597.

Hunt, R.M. Jr. 1996. Biogeography of the Order Carnivora. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, Ecology and Evolution. Vol. 2*, Cornell University Press, New York. Pp. 485-451.

Hunt, R.M. Jr. 1998. Evolution of the Aeluroid Carnivora: diversity of the earliest Aeluroids from Eurasia (Quercy, Hsanda-Gol) and the origin of Felids. *Am. Mus. Novit.,* 3252 : 1-65.

Hunt, R.M. Jr. 2001. Basicranial anatomy of the living Linsangs *Prionodon* and *Poiana* (Mammalia, Carnivora, Viverridae), with comments on the early evolution of Aeluroid Carnivora. *Am. Mus. Novit.,* 3330 : 1-24.

Hunt, R.M. Jr & Solounias, N. 1991. Evolution of the Aeluroid Carnivora: hyaenid affinities of the Miocene carnivoran *Tungurictis spocki* from inner Mongolia. *Am. Mus. Novit.,* 3030 : 1-25.

Hunt, R.M. Jr & Tedford, R.H. 1993. Phylogenetic relationships within the Aeluroid Carnivora and implications of their temporal and geographic distribution. In Szalay, F.S., Novacek, M.J. & MacKenna, M.C. (Eds.), *Mammal phylogeny: Placentals,* Springer-Verlag, New York. Pp. 53-73.

Hurzeler, J. 1975. L'âge géologique et les rapports géographiques de la faune de Mammifères du lignite de Grosseto (Note préliminaire). *Coll. Intern. CNRS*, 218 : 873-876.

Hurzeler, J. & Engesser, B. 1976. Les faunes de mammifères néogènes du Bassin de Baccinello (Grosseto, Italie). *C.-R. Acad. Sci. Paris D*, 283 : 333-336.

ICZN. 1999. *International Code of Zoological Nomenclature*. 4th ed., International Trust for Zoological Nomenclature, London. 306 p.

Irwin D.M., Kocher, T.D. & Wilson, A.C. 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. *J. Mol. Evol.,* 32 : 128-144.

Jansson, R. 2003. Global patterns in endemism explained by past climatic change. *Proc. R. Soc. Lond. B*, 270 : 583-590.

Jentink, F.A. 1892. *Catalogue systématique des mammifères (singes, carnivores, ruminants, pachydermes, sirènes et cétacés). Tome XI.* Muséum d'Histoire Naturelle des Pays-Bas / E.J. Brill, Leide. 219 p.

Jiang, X., Buxbaum, J.N. & Kelly, J.W. 2001. The V122I cardiomiopathy variant of transthyretin increases the velocity of rate-limiting tetramer dissociation, resulting in accelerated amyloidosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 98 (26) : 14943-14948.

Johnson, K.P. 1999. The evolution of bill coloration and plumage dimorphism supports the transference hypothesis in dabbling ducks. *Behav. Ecol.,* 10 (1) : 63-67.

Kallersjo, M., Albert, V.A. & Farris, J.S. 1999. Homoplasy *increases* phylogenetic structure. *Cladistics,* 15 : 91-93.

Kanda, Y., Goodman, D.S., Canfield, R.E. & Morgan, F.J. 1974. The amino acid sequence of human plasma prealbumin. *J. Biol. Chem.,* 249 : 6796-6805.

Kanyamibwa, S. 1999. Albertine Rift sites in focus. Kahuzi-Biega montane forest. *Backbone (Newsletter of the Albertine Rift Conservation Society - ARCOS)*, 4 : 2-3.

Karanth, K.U. 1986. A possible sighting record of Malabar civet (*Viverra megaspila* Blyth) from Karnataka. *J. Bombay nat. Hist. Soc*., 83 (1) : 192-193.

Kingdon, J. 1977. *East african Mammals: an atlas of evolution in Africa. Vol. III-A*. Academic Press, London. 476 p.

Kingdon, J. 1997. *The Kingdon field guide to African mammals*. Academic Press, San Diego. 464 p.

Kishino, H. & Hasegawa, M. 1989. Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea. *J. Mol. Evol*., 29 : 170-179.

Kluge, A.J. 1989. A concern for total evidence and a phylogenetic hypothesis of relationships among *Epicrates* (Boidae, Serpentes). *Syst. Zool.*, 38 : 7-25.

Kluge, A.G. & Farris, J.S. 1969. Quantitative phyletics and the evolution of anurans. *Syst. Zool.,* 18 : 1-32.

Kocher, T.D., Thomas, W.K., Meyer, A., Edwards, S.V., Pääbo, S., Villablanca, F.X. & Wilson, A.C. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 86 : 6196-6200.

Kock, D. 1983. Identifizierung der Palastina-Genetten von J. Aharoni als *Vormela peregusna* (Guldenstaedt, 1770). *Z. Saugetierk.*, 48 : 381-383.

Kock, D., Kunzel, T. & Rayaleh, H.A. 2000. The African civet, *Civettictis civetta* (Schreber, 1776), of Djibouti representing a new subspecies. *Senck. Biol.*, 80 (1/2) : 241-246.

Koepfli, K.-P. & Wayne, R.K. 1998. Phylogenetic relationships of otters (Carnivora: Mustelidae) based on mitochondrial cytochrome *b* sequences. *J. Zool.,* 246 : 401-416.

Kretzoi, M. 1945. Bemerkungen über das Raubtiersystem. *Annales historico-naturales Musei nationalis hungarici,* 38 : 59-86.

Krijgsman, W. 2002. The Mediterranean: Mare Nostrum of Earth sciences. *Earth Planet. Sci. Letters,* 205 : 1-12.

Krijgsman, W., Langereis, C.G., Zachariasse, W.J., Boccaletti, M., Moratii, G., Gelati, R., Iaccarino, S., Papani, G. & Villa, G. 1999. Late Neogene evolution of the Taza-Guercif Basin (Rifian Corridor, Morocco) and implications for the Messinian salinity crisis. *Mar. Geol.,* 153 : 147-160.

Kuhn, H.-J. 1960. *Genetta (paragenetta) lehmanni*, eine neue Schleichkatze aus Liberia. *Säug. Mitt.,* 8 : 154-160.

Kuhn, H.-J. 1965. A provisional check-list of the mammals of Liberia. *Senck. Biol.*, 46 (5) : 321-340.

Künzel, T., Rayaleh, H.A. & Künzel, S. 2000. *Status assessment survey on wildlife in Djibouti.* Zoological Society for the Conservation of Species and Populations / Office National du Tourisme et de l'Artisanat, Germany.

Lai, Z., Colón, W. & Kelly, J.W. 1996. The acid-mediated denaturation pathway of transthyretin yields a conformational intermediate that can self-assemble into amyloid. *Biochemistry,* 35 : 6470-6482.

Lamotte, M. & Tranier, M. 1983. Un spécimen de *Genetta (Paragenetta) johnstoni* collecté dans la région du Nimba (Côte d'Ivoire). *Mammalia,* 47 (3) : 430-432.

Lansman, R.A., Shade, R.O., Shapira, J.F. & Avise, J.C. 1981. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. III. Techniques and potential applications. *J. Mol. Evol.*, 17 : 214-226.

Lanyon, S.M. 1993. Phylogenetic frameworks: towards a firmer foundation for the comparative approach. *Biol. J. Linn. Soc.*, 49 : 45-61.

Larsen, N.J., Womack, J.E. & Kirkpatrick, B.W. 1996. Seven genes from human chromosome 8 map to chromosome 24 in the bovine. *Cytogenet. Cell. Genet.,* 73 : 184-6.

Laurent, A. & Laurent, D. sous presse. *Djibouti au rythme du vivant. 1. Les mammifères*. A. & D. Laurent (Eds.). 208 p.

Le Berre, M. 1990. *Faune du Sahara. 2. Mammifères*. Lechevallier - R. Chabaud, Paris. 359 p.

Ledje, C. & Arnason, U. 1996a. Phylogenetic analyses of complete cytochrome *b* genes of the order Carnivora with particular emphasis on the Caniformia. *J. Mol. Evol.,* 42 : 135-144.

Ledje, C. & Arnason, U. 1996b. Phylogenetic relationships within caniform Carnivores based on analysis of the mitochondrial 12S rRNA gene. *J. Mol. Evol.*, 43 : 641-649.

Léger, F., Burjet, J.-P. & Schoindre, A. 1998. Les observations de la Genette (*Genetta genetta* Linné, 1758) en Alsace et en Lorraine. *Ciconia*, 22 (2) : 41-54.

Lekagul, B. & McNeely, J.A. 1977. *Mammals of Thailand*. Association for the Conservation of Wildlife, Bangkok, Thailand. 758 p.

LePichon, X. & Angelier J. 1979. The Hellenic arc and trench system: a key to neotectonic evolution of the Eastern Mediterranean. *Tectonophysics*, 60 : 1-42.

Lever, C. 1985. *Naturalized mammals of the World*. Longman, London & New York. 487 p.

Lewis, P.O. 2001. Phylogenetic systematics turns over a new leaf. *TREE,* 16 (1) : 30-37.

Lindhal, T. 1993. Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature*, 362 : 709-715.

Liu, F.-G.R. & Miyamoto, M.M. 1999. Phylogenetic assessment of molecular and morphological data for Eutherian mammals. *Syst. Biol.*, 48 (1) : 54-64.

Livet, F. & Roeder, J.-J. 1987. La Genette (*Genetta genetta*, Linnaeus, 1758). *Encyclopédie des Carnivores de France*, 16 : 1-33.

Maddison, W.P. 1990. A method for testing the correlated evolution of two binary characters: are gains or losses concentrated on certain branches of a phylogenetic tree?. *Evolution*, 44 : 539-557.

Maddison, W.P. & Maddison, D.R. 2000. *MacClade: Analysis of Phylogeny and Character Evolution. Version 3.* Sinauer Associates, Sunderland, USA.

Maddock, A.H. & Perrin, M.R. 1993. Spatial and temporal ecology of an assemblage of viverrids in Natal, South Africa. *J. Zool.,* 229 : 277-287.

Marshall, C.R. 1990. Confidence intervals on stratigraphic ranges. *Paleobiol.,* 16 : 1-10.

Martin, L.D. 1989. Fossil history of the terrestrial Carnivora. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology, and evolution*, Cornell University, Ithaca, New York. Pp. 536-568.

Martone, R.L., Herbert, J., Dwork, A.J. & Schon, E.A. 1988. Transthyretin is synthesized in the mammalian eye. *Biochem. Biophys. Res. Commun.,* 151 : 905-911.

Mason-Gamer, R.J. & Kellogg, E.A. 1996. Testing for phylogenetic conflict among molecular data sets in the tribe Triticeae (Gramineae). *Syst. Biol.*, 45 (4) : 524-545.

Masuda, R, Lopez, J.V., Slattery, J.P., Yuhkin, N. & O'Brien, S.J. 1996. Molecular phylogeny of mitochondrial cytochrome *b* and 12S rRNA sequences in the Felidae: Ocelot and Domestic Cat lineages. *Mol. Phylogenet. Evol.,* 6 (3) : 351-365.

Masuda, R., Yoshida, M.C., Shinyashiki, F. & Bando, G. 1994. Molecular phylogenetic status of the Iriomote Cat *Felis iriomotensis*, inferred from mitochondrial DNA sequence analysis. *Zool. Sci.,* 11 : 597-604.

Matschie, P. 1902. Ueber die individuellen und geographischen Abänderungen der Ginsterkatzen. *Verhandlungen des V. Internationalen Zoologen-Congresses, Berlin* : 1128-1144.

Mayr, E. 2000a. The biological species concept. In Wheeler, Q.D. & Meier, R. (Eds.), *Species concepts and phylogenetic theory*, Columbia University Press, New York. Pp. 17-29.

Mayr, E 2000b. A critique from the biological species concept perspective: what is a species, and what is not?. In Wheeler, Q.D. & Meier, R. (Eds.), *Species concepts and phylogenetic theory*, Columbia University Press, New York. Pp. 93-100.

Mayr, E. & O'Hara, R.J. 1986. The biogeographic evidence supporting the Pleistocene forest refuge hypothesis. *Evolution,* 40 : 55-67.

McKenna, M.C. & Bell, S.K. 1997. *Classification of mammals above the species level.* Columbia University Press, New York. 631 p.

Meng, J. & McKenna, M.C. 1998. Faunal turnovers of Paleogene mammals from the Mongolian Plateau. *Nature*, 394 : 364-367.

Mitchell, P. 1976. Possible molecular mechanisms of the protonmotive function of cytochrome systems. *J. Theor. Biol*., 62 : 327-367.

Mivart, S.-G. 1882. On the classification and distribution of the Ailuroidea. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1882 : 135-208.

Mohan, R. L. 1994. Trade in civetone from the Indian small civet (*Viverricula indica*) from Malabar, India. *Small Carnivore Conservation,* 10 : 13.

Monaco, H.L., Rizzi, M. & Coda, A. 1995. Structure of a complex of two plasma proteins: transthyretin and retinol-binding protein. *Science,* 268 (5213) : 1039-1041.

Moore, W.S. 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees. *Evolution*, 49 : 718-726.

Moore, W.S. & DeFilippis, V.R. 1997. The window of taxonomic resolution for phylogenies based on mitochondrial cytochrome *b*. In Mindell, D.P. (Ed.), *Avian molecular evolution and systematics,* Academic Press, San Diego. Pp. 83-119.

Morales, A. 1994. Earliest genets in Europe. *Nature,* 370 (6490) : 512-513.

Morales, J., Pickford, M., Salesa, M. & Soria, D. 2000. The systematic status of *Kelba*, Savage, 1965, *Kenyalutra*, Schmidt-Kittler, 1987 and *Ndamathaia*, Jcobs et al., 1987, (Viverridae, Mammalia) and a review of Early Miocene mongoose-like carnivores of Africa. *Ann. Pal.,* 86 (4) : 243-251.

Morales, J., Pickford, M., Soria, D. & Fraile, S. 2001. New Viverrinae (Carnivora, Mammalia) from the basal Middle Miocene of Arrisdrift, (Namibia) and a reassessment of the early Miocene mongoose-like carnivores of Africa. *Paleont. afr.,* 37 : 99-102.

Moritz, C., Dowling, T.E. & Brown, W.M. 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics. *Am. Res. Ecol. Syst.*, 18 : 269-292.

Mühlenberg, M., Galat-Luong, A., Poilecot, P., Steinhauer-Burkart, B. & Kühn, L. 1990. L'importance des îlots forestiers de savane humide pour la conservation de la faune de forêt dense en Côte d'Ivoire. *Rev. Ecol. (Terre Vie)*, 45 : 197-214.

Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G. & Erlich, H. 1986. Specific enzymatic amplification of DNA Invitro - the polymerase chain-reaction. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology,* 51 : 263-273.

Nauroz, M.K. 1974. *Raubtiere (Mammalia - Carnivora) Afghanistans.* Master Thesis, Bonn University. 85 p.

Nowak, R.M. 1991. *Walker's Mammals of the World. Vol. II.* 5th ed., The Johns Hopkins University Press, Baltimore & London. 1629 p.

Nowak, R.M. 1999. *Walker's Mammals of the World. Vol. II.* 6th ed., The Johns Hopkins University Press, Baltimore. 705 p.

Omland, K.E. 1997. Examining two standard assumptions of ancestral state reconstruction: repeated loss of dichromatism in dabbling ducks (Anatini). *Evolution*, 51 (5) : 1636-1646.

Ortolani, A. 1999. Spots, stripes, tail tips and dark eyes: predicting the function of carnivore colour patterns using the comparative method. *Biol. J. Linn. Soc.,* 67 : 433-476.

Ortolani, A. & Caro, T. 1996. The adaptive significance of colour patterns in Carnivores: phylogenetic tests of classic hypothesis. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology and evolution, Vol. 2*, Cornell University Press, New York. Pp. 132-188.

Osborn, D.J. & Osbornova, J. 1998. *The Mammals of Ancient Egypt*. Aris & Phillips Ltd, Warminster. 213 p.

Page, R.D.M. & Charleston, M.A. 1997. From gene to organismal phylogeny: reconciled trees and the gene tree/species tree problem. *Mol. Phylogenet. Evol*., 7 : 231-240.

Pagel, M. 1994. Detecting correlated evolution on phylogenies: a general method for the comparative analysis of discrete characters. *Proc. R. Soc. Lond. B*, 255 : 37-45.

Pagel, M. 1999. Inferring the historical patterns of biological evolution. *T.R.E.E.*, 401 : 877-883.

Pagel, M. 2000. *User's manual for Discrete 4.0*. School of Animal and Microbial Sciences, Reading.

Palomares, F. & Delibes, M. 1988. Time and space use by two common genets (*Genetta genetta*) in the Donana National Park, Spain. *J. Mamm.,* 69 (3) : 635-637.

Pamilo, P. & Nei, M. 1988. Relationships between gene trees and species trees. *Mol. Biol. Evol.,* 5 : 568-583.

Payne, J., Francis, C.M. & Philipps, K. 1985. *A Field Guide to the Mammals of Borneo.* The Sabah Society, Malaysia. 332 p.

Paxinos, E.E., James, H.F., Olson, S.L., Sorenson, M.D., Jackson, J. & Fleischer, R.C. 2002. mtDNA from fossils reveals radiation of Hawaiian geese recently derived from the Canada goose (*Branta canadensis*). *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 99 (3) : 1399-1404.

Peigné, S. 2000. *Systématique et évolution des Feliformia (Mammalia, Carnivora) du Paléogène d'Eurasie.* Thèse de Doctorat, Faculté des Sciences Fondamentales et Appliquées de Poitiers. 396 p.

Peterson, S.A., Klabunde, T., Lashuel, H.A., Purkey, H., Sacchettini, J.C. & Kelly, J.W. 1998. Inhibiting transthyretin conformational changes that lead to amyloid fibril formation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 95 : 12956-12960.

Petter, G. 1969. Interprétation évolutive de la denture des Viverridés africains. *Mammalia,* 33 (4) : 607-625.

Petter, G. 1971. Origine, phylogénie et systématique des blaireaux. *Mammalia*, 35 : 567-597.

Petter, G. 1974. Rapports phylétiques des Viverridés (Carnivores, Fissipèdes). Les formes de Madagascar. *Mammalia,* 38 (4) : 605-636.

Petter, G. 1976. Etude d'un nouvel ensemble de petits carnivores du Miocène d'Espagne. *Géologie méditerranéenne*, 3 (2) : 135-154.

Philippe, H., Lecointre, G., Van Le, H.L. & Le Guyader, H. 1996. A critical study of homoplasy in molecular data with the use of a morphologically based cladogram, and its consequences for character weighting. *Mol. Biol. Evol.*, 13 (9) : 1174-1186.

Pocock, R.I. 1908. Report upon a small collection of Mammalia brought from Liberia by Mr. Leonard Leighton. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1907 : 1037-1047.

Pocock, R. I. 1915a. On the feet and glands and other external characters of the Viverrinae, with the description of a new genus. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1915 : 131-149.

Pocock, R. I. 1915b. On some of the external characters of the genus *Linsang*, with notes upon the genera *Poiana* and *Eupleres*. *Ann. Mag. Nat. Hist.,* 16 (8) : 341-351.

Pocock, RI. 1919. The classification of the mongooses (Mungotidae). *Ann. Mag. Nat. Hist.,* 9 (3) : 515-524.

Pocock, R.I. 1921. On the external characters and classification of the Mustelidae. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1921 : 803-837.

Pocock, R.I. 1929. *Carnivora*. *Encyclopaedia Britannica* (14th ed.), 4 : 896-900.

Pocock, R.I. 1933. The rarer genera of Oriental Viverridae. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1933 : 969-1035.

Pogue, M.G. & Mickevich, M.F. 1990. Character definitions and character state delineation: the bête noire of phylogenetic inference. *Cladistics*, 6 : 319-361.

Posada, D. & Crandall, K.A. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinf. Appl. Note,* 14 (9) : 817-818.

Powell, C.B. & Van Rompaey, H. 1998. Genets of the Niger Delta, Nigeria. *Small Carnivore Conservation,* 19 : 1-7.

Prapunpoj, P., Richardson, S.J., Fumagalli, L. & Schreiber, G. 2000. The evolution of the thyroid hormone distributor protein transthyretin in the order Insectivora, class Mammalia. *Mol. Biol. Evol.*, 17 (8) : 1199-1209.

Pringle, J.A. 1977. The distribution of mammals in Natal. Part 2. Carnivora. *Ann. Natal Mus.,* 23 (1) : 93-115.

Purkey, H.E., Dorrell, M.I. & Kelly, J.W. 2001. Evaluating the binding selectivity of transthyretin amyloid fibril inhibitors in blood plasma. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 98 : 5566-5571.

Qiu, H., Shimada, K. & Cheng, Z. 1992. Chromosomal localization of the mouse prealbumin gene (Ttr) by in situ hybridization. *Cytogenet. Cell Genet.,* 61(3) : 186-188.

Rabinowitz, A R. & Walker, S.R. 1991. Behavior and movements of sympatric civet species in Huai Kha Khaeng Wildlife Sanctuary, Thailand. *J. Zool*., 2 : 281-298.

Radinsky, L. 1975. Viverrid neuroanatomy: phylogenetic and behavioral implications. *J. Mamm.,* 56 (1) : 130-150.

Ramakantha, V. 1994. Natural distribution and ecology of mustelids and viverrids in Manipur, north-eastern India. *Small Carnivore Conservation,* 11 : 16-18.

Rambaut, A. & Bromham, L. 1998. Estimating divergence dates from molecular sequences. *Mol. Biol. Evol.,* 15 (4) : 442-448.

Rand, D.M. 2001. The units of selection on mitochondrial DNA. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 32 : 415-448.

Rautenbach, I.L. & Nel, J.A.J. 1978. Coexistence in Transvaal Carnivora. *Bull. Carn. Mus. Nat. Hist.,* 6 : 138-145.

Ray, J. 1995. *Civettictis civetta. Mammalian Species,* 488 : 1-7.

Ree, R.H. & Donoghue, M.J. 1999. Inferring rates of change in flower symmetry in asterid angiosperms. *Syst. Biol*., 48 : 633-646.

Richardson, S., Bradley, A., Duan, W., Wettenhall, R., Harms, P., Babon, J., Southewell, B., Nicol, S., Donnelan, S. & Schreiber, G. 1994. Evolution of marsupial and other vertebrate thyroxine-binding plasma proteins. *Am. J. Physiol*., 266 : R1359-R1370.

Richardson, S.J., Hunt, J.L., Aldred, A.R., Licht, P. & Schreiber, G. 1997. Abundant synthesis of transthyretin in the brain, but not in the liver, of turtles. *Comp. Biochem. Physiol.,* 117B : 421-429.

Roberts, A. 1951. *The mammals of South Africa*. Trustees of "The mammals of South Africa" Book Fund, Johannesburg. 700 p.

Roeder, J.-J. 1980. Marking behaviour and olfactory recognition in genets (*Genetta genetta* L., Carnivora - Viverridae). *Behaviour,* 72 (3-4) : 200-210.

Roeder, J.-J. 1984. *Contribution à l'étude des modalités de communication chez la Genette.* Thèse de Doctorat, Université Louis Pasteur de Strasbourg. 352 p.

Ronquist, F. 1994. Ancestral areas and parsimony. *Syst. Biol*., 43 : 267-274.

Rosenbaum, G., Lister, G.S. & Duboz, C. 2002. Reconstruction of the tectonic evolution of the western Mediterranean since the Oligocene. *Journal of the Virtual Explorer,* 8 : 107-130.

Rosevear, D.R. 1974. *The Carnivores of West Africa*. London, Trustees of the British Museum (N.H.). 548 p.

Rowe, D.L. & Honeycutt, R.L. 2002. Phylogenetic relationships, ecological correlates, and molecular evolution within the cavioidea (Mammalia, Rodentia). *Mol. Biol. Evol.,* 19 (3) : 263-277.

Rowe-Rowe, D.T. 1978. The small carnivores of Natal. *Lammergeyer,* 25 : 1-48.

Roy, M.S., Sponer, R. & Fjeldsaring, J. 2001. Molecular systematics and evolutionary history of Akalats (genus *Sheppardia*): a Pre-Pleistocene radiation in a group of African forest birds. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 18 (1) : 74-83.

Rozhnov, V.V. & Pham Trong Anh. 1999. A note on the Tainguen civet - a new species of viverrid from Vietnam (*Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov & Pham Trong Anh, 1997). *Small Carnivore Conservation,* 20 : 11-14.

Russo, C., Takezaki, N. & Nei, M. 1996. Efficiencies of different genes and different tree-building methods in recovering a known phylogeny. *Mol. Biol. Evol.,* 13 (3) : 525-536.

Rychlik, W. 1992. *OLIGO 4.0 - OLIGO Primer Analysis Software*. National Biosciences, Plymouth.

Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B. & Erlich, H.A. 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA-polymerase. *Science,* 239 : 487-491.

Saitou, N. & Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol*., 4 : 406-425.

Sanderson, I.T. 1940. The mammals of the North Cameroons Forest Area. Being the results of the Percy Sladen Expedition to the Mamfe Division of the British Cameroons. *Trans. Zool. Soc. Lond.*, 24 (7) : 623-725.

Sanger, F., Nicklen, S. & Coulson, A.R. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 74 : 5463-5467.

Santos, C.R.A. & Power, D.M. 1999. Identification of transthyretin in fish (*Sparus aurata*): cDNA cloning and characterisation. *Endocrinology,* 140 : 2430-2433.

Savage, R. 1965. The Miocene Carnivora of East Africa. *Foss. Mamm. Afr.*, 19 : 239-316.

Schlawe, L. 1980. Zur geographischen Verbreitung der Ginsterkatzen, Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816 (Mammalia, Carnivora, Viverridae). *Faun. Abhandl. staatl. Mus. Tierk. Dresden,* 7 (15) : 147-161.

Schlawe, L. 1981. Material, Fundorte, Text- und Bildquellen als Grundlagen für eine Artenliste zur Revision der Gattung *Genetta* G. CUVIER, 1816. *Zool. Abhandl. staatl. Mus. Tierk. Dresden,* 37 (4) : 85-182.

Schmidt-Kittler, N. 1987. The Carnivora (Fissipeda) from the lower Miocene of East Africa. *Paleontographica*, A197 : 85-126.

Schreiber, A., Wirth, R., Riffel, M. & Van Rompaey, H. 1989. *Weasels, Civets, Mongooses, and their relatives - An action plan for the conservation of Mustelids and Viverrids.* IUCN, Gland (Suisse). 100 p.

Schreiber, G. & Richardson, S.J. 1997. The evolution of gene expression, structure and function of transthyretin. *Comp. Biochem. Physiol.*, 116B : 137-160.

Schreiber, G., Richardson, S.J. & Prapunpoj, P. 2001. Structure and expression of the transthyretin gene in the choroid plexus: a model for the study of the mechanism of evolution. *Microscopy Research Techniques*, 52 : 21-33.

Schultz, T.R., Cocroft, R.B. & Churchill, G.A. 1996. The re-construction of ancestral character states. *Evolution*, 50 : 504-511.

Schwarz, E. 1930. Die Sammlung afrikanischer Säugethiere im Congo-Museum. Ginsterkatzen (Gattung *Genetta* Oken). *Rev. Zool. et Bot. Afr.,* 19 (2) : 275-286.

Sillero-Zubiri, C. & Marino, J. 1997. The status of small carnivores species in Niokolo-Koba National Park, Senegal. *Small Carnivore Conservation,* 17 : 15-19.

Simmons, M.P. & Ochoterena, H. 2000. Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Syst. Biol.*, 49 (2) : 369-381.

Simoes, F. 1999. *Mamiferos selvagens da Guiné-Bissau. Projecto Delfim*. Centro Portugues de Estudos dos Mamiferos Marinhos, Lisbon. 429 p.

Simpson, G.G. 1945. The principles of classification and a classification of Mammals. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.,* 85 : 1-350.

Simpson, G.G. 1953. *The major features of evolution*. Columbia University Press, New York. 360 p.

Singer, M.F. 1982. SINES and LINES: highly repeated short and long interspersed sequences in mammalian genomes. *Cell*, 28 : 433-434.

Sites, J.W. Jr & Crandall, K.A. 1997. Testing species boundaries in biodiversity studies. *Cons. Biol.*, 11 (6) : 1289-1297.

Skinner, J. & Smithers, R. 1990. *The Mammals of the South African subregion*. University of Pretoria, Pretoria. 771 p.

Sokolov, V.E., Rozhnov, V.V. & Pham Trong Anh. 1997. New species of Viverrids of the genus *Viverra* (Mammalia, Carnivora) from Vietnam. *Russ. J. Zool.*, 1 (2) : 204-207.

Sorenson, M. D. 1999. *TreeRot. Version 2*. Boston University, Boston.

Sousa, M.M. & Saraiva, M.J.M. 2001. Internalization of transthyretin: evidence for a novel yet unidentified receptor-associated protein (RAP) - sensitive receptor. *J. Biol. Chem*., 276 : 14420-14425.

Springer, M.S., Teeling, E.C., Madsen, O., Stanhope, M.J. & de Jong, W.W. 2001. Integrated fossil and molecular data reconstruct bat echolocation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 98 (11) : 6241-6246.

Stains, H.J. 1983. Calcanea of members of the Viverridae. *Bull. S. Calif. Acad. Sci.,* 82 : 17-38.

Stangl, F.B. Jr & Grimes, J.V. 1987. Phylogenetic implications of comparative pelage morphology in Aplodontidae and the Nearctic Sciuridae, with observations on seasonal pelage variation. *Occasional Papers - The Museum Texas Tech University,* 112 : 1-21.

Steininger, F.F., Rabider, C. & Rogl, F. 1985. Land mammal distribution in the Mediterranean Neogene. In Stanley, D.J. & Wezel, F.C. (Eds.), *Geological evolution of the Mediterranean basin*, Springer, New York. Pp. 559-571.

Stuart, C.T. 1981. Notes on the mammalian carnivores of the Cape Province, South Africa. *Bontebok,* 1 : 1-58.

Studier, J.A. & Keppler, K.J. 1988. A note on the neighbor-joining method of Saitou and Nei. *Mol. Biol. Evol.*, 5 : 729-731.

Sunquist, M.E. 1982. Incidental observations of the Spotted Linsang (*Prionodon pardicolor*). *J. Bombay Nat. Hist. Soc*., 79 (1) : 185-186.

Swofford, D.L. 2001. *PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and other methods). Beta version 4.0b2*. Sinauer Associates, Sunderland.

Swofford, D.L. & Maddison, W.P. 1987. Reconstructing ancestral character states under Wagner parsimony. *Math. Biosci*., 87 : 199-229.

Taylor, M.E. 1988. Foot structure and phylogeny in the Viverridae (Carnivora). *J. Zool.,* 216 (1) : 131-139.

Taylor, M.E. 1989. New records of two species of rare Viverrids from Liberia. *Mammalia,* 53 (1) : 122-125.

Taylor, P.J., Meester, J. & Rautenbach, I.L. 1990. A quantitative analysis of geographic colour variation in the yellow mongoose *Cynictis penicillata* (Cuvier, 1829) (Mammalia: Viverridae) in Southern Africa. *Ann. Transvaal Mus.,* 35 (11) : 177-198.

Teilhard de Chardin, P. 1915. Les Carnassiers des Phosphorites du Quercy. *Ann. Pal.,* 9 : 103-191.

Thomas, H., Bernor, R. & Jaeger, J.-J. 1982. Origines du peuplement mammalien en Afrique du Nord durant le Miocène terminal. *Geobios*, 15 (3) : 283-297.

Templeton, A.R. 1989. The meaning of species and speciation: a genetic perspective. In Otte, D. & Endler, J.A. (Eds.), *Speciation and its consequences*, Sinauer Associates, Sunderland, Pp. 3-27.

Templeton, A.R. 1994. The role of molecular genetics in speciation studies. In Schierwater, B., Streit, B., Wagner, G. & DeSalle, R. (Eds.), *Molecular approaches to ecology and evolution*, Birkhäuser-Verlag, Basel. Pp. 455-477.

Templeton, A.R. 2001. Using phylogeographic analyses of gene trees to test species status and processes. *Mol. Ecol.,* 10 (3) : 779-791.

Templeton, A.R. & Sing, C.F. 1993. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping. IV. Nested analyses with cladogram uncertainty and recombination. *Genetics*, 134 : 659-669.

Templeton, A.R., Routman, E. & Phillips, C.A. 1995. Separating population structure from population history: a cladistic analysis of the geographical distribution of mitochondrial DNA haplotypes in the Tiger salamander, *Ambystoma tigrinum*. *Genetics,* 140 : 767-782.

Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin , F. & Higgins, D.G. 1997. The CLUSTAL X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucl. Ac. Res.,* 24 : 4876-4882.

Thomson, T.R.H. 1842. Description of a new species of *Genetta*, and of two species of Birds from Western Africa. *Ann. Nat. Hist.,* 10 : 203-205.

Times Atlas of the World. 1987. *Atlas universel*. Sélection du Reader's Digest / Le Monde, Paris. 130 p.

Toschi, A. 1954. Elenco preliminare dei Mammiferi delle Libia. *Supp. Rich. Zool. Appl. Caccia,* 2 (7) : 241-273.

Tristram, H.B. 1866. Report on the mammals of Palestine. *Proc. Zool. Soc. Lond.*, 1866 : 84-93.

Tristram, H.B. 1884. *The survey of western Palestine. The fauna and flora of Palestine*. The Commitee of the Palestine Exploration Fund, London. 455 p.

Turner, H. 1848. Observations relating to some of the foramina at the base of the skull in Mammalia, and on the classification of the Order Carnivora. *Proc. Zool. Soc. Lond.,* 1848 : 63-88.

UICN. 2002. *2002 IUCN Red List of threatened species*. International Union for Conservation of Nature and Natural Resources. *http://www.redlist.org/*

Van Rompaey, H. 1988. *Osbornictis piscivora*. *Mammalian species,* 309 : 1-4.

Van Rompaey, H. 1993. The Banded Linsang, *Prionodon linsang*. *Small Carnivore Conservation,* 9 : 11-15.

Van Rompaey, H. 1995. The Spotted linsang, *Prionodon pardicolor*. *Small Carnivore Conservation,* 13 : 10-13.

Van Rompaey, H. & Colyn, M. 1998. A new servaline genet (Carnivora, Viverridae) from Zanzibar island. *S. Afr. J. Zool.*, 33 (1) : 42-46.

Van Rompaey, H. & Colyn, M. sous presse a. Genus *Poiana*. In Kingdon, J. & Butynski, T. (Eds.), *The Mammals of Africa. Vol. 4. Carnivora, Pinnipedia, Pholidota, Tubulidentata, Hyracoidea, Proboscidea, Sirenia, Perissodactyla*, Academic Press, London.

Van Rompaey, H. & Colyn, M. sous presse b. *Genetta cristata.* In Kingdon, J. & Butynski, T. (Eds.), *The Mammals of Africa. Vol. 4. Carnivora, Pinnipedia, Pholidota, Tubulidentata, Hyracoidea, Proboscidea, Sirenia, Perissodactyla*, Academic Press, London.

Van Valkenburg, B. 1989. Carnivore dental adaptations and diet: a study of trophic diversity within guilds. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology, and evolution*, Cornell University, Ithaca, New York. Pp. 410-436.

Verheyen, W. 1962. Quelques notes sur la zoogéographie et la crâniologie d'*Osbornictis piscivora* Allen, 1919. *Rev. Zool. Bot. Afr.*, 65 (1-2) : 121-128.

Veron, G. 1994. *Méthodes de recherche en biotaxinomie des mammifères carnivores – Confrontation des méthodes de phylogénie traditionnelle et moléculaire dans la recherche de la position systématique de* Cryptoprocta ferox *(Aeluroidea).* Thèse de Doctorat, Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris. 219 p.

Veron, G. 1995. La position systématique de *Cryptoprocta ferox* (Carnivora). Analyse cladistique des caractères morphologiques de carnivores Aeluroidea actuels et fossiles. *Mammalia,* 59 (4) : 551-582.

Veron, G. 1999. Pads morphology in the Viverridae (Carnivora). *Act. Ther.*, 44 (4) : 363-376.

Veron, G. & Catzeflis, F. 1993. Phylogenetic relationships of the endemic Malagasy Carnivore *Cryptoprocta ferox* (Aeluroidea): DNA/DNA hybridization experiments. *J. Mamm. Evol.*, 1 (3) : 169-185.

Veron, G. & Heard, S. 2000. Molecular systematics of the Asiatic Viverridae (Carnivora) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence analysis. *J. Zool. Syst. Evol. Res.,* 38 : 209-217.

Virgos, E., Llorente, M. & Cortes, Y. 1999. Geographical variation in genet (*Genetta genetta* L.) diet: a literature review. *Mammal Rev.,* 29 (2) : 119-128.

Vrana, P.B., Milinkovitch, M.C., Powell, J.R. & Wheeler, W.C. 1994. Higher level relationships of the arctoid Carnivora based on sequence data and "total evidence". *Mol. Phylogenet. Evol.,* 3 (1) : 47-58.

Wallace, M.R., Naylor, S.L., Kluve-Beckerman, B., Long, G.L., McDonald, L., Shows, T.B. & Benson, M.D. 1985. Localization of the human prealbumin gene to chromosome 18. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 129 : 753-758.

Walston, J. & Veron, G. 2001. Questionable status of the "Taynguyen civet", *Viverra tainguensis* Sokolov, Rozhnov and Pham Trong Anh, 1997 (Mammalia: Carnivora: Viverridae). *Mamm. Biol.,* 66 : 181-184.

Walton, A.H., Nedbal, M.A. & Honeycutt, R.L. 2000. Evidence from intron 1 of the nuclear transthyretin (prealbumin) gene for the phylogeny of African mole-rats (Bathyergidae). *Mol. Phylogenet. Evol*., 16 (3) : 467-474.

Wayne, R.K., Benveniste, R.E., Janczewski, D.N. & O'Brien, J.O. 1989. Molecular and biochemical evolution of the Carnivora. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology and evolution,* Cornell University Press, New York and London. Pp. 465-498.

Wemmer, C.M. 1977. Comparative ethology of the large-spotted genet *Genetta tigrina* and some related Viverrids. *Smithsonian Contributions to Zoology*, 93 : 1-239.

Werdelin, L. 1996. Carnivoran ecomorphology : a phylogenetic perspective. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology, and evolution. Vol. 2*, Cornell University Press, New York. Pp. 582-624.

Werdelin, L. & Olsson, L. 1997. How the leopard got its spots: a phylogenetic view of the evolution of felid coat patterns. *Biol. J. Linn. Soc.,* 62 : 383-400.

White, J.T. & Kelly, J.W. 2001. Support for the multigenic hypothesis of amyloidosis: The binding stoichiometry of retinol-binding protein, vitamin A, and thyroid hormone influences transthyretin amyloidogenicity invitro. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA,* 98 : 13019-13024.

Wiens, J.J. 1995. Polymorphic characters in phylogenetic systematics. *Syst. Biol.*, 44 (4) : 482-500.

Wiens, J.J. 1998. Combining data sets with different phylogenetic histories. *Syst. Biol.*, 47 (4) : 568-581.

Wiens, J.J. 2001. Character analysis in morphological phylogenetics: problems and solutions. *Syst. Biol.,* 50 : 689-699.

Woodruff, F. & Savin, S.M. 1989. Miocene deepwater oceanography. *Paleoceanography*, 4: 87-140.

Wozencraft, W.C. 1984. *A phylogenetic reappraisal of the Viverridae and its relationship to other Carnivora.* PhD thesis, University of Kansas, Lawrence. 1129 p.

Wozencraft, W.C. 1989. Classification of the recent Carnivora. In Gittleman, J.L. (Ed.), *Carnivore behavior, ecology, and evolution*, Cornell University Press, New York. Pp. 569-593.

Wozencraft, W.C. 1993. Order Carnivora. In Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (Eds.), *Mammal species of the world - a taxonomic and geographic reference*, Smithsonian Institution Press, Washington & London. Pp. 279-348.

Wurster, D.H. & Benirschke, K. 1968. Comparative cytogenetic studies in the order Carnivora. *Chromosoma,* 24 : 336-382.

Wyss, A.R. & Flynn, J.J. 1993. A phylogenetic analysis and definition of the Carnivora. In Szalay, F.S., Novacek, M.J. & McKenna, M.C. (Eds.), *Mammal phylogeny: Placentals,* Springer-Verlag, New York. Pp. 32-52.

Xia, D., Yu, C.A., Kim, H., Xia, J.-Z., Kachurin, A.M., Zhang, L., Yu, L. & Deisenhofer, J. 1998. Crystal structure of the cytochrome bc1 complex from bovine heart mitochondria. *Science,* 277 : 60-66.

Xu, H. & Sheng, H. 1994. Reproductive behaviour of the Small Indian civet (*Viverricula indica*). *Small Carnivore Conservation,* 11 : 13-15.

Yalden, D.W., Largen, M.J., Kock, D. & Hillman, J.C. 1996. Catalogue of the mammals of Ethiopia and Eritrea. 7. Revised checklist, zoogeography and conservation. *Trop. Zool.*, 9 : 73-164.

Yamauchi, K., Takeuchi, H., Overall, M., Dziadek, M., Munro, S. & Schreiber, G. 1998. Structural characteristics of bullfrog (*Rana catesbeiana*) transthyretin and its cDNA. *Eur. J. Biochem.,* 256 : 287-296.

Yankowitz, J., Fulton, A., Williamson, R., Grant, S.S. & Budelier, W.T. 1998. Prospective evaluation of prenatal maternal serum screening for trisomy 18. *Am. J. Obstet. Gynecol.,* 178 (3) : 446-450.

Yoder, A.D., Burns, M.M., Zehr, S., Delefosse, T., Veron, G., Goodman, S.M. & Flynn, J.J. 2003. Single origin of Malagasy Carnivora from an African ancestor. *Nature*, 421 : 734-737.

Zehr, S.M., Nedbal, M.A. & Flynn, J.J. 2001. Tempo and mode of evolution in an orthologous *Can* SINE. *Mamm. Gen.*, 12 : 38-44.

Zhang, Y.-P. & Ryder, O.A. 1993. Mitochondrial DNA sequence evolution in the Arctoidea. *Evolution,* 90 : 9557-9561.

Zheng, B., Sage, M.A., Cai, W.W., Thompson, D., Tavsanli, B.C., Cheah, Y.C. & Bradley, A. 1999. Engineering a mouse balancer chromosome. *Nat. Genet*., 22 : 375-378.

Annexe I. Liste par taxons des spécimens observés au cours des analyses morphologiques. Le matériel type est indiqué en rouge avec le nom de la localité de collecte. BMNH = Natural History Museum, London ; DNSM = Durban Natural Science Museum, Republic of South Africa ; IRSNB = Institut royal des Sciences naturelles de Belgique, Bruxelles ; MFNB = Museum für Naturkunde, Humboldt University, Berlin; MNHN = Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris ; MRAC = Musée royal d'Afrique Centrale, Tervuren ; NM = the Natal Museum, Pietermaritzburg, Republic of South Africa ; RMNH = National Museum of Natural History (anciennement Rijksmuseum van Natuurlijke Historie), Leiden ; ZFMK = Zoologisches Forschungsinstitut und Museum Alexander Koenig, Bonn. Pour des raisons liées à un manque de temps, la majorité ou totalité des numéros de catalogue des spécimens du BMNH et du MRAC n'ont pas pu être récoltés pour *G. maculata, G. servalina, C. civetta* (BMNH et MRAC), *G. genetta, G. schoutedeni, Viverricula indica* et *Viverra zibetha* (BMNH). Les données concernant les localités de collecte ont toutefois été relevées pour l'ensemble de ces spécimens (cf Annexe II).

-Genre *Genetta* :

.Genetta abyssinica

BMNH 34.9.14.20, BMNH 46.96, BMNH 69.10.24.10 (Gondar, Ethiopie), MFNB 1097, MFNB 36744, MFNB 36745, MFNB 36746, MFNB 36747, MFNB 36748, MNHN 1954-323, MNHN 1961-1000.

.Genetta angolensis

BMNH 1.4.27.1, BMNH 10.6.20.10, BMNH 10.6.20.9, BMNH 14.271, BMNH 1937.1.4.46, BMNH 1937.1.4.48, BMNH 1937.1.4.49, BMNH 21.7.18.10 (Ndola, Zambie), BMNH 32.9.1.109, BMNH 32.9.1.118, BMNH 32.9.1.119, BMNH 32.9.1.121, BMNH 32.9.1.122, BMNH 32.9.1.85, BMNH 32.9.1.87, BMNH 32.9.1.89, BMNH 32.9.1.92, BMNH 32.9.1.93, BMNH 32.9.1.94, BMNH 32.9.1.95, BMNH 32.9.1.96, BMNH 35.9.1.181, BMNH 35.9.1.183, BMNH 35.9.1.192, BMNH 35.9.1.195, BMNH 35.9.1.196, BMNH 35.9.1.200, BMNH 35.9.1.201, BMNH 35.9.1.202, BMNH 35.9.1.203, BMNH 35.9.1.204, BMNH 39.9.1.117, BMNH 49.35, BMNH 51.342, BMNH 51.343, BMNH 61.992, BMNH 63.1869, BMNH 65.2542, BMNH 65.2544, BMNH 65.2545, BMNH 65.2549, BMNH 68.254, BMNH 92.2.6.4, BMNH 94.3.8.4, IRSNB 6406, IRSNB 6407, IRSNB 6408, IRSNB 6409, IRSNB 6410, IRSNB 6411, IRSNB 7459, IRSNB 11702, IRSNB 11707, IRSNB 11713, IRSNB 11715, IRSNB 11720, IRSNB 11721, IRSNB 11723, IRSNB 11726, IRSNB 11727, IRSNB 11732, IRSNB 11746, IRSNB 13336, IRSNB 13344, MFNB 6718, MFNB 6719, MFNB 6720, MFNB 6722, MFNB 12225, MFNB 19188, MFNB 19200, MFNB 19309, MFNB 19313, MFNB 19388, MFNB 19399, MFNB 19409, MFNB 19509, MFNB 19628, MFNB 19630, MFNB 19647, MFNB 19660, MFNB 19860, MFNB 19861, MFNB 19862, MFNB 19863, MFNB 19864, MFNB 19876, MFNB 34482, MFNB 34486, MFNB 34487, MFNB 40348, MFNB 19411/19410, MFNB 19659 / 1106 (Mossimboa, Mozambique), MNHN 1962-990, MRAC 746, MRAC 1767, MRAC 3632, MRAC 4884, MRAC 4984, MRAC 4985, MRAC 4990 (Kundelungus, Zaïre), MRAC 8263, MRAC 10643, MRAC 10914, MRAC 11071, MRAC 11416, MRAC 11510, MRAC 11830, MRAC 13089, MRAC 14358, MRAC 14387, MRAC 19245, MRAC 20836, MRAC 21776, MRAC 22053, MRAC 22335, MRAC 22970, MRAC 23070, MRAC 26565, MRAC 27409, MRAC 34367, MRAC 6313a, MRAC 93140M0001.

.Genetta bourloni

BMNH 46.863, IRSNB 16427, MFNB 44182, MFNB 44250, MNHN 1959-937, MNHN 1959-938 (Sérédou, Guinée), MNHN 1961-416, MNHN 2001-522, MNHN 2001-1156, MRAC 35709, MRAC 35710, MRAC 39496, MRAC 75030M0026, MRAC 80028M0025, RMNH 34633, RMNH 41103, ZFMK 9510.

.Genetta cristata

BMNH 10.6.1.12, BMNH 18.801, BMNH 1992.352, BMNH 1992.353, BMNH 1992.354, BMNH 1992.355, BMNH 1992.356, BMNH 1992.357, BMNH 1992.358, BMNH 1992.359, BMNH 1994.182, BMNH 1994.183, BMNH 1994.196, BMNH 1994.197, BMNH 1994.261, BMNH 1996.317, BMNH 1996.320, BMNH 1996.321, BMNH 1996.322, BMNH 3.2.4.9, BMNH 39.110, BMNH 39.323 (Okogong, Cameroun), BMNH 39.687, BMNH 48.795, BMNH 48.796, BMNH 48.797, BMNH 48.798, BMNH 48.799, BMNH 48.800, BMNH 48.802, BMNH 48.803, BMNH 48.804, BMNH 50.315 (Okusu Forest Reserve, Nigeria), BMNH 50.942, BMNH 50.948, BMNH 57.325, BMNH 58.342, BMNH 58.343, BMNH 8.6.14.7, BMNH 88.235, MRAC 95038M0002, MRAC 95053M0002, MRAC 95053M0003, MRAC 97086M0004, MRAC 98049M0007, MRAC 98049M0019, MRAC 98049M0020, MRAC 98049M0021, ZFMK 61397, ZFMK 95113.

.Genetta felina

BMNH 2.12.1.8, BMNH 23.5.9.183, BMNH 23.5.9.40, BMNH 3.1.4.18, BMNH 3.1.4.19, BMNH 3.1.4.20, BMNH 35.9.1.205, BMNH 35.9.1.206, BMNH 35.9.1.207, BMNH 35.9.1.209, BMNH 37.7.26.127, BMNH 37.9.26.89, BMNH 39.694, BMNH 39.695, BMNH 4.2.3.24, BMNH 4.2.3.25, BMNH 4.2.3.26, IRSNB 965, IRSNB 18700, MFNB 1099, MFNB 3806, MFNB 13702, MFNB 19694, MFNB 19696, MFNB 19730, MFNB 19732, MFNB 19965, MFNB 32096, MFNB 33946, MFNB 44147, MFNB 47066, MNHN 445, RMNH 34570, RMNH 34571, RMNH 34572 (Kaffraria, République d'Afrique du Sud), RMNH 34636, RMNH 34639, RMNH 34642, ZFMK 74221.

.Genetta genetta

BMNH 1.6.1.3 (Inca, Îles Baléares, Espagne), BMNH 1846.6.2.27, BMNH 19.7.7.3480, BMNH 2.11.22.3 (Azrahi Ravine, Arabie Saoudite), BMNH 25.1.2.48, BMNH 5.12.9.17 (Klein Letaba, République d'Afrique du Sud), BMNH 5.5.8.2., BMNH 5.5.8.3., BMNH 64.8.17.17 (Mont. Carmel, Israel), BMNH 87.12.1.12., IRSNB 9047, IRSNB 970B, MFNB 1094 (environs de Montpellier, France), MFNB 1103 (Dongola, Soudan), MFNB 5330, MFNB 5331, MFNB 5332, MFNB 5334, MFNB 6716, MFNB 6717, MFNB 12461, MFNB 12759, MFNB 15932, MFNB 17431, MFNB 17433, MFNB 17435, MFNB 18395, MFNB 18629, MFNB 18853, MFNB 18855, MFNB 18860, MFNB 18862, MFNB 18864, MFNB 18867, MFNB 18868, MFNB 18870, MFNB 18872, MFNB 18874, MFNB 18876, MFNB 18877, MFNB 18887, MFNB 18891, MFNB 18893, MFNB 18894, MFNB 18896, MFNB 18898 (Gabes, Tunisie), MFNB 18902, MFNB 18904, MFNB 18906, MFNB 18910, MFNB 18914, MFNB 18915, MFNB 18924, MFNB 18930, MFNB 18931, MFNB 18933, MFNB 19061, MFNB 19240, MFNB 19241, MFNB 19242, MFNB 19243, MFNB 19257, MFNB 19289, MFNB 19295, MFNB 19307, MFNB 19324, MFNB 19346, MFNB 19358, MFNB 19359, MFNB 19361, MFNB 19363, MFNB 19364, MFNB 19365, MFNB 19366, MFNB 19370, MFNB 19383, MFNB 19392, MFNB 19394, MFNB 19400, MFNB 19402, MFNB 19407, MFNB 19425, MFNB 19560, MFNB 19561, MFNB 19565, MFNB 19568, MFNB 19575, MFNB 19576, MFNB 19581, MFNB 19610, MFNB 19635, MFNB 19637 (Loanda, Angola), MFNB 19643, MFNB 19664, MFNB 19665, MFNB 19668 (Okondoto, Namibie), MFNB 19669, MFNB 19671, MFNB 19674, MFNB 19675, MFNB 19691, MFNB 19693, MFNB 19728, MFNB 19729, MFNB 19735, MFNB 19736, MFNB 19737, MFNB 19738, MFNB 26016, MFNB 29350, MFNB 33932, MFNB 33954, MFNB 35724, MFNB 40435, MFNB 40487, MFNB 40834, MFNB 41228, MFNB 41406, MFNB 41981, MFNB 41982, MFNB 42423, MFNB 42652, MFNB 42672, MFNB 42713, MFNB 42767, MFNB 44059, MFNB 44060, MFNB 44062, MFNB 44063, MFNB 44064, MFNB 44065, MFNB 44820, MFNB 55378, MFNB 55567, MFNB 55568, MFNB 60967, MFNB 68980, MFNB 18917 / 18916 (Harar, Ethiopie), MFNB 19564 / 19563 (Irangi, Tanzanie), MNHN 417, MNHN 1860-674 (Alger, Algérie), MNHN 1875-1175, MNHN 1896-2463, MNHN 1902-495, MNHN 1905-433, MNHN 1906-106, MNHN 1906-107, MNHN 1906-108, MNHN 1906-109, MNHN 1906-110, MNHN 1906-112, MNHN 1906-22, MNHN 1906-22bis, MNHN 1906-23, MNHN 1907-587, MNHN 1911-808, MNHN 1929-543, MNHN 1932-3162, MNHN 1932-3163, MNHN 1943-148, MNHN 1943-148, MNHN 1943-149, MNHN 1960-3902, MNHN 1960-3903, MNHN 1960-3904, MNHN 1961-652, MNHN 1961-653, MNHN 1961-991, MNHN 1962-2065, MNHN 1962-3308, MNHN 1962-333, MNHN 1963-3309, MNHN 1965-405, MNHN 1969-464, MNHN 1969-465, MNHN 1969-466, MNHN 1969-467, MNHN 1969-468, MNHN 1969-469, MNHN 1970-295, MNHN 1972-394, MNHN 1973-145, MNHN 1977-675, MNHN 1977-698, MNHN 1984-625, MNHN 1992-2000, MNHN 1995-3138, MNHN 1995-417, MNHN 1995-418, MNHN 2000-347, MNHN 2000-834, MNHN 2001-341 (Sénégal), MNHN 418 (1868-7?), MRAC 2084, MRAC 2176, MRAC 4041, MRAC 10281, MRAC 91090M0005, MRAC 91090M0008, RMNH 294, RMNH 1685, RMNH 2406, RMNH 2554, RMNH 22946, RMNH 31271, RMNH 34573, RMNH 34574, RMNH 34575, RMNH 34576, RMNH 34577, RMNH 34578, RMNH 34579, RMNH 34580, RMNH 34581, RMNH 34582, RMNH 34585, RMNH 34634, ZFMK 3121, ZFMK 3124, ZFMK 3135, ZFMK 5571, ZFMK

34145, ZFMK 50710, ZFMK 55521, ZFMK 71312, ZFMK 86308, ZFMK 86309, ZFMK 97490, ZFMK 811162, ZFMK 811163, ZFMK 811164, ZFMK 811165, ZFMK 811166, ZFMK 811167, ZFMK 811168, ZFMK 811169, ZFMK 811170, ZFMK 811171, ZFMK 811173, ZFMK 811218, ZFMK 811219, ZFMK 811220, ZFMK 30117a, ZFMK 30117b, ZFMK 3440a.

.Genetta genettoides

MFNB 19023, MFNB 19030, MFNB 19031, MFNB 19033, RMNH 25742, RMNH 34587, RMNH 34588, RMNH 34589 (Rio Bounty, Ghana), RMNH 34590, RMNH 34591 (Saint-George d'Eldmina, Ghana), RMNH 34592, RMNH 34593, RMNH 34630 (Ghana), RMNH 34632.

.Genetta johnstoni

BMNH 27.8.12.1, BMNH 30.3.3.10 (Cavally River, Liberia), BMNH 8.8.23.1 (25 km west of the Putu Moutains, Liberia), IRSNB 16426, MFNB 44532, MNHN 1901-1069, MNHN 1936-995, MNHN 1982-1007, MNHN 1986-246, MNHN 2000-683, MNHN 2001-523, RMNH 41102, ZFMK 5711, ZFMK 61 966 (Kpeaple, Liberia), ZFMK 95 007, ZFMK 95 008, ZFMK 95 009.

.Genetta maculata

BMNH 1937.11.4.10, BMNH 1937.11.4.11, BMNH 1938.5.26.5, BMNH 219a (Ethiopie) BMNH 23.3.26.9, BMNH 26.8.14.1, BMNH 30.3.4.2, BMNH 34.10.28.8, BMNH 34.4.1.34, BMNH 34.4.1.35, BMNH 34.4.1.36, BMNH 34.4.1.39, BMNH 35.9.1.204, BMNH 4.12.6.5, BMNH 48.808, BMNH 5.1.26.1, BMNH 5.12.9.16 (Klein Letaba, République d'Afrique du Sud), BMNH 65.2561, BMNH 65.2562, BMNH 65.2563, BMNH 78.2853., IRSNB 969, IRSNB 970, IRSNB 3499, IRSNB 3500, IRSNB 3529, IRSNB 3530, IRSNB 4659, IRSNB 4660, IRSNB 6559, IRSNB 6957, IRSNB 6958, IRSNB 6959, IRSNB 8111, IRSNB 8211, IRSNB 8661, IRSNB 11693, IRSNB 11694, IRSNB 11695, IRSNB 11696, IRSNB 11697, IRSNB 11698, IRSNB 11699, IRSNB 11700, IRSNB 11701, IRSNB 11703, IRSNB 11704, IRSNB 11705, IRSNB 11706, IRSNB 11708, IRSNB 11709, IRSNB 11710, IRSNB 11711, IRSNB 11712, IRSNB 11714, IRSNB 11716, IRSNB 11717, IRSNB 11718, IRSNB 11719, IRSNB 11722, IRSNB 11724, IRSNB 11725, IRSNB 11728, IRSNB 11729, IRSNB 11730, IRSNB 11731, IRSNB 11733, IRSNB 11734, IRSNB 11735, IRSNB 11736, IRSNB 11737, IRSNB 11738, IRSNB 11739, IRSNB 11740, IRSNB 11741, IRSNB 11742, IRSNB 11743, IRSNB 11744, IRSNB 11745, IRSNB 11747, IRSNB 11748, IRSNB 11749, IRSNB 11750, IRSNB 11751, IRSNB 11752, IRSNB 11798, IRSNB 12259, IRSNB 12787, IRSNB 12798, IRSNB 12799, IRSNB 12800, IRSNB 12830, IRSNB 12903, IRSNB 13031, IRSNB 13951, IRSNB 14654, IRSNB 14655, IRSNB 14656, IRSNB 14657, IRSNB 14658, IRSNB 16247, IRSNB 17332, IRSNB 17333, IRSNB 17334, IRSNB 19943, IRSNB 19944, IRSNB 19945, IRSNB 19946, IRSNB 19947, IRSNB 19948, IRSNB 19949, IRSNB 21275, IRSNB 21276, IRSNB 21277, IRSNB 21278, IRSNB 21280, IRSNB 21281, IRSNB 21282, IRSNB 21283, IRSNB 21284, IRSNB 21472, IRSNB 21530, IRSNB 21531, IRSNB 21532, IRSNB 33446, IRSNB 33447, IRSNB 33448, IRSNB 33449, IRSNB 33450, IRSNB 33451, IRSNB 33452, IRSNB 33453, IRSNB 33454, IRSNB 33455, IRSNB 33456, IRSNB 33458, IRSNB 33459, IRSNB 33461, IRSNB 33462, IRSNB 33463, IRSNB 33464, IRSNB 969B, MFNB 1098, MFNB 1107 (Boror, Mozambique), MFNB 1108, MFNB 5333 (Kituli, Tanzanie), MFNB 6517, MFNB 6721, MFNB 9080, MFNB 9081, MFNB 9123, MFNB 12216, MFNB 12217, MFNB 14495, MFNB 18811, MFNB 18921, MFNB 18926, MFNB 18934, MFNB 18984, MFNB 18993, MFNB 19001, MFNB 19020, MFNB 19021, MFNB 19026, MFNB 19027, MFNB 19029, MFNB 19034, MFNB 19052, MFNB 19054, MFNB 19055, MFNB 19057, MFNB 19059, MFNB 19165, MFNB 19167, MFNB 19169, MFNB 19178, MFNB 19182, MFNB 19199, MFNB 19222, MFNB 19227, MFNB 19228, MFNB 19229, MFNB 19302, MFNB 19321, MFNB 19327, MFNB 19341, MFNB 19342, MFNB 19344, MFNB 19347, MFNB 19348, MFNB 19351, MFNB 19352, MFNB 19353, MFNB 19356, MFNB 19360, MFNB 19362, MFNB 19367, MFNB 19368, MFNB 19369, MFNB 19371, MFNB 19372, MFNB 19373, MFNB 19381, MFNB 19385, MFNB 19387, MFNB 19389, MFNB 19397, MFNB 19398, MFNB 19404, MFNB 19405, MFNB 19408, MFNB 19411, MFNB 19414, MFNB 19416, MFNB 19418, MFNB 19420, MFNB 19421, MFNB 19422, MFNB 19424, MFNB 19427, MFNB 19430, MFNB 19433, MFNB 19433, MFNB 19438, MFNB 19443, MFNB 19444, MFNB 19446, MFNB 19447, MFNB 19448, MFNB 19449, MFNB 19451, MFNB 19455, MFNB 19497, MFNB 19500, MFNB 19503, MFNB 19510, MFNB 19514, MFNB 19515, MFNB 19517, MFNB 19521, MFNB 19525, MFNB 19526, MFNB 19533, MFNB 19534, MFNB 19538, MFNB 19539, MFNB 19542, MFNB 19548, MFNB 19550, MFNB 19554, MFNB 19555, MFNB 19556, MFNB 19557, MFNB 19558, MFNB 19558, MFNB 19565, MFNB 19566, MFNB 19569, MFNB 19570, MFNB 19571, MFNB 19572, MFNB 19573, MFNB 19577, MFNB 19579, MFNB 19580, MFNB 19583, MFNB 19584, MFNB 19590, MFNB 19591, MFNB 19592, MFNB 19600, MFNB 19611, MFNB 19616, MFNB 19649, MFNB 19651, MFNB 19654, MFNB 19676, MFNB 19679, MFNB 19685, MFNB 19686, MFNB 19687,

MFNB 19688, MFNB 19689, MFNB 19690, MFNB 19692, MFNB 19858, MFNB 19859, MFNB 19866, MFNB 19877, MFNB 20623, MFNB 20625, MFNB 20626, MFNB 20627, MFNB 20857, MFNB 20858, MFNB 21027, MFNB 21028, MFNB 21241, MFNB 23298, MFNB 23300, MFNB 30751, MFNB 32463, MFNB 33354, MFNB 33954, MFNB 34399, MFNB 34481, MFNB 34484, MFNB 35725, MFNB 36915, MFNB 40345, MFNB 40345, MFNB 40347, MFNB 40479, MFNB 40480, MFNB 41442, MFNB 41498, MFNB 43468, MFNB 44821, MFNB 47071, MFNB 60968, MFNB 60969, MFNB 68973, MFNB 68976, MFNB 68981, MFNB 68991, MFNB 68993, MFNB 18919 / 18918 (Harar, Ethiopie), MFNB 18929 / 18928 (Salomona, Erythrée), MFNB 19541 / 19540 (Bukoba, Tanzanie), MFNB 19640 / 19639 (Loanda, Angola), MNHN 449, MNHN [ZAK 25], MNHN 1891-260, MNHN 1897-632, MNHN 1902-753, MNHN 1902-754, MNHN 1902-755, MNHN 1902-756, MNHN 1904-2008, MNHN 1904-2009, MNHN 1904-2010, MNHN 1904-2011, MNHN 1904-2011, MNHN 1904-2013, MNHN 1904-2014, MNHN 1904-2015, MNHN 1904-2020, MNHN 1904-2021bis, MNHN 1905-379, MNHN 1912-153, MNHN 1913-32, MNHN 1913-33, MNHN 1918-17, MNHN 1933-2315, MNHN 1933-2316, MNHN 1939-176, MNHN 1940-1212, MNHN 1962-1057, MNHN 1962-1058, MNHN 1962-1576, MNHN 1962-163, MNHN 1962-3311, MNHN 1963-1416, MNHN 1969-470, MNHN 1970-387, MNHN 1970-388, MNHN 1972-395 (6 km de Hirna, Ethiopie), MNHN 1973-118, MNHN 1973-59, MNHN 1973-60, MNHN 1973-61, MNHN 1974-172, MNHN 1982-793, MNHN 1983-793, MNHN 1991-201, MNHN 2001-1158, MNHN 2001-1159, MNHN 2001-1160, MNHN 2001-1810, MNHN 2001-1811, RMNH 1325, RMNH 3352, RMNH 25739, RMNH 31272, RMNH 34594, RMNH 34640, ZFMK 3112, ZFMK 3163, ZFMK 3180, ZFMK 3181, ZFMK 3468, ZFMK 3469, ZFMK 3486, ZFMK 6238, ZFMK 6239, ZFMK 6298, ZFMK 6313, ZFMK 31137, ZFMK 31138, ZFMK 31151, ZFMK 36154, ZFMK 69927.

.Genetta pardina

BMNH 37.9.16.3, BMNH 39.12.26.11, BMNH 39.132, BMNH 46.399, BMNH 46.864, BMNH 47.645, BMNH 50.2045, BMNH 51.132, BMNH 53.132 / 53.131, BMNH 61.42, IRSNB 15152, IRSNB 15153, IRSNB 15154, IRSNB 15155, IRSNB 15156, IRSNB 15406, MFNB 1109 (Afrique de l'ouest), MFNB 18425, MFNB 40535, MNHN 1897-983, MNHN 1936-996, MNHN 1936-997, MNHN 1963-1365, MNHN 1977-699, MNHN 1977-700, MNHN 1977-701, MNHN 1977-702, MNHN 1977-703, MNHN 1977-704, MNHN 1977-705, MNHN 1977-706, MNHN 1977-707, MNHN 1977-708, MNHN 1977-709, MNHN 1977-710, MNHN 1977-711, MNHN 1992-25, MNHN 1995-424, MNHN 2001-340 (Sénégal), MRAC 34805, MRAC 35128, MRAC 35129, MRAC 35824, MRAC 35825, MRAC 74010M0007, MRAC 89001M0001, ZFMK 5710, ZFMK 5817, ZFMK 5818, ZFMK 97401, ZFMK 97425, ZFMK 97426, ZFMK 97427, ZFMK 97429, ZFMK 97458.

.Genetta piscivora

IRSNB 21006, IRSNB 21007, IRSNB 21008, IRSNB 21009, IRSNB 21010, MRAC 18237, MRAC 26602, MRAC 28889, MRAC 30844, MRAC 31043, MRAC 31671 [1150], MRAC 86033M0001, MRAC 87067M0001, MRAC 87067M0002, MRAC 87067M0003, MRAC 87068M0001, MRAC 87068M0002, MRAC 87068M0003, MRAC 87068M0004, MRAC 88047M0067.

.Genetta poensis

BMNH 12.6.20.6, BMNH 39.686, BMNH 55.12.24.412 (Fernando Po, Guinée Equatoriale), BMNH 1938.7.25.5, BMNH 46.394, BMNH 46.396, MFNB 6407, MFNB 59101, MNHN 1894-263, MNHN 1897-508, MNHN 1908-58.

.Genetta schoutedeni

IRSNB 21279, MFNB 18127, MFNB 18458, MFNB 18909, MFNB 19022, MFNB 19024, MFNB 19032, MFNB 19038, MFNB 19179, MFNB 19185, MFNB 19191, MFNB 19198, MFNB 19206, MFNB 19214, MFNB 19220, MFNB 19232, MFNB 19234, MFNB 19236, MFNB 19252, MFNB 19296, MFNB 19317, MFNB 19326, MFNB 19406, MFNB 19454, MFNB 19464, MFNB 19470, MFNB 19476, MFNB 19490, MFNB 19492, MFNB 19494, MFNB 19520, MFNB 19632, MFNB 19644, MFNB 19645, MFNB 19646, MFNB 19867, MFNB 41780, MFNB 19172 / 19171 (Tanga, Tanzanie), MFNB 19174 / 19173, MFNB 19177 / 19176, MFNB 19460 / 19459, MRAC 251, MRAC 624, MRAC 1934, MRAC 4274, MRAC 4822, MRAC 5855, MRAC 5965, MRAC 6953, MRAC 7831, MRAC 7833, MRAC 8335, MRAC 8800, MRAC 9387, MRAC 9994, MRAC 10112, MRAC 10324, MRAC 10431, MRAC 10612, MRAC 10614, MRAC 12077, MRAC 12961, MRAC 13729, MRAC 13982, MRAC 14465, MRAC 15332, MRAC 15342, MRAC 17188, MRAC 17289, MRAC 17306, MRAC 17325, MRAC 17706, MRAC 18499 (Bokungu, Zaïre), MRAC 18979, MRAC 19789, MRAC 19797, MRAC 19909, MRAC 21748, MRAC 26908, MRAC 27194, MRAC 27657, MRAC 28397, MRAC 31286, MRAC 37051, MRAC

76052M0013, MRAC 80002M0042, MRAC 80044M0062, MRAC 89019M0058, MRAC 90042M0221, MRAC 90042M0222.

.Genetta servalina

BMNH 12.7.29.4, BMNH 19.5.8.26, BMNH 2.2.6.1 (Lagari, Kenya), BMNH 30.12.2.3, BMNH 33.8.1.20., IRSNB 4656, IRSNB 4657, IRSNB 4658, IRSNB 7846, IRSNB 7934, IRSNB 12788, IRSNB 12853, IRSNB 12904, IRSNB 13030, IRSNB 13031, IRSNB 17317, IRSNB 17318, IRSNB 17319, IRSNB 21510, IRSNB 33457, IRSNB 33460, MFNB 17621, MFNB 17812, MFNB 18318, MFNB 18554, MFNB 18555, MFNB 18935, MFNB 18936, MFNB 18937, MFNB 18938, MFNB 18939, MFNB 18940, MFNB 18941, MFNB 18942, MFNB 18944, MFNB 18945, MFNB 18946, MFNB 18947, MFNB 18954, MFNB 18956, MFNB 18959, MFNB 18960, MFNB 18962, MFNB 18964, MFNB 18966, MFNB 18968, MFNB 18970, MFNB 18974, MFNB 18980, MFNB 18982, MFNB 18985, MFNB 18986, MFNB 18988, MFNB 18991, MFNB 18995, MFNB 18996, MFNB 18997, MFNB 18998, MFNB 19000, MFNB 19043, MFNB 19046, MFNB 19048, MFNB 19050, MFNB 19084, MFNB 19086, MFNB 19189, MFNB 19300, MFNB 19336, MFNB 19340, MFNB 19442, MFNB 19445, MFNB 19522, MFNB 19524, MFNB 19529, MFNB 19557, MFNB 19585, MFNB 19586, MFNB 19587, MFNB 19588, MFNB 19742, MFNB 28860, MFNB 40476, MFNB 48394, MFNB 48395, MFNB 68974, MNHN 1853-286, MNHN 1854-1275 (Gabon), MNHN 1892-1211, MNHN 1892-2046, MNHN 1947-20, MNHN 1947-841, MNHN 1947-842, MNHN 1959-184, MNHN 1962-991, MNHN 1966-57, MNHN 1966-58, MNHN 1970-18, MNHN 1970-389, MNHN 1970-390, MNHN 1970-391, MNHN 1970-392, MNHN 1973-54, MNHN 1973-58, MNHN 1973-62, MNHN 2001-1157, MNHN 2001-339(Gabon), MRAC 17546 (Mushie, Zaïre), MRAC 97047M0001 (Kitogani, Zanzibar, Tanzanie), ZFMK 69926.

.Genetta thierryi

BMNH 19.7.7.3718, BMNH 19.7.7.3750, BMNH 19.7.7.3751, BMNH 1981.259, BMNH 27.6.22.3, BMNH 35.1.30.51, BMNH 35.10.22.80, BMNH 35.10.22.81, BMNH 35.10.22.82, BMNH 35.10.22.83, BMNH 35.10.22.83, BMNH 46.865, BMNH 56.235, BMNH 69.1242, BMNH 75.2386, BMNH 81.80, BMNH 81.81, MFNB 18128, MFNB 19015 (Togo), MFNB 19040, MNHN 1911-831, MNHN 1911-856, MNHN 1913-407, MNHN 1950-268, MNHN 1950-269, MNHN 1950-275, MNHN 1952-4 (Sénégal), MNHN 1965-329, MNHN 1965-330, MNHN 1965-331, MNHN 1970-294, MNHN 1977-676, MNHN 1977-677, MNHN 1977-678, MNHN 1977-679, MNHN 1977-680, MNHN 1977-681, MNHN 1977-682, MNHN 1977-683, MNHN 1977-684, MNHN 1977-685, MNHN 1977-686, MNHN 1977-687, MNHN 1977-688, MNHN 1977-689, MNHN 1977-690, MNHN 1977-691, MNHN 1977-692, MNHN 1977-693, MNHN 1977-694, MNHN 1977-695, MNHN 1977-696, MNHN 1977-697, MNHN 1982-792, MNHN 1983-715 (Sénégal), MNHN 1985-114, MNHN 1985-115, MNHN 1995-3139, MNHN 1995-419, MNHN 1995-420, MNHN 1995-421, MNHN 1995-422, MNHN 1995-423, MNHN 2000-345, MNHN 2000-346, MRAC 73009M0065, MRAC 73009M0066, MRAC 76014M0085, MRAC 76014M0086, ZFMK 76124.

.Genetta tigrina

BMNH 5.5.7.38, BMNH 5.5.7.39, BMNH 5.5.7.41, BMNH 5.5.7.40, BMNH 5.5.7.42, BMNH 5.5.7.43, BMNH 5.5.7.47, BMNH 5.5.7.44, BMNH 5.5.7.45, BMNH 5.5.7.46, BMNH 37.9.26.127, BMNH 39.681, BMNH 52.2.22.6, BMNH 77.10.12.5, BMNH 80.10.11.2, BMNH 95.9.3.5, BMNH 95.9.3.6, BMNH 95.9.3.4, BMNH P.49 (25.B?), BMNH 1837.9.26.88, DNSM 39380, DNSM 17664, DNSM 10233, IRSNB 971, IRSNB 7489, MFNB 1100, MFNB 1101, MFNB 1102, MFNB 6453, MFNB 19697, MFNB 19698, MFNB 19699, MFNB 19701, MFNB 19703, MFNB 37408, MFNB 68979, NM 1527, NM 1545, NM 1558, NM 1603, NM 1712, RMNH 34641, RMNH 34676.

.Genetta victoriae

BMNH 1.8.9.29 (near Lupanzula's, ten miles west of Beni, Ituri River, Zaïre), BMNH 19.5.8.25, BMNH 30.11.11.207, BMNH 30.11.11.208, BMNH 30.11.11.210, BMNH 30.11.11.210, BMNH 7.1.2.3, IRSNB 12998, IRSNB 21467, MFNB 19530, MFNB 19531, MFNB 19532, MRAC 625, MRAC 656, MRAC 692, MRAC 1573, MRAC 1576, MRAC 1578, MRAC 2110, MRAC 3271, MRAC 3443, MRAC 4837, MRAC 4838, MRAC 7649, MRAC 7869, MRAC 8334, MRAC 9823, MRAC 9824, MRAC 9825, MRAC 12076, MRAC 12298, MRAC 12299, MRAC 14839, MRAC 14840, MRAC 17197, MRAC 17258, MRAC 17265, MRAC 17871, MRAC 18239, MRAC 18341, MRAC 18342, MRAC 18351, MRAC 18466, MRAC 18597, MRAC 18932, MRAC 19246, MRAC 19891, MRAC 19892, MRAC 19893, MRAC 20726, MRAC 20739, MRAC 22291, MRAC 22848, MRAC 25964, MRAC 27527, MRAC 28379, MRAC 28545.

-Genre *Poiana*:

.Poiana leightoni
BMNH 39.729, BMNH 8.8.23.2 (Cavally River, Liberia), MNHN 1962-1190, MRAC 75030M0025, MRAC 75030M0027.

.Poiana richardsonii
BMNH 1.11.21.7, BMNH 1084a, BMNH 1988.96, BMNH 23.1.22.42, BMNH 23.1.22.43, BMNH 42.10.18.1 (Fernando Po, Guinée Equatoriale), BMNH 7.1.2.4 (west Yambuya, Zaïre), BMNH 9.12.12.6, BMNH 98.10.7.8, BMNH 98.10.7.9, BMNH 98.3.19.11, IRSNB 21465, MFNB 47991, MFNB 69000, MFNB 69001, MFNB 69002, MFNB 69003, MFNB 69004, MFNB 19749 / 19748, MNHN 1947-18, MNHN 1947-19, MNHN 1958-777, MNHN 1976-389, MNHN 2000-369, MNHN 2000-370, MRAC 9891, MRAC 10499, MRAC 11057, MRAC 12291, MRAC 15380, MRAC 15570, MRAC 15571, MRAC 16121, MRAC 17925, MRAC 18321, MRAC 18322, MRAC 18323, MRAC 18324, MRAC 18325, MRAC 18326, MRAC 18327, MRAC 18328, MRAC 18329, MRAC 18330, MRAC 18602, MRAC 18603, MRAC 18604, MRAC 18605, MRAC 18867, MRAC 18868, MRAC 18869, MRAC 18901, MRAC 18902, MRAC 19059, MRAC 19666, MRAC 19667, MRAC 19668, MRAC 19669, MRAC 19684, MRAC 19796, MRAC 20557, MRAC 21646, MRAC 21867, MRAC 22792, MRAC 88011M0032, MRAC 88047M0066, MRAC 90042M0367, MRAC 90042M0368, MRAC 93091M0001, ZFMK 64458, ZFMK 64459, ZFMK 64460, ZFMK 69109, ZFMK 69110, ZFMK 69925.

-Genre *Civettictis*

.Civettictis civetta
BMNH 1876.9.26.12, BMNH 28.1.30.21, BMNH 30.11.11.192, BMNH 30.11.11.193, BMNH 48.794, BMNH 8.12.22.1, IRSNB 953, IRSNB 3942, IRSNB 4642, IRSNB 4643, IRSNB 6967, IRSNB 6993, IRSNB 8649, IRSNB 8650, IRSNB 8846, IRSNB 9117, IRSNB 9184, IRSNB 9185, IRSNB 9833, IRSNB 10171, IRSNB 10172, IRSNB 10309, IRSNB 10310, IRSNB 10311, IRSNB 10312, IRSNB 10313, IRSNB 10314, IRSNB 11847, IRSNB 11848, IRSNB 11849, IRSNB 11850, IRSNB 11851, IRSNB 11852, IRSNB 11853, IRSNB 11854, IRSNB 11866, IRSNB 12209, IRSNB 12815, IRSNB 12816, IRSNB 12817, IRSNB 12837, IRSNB 13024, IRSNB 13251, IRSNB 14665, IRSNB 14666, IRSNB 14667, IRSNB 16272, IRSNB 21305, IRSNB 21308, IRSNB 21325, IRSNB 21437, IRSNB 21440, IRSNB 21442, IRSNB 21498, IRSNB 21508, IRSNB 33434, IRSNB 33435, IRSNB 33436, IRSNB 33437, IRSNB 33438, IRSNB 33439, IRSNB 956B, MFNB 5046, MFNB 5329 (île de Zanzibar, Tanzanie), MFNB 17265, MFNB 19092, MFNB 19094, MFNB 19878, MFNB 19880, MFNB 19883, MFNB 19883, MFNB 19884, MFNB 20261, MFNB 29470, MFNB 32444, MFNB 36750, MFNB 40434, MFNB 41230, MFNB 43646, MFNB 44248, MFNB 45279, MFNB 48099, MFNB 48397, MFNB 60779, MFNB 60956, MFNB 60957, MFNB 60958, MFNB 60959, MFNB 60960, MFNB 60979, MFNB 68793, MFNB 68796, MFNB 68798, MFNB 68799, MFNB 68800, MFNB 68801, MFNB 68802, MFNB 68803, MFNB 68806, MFNB 68807, MFNB 68809, MFNB 68811, MFNB 68812, MFNB 68813, MFNB 68814, MFNB 68816, MFNB 68817, MFNB 68818, MFNB 68821, MFNB 68823, MFNB 68825, MFNB 68826, MFNB 68827, MFNB 68828, MFNB 68828, MFNB 68829, MFNB 68831, MFNB 68832, MFNB 68833, MFNB 68834, MFNB 68835, MFNB 68839, MFNB 68843, MFNB 68844, MFNB 68845, MFNB 68847, MFNB 68848, MFNB 68849, MFNB 68850, MFNB 68852, MFNB 68856, MFNB 68859, MFNB 68864, MFNB 68865, MFNB 68866, MFNB 68874, MFNB 68879, MFNB 68885, MFNB 68886, MFNB 68889, MFNB 68892, MFNB 68895, MFNB 68896, MFNB 68904, MFNB 68916, MFNB 68919, MFNB 68920, MFNB 68922, MFNB 68923, MFNB 68928, MFNB 68930, MFNB 68932, MFNB 68933, MFNB 68936, MFNB 68939, MFNB 68951, MFNB 68953, MFNB 68954, MFNB 68957, MFNB 68959, MNHN 1897-1541, MNHN 1900-340, MNHN 1934-942, MNHN 1936-991, MNHN 1939-686, MNHN 1940-1181, MNHN 1944-448, MNHN 1948-510, MNHN 1962-989, MNHN 1966-39, MNHN 1966-44, MNHN 1966-45, MNHN 1966-46, MNHN 1966-47, MNHN 1966-48, MNHN 1966-62, MNHN 1966-214, MNHN 1966-215, MNHN 1967-985, MNHN 1967-986, MNHN 1969-461, MNHN 1969-462, MNHN 1969-463, MNHN 1970-17, MNHN 1972-393, MNHN 1973-124, MNHN 1976-391, MNHN 1994-1296, MNHN 1995-429, MNHN 1995-430, MNHN , MNHN 1995-2674, MNHN 1995-2675, MNHN (1875-286?) 379, MNHN 1859-52, MNHN 2001-304 (Gabon), MRAC 759, MRAC 2900, MRAC 4008, MRAC 8775, MRAC 9532, MRAC 10110, RMNH 241, RMNH 806, RMNH 1867, RMNH 2029, RMNH 2334, RMNH 2340, RMNH 2448, RMNH 2453, RMNH 2497, RMNH 3516, RMNH 16391, RMNH 34559, RMNH 34560, RMNH 34561, RMNH 34562, RMNH 34563, RMNH 34564, RMNH 34565, RMNH 34566, RMNH 34567, ZFMK 3140, ZFMK 3182, ZFMK 3226, ZFMK 3658, ZFMK 3664, ZFMK 5811, ZFMK

5812, ZFMK 5813, ZFMK 5814, ZFMK 5815, ZFMK 5816, ZFMK 31139, ZFMK 64467, ZFMK 64468, ZFMK 69924, ZFMK 76408.

-Genre *Viverricula*

.Viverricula indica

BMNH 15.3.1.51 (Maha Oya, Sri Lanka), BMNH 16.7.29.50 (Hasimara, Inde), BMNH 1899.3.14.3, BMNH 1938.8.2.2, BMNH 1938.9.7.18, BMNH 1938.9.7.25, BMNH 1981.935, BMNH 23.9.1.15 (Kangra, Inde), BMNH 33.1.6.17, BMNH 33.1.6.38, BMNH 35.1.8.302, BMNH 4.1.19.1, BMNH 40.382, BMNH 43.1.12.126, BMNH 43.1.12.127, BMNH 43.1.12.26, BMNH 48.203, BMNH 48.205, BMNH 54.1078, BMNH 54.27, BMNH 54.28, BMNH 54.29, BMNH 54.30, BMNH 55.1606, BMNH 61.1268, BMNH 64.1105, BMNH 64.1106, BMNH 70.2.10.65, BMNH 71.780, BMNH 71.781, BMNH 74a (Java, Indonésie), BMNH 74g (Canton ?, Chine), BMNH 79.11.21.277 (Pinang, Malaysia), BMNH 81.1.6.2, BMNH 85.8.1.27 (Sambhar, Inde), BMNH 93.12.5.2, BMNH 94.11.22.1, BMNH 97.3.16.1, BMNH 99.3.14.2, IRSNB 798, IRSNB 962, MFNB 1091, MFNB 1175, MFNB 2751, MFNB 3781, MFNB 5335, MFNB 7623, MFNB 13565, MFNB 34020, MFNB 37995, MFNB 37996, MFNB 39875 (Teraso, Taïwan), MFNB 40120, MFNB 40987, MFNB 40989, MFNB 40990, MFNB 40991, MFNB 40992, MFNB 42204, MFNB 42205, MFNB 42596, MFNB 42598, MFNB 42599, MFNB 43139, MFNB 43140, MFNB 43141, MFNB 43227, MFNB 43447, MFNB 43448, MFNB 43450, MFNB 43583, MFNB 43584, MFNB 43585, MFNB 43586, MFNB 44573, MFNB 45062, MFNB 67909 (Chine), MFNB 68728, MFNB 68740, MFNB 68742, MFNB 68743, MFNB 68745, MFNB 68747, MFNB 68748, MFNB 68749, MFNB 68750, MFNB 68751, MFNB 68752, MFNB 68754, MFNB 68755, MFNB 68756, MFNB 68757, MFNB 68758, MFNB 68759, MFNB 68760, MFNB 68761, MFNB 68763, MFNB 68764, MFNB 68766, MFNB 68767, MFNB 68768, MFNB 68770, MFNB 68771, MFNB 68772, MFNB 68773, MFNB 68774, MFNB 92260, MFNB 92261, MFNB 92262, MNHN 397, MNHN 399, MNHN 400, MNHN 1861-429, MNHN 1866-817, MNHN 1874-487, MNHN 1874-488, MNHN 1882-2942, MNHN 1857-1292, MNHN 1882-1595, MNHN 1882-1596, MNHN 1882-1597, MNHN 1882-1598, MNHN 1882-1599, MNHN 1882-1601, MNHN 1882-1602, MNHN 1882-1603, MNHN 1882-1607, MNHN 1884-1434, MNHN 1885-453, MNHN 1896-2, MNHN 1898-1595, MNHN 1899-56, MNHN 1912-712, MNHN 1912-713, MNHN 1912-714, MNHN 1913-718, MNHN 1929-397, MNHN 1929-398, MNHN 1929-399, MNHN 1932-3543, MNHN 1932-3544, MNHN 1932-3546, MNHN 1932-3547, MNHN 1932-3548, MNHN 1932-3549, MNHN 1932-3551, MNHN 1932-3552, MNHN 1961-268, MNHN 1971-102, MNHN 1976-335, MNHN 1982-845, MNHN 1982-846, MNHN 2001-337 (Inde), RMNH 2043, RMNH 2875, RMNH 2877, RMNH 2879, RMNH 2880, RMNH 2881, RMNH 3509, RMNH 4732, RMNH 5043, RMNH 5044, RMNH 5111, RMNH 5230, RMNH 5231, RMNH 5232, RMNH 14652, RMNH 14653, RMNH 14654, RMNH 14655, RMNH 15681, RMNH 15682, RMNH 15683, RMNH 19838, RMNH 19839, RMNH 20316, RMNH 20851, RMNH 20852, RMNH 20853, RMNH 20854, RMNH 20910, RMNH 21017, RMNH 33918, RMNH 33918, RMNH 33919, RMNH 33919, RMNH 33920, RMNH 33920, RMNH 33925, RMNH 33925, RMNH 33932, RMNH 33932, RMNH 33935, RMNH 33935, RMNH 33939, RMNH 33939, RMNH 33940, RMNH 33940, RMNH 33941, RMNH 33942, RMNH 33942, RMNH 33944, RMNH 33944, RMNH 33945, RMNH 33945, RMNH 33947 (Sendang, Indonésie), RMNH 33951, RMNH 33952, RMNH 33953, RMNH 33954, RMNH 33955 (Djembrana, Indonésie), RMNH 33956 (Keling, Indonésie), RMNH 33957, RMNH 33959, RMNH 33959, RMNH 33968, RMNH 33971 (Atjeh, Indonésie), RMNH 33975, RMNH 33975, RMNH 33977 (Keling, Indonésie), RMNH 33984, RMNH 33984, RMNH 33996, RMNH 34772, RMNH 34773, RMNH 34774, RMNH 34775, RMNH 34776, RMNH 34777, RMNH 34778, RMNH 34779, RMNH 34780, RMNH 34781, RMNH 34782, RMNH 34783, RMNH 34784, RMNH 34785, RMNH 34786, RMNH 34787, RMNH 34788, RMNH 34789, RMNH 34790, RMNH 34791, RMNH 34792, RMNH 34793, RMNH 34794, RMNH 34795, RMNH 34796, RMNH 34797, RMNH 34799, RMNH 34800, RMNH 34801, RMNH 34802, RMNH 34803, RMNH 34804, RMNH 34805, RMNH 34806, RMNH 34807 (Nossi Faly, Madagascar), RMNH 34808, RMNH 34809, RMNH 34810, RMNH 34811, RMNH 34812 (Île des Comores, Mayotte), RMNH 34813, RMNH 34814, RMNH 34815, RMNH 34816 (Île des Comores, Mayotte), RMNH 34817, RMNH 34818, RMNH 34819 (Nossy Faly, Madagascar), RMNH 35101, RMNH 35102, RMNH 37173, RMNH 37176, RMNH N° coll. 960, RMNH none, RMNH none, RMNH none, RMNH reg. N°2067, ZFMK 50174, ZFMK 93387, ZFMK 2000002.

-Genre *Viverra*

.Viverra civettina
BMNH 20.1.17.3, BMNH 84.6.3.11, RMNH 3478.

.Viverra megaspila
BMNH 14.12.8.107, BMNH 1878.1.17.12, BMNH 1878.6.17.11, BMNH 1879.11.21.624, BMNH 1906.11.6.7, BMNH 28.7.1.38, BMNH 32.5.4.33, BMNH 32.5.4.34, BMNH 60.5.4.64, BMNH 79.11.21.624, BMNH 9.10.11.29, MFNB 30405, MFNB 41681.

.Viverra tangalunga
BMNH 1842.2.15.243, BMNH 1860.8.25.11, BMNH 1872.8.20.2, BMNH 1893.6.1.1., BMNH 1922.8.26.7, BMNH 1939.1759, BMNH 40.383, BMNH 49.437 (Batu Puteh, Malaysia), BMNH 51.190, BMNH 54.3.11.5, BMNH 55.741, BMNH 80.839, IRSNB 957B, MFNB 2752, MFNB 5450, MFNB 5504, MFNB 83452, MFNB 83454, MFNB 83455, MFNB 83456, MFNB 83457, MFNB 83459, MFNB 83460, MFNB 83461, MFNB 83462, MFNB 83463, MFNB 83463, MFNB 83464, MFNB 83469, MFNB 83470, MFNB 83471, MFNB 83473, MFNB 83474, MFNB 83475, MNHN 372, MNHN 376, MNHN 377, MNHN 1883-566, MNHN 1884-11, MNHN 1886-678, MNHN 1959-258, MNHN 1970-369, RMNH 2412, RMNH 3350, RMNH 12437, RMNH 12439, RMNH 12439, RMNH 12441, RMNH 20729, RMNH 20730, RMNH 20744, RMNH 33980, RMNH 34821, RMNH 34822, RMNH 34825, RMNH 34826, RMNH 34827, RMNH 34828, RMNH 34829, RMNH 34830, RMNH 34831, RMNH 34832, RMNH 34833, RMNH 34834, RMNH 34835, RMNH 34836, RMNH 34837, RMNH 34838, RMNH 34839, RMNH 34840, RMNH 34841, RMNH 34842, RMNH 34843, RMNH 34844, RMNH 34845, RMNH 34846, RMNH 34847, RMNH 34848, RMNH 34851, RMNH 34852, RMNH 34853, RMNH 34854, RMNH 34855, RMNH 34856, RMNH 34857, ZFMK 3946.

.Viverra zibetha
BMNH 11.6.1.3, BMNH 14.8.22.13, BMNH 15.7.1.9 (Hkamti, Birmanie), BMNH 1843.1.12.23, BMNH 1843.1.12.25 (Népal), BMNH 1903.2.6.24, BMNH 1914.12.8.106 (Thayet, Birmanie), BMNH 26.10.4.53 (Xieng Khouang, Laos), BMNH 32.5.4.11, BMNH 43.123, BMNH 49.346 (Bang Nara, Thaïlande), BMNH 55.1604, BMNH 55.1605, IRSNB 954, IRSNB 959, IRSNB 3597, MFNB 1086, MFNB 2753, MFNB 5449, MFNB 19839, MFNB 28553, MFNB 36594, MFNB 42610, MFNB 43452, MFNB 43453, MFNB 43454, MFNB 43455, MFNB 58466, MFNB 67946 (Hing-an-Fu, Chine), MFNB 83442, MFNB 83444, MFNB 83446, MFNB 83447, MFNB 83448, MFNB 83449, MFNB 83450, MFNB 91053, MNHN 1870-51, MNHN 1870-51, MNHN 1902-688, MNHN 1904-5, MNHN 1929-390 (Dak-To, Vietnam), MNHN 1929-390, MNHN 1929-390, MNHN 1929-390, MNHN 1929-391, MNHN 1929-392, MNHN 1929-393, MNHN 1929-394, MNHN 1929-395, MNHN 1962-156, RMNH 34819, RMNH 34850, RMNH 34860, ZFMK 6885, ZFMK 50725.

-Genre *Prionodon*

.Prionodon linsang
BMNH 0.2.4.2, BMNH 1896.6.29.4, BMNH 34.7.18.101, BMNH 34.7.18.102, BMNH 55.1602, BMNH 61.1273, BMNH 79.11.21.548 (Java, Indonésie), BMNH 83.10.24.1, BMNH 85.8.1.28 (Bankasun, Birmanie), BMNH 86.160 (Malaysia), BMNH 951.23.2, BMNH 99.12.9.17, BMNH 99.12.9.18, MFNB 4113, MFNB 37764, MFNB 48081, MFNB 48089, MFNB 68984, RMNH 9842 (Tandjungpandan, Indonésie), RMNH 14687, RMNH 14688, RMNH 33549, RMNH 33550 (Banka, Indonésie), RMNH 33551, RMNH 34761, RMNH 34762, RMNH 34763, RMNH 34764, RMNH 34765, RMNH 34766, RMNH 34767, RMNH 34768, RMNH 34769, RMNH 34770, RMNH 34820, RMNH reg. N°2067, RMNH reg. N°7077.

.Prionodon pardicolor
BMNH 12.6.30.1, BMNH 1938.7.19.8, BMNH 22.8.2.1, BMNH 25.1.1.33 (Ngai Chio, Vietnam), BMNH 25.1.1.34, BMNH 26.10.4.56, BMNH 27.12.1.86, BMNH 27.12.1.87, BMNH 32.11.1.49, BMNH 33.4.1.226, BMNH 33.4.1.227, BMNH 33.4.1.228, BMNH 33.7.11.2, BMNH 33.7.11.3, BMNH 33.7.11.4, BMNH 33.7.11.5, BMNH 43.1.12.10, BMNH 43.1.12.11, BMNH 43.1.12.11 (Népal), BMNH 48.6.11.9, BMNH 50.531, BMNH 58.6.24.24, BMNH 58.6.24.43, BMNH 76.1359, BMNH 79.11.21.268, BMNH 79.11.21.558, BMNH 8.3.9.3, BMNH 813b, BMNH 91.10.7.16, BMNH 94.9.15.1, MFNB 45381,

MFNB 55374, MFNB 55375, MFNB 91052, MNHN 1860-389, MNHN 1896-2065, MNHN 1929-424, MNHN 1929-425, RMNH 34771 (Népal).

Annexe II. Liste des localités, par taxons, répertoriées pour l'ensemble des Viverrinae. Long- et LattDecimal correspondent respectivement aux longitudes et lattitudes exprimées en degré-décimal. Les noms de localités entre guillemets et parenthèses correspondent à l'orthographe des noms telle que retranscrite à partir de l'étiquette des spécimens. CIVCIV = *Civettictis civetta* ; GENBOU = *Genetta bourloni* ; GENABY = *G. abyssinica* ; GENANG = *G. angolensis* ; GENCRI = *G. cristata* ; GENFEL = *G. felina* ; GENGEN = *G. genetta* ; GENGENETTOIDES = *G. genettoides* ; GENJOH = *G. johnstoni* ; GENMAC = *G. maculata* ; GENPAR = *G. pardina* ; GENSCH = *G. schoutedeni* ; GENSER = *G. servalina* ; GENTHI = *G. thierryi* ; GENTIG = *G. tigrina* ; GENTIGhybrid = hybrides entre *G. tigrina* et *G. maculata* ou *G. felina* ; GENVIC = *G. victoriae* ; GENPIS = *G. piscivora* ; POILEI = *Poiana leightoni* ; POIRIC = *P. richardsonii* ; PRILIN = *Prionodon linsang* ; PRIPAR = *Pr. pardicolor* ; VIVCIV = *Viverra civettina* ; VIVIND = *Viverricula indica* ; VIVMEG = *V. megaspila* ; VIVTAN = *V. tangalunga* ; VIVZIB = *V. zibetha*. LOC. = localités. Les doublons de localité ont été conservés dans le cas des localités types et des individus mélaniques. Par manque de temps, les numéros de catalogue de certains spécimens appartenant aux collections du BMNH et du MRAC n'ont pas pu être récoltés (cf Annexe I).

TAXON	MUSEUM	NUMERO	LOC.1	LOC.2	LOC.3	LOC.4	LongDecimal	LattDecimal
CIVCIV	BMNH			coast near Equimina Bay ("Equiminja")		Angola	-13,183333333	12,783333333
CIVCIV	BMNH		Pungo Anduango ("Pango Andonao")			Angola	-9,700000000	15,583333333
CIVCIV	BMNH		Golungo Alto			Angola	-9,166666667	14,750000000
CIVCIV	IRSNB	956B	Landana	Cabinda		Angola	-5,233333333	12,133333333
CIVCIV	MFNB	68932	Nassi ("Plantage Prince" - "Nasi")			Benin	9,616666667	2,983333333
CIVCIV	MRAC			Ruzizi river		Burundi	-3,000000000	28,916666667
CIVCIV	MFNB	68828	Moloundou			Cameroon	2,050000000	15,233333333
CIVCIV	MRAC		Azem			Cameroon	2,866666667	11,100000000
CIVCIV	MFNB	68821	Ebolowa			Cameroon	2,933333333	11,183333333
CIVCIV	MFNB	19094	Sangmelima			Cameroon	2,933333333	11,966666667
CIVCIV	MFNB	68936	Bipindi			Cameroon	3,100000000	10,500000000
CIVCIV	ZFMK	76408	Lolodorf			Cameroon	3,283333333	10,833333333
CIVCIV	MRAC		Ebogo, 10 km SW Mbalmayo			Cameroon	3,416666667	11,416666667
CIVCIV	MFNB	48099	Song Ndong	Edéa		Cameroon	3,833333333	10,250000000
CIVCIV	BMNH		Bimbia	4 miles E of Limbé (= "Victoria")	W Cameroon	Cameroon	3,950000000	9,233333333
CIVCIV	BMNH		Victoria	Victoria division		Cameroon	4,016666667	9,200000000
CIVCIV	MFNB	68806	Doumé	Lomjé		Cameroon	4,216666667	13,500000000
CIVCIV	MFNB	68811		Doumé district		Cameroon	4,216666667	13,500000000
CIVCIV	MRAC		Yabassi			Cameroon	4,500000000	6,983333333
CIVCIV	MFNB	68823	Barombi			Cameroon	4,566666667	9,333333333
CIVCIV	BMNH		Nika ("Niko")			Cameroon	4,600000000	13,216666667
CIVCIV	MFNB	68813	Bakumba ("Bukamba")		N Cameroon	Cameroon	5,366666667	8,983333333
CIVCIV	BMNH		Maniou ("Manyu Bridge")	Mamfe division		Cameroon	5,433333333	11,150000000
CIVCIV	MNHN	1940-1181	Bambuto	Djtutitsa		Cameroon	5,583333333	10,083333333
CIVCIV	MFNB	68939	Sanga	Ngoko river		Cameroon	5,683333333	14,550000000
CIVCIV	BMNH		Mamfe	Mamfe division		Cameroon	5,766666667	9,300000000
CIVCIV	MFNB	68798	Basho			Cameroon	6,133333333	9,433333333
CIVCIV	BMNH		Atolo	Mamfe division		Cameroon	6,183333333	9,466666667
CIVCIV	MRAC		Mbakaou			Cameroon	6,300000000	12,816666667
CIVCIV	MFNB	68825				Cameroon	6,383333333	11,616666667
CIVCIV	MFNB	68817				Cameroon	6,383333333	11,616666667
CIVCIV	MNHN	1966-62	Boukoko			Central African Republic	3,900000000	17,933333333
CIVCIV	MRAC		Ngoto			Central African	3,983333333	17,316666667

						Republic		
CIVCIV	MNHN	1967-985	La Maboké			Central African Republic	4,000000000	18,000000000
CIVCIV	MNHN	1944-448		near Bangui airport, near Djobé village	Bangui	Central African Republic	4,366666667	18,550000000
CIVCIV	MNHN	1948-510	Ndélé			Central African Republic	8,416666667	20,633333333
CIVCIV	MNHN	1934-942	N'Djamena (= "Fort-Lamy")			Chad	12,166666667	14,983333333
CIVCIV	MNHN	1966-214	Sibiti			Congo	-3,683333333	13,350000000
CIVCIV	ZFMK	64467		Fernando Po Isl.	Bioko Isl.	Equatorial Guinea	3,500000000	8,683333333
CIVCIV	ZFMK	3226	Alabu ("Alaltu")			Eritrea	15,216666667	36,866666667
CIVCIV	ZFMK	3664	Ngare (=Ngare Nanynki, sehr fraglich, der 150-200km NW von Nairobi)			Ethiopia	-0,233333333	37,916666667
CIVCIV	BMNH		Arba Minch	SW Lake Abaya	S Ethiopia	Ethiopia	6,033333333	37,600000000
CIVCIV	BMNH			near NW Lake Abaya	S Ethiopia	Ethiopia	6,700000000	37,766666667
CIVCIV	MNHN	1969-462		border of Lake Awassa, near Bellevue hotel		Ethiopia	7,066666667	38,466666667
CIVCIV	MNHN	1969-461	4 km E Shashemene			Ethiopia	7,200000000	38,633333333
CIVCIV	MNHN	1973-124	10 km from Jimma towards Agaro			Ethiopia	7,733333333	36,750000000
CIVCIV	MNHN	1972-393	35 km from Asella, Maki trail			Ethiopia	7,733333333	39,233333333
CIVCIV	MNHN	1969-463	15 km from Agaro, Jimma road			Ethiopia	7,750000000	36,733333333
CIVCIV	BMNH			Ziway Hayk (= "Lake Zwai")		Ethiopia	8,000000000	38,733333333
CIVCIV	ZFMK	31139	Gololcha			Ethiopia	8,200000000	40,050000000
CIVCIV	MFNB	32444	Addis-Abeba ("S studen West-zone ")			Ethiopia	9,000000000	38,500000000
CIVCIV	MFNB	36750	Addis-Abeba (market)			Ethiopia	9,050000000	38,700000000
CIVCIV	BMNH		6 miles E of Gimbi, main road	Welega		Ethiopia	9,166666667	35,833333333
CIVCIV	MFNB	43646	Dire Dawa			Ethiopia	9,583333333	41,833333333
CIVCIV	MNHN	1859-52 [383]				Gabon	-0,600000000	11,566666667
CIVCIV	MNHN	2001-304 [387]				Gabon	-0,600000000	11,566666667
CIVCIV	BMNH		Mitzic			Gabon	0,800000000	11,500000000
CIVCIV	BMNH					Gambia	13,583333333	-15,366666667
CIVCIV	RMNH	34561		Butre river		Ghana	4,816666667	-1,916666667
CIVCIV	BMNH		Tarkwa		W Ghana	Ghana	5,300000000	-2,000000000
CIVCIV	BMNH		Foso		Cape Coast district	Ghana	5,700000000	-1,283333333
CIVCIV	BMNH		Oda			Ghana	5,916666667	-0,933333333
CIVCIV	BMNH		40 miles S of Kumasi	Ashanti		Ghana	6,150000000	-1,483333333
CIVCIV	RMNH	34566	Dabocrom			Ghana	6,333333333	1,500000000
CIVCIV	BMNH		Bibianaha			Ghana	6,500000000	-2,133333333
CIVCIV	MFNB	68865	Ho			Ghana	6,633333333	0,633333333
CIVCIV	RMNH	34559	Kumasi			Ghana	6,750000000	-1,583333333
CIVCIV	BMNH		Goaso	Ashanti		Ghana	6,816666667	-2,450000000
CIVCIV	MFNB	68818	Kpandu			Ghana	7,000000000	0,416666667
CIVCIV	MFNB	68923	Kete Krachi			Ghana	7,800000000	-0,016666667
CIVCIV	BMNH		Lawra		Northern territories	Ghana	10,666666667	-2,816666667
CIVCIV	MNHN	1994-1296		Mt. Nimba		Guinea	7,633333333	-8,416666667
CIVCIV	MNHN	1936-991		Teliméle road, near Kindia		Guinea	10,366666667	-12,966666667
CIVCIV	MNHN	1900-340		Fouta Djalon		Guinea	11,466666667	-12,350000000
CIVCIV	MNHN		Pata, 30 km of Bolobo			Ivory Coast	4,600000000	-7,383333333
CIVCIV	MNHN	1976-391	Lamto station			Ivory Coast	6,500000000	-5,050000000
CIVCIV	MRAC		Keibly	Taï N.P.		Ivory Coast	6,566666667	-8,000000000
CIVCIV	MFNB	68864	Takaungu	Mombas (Mombasa ?)		Kenya	-3,683333333	39,850000000

CIVCIV	BMNH		Gede		Coastal province	Kenya	-3,333333333	40,000000000
CIVCIV	BMNH		Murang'a (= "Fort Hall")			Kenya	-0,716666667	37,166666667
CIVCIV	BMNH		7 miles E of Murang'a			Kenya	-0,716666667	37,216666667
CIVCIV	MNHN	1939-686	Bolobo	E bank of Cavally river		Liberia	4,616666667	-7,700000000
CIVCIV	ZFMK	5811	Kpeaple	Cess River		Liberia	6,500000000	-8,600000000
CIVCIV	BMNH			50 miles inland of Monrovia		Liberia	6,600000000	-10,350000000
CIVCIV	RMNH	34567		Grand Cape Mount		Liberia	6,683333333	-11,333333333
CIVCIV	RMNH	34562	Bavia	St. Paul's River		Liberia	6,833333333	-11,500000000
CIVCIV	BMNH			Mt. Barclay		Liberia	6,883333333	-10,800000000
CIVCIV	MFNB	44248	Cobolia	Mahfa river ("Mafa"), ca. 60 km from the delta		Liberia	6,950000000	-11,250000000
CIVCIV	MRAC		Mano			Liberia	6,983333333	-11,283333333
CIVCIV	ZFMK	5814	Gaple		NE Liberia	Liberia	7,133333333	-8,450000000
CIVCIV	BMNH			Cholo district	Southern Province	Malawi	-16,100000000	35,166666667
CIVCIV	BMNH		Zomba			Malawi	-15,416666667	35,316666667
CIVCIV	MFNB	41230	Rosso			Mauritanie	16,516666667	-15,800000000
CIVCIV	MNHN	1995-2675	Tiguent			Mauritanie	17,250000000	-16,000000000
CIVCIV	BMNH		Coguno	Lubambwe district		Mozambique	-24,383333333	34,533333333
CIVCIV	BMNH		Tambarara	Gorongaza district		Mozambique	-18,633333333	34,100000000
CIVCIV	RMNH	241	Chinde	Zambezi River		Mozambique	-18,583333333	36,466666667
CIVCIV	BMNH		Niassa ("Njassa")			Mozambique	-14,200000000	37,500000000
CIVCIV	BMNH		Aking	near Oban	S Nigeria	Nigeria	5,283333333	8,550000000
CIVCIV	BMNH		Bethel	Warri Province		Nigeria	5,450000000	6,283333333
CIVCIV	BMNH		Alayi (Abayi?)	Bende division	S Nigeria	Nigeria	5,533333333	7,600000000
CIVCIV	BMNH				Nko Obubra division	Nigeria	6,083333333	8,316666667
CIVCIV	BMNH		Egbudu ("Eghuda")	Ahoada division	S Nigeria	Nigeria	6,116666667	6,350000000
CIVCIV	BMNH		Iseri	near Lagos Lagoon		Nigeria	6,633333333	3,383333333
CIVCIV	BMNH	48.794		Ogoja province		Nigeria	6,666666667	8,800000000
CIVCIV	BMNH			Ogoja province		Nigeria	6,666666667	8,800000000
CIVCIV	BMNH		Dalley	Fouta Djalou		Nigeria	7,116666667	3,900000000
CIVCIV	BMNH			Opu - Ogbogbo	W bank of Orash river	Nigeria	7,133333333	7,233333333
CIVCIV	BMNH		Langa	15 miles N of Lau		Nigeria	9,233333333	10,950000000
CIVCIV	BMNH		15 miles NW of Lau	Wukrum Hills	Petico - Zo area, 15 miles NW	Nigeria	9,300000000	11,200000000
CIVCIV	MRAC			Gakoma - Musha		Rwanda	-2,616666667	29,883333333
CIVCIV	MRAC		Butare ("Astrida")			Rwanda	-2,583333333	29,733333333
CIVCIV	IRSNB	10171	Kibungu			Rwanda	-2,150000000	30,550000000
CIVCIV	MRAC		Remera - colline Mugunga ("Mugongba")			Rwanda	-1,883333333	29,833333333
CIVCIV	IRSNB	16272	Kisiduro	Kagera N.P.		Rwanda	-1,583333333	30,616666667
CIVCIV	IRSNB	8649	Gabiro	Kagera N.P.		Rwanda	-1,550000000	30,416666667
CIVCIV	MRAC		Nyagatare ("Nyakatare")			Rwanda	-1,300000000	30,316666667
CIVCIV	IRSNB	10314		Mutsora region, Kagera N.P.		Rwanda	0,316666667	29,733333333
CIVCIV	MRAC		Gisenyi (= "Kisenyi")			Rwanda ("Zaire")	-1,683333333	29,250000000
CIVCIV	BMNH				Principe Isl.	Sao Tomé é Principe	1,616666667	7,400000000
CIVCIV	MNHN	1995-430	Sidioli	Kedougou		Senegal	12,550000000	12,166666667
CIVCIV	BMNH		Dakar			Senegal	14,633333333	-17,450000000
CIVCIV	MNHN	1995-2674	Bodé	Podor		Senegal	16,450000000	-14,350000000
CIVCIV	MFNB	40434	Podor			Senegal	16,650000000	-14,966666667
CIVCIV	BMNH		Njala			Sierra Leone	7,500000000	-11,000000000

CIVCIV	BMNH		Pendembu	near Makeni		Sierra Leone	8,150000000	-10,700000000
CIVCIV	BMNH		Freetown			Sierra Leone	8,500000000	13,283333333
CIVCIV	MFNB	68959	Quihara	Mabora		Sierra Leone	8,550000000	12,733333333
CIVCIV	BMNH				Tasso Isl.	Sierra Leone	8,583333333	-13,000000000
CIVCIV	BMNH		Rokupr	Scarcies river		Sierra Leone	8,666666667	-12,383333333
CIVCIV	BMNH		Makali	Kunike Barina chiefdom		Sierra Leone	8,983333333	-12,666666667
CIVCIV	BMNH		Musaia		N Sierra Leone	Sierra Leone	9,816666667	-11,650000000
CIVCIV	BMNH		Khor Ghitti	Bahr el Ghazal		Sudan	7,666666667	27,666666667
CIVCIV	BMNH		Wau	Bahr el Ghazal		Sudan	7,666666667	28,066666667
CIVCIV	BMNH			Darfur		Sudan	12,500000000	24,000000000
CIVCIV	BMNH			Lebombo district (= Lebombo Mts.)	NE Transvaal	Swaziland	-26,250000000	32,000000000
CIVCIV	MFNB	19883	Mpitimbi			Tanzania	-10,916666667	35,516666667
CIVCIV	MFNB	19884	Ndirima			Tanzania	-10,566666667	35,450000000
CIVCIV	MFNB	19878	Namabengo			Tanzania	-10,550000000	35,850000000
CIVCIV	MFNB	68852	Mikindani			Tanzania	-10,266666667	40,083333333
CIVCIV	BMNH		Liwale			Tanzania	-9,766666667	37,933333333
CIVCIV	BMNH		Kilwa Kisiwani	Kilwa Kisiwani Isl.	Kilwa district	Tanzania	-9,000000000	39,500000000
CIVCIV	MFNB	68896	Mtimbira			Tanzania	-8,783333333	36,350000000
CIVCIV	MFNB	68799	Kitungulu			Tanzania	-8,483333333	31,283333333
CIVCIV	MFNB	68801	Kasote			Tanzania	-8,416666667	31,250000000
CIVCIV	BMNH		Mzizikunga (= "Mizizikaunga")	Lake Rukwa		Tanzania	-8,366666667	32,866666667
CIVCIV	MFNB	20261	Sanyi	N Mahenge		Tanzania	-8,266666667	36,683333333
CIVCIV	MFNB	68847	Itanga ("Itenga")			Tanzania	-8,133333333	35,900000000
CIVCIV	MFNB	68850	Utete	Rufiji river		Tanzania	-7,983333333	38,783333333
CIVCIV	MFNB	68848	Iringa			Tanzania	-7,816666667	35,650000000
CIVCIV	MFNB	68839		Lake Rukwa ("Rukwa steppe")		Tanzania	-7,800000000	31,750000000
CIVCIV	MFNB	60959	Luganga	Iringa		Tanzania	-7,516666667	35,533333333
CIVCIV	MFNB	60979	Migole ("Migoli")	Frigu		Tanzania	-7,116666667	35,833333333
CIVCIV	BMNH		Kilosa			Tanzania	-6,816666667	37,000000000
CIVCIV	BMNH		Mpwapwa			Tanzania	-6,383333333	36,633333333
CIVCIV	BMNH		10 miles from Zanzibar City, Makunduchi Road		Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,216666667	39,316666667
CIVCIV	BMNH		Kibele	Tunguu, 10 miles ESE of Zanzibar City	Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,200000000	39,333333333
CIVCIV	MFNB	5329			Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,133333333	39,316666667
CIVCIV	MNHN	(1875-286?) 379			Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,133333333	39,316666667
CIVCIV	MFNB	68802	Kilimatinde			Tanzania	-5,866666667	34,916666667
CIVCIV	MFNB	68930	Pangani			Tanzania	-5,433333333	38,833333333
CIVCIV	MFNB	68886	Kisengi ("Kissenji")			Tanzania	-5,366666667	33,583333333
CIVCIV	MFNB	68892	Kisengi ("Kissenji")			Tanzania	-5,366666667	33,583333333
CIVCIV	MFNB	68889	Korogwe			Tanzania	-5,166666667	38,500000000
CIVCIV	MFNB	68835	Amani			Tanzania	-5,150000000	38,600000000
CIVCIV	MFNB	68879	Tabora			Tanzania	-5,033333333	32,800000000
CIVCIV	MNHN	1897-1541	Kunga ("Canga")	Mts. Usambara		Tanzania	-5,016666667	38,266666667
CIVCIV	MFNB	68951	Kondoa	Bubu river		Tanzania	-4,900000000	35,766666667
CIVCIV	MFNB	68953	Kondoa	Irangi		Tanzania	-4,900000000	35,766666667
CIVCIV	MFNB	60779	Magali ("Migali")	Iringa		Tanzania	-4,833333333	38,250000000
CIVCIV	MFNB	68807		Mts Usambara ("Usumbura")		Tanzania	-4,716666667	38,383333333
CIVCIV	MFNB	19880	Mgende ("Mgendera")			Tanzania	-4,616666667	31,200000000
CIVCIV	MFNB	29470	Balangidda			Tanzania	-4,383333333	35,383333333
CIVCIV	MFNB	45279		Arusha - Moshi		Tanzania	-3,350000000	37,050000000

CIVCIV	MFNB	68933	Moshi ("Moschi")			Tanzania	-3,333333333	37,333333333
CIVCIV	BMNH		Lyamungu	S foothills of Mt. Kilimandjaro	Moshi district	Tanzania	-3,250000000	37,233333333
CIVCIV	ZFMK	3658	Gomberi	Moshi, Kilimandjaro		Tanzania	-3,233333333	37,350000000
CIVCIV	BMNH			Kilimandjaro, SE side		Tanzania	-3,183333333	37,533333333
CIVCIV	MFNB	68809	Ikoma			Tanzania	-2,066666667	34,616666667
CIVCIV	MFNB	68874		Ukerewe island ("Ukerewe neuwied")		Tanzania	-2,033333333	33,000000000
CIVCIV	MFNB	68866	Misahohe			Togo	6,983333333	0,666666667
CIVCIV	MFNB	68796	Yege (= "Bismarckburg")			Togo	8,183333333	40,000000000
CIVCIV	MFNB	68922	Dapaong		N Togo	Togo	10,966666667	0,116666667
CIVCIV	BMNH		Kabale station		SW Uganda	Uganda	-1,250000000	29,966666667
CIVCIV	BMNH		Munobo	near Fort Portal		Uganda	0,666666667	30,266666667
CIVCIV	BMNH		Fort Portal	Toro		Uganda	0,666666667	30,283333333
CIVCIV	BMNH	8.12.22.1	Mbale ("Mubali")	Mt. Elgon		Uganda	1,083333333	34,166666667
CIVCIV	BMNH		Masindi	Bunyoro district		Uganda	1,683333333	31,750000000
CIVCIV	BMNH			Budongo forest	Buny(g)oro	Uganda	1,766666667	31,550000000
CIVCIV	MRAC		Kakielo	Luombwa (river?)		Zaire	-12,350000000	29,616666667
CIVCIV	MRAC			Baya road ("M'Baya"), S Elisabethv ille		Zaire	-11,783333333	27,500000000
CIVCIV	MRAC			Kipushi road		Zaire	-11,766666667	27,250000000
CIVCIV	MRAC		Luashi			Zaire	-10,950000000	23,566666667
CIVCIV	MRAC		Dilolo - Luashi			Zaire	-10,750000000	22,966666667
CIVCIV	MNHN	1962-989	Kolwezi	N Katanga		Zaire	-10,750000000	25,416666667
CIVCIV	MRAC		Kakanda	via Mutaka		Zaire	-10,700000000	26,400000000
CIVCIV	MRAC		Dilolo			Zaire	-10,666666667	22,350000000
CIVCIV	MRAC			Kakanda region		Zaire	-10,666666667	26,600000000
CIVCIV	MRAC		Lukafu			Zaire	-10,466666667	27,533333333
CIVCIV	MRAC		Kasaji	Katanga		Zaire	-10,366666667	23,483333333
CIVCIV	MRAC		Katanga - Katentania			Zaire	-10,316666667	25,916666667
CIVCIV	MRAC		Kansenia			Zaire	-10,300000000	26,066666667
CIVCIV	MRAC		Ngombe	Kasai		Zaire	-10,000000000	22,750000000
CIVCIV	MRAC		Kapiri			Zaire	-9,700000000	27,216666667
CIVCIV	IRSNB	11847	Kanonga, right tributary of Fungwe river	Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,266666667	26,133333333
CIVCIV	IRSNB	11848		Kaziba river, left tributary of Senze river, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,116666667	26,850000000
CIVCIV	IRSNB	11849	Kabwe, right bank of Muye	right tributary of Lufira river, Upemba N.P.	Lualaba river	Zaire	-8,783333333	26,866666667
CIVCIV	IRSNB	11866		Mubale, left tributary of Munte river, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-8,733333333	26,933333333
CIVCIV	IRSNB	11851	Mabwe, east bank of Lake Upemba	Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-8,650000000	26,516666667
CIVCIV	MRAC		Guillaume, falls ("chutes fr Jos - ch Guillaume")			Zaire	-7,700000000	17,333333333
CIVCIV	MRAC		Kulindji ("Kalundji")	Kahemba territory		Zaire	-7,683333333	18,566666667
CIVCIV	MRAC		Kajiji ("Kazizi")	Kahemba territory		Zaire	-7,650000000	18,550000000
CIVCIV	MRAC		Kuboko-Kamina ("Kuboko")	upstream Ankoro	Tanganyika	Zaire	-7,366666667	26,950000000
CIVCIV	MRAC		Kambasondi	Kahemba territory		Zaire	-7,333333333	19,000000000
CIVCIV	MRAC			Kahemba territory		Zaire	-7,300000000	18,966666667
CIVCIV	MRAC		Panzi	Kasongo territory, Lunda		Zaire	-7,283333333	18,016666667
CIVCIV	MRAC			Lusansa river		Zaire	-6,716666667	26,566666667
CIVCIV	MRAC		Lubondai Tshimbulu			Zaire	-6,500000000	22,650000000
CIVCIV	MRAC		Kabinda			Zaire	-6,166666667	24,483333333
CIVCIV	MRAC		Kabinda			Zaire	-6,166666667	24,483333333
CIVCIV	MRAC			Kabinda region		Zaire	-6,133333333	24,500000000
CIVCIV	MRAC		Bonzo			Zaire	-6,050000000	22,316666667

CIVCIV	MRAC		Kabalo			Zaire	-6,033333333	26,916666667
CIVCIV	IRSNB	9185	Banana			Zaire	-6,016666667	12,400000000
CIVCIV	MRAC		Moanda			Zaire	-5,916666667	12,400000000
CIVCIV	MRAC		Makala			Zaire	-5,916666667	29,083333333
CIVCIV	BMNH		Kananga (= "Luluabourg")	St-Jos (Jos?)		Zaire	-5,883333333	22,433333333
CIVCIV	IRSNB	9184	Boma			Zaire	-5,850000000	13,050000000
CIVCIV	MRAC		Matadi (monolithe)			Zaire	-5,833333333	13,533333333
CIVCIV	IRSNB	13251	Matadi			Zaire	-5,816666667	13,466666667
CIVCIV	MRAC		Mukishi			Zaire	-5,650000000	21,050000000
CIVCIV	MRAC		Lukula			Zaire	-5,350000000	13,033333333
CIVCIV	MRAC		Macaco	Luebo		Zaire	-5,350000000	21,416666667
CIVCIV	MFNB	68919	Loango (Chinchoxo)			Zaire	-5,150000000	13,016666667
CIVCIV	MRAC			Mt. Kabobo		Zaire	-5,066666667	29,100000000
CIVCIV	MRAC			Mayombe region		Zaire	-4,983333333	12,900000000
CIVCIV	MRAC		Lusambo			Zaire	-4,983333333	23,433333333
CIVCIV	BMNH		Inkongo			Zaire	-4,916666667	23,250000000
CIVCIV	MRAC		Leverville			Zaire	-4,833333333	18,716666667
CIVCIV	MRAC		Kinda			Zaire	-4,800000000	21,833333333
CIVCIV	MRAC		Kisengi ("Kissenjies")			Zaire	-4,750000000	15,033333333
CIVCIV	MRAC		Kisantu			Zaire	-4,633333333	15,083333333
CIVCIV	MRAC		Kasongo	Baza		Zaire	-4,516666667	26,583333333
CIVCIV	IRSNB	8846	Kinshasa (= "Leopoldville")			Zaire	-4,300000000	15,300000000
CIVCIV	MRAC			Fizi region		Zaire	-4,300000000	28,933333333
CIVCIV	MRAC		Kimangunu			Zaire	-4,100000000	16,600000000
CIVCIV	MRAC		Baraka			Zaire	-4,083333333	29,083333333
CIVCIV	MRAC		Butulu (Bululu? Botulu? Bukulu?)			Zaire	-3,983333333	16,433333333
CIVCIV	MRAC		Maoda ("Mauda")	upper Uele		Zaire	-3,983333333	27,683333333
CIVCIV	MRAC		Boku			Zaire	-3,916666667	16,916666667
CIVCIV	MRAC		Bagata			Zaire	-3,783333333	17,950000000
CIVCIV	MRAC		Beno	Lakes region	N Tanganyika	Zaire	-3,700000000	17,766666667
CIVCIV	MRAC		Tua			Zaire	-3,683333333	16,300000000
CIVCIV	MRAC		Komi	Lodja territory		Zaire	-3,566666667	23,266666667
CIVCIV	MRAC		Lodja			Zaire	-3,500000000	23,550000000
CIVCIV	MRAC		Oshwe			Zaire	-3,400000000	19,533333333
CIVCIV	MRAC		Dumu			Zaire	-3,350000000	16,733333333
CIVCIV	MRAC		Kitutu	S Kamituga		Zaire	-3,283333333	28,083333333
CIVCIV	MRAC		Kamituga			Zaire	-3,016666667	28,166666667
CIVCIV	MRAC		Kamituga			Zaire	-3,016666667	28,166666667
CIVCIV	MRAC		Bompensole ("Bompesole")			Zaire	-2,883333333	16,916666667
CIVCIV	MRAC		15 km from Elila, Elila - Kailo road			Zaire	-2,666666667	26,000000000
CIVCIV	MRAC		Lomela			Zaire	-2,316666667	23,250000000
CIVCIV	ZFMK	69924	Kakungu	Kivu		Zaire	-2,216666667	25,183333333
CIVCIV	MRAC		Umangi			Zaire	-2,166666667	21,150000000
CIVCIV	MRAC		Kunungu			Zaire	-2,100000000	16,433333333
CIVCIV	MRAC		Kunungu			Zaire	-2,100000000	16,433333333
CIVCIV	MRAC		Bokalakala	near Bolobo		Zaire	-2,083333333	16,400000000
CIVCIV	MRAC			Lake Kivu region		Zaire	-2,000000000	28,883333333
CIVCIV	RMNH	16391	Irangi			Zaire	-1,900000000	28,450000000
CIVCIV	MRAC		Bobandana	Kivu region		Zaire	-1,683333333	29,000000000
CIVCIV	MRAC		Kibati			Zaire	-1,583333333	29,250000000
CIVCIV	BMNH		Walikale ("Walikali")			Zaire	-1,416666667	28,050000000

CIVCIV	BMNH	28.1.30.21		between Walikale and Oso river		Zaire	-1,416666667	28,050000000
CIVCIV	MRAC		Rugari			Zaire	-1,400000000	29,366666667
CIVCIV	MFNB	68957	Burungu ("Burungi")			Zaire	-1,333333333	29,033333333
CIVCIV	IRSNB	8650	Rumangabo	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,333333333	29,350000000
CIVCIV	IRSNB	3942	Rutshuru	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
CIVCIV	MRAC			Kantundwe river, Virunga N.P. ("Albert N.P.")		Zaire	-1,166666667	29,483333333
CIVCIV	MRAC		Ikela	Musohopla		Zaire	-1,100000000	23,100000000
CIVCIV	MRAC		Bokungu			Zaire	-0,733333333	22,466666667
CIVCIV	MRAC		Lutunguru			Zaire	-0,466666667	28,816666667
CIVCIV	MRAC			Lutunguru - Mohanga road		Zaire	-0,433333333	28,866666667
CIVCIV	MRAC		Flandria			Zaire	-0,383333333	19,083333333
CIVCIV	MRAC		Boende			Zaire	-0,250000000	20,850000000
CIVCIV	MRAC		Angumu			Zaire	-0,166666667	27,700000000
CIVCIV	MRAC			Lubero territory		Zaire	-0,150000000	29,216666667
CIVCIV	IRSNB	10312	Ishango	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-0,133333333	29,600000000
CIVCIV	MRAC			Ruindi plain, S Lake Edouard		Zaire	-0,083333333	29,033333333
CIVCIV	MRAC		Yokamba	10 km S equator		Zaire	-0,066666667	22,283333333
CIVCIV	MRAC		Yokamba			Zaire	0,016666667	22,283333333
CIVCIV	MRAC		Mbandaka	Coquilhatville region		Zaire	0,050000000	18,466666667
CIVCIV	MRAC		Mohangi			Zaire	0,050000000	29,083333333
CIVCIV	MRAC		Kasindi	Beni region		Zaire	0,050000000	29,716666667
CIVCIV	MRAC		Vuhovi	Semliki foothills, Butembo region		Zaire	0,150000000	29,400000000
CIVCIV	MRAC		Lima			Zaire	0,200000000	29,300000000
CIVCIV	MRAC			Beni - Butembo road		Zaire	0,300000000	29,350000000
CIVCIV	IRSNB	21437	Mutsora Station , Secteur N	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	N Kivu	Zaire	0,316666667	29,750000000
CIVCIV	MRAC		Sia Kasesa	Musanzi river	Kahemba territory	Zaire	0,316666667	29,750000000
CIVCIV	MRAC		Nzenga	near Mutwanga		Zaire	0,333333333	29,716666667
CIVCIV	IRSNB	10310	Kyandolire	Kasa(i)nga(i)le(i), Virunga (= "Albert") N.P.	Ruwenzori foothills, Kivu	Zaire	0,333333333	29,833333333
CIVCIV	MRAC		Manguredjipa			Zaire	0,350000000	28,733333333
CIVCIV	IRSNB	21440	Kalunella, Secteur N	Butahu river, Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	N Kivu	Zaire	0,350000000	29,783333333
CIVCIV	IRSNB	10311		Molidi river, right tributary of Byangolo river, Haute Djelube sector	Virunga N.P. ("Albert N.P."), Kivu	Zaire	0,433333333	29,766666667
CIVCIV	MRAC		km 42, Kisangani			Zaire	0,466666667	25,550000000
CIVCIV	BMNH		Beni (= "Beni Cartoushi")			Zaire	0,483333333	29,483333333
CIVCIV	IRSNB	9117	Stanleyville			Zaire	0,500000000	25,200000000
CIVCIV	MRAC		Stanleyville			Zaire	0,500000000	25,200000000
CIVCIV	MRAC			near Stanleyville		Zaire	0,566666667	25,250000000
CIVCIV	MRAC		Alima			Zaire	0,583333333	29,300000000
CIVCIV	IRSNB	10309	Kikura, Secteur Kikwa	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,583333333	29,916666667
CIVCIV	IRSNB	10313	Watalinga sector	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,666666667	29,666666667
CIVCIV	IRSNB	6993	Yangambi	Stanleyville		Zaire	0,766666667	24,450000000
CIVCIV	MRAC		Teturi			Zaire	1,050000000	29,150000000
CIVCIV	MRAC		Mawambi			Zaire	1,066666667	28,583333333
CIVCIV	BMNH	30.11.11.192	Bwana-sura	E Ituri forest		Zaire	1,083333333	29,583333333
CIVCIV	MRAC		Elisabetha	Aruwimi river		Zaire	1,150000000	23,650000000
CIVCIV	MRAC	2900	Bafwaitu	Avakubi		Zaire	1,183333333	25,966666667
CIVCIV	BMNH		Avakubi	Ituri Forest	Ruwenzori	Zaire	1,333333333	27,566666667
CIVCIV	MRAC		Avakubi	Ituri Forest	Ruwenzori	Zaire	1,333333333	27,566666667
CIVCIV	MRAC		Station domestique des Okapis	Epulu		Zaire	1,383333333	28,500000000
CIVCIV	MRAC		Banalia	Ituri		Zaire	1,550000000	25,383333333
CIVCIV	BMNH	30.11.11.193	Marabu	W of Beni		Zaire	1,566666667	30,433333333

CIVCIV	MRAC		Blukwa			Zaire	1,750000000	30,633333333
CIVCIV	MRAC	8775	Panga	Aruwimi river		Zaire	1,866666667	26,383333333
CIVCIV	MRAC		Panga			Zaire	1,866666667	26,383333333
CIVCIV	MRAC	759		Ituri, E zone		Zaire	1,866666667	30,033333333
CIVCIV	MRAC		Mongbwalu			Zaire	1,933333333	30,050000000
CIVCIV	MRAC			Djugu region		Zaire	1,933333333	30,483333333
CIVCIV	IRSNB	14665	Fataki	Djugu territory	Ituri	Zaire	2,000000000	30,583333333
CIVCIV	MRAC		Wamba	Ebiani river region		Zaire	2,133333333	28,000000000
CIVCIV	MRAC		Nioka			Zaire	2,150000000	30,650000000
CIVCIV	MRAC		Gabu - Nioka			Zaire	2,166666667	30,633333333
CIVCIV	MRAC			Ishwa plain		Zaire	2,200000000	31,166666667
CIVCIV	IRSNB	13024	Madjalanga	Ubangi		Zaire	2,216666667	21,650000000
CIVCIV	MRAC		Mahagi	Lake Ituri		Zaire	2,266666667	30,983333333
CIVCIV	MRAC		Niapu			Zaire	2,416666667	26,516666667
CIVCIV	MRAC		Medjé			Zaire	2,416666667	27,300000000
CIVCIV	MRAC		Mayumbe			Zaire	2,500000000	27,616666667
CIVCIV	MRAC		Ibembo			Zaire	2,600000000	23,666666667
CIVCIV	MRAC	10110	Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
CIVCIV	MRAC		Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
CIVCIV	MRAC		Koteli	lower Uele		Zaire	2,850000000	24,566666667
CIVCIV	MRAC		Akenge			Zaire	2,900000000	26,816666667
CIVCIV	MFNB	68895	Kasai	Sankuru river		Zaire	2,966666667	24,150000000
CIVCIV	MRAC		Kasai			Zaire	2,966666667	24,150000000
CIVCIV	IRSNB	6967	Zobia	Uele		Zaire	2,983333333	25,933333333
CIVCIV	MRAC		Aligo	Ituri		Zaire	3,100000000	27,433333333
CIVCIV	BMNH		Poko	Uele river		Zaire	3,133333333	26,966666667
CIVCIV	MRAC	4008	Poko			Zaire	3,133333333	26,966666667
CIVCIV	BMNH		Loama	Uele river		Zaire	3,350000000	24,700000000
CIVCIV	MRAC		Dungu	Uele		Zaire	3,666666667	28,533333333
CIVCIV	MRAC		Gangala-na-Bodio			Zaire	3,683333333	29,133333333
CIVCIV	IRSNB	21325	Nagero	Garamba N.P.	Uele	Zaire	3,750000000	29,500000000
CIVCIV	MRAC		Nzia, 12 km S Bili on Bondo road	Gufuru		Zaire	4,116666667	25,066666667
CIVCIV	MRAC		Molegbe (St. Antoine)			Zaire	4,200000000	20,883333333
CIVCIV	IRSNB	21308		Nagbarama river, tributary of Aka river, Garamba N.P.	Uele	Zaire	4,283333333	29,533333333
CIVCIV	IRSNB	21305	Bagbele	Garamba N.P.	Uele	Zaire	4,333333333	29,250000000
CIVCIV	MRAC		Bosodoula			Zaire	4,533333333	20,266666667
CIVCIV	MRAC		Moso ("Mosso")			Zaire ("Burundi")	-4,933333333	18,433333333
CIVCIV	BMNH			Chirinda forest		Zambia	-20,450000000	32,666666667
CIVCIV	BMNH			near Ngoma	Kafue NP	Zambia	-15,933333333	25,950000000
CIVCIV	BMNH		Banga	left bank of Kafue river	Namwala district	Zambia	-15,666666667	26,500000000
CIVCIV	BMNH		Mashie	Namwala district		Zambia	-15,550000000	26,483333333
CIVCIV	BMNH		Shamayanda	left bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-15,116666667	25,250000000
CIVCIV	BMNH		Mumbwa			Zambia	-15,000000000	27,016666667
CIVCIV	BMNH			near Kalumbwe ("Kalumbe"), left bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-14,766666667	22,416666667
CIVCIV	BMNH		Kabwe (= "Broken Hill")			Zambia	-14,483333333	28,416666667
CIVCIV	BMNH		Kalichelo	Chipata (= "Fort Jameson") district		Zambia	-14,350000000	31,683333333
CIVCIV	BMNH		Kazhila	Kasempa		Zambia	-14,266666667	23,316666667
CIVCIV	BMNH		10 miles N of Chibembe Pontoon (Chibombe?)	near Jaconis village, E bank of Luangwa valley		Zambia	-13,866666667	32,033333333

CIVCIV	BMNH			near Kabompo Boma		Zambia	-13,583333333	24,216666667
CIVCIV	BMNH			near Serenge (+ "L. Moir")		Zambia	-13,216666667	30,233333333
CIVCIV	BMNH		Ndola			Zambia	-13,000000000	28,650000000
CIVCIV	BMNH		1/2 miles S of Chibembe Pontoon (Chibombe?)	E bank of Luangwa river	Lundazi district	Zambia	-12,766666667	32,083333333
CIVCIV	BMNH		Chiperembe	Mpika district		Zambia	-12,700000000	32,883333333
CIVCIV	BMNH		Makumbo	Mpika district	Lulimala river	Zambia	-11,833333333	31,466666667
CIVCIV	BMNH		Mwenga ("Mwengwa")	Kafue river	Kafue district	Zambia	-10,850000000	31,450000000
CIVCIV	BMNH		Chinsali			Zambia	-10,550000000	32,083333333
CIVCIV	BMNH		Chiwanda	right bank of Luangwa river	Serenje district	Zambia	-10,116666667	32,666666667
CIVCIV	BMNH			Lake Mweru		Zambia	-9,000000000	28,716666667
GENBOU	ZFMK	9510		Ziama Forest	SE Guinea	Guinea	4,233333333	-7,783333333
GENBOU	MNHN	2001-1156		Mt. Nimba		Guinea	7,633333333	-8,416666667
GENBOU	MNHN	1959-937	Sérédou			Guinea	8,383333333	-9,650000000
GENBOU	MNHN	1961-416	Sérédou, Poste 4	Cercle de Macenta		Guinea	8,383333333	-9,650000000
GENBOU	MRAC	39496		near Danane cuvee ("Banané")		Ivory Coast	7,350000000	-8,166666667
GENBOU	MNHN	2001-522	Man (market)			Ivory Coast	7,400000000	-7,550000000
GENBOU	MRAC	80028M0025		Sinoe County		Liberia	5,283333333	-9,016666667
GENBOU	MRAC	35709		Putuo Mts. ("Putto"), Grand Gedeh County		Liberia	5,766666667	-8,150000000
GENBOU	MFNB	44182	Monrovia			Liberia	6,333333333	-10,766666667
GENBOU	RMNH	34633	Bendo	Buluma, Fisherman Lake		Liberia	6,750000000	-11,233333333
GENBOU	MRAC	75030M0026	Bopolu ("Bopula")	Lofa County		Liberia	7,050000000	-10,533333333
GENBOU	IRSNB	16427	New Camb			Liberia	7,483333333	-8,566666667
GENBOU	BMNH	46.863	Tekea ("Teko")	near Makeni		Sierra Leone	9,050000000	-11,783333333
GENABY	MNHN	1954-323			"Somalie Française"	Djibouti	11,666666667	42,333333333
GENABY	MFNB	36748	Addis Abeba			Ethiopia	9,050000000	38,700000000
GENABY	BMNH	69.10.24.10		Gondar		Ethiopia	12,683333333	37,800000000
GENABY	BMNH	34.9.14.20	Bulhar			Somalia	10,400000000	44,433333333
GENABY	MFNB	1097	Sannar			Sudan	13,533333333	33,600000000
GENANG	MFNB	34487	Guma	Benguela		Angola	-12,583333333	13,400000000
GENANG	MFNB	34482	Chinguar	Benguela		Angola	-12,550000000	16,333333333
GENANG	MFNB	34486	Luimbale	Benguela (Lembele ?)		Angola	-12,233333333	15,300000000
GENANG	MFNB	19660	Quirimba ("Guerimba")			Angola	-11,216666667	14,816666667
GENANG	MFNB	40348	Capolo - Amboiva	Bailundu, Benguela		Angola	-11,000000000	14,083333333
GENANG	BMNH	35.9.1.200		Barsh(e)land area		Botswana	-19,833333333	23,000000000
GENANG	BMNH	35.9.1.203		Barsh(e)land area		Botswana	-19,833333333	23,000000000
GENANG	BMNH	35.9.1.183		Ngamiland	Barsheland area	Botswana	-19,833333333	23,000000000
GENANG	BMNH	35.9.1.201		Ngamiland	Barsheland area	Botswana	-19,833333333	23,000000000
GENANG	MRAC	3632	Campi Ziwani	foot of Mt. Elgon		Kenya	1,083333333	34,783333333
GENANG	BMNH	92.2.6.4		Shire Highlands	Nyasaland	Malawi	-15,583333333	35,166666667
GENANG	BMNH	1.4.27.1	Zomba			Malawi	-15,416666667	35,316666667
GENANG	BMNH	14.271	Hamiwawa	Nyasa	Nyasaland	Malawi	-13,500000000	34,000000000
GENANG	MFNB	19647	Sonjo			Mozambique	-12,316666667	34,733333333
GENANG	MFNB	19659 / 1106	Mossimboa			Mozambique	-11,416666667	40,583333333
GENANG	BMNH	35.9.1.204	Diwai	W Caprivi		Namibia	-17,916666667	22,683333333
GENANG	MFNB	19862	Msamara			Tanzania	-11,333333333	36,300000000
GENANG	BMNH	65.2544	Nambunju	Tunduru	S Tanganyika	Tanzania	-11,083333333	36,050000000
GENANG	BMNH	65.2542	Nimurule	Masasi	S Tanganyika	Tanzania	-10,733333333	38,800000000
GENANG	MFNB	19860	Nambarapi			Tanzania	-10,716666667	35,533333333
GENANG	MFNB	19628	Songea			Tanzania	-10,700000000	35,633333333
GENANG	BMNH	65.2545	Mambanya	Tunduru	S Tanganyika	Tanzania	-10,300000000	40,200000000

GENANG	MFNB	19188	Mikindani			Tanzania	-10,266666667	40,083333333
GENANG	BMNH	65.2549	Liwale			Tanzania	-9,766666667	37,933333333
GENANG	BMNH	63.1869	Tendaguru	near Lindi		Tanzania	-9,666666667	39,333333333
GENANG	MFNB	12225	Kiswere			Tanzania	-9,433333333	39,550000000
GENANG	BMNH	51.342	Mlembwe (Miembwe ?)	Liwale district		Tanzania	-9,166666667	37,816666667
GENANG	BMNH	51.343	Mlembwe (Miembwe ?)	Liwale district		Tanzania	-9,166666667	37,816666667
GENANG	MFNB	19411/19410	Kitungulu			Tanzania	-8,483333333	31,283333333
GENANG	MFNB	6719		Dar-es-Salaam - Tabora		Tanzania	-6,300000000	36,100000000
GENANG	MFNB	19409	Tura ("Turu")	Lake Suiggida		Tanzania	-5,516666667	33,833333333
GENANG	MFNB	19388	Tabora			Tanzania	-5,033333333	32,800000000
GENANG	MFNB	19313	Kondoa			Tanzania	-4,900000000	35,766666667
GENANG	MRAC	6313a	Elisabethville			Zaire	-11,683333333	27,483333333
GENANG	MRAC	26565	Mwera (= "Elisabethville")			Zaire	-11,683333333	27,483333333
GENANG	MRAC	14358	Kafubu			Zaire	-11,683333333	27,500000000
GENANG	MRAC	34367	Kasapa	Lubumbashi region		Zaire	-11,500000000	27,400000000
GENANG	MRAC	27409		Mwera river ("La Mwera")		Zaire	-11,316666667	27,300000000
GENANG	MNHN	1962-990	Kolwezi	N Katanga		Zaire	-10,750000000	25,416666667
GENANG	MRAC	13089		near Dilolo railway station		Zaire	-10,700000000	22,350000000
GENANG	MRAC	22053	Kakanda	via Mutaka		Zaire	-10,700000000	26,400000000
GENANG	MRAC	22335	Kakanda	via Mutaka		Zaire	-10,700000000	26,400000000
GENANG	MRAC	11510	Dilolo			Zaire	-10,666666667	22,350000000
GENANG	IRSNB	6409	Kanzenze		Lualaba	Zaire	-10,516666667	25,200000000
GENANG	IRSNB	6411	Kanzenze		Lualaba	Zaire	-10,516666667	25,200000000
GENANG	IRSNB	13336	Mpala	Kanzenze	Lualaba	Zaire	-10,466666667	25,200000000
GENANG	MRAC	11071	Lukafu			Zaire	-10,466666667	27,533333333
GENANG	MRAC	23070	Kasaji	Malonga, Upper Katanga		Zaire	-10,366666667	23,483333333
GENANG	MRAC	20836	Kasaji	Malonga, Upper Katanga		Zaire	-10,366666667	23,483333333
GENANG	MRAC	19245	Katentania			Zaire	-10,316666667	25,400000000
GENANG	MRAC	10914	Kansenia			Zaire	-10,300000000	26,066666667
GENANG	MRAC	1767		Kapiri Plateau	Katanga	Zaire	-10,283333333	26,200000000
GENANG	MRAC	4984	Kundelungu			Zaire	-10,083333333	27,316666667
GENANG	MRAC	4985	Kundelungu			Zaire	-10,083333333	27,316666667
GENANG	MRAC	4990	Kundelungu			Zaire	-10,083333333	27,316666667
GENANG	IRSNB	11715	Kalule N	Kiamalwa, via Kasimba, Upemba N.P.	Lualaba river	Zaire	-9,750000000	26,000000000
GENANG	IRSNB	11702		Kanonga river, left tributary of Fungwe river (Kasimba), Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,250000000	26,133333333
GENANG	IRSNB	11723	Kiamokoto	Lukima, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,166666667	27,066666667
GENANG	IRSNB	11707	Kilwezi	Lufira right tributary, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,100000000	26,700000000
GENANG	IRSNB	11726	Kilwezi	right tributary of Lufira river, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,100000000	26,700000000
GENANG	IRSNB	11746		Kateke river, Muovwe and Lufira tributaries , Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,066666667	26,716666667
GENANG	MRAC	14387	Lukonzolwa			Zaire	-8,750000000	28,666666667
GENANG	IRSNB	11732	Mabwe	east bank of Lac Upemba, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-8,650000000	26,516666667
GENANG	MRAC	4884	Pweto			Zaire	-8,466666667	28,866666667
GENANG	MRAC	21776	Mpanda	Kakanda region		Zaire	-7,950000000	32,416666667
GENANG	MRAC	22970		Luembe river, Mwera tributary, Kakanda region		Zaire	-6,866666667	24,333333333
GENANG	IRSNB	13343	Gandayika (Kandajika)	Kabinda		Zaire	-6,750000000	23,950000000
GENANG	IRSNB	13344	Kabanga	Kabinda		Zaire	-6,666666667	24,500000000
GENANG	IRSNB	6410	Lualaba	Upemba N.P.		Zaire	-5,933333333	25,533333333
GENANG	MRAC	11830	Mukishi	Katentania		Zaire	-5,650000000	21,050000000

GENANG	MRAC	8263	Bobandana	Kivu		Zaire	-1,683333333	29,000000000
GENANG	MRAC	746	Mawambi			Zaire	1,066666667	28,583333333
GENANG	BMNH	35.9.1.192	Sichili (ruin ?)	Sesheke district		Zambia	-16,733333333	24,950000000
GENANG	BMNH	68.254		Cordon road, Kafue N.P.		Zambia	-16,116666667	25,866666667
GENANG	BMNH	35.9.1.195		Namwala district		Zambia	-15,733333333	26,416666667
GENANG	BMNH	32.9.1.85	Mulenda	Bwantu, right bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-15,166666667	24,700000000
GENANG	MFNB	19876	Silwale			Zambia	-15,133333333	23,466666667
GENANG	BMNH	32.9.1.94	Shamakanda	2 miles, left bank of Kafue river	Kafue - Mumbwa districts	Zambia	-15,116666667	25,250000000
GENANG	BMNH	32.9.1.118	Shamakanda	2 miles, left bank of Kafue river	Kafue - Mumbwa districts	Zambia	-15,116666667	25,250000000
GENANG	BMNH	32.9.1.119	Mumbwa			Zambia	-15,000000000	27,016666667
GENANG	BMNH	32.9.1.121	Mumbwa			Zambia	-15,000000000	27,016666667
GENANG	BMNH	39.9.1.117	Mumbwa			Zambia	-15,000000000	27,016666667
GENANG	BMNH	32.9.1.93		near Kalumbe, left bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-14,983333333	27,066666667
GENANG	BMNH	61.992	Kabompo	Boma		Zambia	-13,600000000	24,166666667
GENANG	BMNH	1937.1.4.46	Balovale	N Zambezi		Zambia	-13,550000000	23,116666667
GENANG	BMNH	1937.1.4.49	Balovale	N Zambezi		Zambia	-13,550000000	23,116666667
GENANG	MFNB	19863	Nyoka			Zambia	-13,350000000	26,600000000
GENANG	BMNH	21.7.18.10	Ndola			Zambia	-13,000000000	28,650000000
GENANG	BMNH	49.35	Ngweshe	Kasempa		Zambia	-12,633333333	25,750000000
GENANG	BMNH	32.9.1.89	Kapeshi ("Kapeshi")	left bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-12,433333333	26,633333333
GENANG	BMNH	10.6.20.9	Lake Bangweulu			Zambia	-11,450000000	29,783333333
GENANG	BMNH	10.6.20.10		Lake Bangweulu		Zambia	-11,433333333	29,550000000
GENANG	BMNH	32.9.1.87		Kabulwe - Bulwe, right bank of Kafue river		Zambia	-10,183333333	31,766666667
GENANG	BMNH	94.3.8.4		Lake Mweru		Zambia	-9,000000000	28,716666667
GENCRI	BMNH	3.2.4.9	Efulen ("Epuleu(n)")			Cameroon	2,766666667	10,700000000
GENCRI	MRAC	77032M0080		Dja region		Cameroon	3,816666667	12,700000000
GENCRI	ZFMK	61397	Malende, Lager II, NE Site	Mt. Cameroon		Cameroon	4,333333333	9,433333333
GENCRI	BMNH	39.110	Touki	Bertoua district		Cameroon	4,516666667	13,950000000
GENCRI	BMNH	50.942	Massaka	Kumba division		Cameroon	4,816666667	9,266666667
GENCRI	BMNH	57.325		Dikume - Balue, Kumba division		Cameroon	4,916666667	9,250000000
GENCRI	BMNH	50.948	Ituka	Rumpi Hills	Kumba division	Cameroon	5,033333333	8,933333333
GENCRI	BMNH	48.800	Bakebe	Mamfe division		Cameroon	5,583333333	9,550000000
GENCRI	BMNH	48.798	Mamfe	Mamfe division		Cameroon	5,766666667	9,300000000
GENCRI	BMNH	48.803	Olulu	Assumbo		Cameroun	6,216666667	9,600000000
GENCRI	BMNH	88.235	Etoumbi			Congo	0,016666667	14,816666667
GENCRI	BMNH	8.6.14.7	Neumbedouma	Ogooué river		Gabon	-0,933333333	10,016666667
GENCRI	BMNH	58.342	Mitzic			Gabon	0,800000000	11,500000000
GENCRI	MRAC	95038M0002		Taylor Creek, between Nun and Orashi rivers	Rivers State	Nigeria	4,333333333	6,433333333
GENCRI	MRAC	95053M0003	Okokokiri ("Okolobiri")			Nigeria	4,583333333	6,316666667
GENCRI	BMNH	1996.320	Okoroba	11 km NNE of Nembe		Nigeria	4,633333333	6,433333333
GENCRI	MRAC	98049M0021		Azuzuama ("Azama") - Apoi		Nigeria	4,700000000	5,900000000
GENCRI	MRAC	98049M0007	Gbaran ("Gbanraun") - Apoi			Nigeria	4,733333333	5,866666667
GENCRI	MRAC	95053M0002	Awigbene ("Aseingbene")			Nigeria	4,850000000	6,016666667
GENCRI	MRAC	98049M0020	Elebele	Elebele - Emayal		Nigeria	4,866666667	6,350000000
GENCRI	BMNH	1994.197		Opu - Ogbolo, W bank of Orashi river, near (?) Ekpeya	Rivers State	Nigeria	4,900000000	6,566666667
GENCRI	BMNH	1994.182	Fangbe	near Yenagoa	Rivers State	Nigeria	4,916666667	6,250000000
GENCRI	BMNH	1994.196	Swali	between Yenagoa and Tombia, downstream from Bomoundi, W bank of Nun river	Rivers State	Nigeria	4,966666667	6,283333333
GENCRI	BMNH	1996.317		E of Igovia, S side of Orashi river, 6 km E of		Nigeria	4,966666667	6,466666667

				Okarki				
GENCRI	BMNH	1994.183		Tombia - Ekpetiama, E bank of Nun river, between Yenegoa and Taylor Creek	Rivers State	Nigeria	5,000000000	6,250000000
GENCRI	BMNH	1992.358		near Ekongahaku	Cross River State	Nigeria	5,066666667	8,650000000
GENCRI	BMNH	1992.356	Agoi Ibomi village, c. 3 km E	Akanpka L.G.A.	Cross River State	Nigeria	5,116666667	8,183333333
GENCRI	BMNH	1992.353		near Akankpa village	Cross River State	Nigeria	5,116666667	8,183333333
GENCRI	BMNH	10.6.1.12	Oban ("Olan")		S Nigeria	Nigeria	5,316666667	8,566666667
GENCRI	BMNH	1992.354		near Mbeban village, N Oban	Cross River State	Nigeria	5,350000000	8,600000000
GENCRI	BMNH	1992.359		near Abung village	Cross River State, near Cameroon border	Nigeria	5,366666667	8,800000000
GENCRI	BMNH	1992.355		near Neghe village, N Oban	Cross River State	Nigeria	5,400000000	8,600000000
GENCRI	MRAC	97086M0004	Ezike			Nigeria	5,733333333	7,200000000
GENCRI	BMNH	48.802	Okoiyong	Mamfe division		Nigeria	5,750000000	8,416666667
GENCRI	BMNH	1992.352		near Mkpot village ("Mkpoti")	Cross River State	Nigeria	5,816666667	8,683333333
GENCRI	BMNH	1992.357		near Efferaya village, 1 km L.G.A.	Cross River State	Nigeria	5,883333333	8,700000000
GENCRI	BMNH	48.804	Bashauo			Nigeria	6,133333333	8,416666667
GENCRI	ZFMK	95113	Boje	SW Obudu		Nigeria	6,250000000	8,916666667
GENCRI	BMNH	39.687		Oni - Epe district	S Nigeria	Nigeria	6,583333333	4,116666667
GENCRI	MRAC	98049M0019	Elele			Nigeria	6,950000000	6,883333333
GENCRI	BMNH	50.315		Okosu Forest Reserve	N Benin province	Nigeria	7,133333333	5,083333333
GENFEL	BMNH	1938.7.8.5	Bambi			Angola	-14,033333333	15,516666667
GENFEL	MFNB	19694	Windhoek			Namibia	-22,566666667	17,100000000
GENFEL	MFNB	19730		Umgebi river - Windhoek		Namibia	-22,550000000	17,083333333
GENFEL	ZFMK	74221	Wilhelmstal			Namibia	-21,900000000	16,316666667
GENFEL	MFNB	44147	Kalkfeld ("Kaokofeld")	Bei Kamanjab		Namibia	-20,883333333	16,183333333
GENFEL	MFNB	33946		Lake Guinas, near Grootfontein		Namibia	-19,233333333	17,333333333
GENFEL	BMNH	35.9.1.207	Numkaub	Grootfontein	N Rhodesia	Namibia	-18,600000000	19,683333333
GENFEL	BMNH	35.9.1.205	Ssannukannu	Grootfontein division		Namibia	-18,100000000	20,383333333
GENFEL	IRSNB	965		Cape of Good Hope		South Africa	-34,233333333	18,416666667
GENFEL	MFNB	32096	Port Elizabeth			South Africa	-33,983333333	25,600000000
GENFEL	IRSNB	18700	Stellenbosch			South Africa	-33,916666667	18,866666667
GENFEL	RMNH	34570		Cape		South Africa	-33,833333333	18,750000000
GENFEL	BMNH	35.9.1.209	King William's Town			South Africa	-32,883333333	27,383333333
GENFEL	RMNH	34572	Kaffraria			South Africa	-31,883333333	28,383333333
GENFEL	MFNB	19696			Pondoland	South Africa	-31,016666667	29,950000000
GENFEL	BMNH	3.1.4.18	Deelfontein			South Africa	-31,000000000	23,800000000
GENFEL	BMNH	4.2.3.25	Klipfontein		Namaqualand	South Africa	-29,216666667	17,650000000
GENFEL	BMNH	23.5.9.183	Augrabies Falls	Upington		South Africa	-28,600000000	20,333333333
GENFEL	BMNH	23.5.9.40	Louisvale	Upington	south bank of Orange river	South Africa	-28,566666667	21,200000000
GENFEL	MFNB	47066	Modderfontein		Transvaal	South Africa	-26,100000000	28,166666667
GENFEL	RMNH	1325		Pretoria District		South Africa	-25,750000000	28,183333333
GENFEL	BMNH	1937.1.4.47	Balovale	N Zambezi	"N Rhodesia"	Zambia	-13,550000000	23,116666667
GENGEN	MRAC	2084			Tsavo river	"BEA"	-2,983333333	38,466666667
GENGEN	BMNH			Alger - Laghouat		Algeria	34,983333333	3,033333333
GENGEN	BMNH		El Kantara			Algeria	35,216666667	5,666666667
GENGEN	MFNB	17431	Constantine			Algeria	36,366666667	6,666666667
GENGEN	MNHN	1860-674 [429]	Alger			Algeria	36,833333333	3,000000000
GENGEN	BMNH		Skikda ("Philippeville")			Algeria	36,883333333	6,900000000
GENGEN	RMNH	34576	Cahama	Catiamo, Kakulovar R., Cunene R.		Angola	-16,283333333	14,316666667
GENGEN	BMNH			Equimina Bay		Angola	-13,183333333	12,783333333

GENGEN	MFNB	19691	Benguela			Angola	-12,566666667	13,400000000
GENGEN	MFNB	19637	Loanda			Angola	-11,033333333	14,900000000
GENGEN	MNHN	1907-587			"Dahomey"	Benin	9,200000000	2,233333333
GENGEN	MFNB	19675		Kov(u)a - Sekoma	Kalahari	Botswana	-24,400000000	23,883333333
GENGEN	BMNH			Ngamiland	Barsheland area	Botswana	-19,833333333	23,000000000
GENGEN	BMNH		Tsotsoroga Pan		Kalahari	Botswana	-18,733333333	24,350000000
GENGEN	BMNH		N'Djamena (=" Fort Lamy")	lower Shari river	Lake Chad	Chad	12,166666667	14,983333333
GENGEN	MFNB	26016		Massaoua - Kassala		Eritrea	15,283333333	38,316666667
GENGEN	MFNB	18930		SW Massaoua	Ak'ordat ("Agordat")	Eritrea	15,333333333	38,783333333
GENGEN	MFNB	40487	Ali-Beret	Keren	Bogosland	Eritrea	15,766666667	38,450000000
GENGEN	MFNB	18933	Keren ("Chesien or Kixen")			Eritrea	15,766666667	38,450000000
GENGEN	MNHN	1973-145	14 km from Yabelo ("Iavello"), Arba Minch' road			Ethiopia	4,883333333	38,083333333
GENGEN	BMNH		20 miles W of Yabelo ("Yavello")		S Ethiopia	Ethiopia	4,883333333	38,083333333
GENGEN	BMNH		95 km E of Negele	Sidamo province		Ethiopia	5,266666667	40,333333333
GENGEN	MNHN	1969-468		N Merab - Lake Abaya ("Abaya")	banks of Lake Abaya (= "Lake Margherita")	Ethiopia	6,283333333	37,783333333
GENGEN	MNHN	1969-464		W bank of Lake Abaya (= "Lake Margherita")		Ethiopia	6,283333333	37,783333333
GENGEN	BMNH			Arussi country		Ethiopia	7,000000000	41,000000000
GENGEN	MNHN	1972-394	32 km Asella, Maki road			Ethiopia	7,666666667	39,183333333
GENGEN	BMNH		Biyo ("Bijo")	upper Harar		Ethiopia	8,950000000	42,166666667
GENGEN	BMNH		60 km E of Harar	Jijiga road		Ethiopia	9,233333333	42,533333333
GENGEN	BMNH			Bisidimo river, near Harar		Ethiopia	9,250000000	42,200000000
GENGEN	MFNB	18917 / 18916	Harar			Ethiopia	9,300000000	42,166666667
GENGEN	MFNB	41406	20 km SW of Diré Daoua			Ethiopia	9,466666667	41,750000000
GENGEN	MFNB	44820	Dire Dawa			Ethiopia	9,583333333	41,833333333
GENGEN	MNHN	1961-991		Basses-Pyrénées		France	43,083333333	0,700000000
GENGEN	BMNH		Biarritz			France	43,483333333	-1,550000000
GENGEN	MNHN	1984-625	Marciac		Gers	France	43,516666667	0,166666667
GENGEN	MFNB	1094		near Montpellier		France	43,616666667	3,866666667
GENGEN	MNHN	417			Gers	France	43,733333333	0,900000000
GENGEN	MFNB	18862		Labaru forest, 7 km from Nîmes		France	43,883333333	4,433333333
GENGEN	MNHN	1896-2463			Landes	France	44,016666667	-0,633333333
GENGEN	MNHN	1992-2000			Ardèche	France	44,716666667	4,166666667
GENGEN	BMNH	19.7.7.3480	Cadaujac		Gironde	France	44,750000000	-0,533333333
GENGEN	BMNH		Bosset (?; Bausert)			France	44,950000000	0,350000000
GENGEN	MNHN	1902-495			Poitou-Charentes	France	46,233333333	-0,983333333
GENGEN	MFNB	18867	Aiffres	Deux-Sèvres		France	46,283333333	-0,416666667
GENGEN	MFNB	18896	Champdeniers	Deux-Sèvres		France	46,483333333	-0,400000000
GENGEN	MNHN	1875-1175			Vendée	France	46,583333333	-1,100000000
GENGEN	MFNB	18864	Poitiers			France	46,583333333	0,333333333
GENGEN	MNHN	1932-3162		near Ciron	Indre	France	46,633333333	1,250000000
GENGEN	MFNB	18894	Moncoutant ("Mont Contant")	Deux-Sèvres		France	46,733333333	-0,583333333
GENGEN	BMNH		Sainte-Cécile			France	46,750000000	-1,116666667
GENGEN	MNHN	1970-295	La Forêt-sur-Sèvre	Deux-Sèvres		France	46,766666667	-0,650000000
GENGEN	ZFMK	811173	Bressuire	Deux-Sèvres		France	46,833333333	-0,483333333
GENGEN	MFNB	18855	Airvault	Deux-Sèvres		France	46,833333333	-0,133333333
GENGEN	MNHN	1932-3163		near La Guerche	Cher	France	46,883333333	0,733333333
GENGEN	MFNB	18853	Izernay		Maine-et-Loire	France	47,016666667	-0,700000000
GENGEN	MNHN	1965-405		Bois de Boulogne		France	48,866666667	2,250000000
GENGEN	ZFMK	50710	Bergheim (= Erft)			Germany	50,950000000	10,633333333

GENGEN	BMNH		Zuorugu			Ghana	9,350000000	-0,883333333
GENGEN	BMNH	64.8.17.17		Mt. Carmel		Israel	32,733333333	35,050000000
GENGEN	ZFMK	97490	Abidjan (bushmeat market)			Ivory Coast	5,316666667	-4,016666667
GENGEN	BMNH		10 miles S of Maktau village		SE Kenya	Kenya	-3,550000000	38,166666667
GENGEN	MFNB	19061		Taita Hills ("Ndi Taita")		Kenya	-3,416666667	38,300000000
GENGEN	RMNH	22946		near Voi, E Tsavo NP		Kenya	-3,400000000	38,566666667
GENGEN	RMNH	31271	Kyamunyu	Kalama	Machakos	Kenya	-1,650000000	37,300000000
GENGEN	BMNH		Olorgesailie		S Rift Valley	Kenya	-1,633333333	36,450000000
GENGEN	BMNH		Machakos	Ukamba		Kenya	-1,516666667	37,266666667
GENGEN	MFNB	5331	Kitui	Ukamba		Kenya	-1,366666667	38,016666667
GENGEN	MFNB	19346	Ndjiri ("Ndjini - Sümpfe")			Kenya	-0,900000000	34,150000000
GENGEN	MFNB	55378	Meru			Kenya	0,033333333	37,633333333
GENGEN	MRAC	4041			Kerio river	Kenya	0,666666667	35,583333333
GENGEN	BMNH		Kangatet	S Turkana		Kenya	1,966666667	36,100000000
GENGEN	BMNH		Lodwar	Turkwell river	Lake Rudolf	Kenya	3,116666667	35,600000000
GENGEN	MFNB	12461	Tripoli (Zoological Garden)			Lybia	32,850000000	13,150000000
GENGEN	MNHN	2000-347	Emnal'here			Mali	14,466666667	-4,083333333
GENGEN	MNHN	2000-834		Adrar region		Mauritania	19,816666667	-12,950000000
GENGEN	BMNH		Essaouira			Morocco	31,516666667	-9,766666667
GENGEN	BMNH		Tigoudalli	Essaouira		Morocco	31,516666667	-9,766666667
GENGEN	MFNB	18870	Marrakech			Morocco	31,633333333	-8,000000000
GENGEN	BMNH		Safi		Atlantic coast	Morocco	32,316666667	-9,233333333
GENGEN	BMNH		Fès			Morocco	34,050000000	-5,000000000
GENGEN	BMNH		Sandfontein			Namibia	-28,700000000	18,550000000
GENGEN	MFNB	55567	Kub ("Kudis")	Maltahohe		Namibia	-24,216666667	17,483333333
GENGEN	BMNH	25.1.2.48	Rooibank	20 miles up the Kursit river, near Walvis bay		Namibia	-23,166666667	14,633333333
GENGEN	MFNB	19693	Windhoek			Namibia	-22,566666667	17,100000000
GENGEN	MFNB	19671		Umgebi river - Windhoek		Namibia	-22,550000000	17,083333333
GENGEN	BMNH		Gobabis			Namibia	-22,466666667	18,966666667
GENGEN	ZFMK	55521	Kaukurus	near Gobabis		Namibia	-22,450000000	18,966666667
GENGEN	BMNH		Karibib			Namibia	-21,966666667	15,866666667
GENGEN	ZFMK	811218	Omaruru			Namibia	-21,416666667	15,933333333
GENGEN	ZFMK	34145	Otjosongombe	Waterberg		Namibia	-20,516666667	17,300000000
GENGEN	MFNB	19665	Goreis	Otavi		Namibia	-19,633333333	17,333333333
GENGEN	MFNB	19664	Otavi			Namibia	-19,633333333	17,333333333
GENGEN	MFNB	33932		Lake Guinas, near Grootfontein		Namibia	-19,233333333	17,333333333
GENGEN	BMNH		Tsumeb ("Tsumet")			Namibia	-19,233333333	17,716666667
GENGEN	BMNH		Karakuwisa	Grootfontein district		Namibia	-18,950000000	19,716666667
GENGEN	BMNH		Otjitundua	Kao(d)koweld		Namibia	-18,633333333	14,150000000
GENGEN	BMNH		Kaoko-Otavi	Kalkfeld		Namibia	-18,300000000	13,666666667
GENGEN	BMNH		Otjiwau	10 miles N of Kaoko Otavi		Namibia	-18,183333333	13,566666667
GENGEN	BMNH		Okorosave	Kadkoweld		Namibia	-18,183333333	13,833333333
GENGEN	MFNB	19668	Okondoto (Okotjoto)			Namibia	-18,083333333	15,100000000
GENGEN	MNHN	1943-148	Maradi			Niger	13,483333333	7,083333333
GENGEN	MNHN	1943-148				Niger	15,650000000	9,050000000
GENGEN	BMNH		Aoudéras	Aïr		Niger	17,633333333	8,333333333
GENGEN	BMNH		Wukrum Hills	Petico - Zo area, 15 miles NW, and 15 miles NE of Lau		Nigeria	9,616666667	11,233333333
GENGEN	BMNH			Zaria district		Nigeria	11,083333333	7,716666667
GENGEN	BMNH		Kabuiri ("Kabwir")		N Nigeria	Nigeria	11,566666667	13,533333333
GENGEN	BMNH		Kano (= Farniso)			Nigeria	12,000000000	8,500000000

GENGEN	RMNH	34577	Sintra (= "Cintra")			Portugal	38,800000000	-9,383333333
GENGEN	RMNH	34579		Ribatejo Province		Portugal	39,183333333	-8,333333333
GENGEN	BMNH	2.11.22.3	Azraki ravina		S Arabia	Saoudi Arabia	13,616666667	45,083333333
GENGEN	BMNH			Azraki Ravina	S Arabia	Saoudi Arabia	13,616666667	45,083333333
GENGEN	MNHN	2001-341 [439]				Senegal	13,966666667	-14,283333333
GENGEN	MNHN	1977-698	Ndiaganiao			Senegal	14,550000000	-16,733333333
GENGEN	BMNH		Thiès			Senegal	14,800000000	-16,933333333
GENGEN	BMNH		Bakel			Senegal	14,900000000	-12,450000000
GENGEN	MNHN	1977-675	Saboya	near Touré		Senegal	15,016666667	-16,300000000
GENGEN	MNHN	1995-418	Yonoféré			Senegal	15,266666667	-14,450000000
GENGEN	MNHN	1995-3138	Pété - Ferlo			Senegal	16,116666667	-13,950000000
GENGEN	MNHN	1960-3902	Richard-Toll station			Senegal	16,416666667	-15,700000000
GENGEN	MFNB	41228	Dagana			Senegal	16,500000000	-15,500000000
GENGEN	MFNB	40435	Saida	via Dagana		Senegal	16,500000000	-15,500000000
GENGEN	MFNB	68980			"Somaliland"	Somalia	3,766666667	45,350000000
GENGEN	BMNH			upper Sheikh		Somalia	9,933333333	45,216666667
GENGEN	BMNH		Wagar			Somalia	9,950000000	45,400000000
GENGEN	MFNB	18910	Berbera	Ka(oe)ssala		Somalia	10,466666667	45,033333333
GENGEN	MFNB	19674	Kang ("Kong")		Kalahari	South Africa	-26,083333333	23,583333333
GENGEN	MFNB	41981	Hamannskraal		Transvaal	South Africa	-25,400000000	28,266666667
GENGEN	MFNB	41982		Klaserie ("river")	Transvaal	South Africa	-23,983333333	31,033333333
GENGEN	BMNH		Klein Letaba			South Africa	-23,133333333	30,450000000
GENGEN	BMNH	5.12.9.17	Klein Letaba		Transvaal	South Africa	-23,133333333	30,450000000
GENGEN	BMNH		Senés	Sevilla province		Spain	37,200000000	-2,350000000
GENGEN	BMNH		Huelva			Spain	37,250000000	-6,950000000
GENGEN	BMNH			NW Sevilla	foot hills of the Sierra Nevada	Spain	37,533333333	-6,083333333
GENGEN	BMNH		Villamanrique			Spain	38,550000000	-3,000000000
GENGEN	MFNB	42652	San Antonio Abad ("San Antonix")	Ibiza island	Baleares	Spain	38,983333333	1,300000000
GENGEN	MFNB	42713		Ibiza island	Baleares	Spain	38,983333333	1,400000000
GENGEN	MFNB	42672	San Joan de Labritja ("San Juan")	Ibiza island	Baleares	Spain	39,083333333	1,516666667
GENGEN	ZFMK	811170		Cabrera	Baleares	Spain	39,133333333	2,933333333
GENGEN	MFNB	40834	Felanitx	Mallorca	Baleares	Spain	39,466666667	3,133333333
GENGEN	ZFMK	811167	San Lorenzo de Descardazar ("San Lorenzo")	Majorca	Baleares	Spain	39,600000000	3,350000000
GENGEN	BMNH		Inca	Majorca	Baleares	Spain	39,716666667	2,900000000
GENGEN	BMNH	1.6.1.3	Inca		Baleares	Spain	39,716666667	2,900000000
GENGEN	BMNH		Mancor de la Vall ("Mancor")	Majorca	Baleares	Spain	39,750000000	2,866666667
GENGEN	ZFMK	811220		Alcudia bay, Majorca	Baleares	Spain	39,750000000	3,166666667
GENGEN	ZFMK	811171	Lluc ("Luchmayor")	Majorca	Baleares	Spain	39,816666667	2,866666667
GENGEN	MFNB	44059	Oropesa	Castellon		Spain	40,083333333	0,133333333
GENGEN	MNHN	418 (1868-7?)				Spain	40,166666667	-3,383333333
GENGEN	ZFMK	3440a	Lagunilla	Bejar	Salamanca	Spain	40,316666667	-5,966666667
GENGEN	ZFMK	3124	Mosqueruela	Teruel		Spain	40,366666667	-0,450000000
GENGEN	MFNB	15932	Madrid			Spain	40,416666667	-3,716666667
GENGEN	ZFMK	5571	Linares de Riofrio			Spain	40,583333333	-5,916666667
GENGEN	BMNH		El Ferrol		NW Spain	Spain	43,483333333	-8,233333333
GENGEN	BMNH	5.5.8.2.	Khartoum			Sudan	-15,600000000	32,800000000
GENGEN	BMNH	87.12.1.12	Lado			Sudan	5,166666667	31,533333333
GENGEN	MFNB	18924	Harrar			Sudan	11,400000000	26,666666667
GENGEN	BMNH		Kerma ("Kirma")			Sudan	11,583333333	34,500000000

GENGEN	MFNB	18904		Blue Nile, near Sennar		Sudan	13,500000000	33,616666667
GENGEN	BMNH		Sannar			Sudan	13,533333333	33,600000000
GENGEN	RMNH	34574	Sennaar			Sudan	13,583333333	33,666666667
GENGEN	MFNB	18902	Kassala			Sudan	15,416666667	36,416666667
GENGEN	BMNH		Shandi			Sudan	16,683333333	33,433333333
GENGEN	BMNH		Erkowit	Sawakin		Sudan	18,750000000	34,250000000
GENGEN	BMNH		Sawakin			Sudan	19,100000000	37,333333333
GENGEN	BMNH	1846.6.2.27	Dongola			Sudan	19,216666667	30,450000000
GENGEN	MFNB	1103	Dongola			Sudan	19,216666667	30,450000000
GENGEN	BMNH		Port Sudan		Red Sea	Sudan	19,633333333	37,116666667
GENGEN	RMNH	34575			Nubie	Sudan	20,283333333	33,633333333
GENGEN	BMNH		Mtawa	Liwale		Tanzania	-10,766666667	38,233333333
GENGEN	MFNB	18629	Songea			Tanzania	-10,700000000	35,633333333
GENGEN	MFNB	19561	Irangi			Tanzania	-8,800000000	35,650000000
GENGEN	MFNB	19564 / 19563	Irangi			Tanzania	-8,800000000	35,650000000
GENGEN	MFNB	60967	Luganga	Iringa		Tanzania	-7,516666667	35,533333333
GENGEN	MFNB	19610	Mdagalla ("Muagalla")			Tanzania	-7,333333333	34,016666667
GENGEN	MFNB	19240		Kondoa - Irangi		Tanzania	-6,733333333	36,000000000
GENGEN	MNHN	1962-2065			"Zanzibar"	Tanzania	-6,316666667	38,816666667
GENGEN	MFNB	6716		Dar-es-Salaam - Tabora		Tanzania	-6,300000000	36,100000000
GENGEN	MFNB	19407	Tura ("Turu")	Lake Suiggida		Tanzania	-5,516666667	33,833333333
GENGEN	BMNH		Sanzawa	in Sandawe, Kondoa		Tanzania	-5,400000000	35,300000000
GENGEN	MFNB	19635	Kwa Mtoro	Ussaudani		Tanzania	-5,233333333	35,433333333
GENGEN	MFNB	19383	Tabora			Tanzania	-5,033333333	32,800000000
GENGEN	MFNB	19257	Kondoa			Tanzania	-4,900000000	35,766666667
GENGEN	BMNH		Mdjengos	near Singida		Tanzania	-4,666666667	34,750000000
GENGEN	BMNH			Wembere river ("Wembele")		Tanzania	-4,166666667	34,216666667
GENGEN	MFNB	18395		Wembere steppe		Tanzania	-4,166666667	34,233333333
GENGEN	MFNB	19358	Mkalama	Wembere river		Tanzania	-4,166666667	34,666666667
GENGEN	MFNB	19560	Tisso	N Uyogo		Tanzania	-3,950000000	32,266666667
GENGEN	MRAC	2176	Campi ya Simba			Tanzania	-3,600000000	37,700000000
GENGEN	BMNH		Mto wa Mbu			Tanzania	-3,333333333	35,850000000
GENGEN	MFNB	19425	Mwanza ("Muansa")	Usindja		Tanzania	-2,516666667	32,883333333
GENGEN	MFNB	18893	Gabès			Tunisia	33,866666667	10,100000000
GENGEN	MNHN	1911-808	Zaghwan ("Zagouan")			Tunisia	36,400000000	10,150000000
GENGEN	MRAC	91090M0005	Dar Chichou	Cap Bon		Tunisia	36,750000000	10,750000000
GENGEN	MNHN	1906-106		Ayn ad Darahim ("Aïn -Draham")	Kroumirie	Tunisia	36,783333333	8,683333333
GENGEN	MRAC	91090M0008	Tunis (garden)			Tunisia	36,800000000	10,183333333
GENGEN	MFNB	5330	Katoma			Uganda	-0,833333333	31,083333333
GENGEN	BMNH		Lalasat (Lalachat ?)	foot of Mt. Debasign, W side Karamoja	SE Uganda	Uganda	2,000000000	34,616666667
GENGEN	BMNH		Suq al Khamis			Yemen	13,733333333	43,766666667
GENGEN	MRAC	10281	Mahagi			Zaire	2,266666667	30,983333333
GENGEN	BMNH		Balovale			Zambia	-13,550000000	23,116666667
GENGEN	BMNH			Luangwa river		Zambia	-9,600000000	29,583333333
GENETTOIDES	MNHN	1902-1084				Benin	9,200000000	2,233333333
GENETTOIDES	RMNH	34592	Sekondi ("Sacondi (Saccondée)")			Ghana	4,933333333	-1,716666667
GENETTOIDES	RMNH	34587	Rio Boutry			Ghana	5,000000000	-1,116666667
GENETTOIDES	RMNH	34588	Rio Boutry			Ghana	5,000000000	-1,116666667
GENETTOIDES	RMNH	34589	Rio Boutry			Ghana	5,000000000	-1,116666667
GENETTOIDES	RMNH	34590	St. George d'Elmina			Ghana	5,083333333	-1,683333333
GENETTOIDES	RMNH	34591	St. George d'Elmina			Ghana	5,083333333	-1,683333333

GENETTOIDES	RMNH	34632	St. George d'Elmina			Ghana	5,083333333	-1,683333333
GENETTOIDES	RMNH	34630				Ghana	5,083333333	-1,683333333
GENETTOIDES	BMNH	1970.2630	Sefwi Wiawso		W Ghana	Ghana	5,916666667	-2,500000000
GENETTOIDES	RMNH	25742	3 miles from Kpatonu	Accra - Kpandu road		Ghana	6,400000000	-0,566666667
GENETTOIDES	BMNH	76.1785		Bia tributaries, North Forest Reserve (= Bia Parc)	W Ghana	Ghana	6,566666667	-3,050000000
GENETTOIDES	MFNB	19031	Ho			Ghana	6,633333333	0,633333333
GENETTOIDES	BMNH	71.923	Pampramase		W Ghana	Ghana	6,666666667	-2,916666667
GENETTOIDES	BMNH	25.10.24.52	Kumasi			Ghana	6,750000000	-1,583333333
GENETTOIDES	BMNH	35.10.22.46	Gawso	Ashanti		Ghana	6,800000000	-2,516666667
GENETTOIDES	MFNB	19023	Burugu ("Borugu")			Ghana	10,383333333	-0,500000000
GENETTOIDES	BMNH	39.690			S Nigeria	Nigeria	6,616666667	6,366666667
GENETTOIDES	MNHN	1950-270	15 km N Lomé			Togo	6,266666667	1,216666667
GENETTOIDES	MNHN	1950-271	21 km N Lomé			Togo	6,316666667	1,216666667
GENETTOIDES	MFNB	19030	Sokodé			Togo	8,983333333	1,150000000
GENETTOIDES	MNHN	1962-1573		Bagané river ("Bagamé")		Togo	9,483333333	1,700000000
GENJOH	BMNH	27.8.12.1	Ataku	Tarkwa		Ghana	5,300000000	-2,000000000
GENJOH	ZFMK	95 007	Gboda	Ziama Forest		Guinea	4,233333333	-7,783333333
GENJOH	ZFMK	95 008		Ziama Forest		Guinea	4,233333333	-7,783333333
GENJOH	MNHN	2000-683	Seringbara native market	Mt. Nimba		Guinea	7,633333333	-8,466666667
GENJOH	MNHN	1936-995		Kolenté Plates	Guinea - Sierra Leone frontier	Guinea	10,150000000	-12,566666667
GENJOH	MNHN	1901-1069	Alindja (?)			Ivory Coast	5,200000000	-4,416666667
GENJOH	MNHN	T-90 / E-94	trapping site, Institut d'Ecologie Tropicale (IET) research station	Taï N.P.		Ivory Coast	5,833333333	-7,350000000
GENJOH	sighting	sighting	Institut d'Ecologie Tropicale (IET) research station	Taï N .P.		Ivory Coast	5,833333333	-7,333333333
GENJOH	MNHN	1982-1007		near Yalé (Yéalé ?), Mt. Nimba		Ivory Coast	7,533333333	-8,416666667
GENJOH	MNHN	1986-246	camp station, Mt. Nimba		Liberia - Ivory Coast frontier	Ivory Coast	7,583333333	-8,416666667
GENJOH	BMNH	30.3.3.10		Cavally River		Liberia	5,266666667	-7,466666667
GENJOH	IRSNB	16426	Chien	Sapo N.P.		Liberia	5,383333333	-8,533333333
GENJOH	BMNH	8.8.23.1		25km west of the Putu Moutains		Liberia	5,466666667	-8,583333333
GENJOH	USNM	270075	Harbel			Liberia	6,316666667	-10,333333333
GENJOH	ZFMK	5711	Kpeaple			Liberia	6,500000000	-8,600000000
GENJOH	ZFMK	61 966	Kpeaple			Liberia	6,500000000	-8,600000000
GENJOH	MFNB	44532	Gbarnga	Pessy Country		Liberia	7,000000000	-9,483333333
GENMAC	MNHN	1940-1212				Algeria	34,383333333	3,433333333
GENMAC	BMNH		Bambi			Angola	-14,033333333	15,516666667
GENMAC	MFNB	19649	Cubal	ca. 200 km from Benguela		Angola	-13,033333333	14,250000000
GENMAC	MFNB	36915	Ganda			Angola	-13,016666667	14,650000000
GENMAC	MFNB	34481	Chinguar	Benguela		Angola	-12,550000000	16,333333333
GENMAC	MFNB	40345	Bailundo ("bez.")	Benguela		Angola	-12,183333333	15,866666667
GENMAC	MFNB	40345	Chipepe	near Bailundo and Benguela		Angola	-12,083333333	15,483333333
GENMAC	MFNB	34484	Namba	Benguela		Angola	-11,916666667	14,416666667
GENMAC	MFNB	40347		Capolo - Amboiva	near Bailundo and Benguela	Angola	-11,566666667	14,800000000
GENMAC	MFNB	19640 / 19639	Loanda			Angola	-11,033333333	14,900000000
GENMAC	BMNH		Fazenda Gongolo ("Fazenda Congulu")	Amboimi district		Angola	-9,483333333	14,400000000
GENMAC	BMNH		Golungo Alto			Angola	-9,166666667	14,750000000
GENMAC	BMNH		Duque de Bragança			Angola	-9,000000000	16,100000000

GENMAC	MFNB	47071	Malundo	55 km N Malange	Loanda	Angola	-8,083333333	19,083333333
GENMAC	BMNH		near Dundo	75 km SSE of Lunda (in Zaire)		Angola	-7,383333333	20,833333333
GENMAC	BMNH			near Tala ("Dala") and Tondo	N Angola	Angola	-6,016666667	13,450000000
GENMAC	MNHN	1912-153	Agouagon		Dahomey	Benin	7,983333333	2,283333333
GENMAC	MRAC			Badou - Anonoe		Benin	10,900000000	2,733333333
GENMAC	BMNH			Bardstein area	Ngamiland	Botswana	-23,000000000	19,833333333
GENMAC	BMNH		Maun		Kalahari	Botswana	-19,983333333	23,416666667
GENMAC	MRAC		Nyanza			Burundi	-4,333333333	29,583333333
GENMAC	MRAC		Muramvya			Burundi	-3,266666667	29,616666667
GENMAC	MRAC			Ruzizi plain		Burundi	-3,000000000	29,333333333
GENMAC	MFNB	30751	Ajos	Hohe river		Cameroon	3,900000000	12,516666667
GENMAC	MFNB	18993	Bibundi			Cameroon	4,216666667	8,983333333
GENMAC	MFNB	18984	Doumé			Cameroon	4,216666667	13,500000000
GENMAC	MFNB	18811	Mundame			Cameroon	4,566666667	9,516666667
GENMAC	BMNH	48.808	Kembong	Mamfe division		Cameroon	5,650000000	9,233333333
GENMAC	BMNH		Ossing	Mamfe division		Cameroon	5,650000000	9,283333333
GENMAC	BMNH		Mamfe	Mamfe division		Cameroon	5,766666667	9,300000000
GENMAC	MRAC		Yagoua			Cameroon	10,383333333	15,216666667
GENMAC	MRAC		Sir			Cameroon	10,716666667	13,683333333
GENMAC	MRAC		Mokolo			Cameroon	10,733333333	13,816666667
GENMAC	MNHN	1962-1058	Kousséri (= "Fort Foureau")			Cameroon	12,083333333	14,933333333
GENMAC	MNHN	1962-1057	Biggil		N Cameroon	Cameroon	12,083333333	15,383333333
GENMAC	MNHN	1974-172	Boukoko			Central African Republic	3,900000000	17,933333333
GENMAC	MNHN	1983-793		La Maboké, M'Baïki forest		Central African Republic	4,000000000	18,000000000
GENMAC	MNHN	1962-1576	Bangui			Central African Republic	4,366666667	18,550000000
GENMAC	MFNB	19034	Haho Baloe			Central African Republic	4,666666667	21,450000000
GENMAC	MRAC					Central African Republic	6,333333333	20,283333333
GENMAC	BMNH			Yei district	Mongalla province	Chad	4,100000000	30,666666667
GENMAC	BMNH			Bor district	Mongalla province	Chad	6,166666667	31,583333333
GENMAC	MNHN	1904-2008	Sahr (= Fort Archambaud)			Chad	9,166666667	18,416666667
GENMAC	MNHN	[ZAK 25]	Tinga	Zakouma NP		Chad	10,833333333	19,766666667
GENMAC	BMNH		N'Djamena (= "Fort-Lamy")	lower Shari river	Lake Chad	Chad	12,166666667	14,983333333
GENMAC	MNHN	1962-3311	N'Djamena (=" Fort Lamy")			Chad	12,166666667	14,983333333
GENMAC	MNHN	1991-201	Koubotchi			Congo	-4,316666667	11,783333333
GENMAC	MNHN	2001-1158		Léfini Faunal Reserve		Congo	-2,783333333	15,383333333
GENMAC	MFNB	18929 / 18928	Salamona			Eritrea	15,750000000	39,000000000
GENMAC	MFNB	68991	Salole ("Solole")			Ethiopia	4,516666667	39,566666667
GENMAC	BMNH			NW Lake Ch'amo	S Ethiopia	Ethiopia	5,950000000	37,650000000
GENMAC	BMNH		Arba Minch	SW Lake Abaya	S Ethiopia	Ethiopia	6,033333333	37,600000000
GENMAC	BMNH			Webi Shebeli	Goulsa foothills	Ethiopia	6,533333333	42,050000000
GENMAC	MNHN	1969-470	4 km E Shashemene			Ethiopia	7,200000000	38,633333333
GENMAC	ZFMK	31138	Gololtscha (Gololcha)			Ethiopia	8,200000000	40,050000000
GENMAC	BMNH			Gimbi area, 15 miles E on Main Road		Ethiopia	9,050000000	35,933333333
GENMAC	BMNH		Addis Abeba			Ethiopia	9,050000000	38,700000000
GENMAC	MFNB	32463	Addis-Abeba			Ethiopia	9,050000000	38,700000000
GENMAC	MFNB	44821	Asbe Teferi ("Asbai Taffer")			Ethiopia	9,083333333	40,866666667

GENMAC	MNHN	1973-118	18 km E Dedecha ("Dedessa")			Ethiopia	9,133333333	40,000000000
GENMAC	MNHN	1972-395	6 km of Hirna, Harrar road			Ethiopia	9,250000000	41,133333333
GENMAC	MFNB	18919 / 18918	Harar			Ethiopia	9,300000000	42,166666667
GENMAC	MFNB	41498	Note Etwa	20 km S of Dire Dawa		Ethiopia	9,416666667	41,933333333
GENMAC	MFNB	19577	Sembo	Manow, Kinyakyuru		Ethiopia	10,616666667	38,933333333
GENMAC	BMNH		Dangila	40 miles S of Lake Tana		Ethiopia	11,283333333	34,933333333
GENMAC	BMNH	23.3.26.9	Bahir Dar - Giyorgis	Lake Tana		Ethiopia	11,550000000	37,366666667
GENMAC	MNHN	1933-2315	Gondar			Ethiopia	12,616666667	37,483333333
GENMAC	MNHN	1970-387	Simintang	Makokou		Gabon	0,583333333	12,800000000
GENMAC	BMNH		Oda			Ghana	5,916666667	-0,933333333
GENMAC	MFNB	19020	Burugu ("Borugu")			Ghana	10,383333333	-0,500000000
GENMAC	BMNH		5 km SE of Kwale	Kivumoni Forest	South Coast province	Kenya	-4,200000000	39,450000000
GENMAC	MFNB	19054	Takaungu			Kenya	-3,683333333	39,850000000
GENMAC	MRAC		Ziwani ("Zuwani")	Serengeti		Kenya	-3,383333333	37,783333333
GENMAC	BMNH				Gede Coastal Province	Kenya	-3,333333333	40,000000000
GENMAC	MRAC		Tsavo			Kenya	-2,983333333	38,466666667
GENMAC	MFNB	19055	Kibwezi			Kenya	-2,416666667	37,966666667
GENMAC	RMNH	31272	Kaani ("Kamuuani")	Machakos District		Kenya	-1,516666667	37,350000000
GENMAC	RMNH	25739	Nyaani	Kilungu Hills	Machakos	Kenya	-1,433333333	37,533333333
GENMAC	MFNB	5333	Kitui	Ukamba		Kenya	-1,366666667	38,016666667
GENMAC	BMNH		Nairobi			Kenya	-1,283333333	36,866666667
GENMAC	BMNH	5.1.26.1	Kikuyu			Kenya	-1,233333333	36,666666667
GENMAC	BMNH		Limuru			Kenya	-1,133333333	36,633333333
GENMAC	BMNH			Amala river		Kenya	-0,866666667	35,416666667
GENMAC	BMNH		Murang'a (= "Fort Hall")			Kenya	-0,716666667	37,166666667
GENMAC	BMNH			Sagana valley	Mt. Kenya	Kenya	-0,666666667	37,200000000
GENMAC	BMNH		Keruguya	Mt. Kenya		Kenya	-0,416666667	37,266666667
GENMAC	BMNH		Mutaragwa	Aberdare Mts.		Kenya	-0,366666667	36,700000000
GENMAC	BMNH			near Nakuru, S Bahati forest		Kenya	-0,266666667	36,083333333
GENMAC	BMNH	78.2853	Molo			Kenya	-0,233333333	35,733333333
GENMAC	BMNH		Molo			Kenya	-0,233333333	35,733333333
GENMAC	BMNH		12 miles W of Naro Moru			Kenya	-0,200000000	36,833333333
GENMAC	BMNH		Guaso Nyiro			Kenya	-0,166666667	35,833333333
GENMAC	BMNH	34.10.28.8		Mt. Kenya		Kenya	-0,166666667	37,166666667
GENMAC	BMNH			Mt. Kenya		Kenya	-0,166666667	37,166666667
GENMAC	MRAC		Londiani			Kenya	-0,150000000	35,583333333
GENMAC	BMNH	4.12.6.5	Tusc(e)i / Tusu (Tuso ?)	Mt. Kenya		Kenya	-0,116666667	37,033333333
GENMAC	BMNH	1938.5.26.5		W flank of Mt. Kenya		Kenya	-0,116666667	37,216666667
GENMAC	BMNH		Solai	Mt. Kenya		Kenya	-0,100000000	37,233333333
GENMAC	BMNH			Guas Ngishu Plateau		Kenya	0,033333333	36,083333333
GENMAC	BMNH	30.3.4.2		Guas Ngishu Plateau		Kenya	0,033333333	36,083333333
GENMAC	MRAC				Kerio river	Kenya	0,666666667	35,583333333
GENMAC	BMNH			near Soy		Kenya	0,683333333	35,150000000
GENMAC	BMNH			Mt. Uraguess ("Mt. Urgness")		Kenya	0,933333333	37,400000000
GENMAC	BMNH			E Trans-Nzoia, near Cherangani Hills		Kenya	0,966666667	35,283333333
GENMAC	MFNB	40479		Mt. Elgon, via Kitale		Kenya	1,050000000	34,850000000
GENMAC	MRAC		Campi Ziwani	foot of Mt. Elgon		Kenya	1,083333333	34,783333333
GENMAC	BMNH			Mt. Elgon		Kenya	1,183333333	34,516666667
GENMAC	BMNH			Lomut ("Lamet valley")		Kenya	1,400000000	35,566666667
GENMAC	BMNH			Mt. Marsabit		Kenya	2,266666667	37,950000000
GENMAC	BMNH			Charada Forest	Kaffa	Kenya	7,016666667	36,116666667

GENMAC	BMNH		Chiromo		Nyasaland	Malawi	-16,550000000	35,150000000
GENMAC	MFNB	33354	Mlanje		Nyassaland	Malawi	-16,050000000	35,516666667
GENMAC	BMNH		1 mile S of Chikwawa	Chikwawa district	Nyasaland	Malawi	-16,033333333	34,900000000
GENMAC	BMNH			Lichenya plateau ("Lichenga")	Nyasaland	Malawi	-15,916666667	35,583333333
GENMAC	BMNH		Zomba		Nyasaland	Malawi	-15,416666667	35,316666667
GENMAC	BMNH		Mkata station			Malawi	-14,233333333	33,933333333
GENMAC	BMNH		Kota Kota			Malawi	-12,933333333	34,266666667
GENMAC	BMNH		Mzimba		Nyasaland	Malawi	-11,866666667	33,600000000
GENMAC	RMNH	3352	Macanho ("Macanhe")			Mozambique	-25,500000000	32,466666667
GENMAC	BMNH		Coguno	Lubambwe district		Mozambique	-24,383333333	34,533333333
GENMAC	MFNB	19381	Chizumbane ("Chifumban")			Mozambique	-24,250000000	31,983333333
GENMAC	ZFMK	6298		NW Beira, Buzi river		Mozambique	-19,700000000	34,750000000
GENMAC	BMNH		Tambarara	Gorongoza district		Mozambique	-18,633333333	34,100000000
GENMAC	MFNB	1107	Boror			Mozambique	-17,733333333	36,883333333
GENMAC	BMNH		Tete ("Tele Portuguese")	Zambesi river		Mozambique	-16,166666667	33,583333333
GENMAC	BMNH		Bero ("Beiro")			Mozambique	-15,083333333	30,850000000
GENMAC	MFNB	1108		Querimba Isl.		Mozambique	-12,416666667	40,583333333
GENMAC	MFNB	19692	Windhoek			Namibia	-22,566666667	17,100000000
GENMAC	BMNH		Wilhelmstal	Lushoto		Namibia	-21,900000000	16,316666667
GENMAC	MFNB	33954	Koreis	Outjo		Namibia	-20,100000000	16,150000000
GENMAC	BMNH		Mahango ("Mahango Drift")	Okavango	W Caprivi	Namibia	-18,150000000	21,700000000
GENMAC	BMNH		Popa Falls	W Caprivi	Okavango	Namibia	-18,100000000	21,616666667
GENMAC	BMNH		Mbambi	Grootfontein - Caprivi border	Okavango	Namibia	-17,966666667	21,016666667
GENMAC	BMNH			Okavango - Omatako junction	Grootfontein district	Namibia	-17,933333333	20,483333333
GENMAC	BMNH		Sinjemba	W Caprivi	Okavango	Namibia	-17,933333333	21,300000000
GENMAC	BMNH	35.9.1.204	Diwai	W Caprivi, W Bagam(n)e district	Okavango	Namibia	-17,916666667	22,683333333
GENMAC	BMNH		10 miles W of Tshimbaka	Hondoto and Cunene rivers junction	N Kask(d)oveld	Namibia	-17,333333333	13,833333333
GENMAC	MRAC		Diebu	E Peremabiei, S bank Diebu creek		Nigeria	3,116666667	6,116666667
GENMAC	MRAC			mangrove around Okpoama	Brass Isl.	Nigeria	4,333333333	6,266666667
GENMAC	MRAC			near Opukuma, W bank of Nun river		Nigeria	4,566666667	6,083333333
GENMAC	MRAC			mangrove on W bank of Opume Creek		Nigeria	4,566666667	6,350000000
GENMAC	BMNH		12 km NNE of Nembe	Sie(c)le river, between Okoroba and Elemuama		Nigeria	4,566666667	6,450000000
GENMAC	MRAC		Opume	S Ogbia, E Niger delta Trip		Nigeria	4,666666667	6,333333333
GENMAC	MRAC		Bunu-Bangha, 12 km of Eme of Bori	W Imo river		Nigeria	4,700000000	7,466666667
GENMAC	MRAC		Masea stream	right side of lower Imo river		Nigeria	4,750000000	7,466666667
GENMAC	MRAC		Eziama - Nembe ("Etiama")			Nigeria	4,983333333	6,883333333
GENMAC	MRAC		3 km S Mbiama	upsteam side of Odieke, E bank of Orashi river		Nigeria	5,016666667	6,450000000
GENMAC	BMNH		5 km SSE of Ahoada	W bank of Sombreiro river	Rivers State	Nigeria	5,016666667	6,666666667
GENMAC	BMNH		Agoi Ibomi village	Akanpka L.G.A.	Cross River State	Nigeria	5,116666667	8,183333333
GENMAC	BMNH		Ikot Mba ("Ikotmbo")	old Calabar		Nigeria	5,133333333	7,866666667
GENMAC	MRAC		Eziama ("Etiama")			Nigeria	5,300000000	7,233333333
GENMAC	BMNH		Ndoro	near Umuahia	E Nigeria	Nigeria	5,433333333	7,566666667
GENMAC	BMNH		Warri		S Nigeria	Nigeria	5,600000000	6,833333333
GENMAC	MRAC		Ezike (right hunting)			Nigeria	5,733333333	7,200000000
GENMAC	BMNH		Sapoba	Jameson river, Rubber Estate	S Nigeria	Nigeria	6,100000000	5,883333333
GENMAC	MRAC		Sapoba (market)	Niger Delta		Nigeria	6,100000000	5,883333333
GENMAC	MRAC		40 km from Enugu, Port Harcourt - Enugu road			Nigeria	6,133333333	7,583333333
GENMAC	BMNH		Anambra creek		S Nigeria	Nigeria	6,333333333	6,866666667

GENMAC	BMNH		Iju ("Ija Water Heats")	near Lagos		Nigeria	6,683333333	3,133333333
GENMAC	BMNH		Katsina Ala	Muri province	N Nigeria	Nigeria	7,166666667	9,266666667
GENMAC	MRAC			behind Onito, E bank of Orashi river		Nigeria	7,966666667	3,716666667
GENMAC	BMNH		Abutu ("Abutmi")	Niger River		Nigeria	8,183333333	7,083333333
GENMAC	BMNH		Kode	15 miles NE of Lau		Nigeria	9,483333333	11,166666667
GENMAC	BMNH		Wukrum Hills	Petico - Zo area, 15 miles NE of Lau		Nigeria	9,616666667	11,233333333
GENMAC	BMNH		Ndakuru ("N'dekura")			Nigeria	10,216666667	13,116666667
GENMAC	MRAC		Taba ("Taabaa")			Nigeria	11,116666667	7,850000000
GENMAC	BMNH		2 - 3 km N of Boma	W bank of Creek river, between Boma and Polobogo		Nigeria	11,666666667	3,716666667
GENMAC	MFNB	68973	Dalori ("Daroli")	Arvussi		Nigeria	11,766666667	13,266666667
GENMAC	MFNB	19455	Usumbura			Rwanda	-3,383333333	29,350000000
GENMAC	IRSNB	16247	Kibungo ("Kibuongo")			Rwanda	-2,166666667	30,550000000
GENMAC	MRAC		Kigali			Rwanda	-1,983333333	30,083333333
GENMAC	MFNB	19514	Bugoye ("Bugoie")			Rwanda	-1,700000000	29,583333333
GENMAC	MFNB	18926	45 km from Mogadishu			Somalia	2,333333333	45,066666667
GENMAC	MFNB	18921	Korar ("Karrar")			Somalia	3,850000000	44,400000000
GENMAC	NM	1719	7 miles W of Highflats			South Africa	-30,250000000	30,200000000
GENMAC	DNSM	1632	Dbn 325 Stella Road, Hillary			South Africa	-29,883333333	30,950000000
GENMAC	DNSM	1636	105 Carlton Avenue, Westville			South Africa	-29,833333333	30,933333333
GENMAC	MNHN	2001-1810	Westville		Natal	South Africa	-29,833333333	30,933333333
GENMAC	DNSM	1618	Kloof	Kwazulu-Natal		South Africa	-29,816666667	30,833333333
GENMAC	MNHN	2001-1811	Cowies Hill	Westville	Natal	South Africa	-29,816666667	30,883333333
GENMAC	DNSM	2232		Umhloti river	Natal	South Africa	-29,633333333	31,050000000
GENMAC	NM	1614	Bishopstowe			South Africa	-29,616666667	30,383333333
GENMAC	DNSM	4833	Pietermaritzburg	Kwazulu-Natal		South Africa	-29,616666667	30,383333333
GENMAC	DNSM	4475		Umgeni river bank, near Bird Park		South Africa	-29,583333333	30,616666667
GENMAC	BMNH		Legogot	Barberton district	Transvaal	South Africa	-25,783333333	31,050000000
GENMAC	RMNH	1325		Pretoria District		South Africa	-25,750000000	28,183333333
GENMAC	BMNH		Zout Pan ("Zoutpansherg")	Tzaneen Estate	Transvaal	South Africa	-25,400000000	28,100000000
GENMAC	DNSM	4058	Sunningdale			South Africa	-24,333333333	29,283333333
GENMAC	BMNH	5.12.9.16	Klein Letaba	?	Transvaal	South Africa	-23,133333333	30,450000000
GENMAC	BMNH		Torit		SE Sudan	Sudan	4,450000000	32,516666667
GENMAC	BMNH			Luni river, opposite Lado	10 miles W of Nile	Sudan	5,166666667	31,533333333
GENMAC	BMNH		Mongalla	Bahr al Ghazal		Sudan	5,166666667	31,733333333
GENMAC	BMNH		Duk Zagwil	Mongalla province		Sudan	5,200000000	31,766666667
GENMAC	BMNH			Mom district	Mongalla province	Sudan	5,200000000	31,766666667
GENMAC	MFNB	19444	Mbaramo			Sudan	5,333333333	29,200000000
GENMAC	BMNH		Malek	Bor district	White Nile	Sudan	6,050000000	31,700000000
GENMAC	BMNH		Kayana ("Kuyana")			Sudan	7,683333333	33,033333333
GENMAC	MFNB	1098	Sannar			Sudan	13,533333333	33,600000000
GENMAC	MNHN	449	Sennaar			Sudan	13,583333333	33,666666667
GENMAC	BMNH		Tshaneni ("Tshaweni")			Swaziland	-25,983333333	31,716666667
GENMAC	BMNH		Jackwa Gorge	Nyasa		Tanzania	-11,000000000	35,133333333
GENMAC	MFNB	19858	Mkurumusi	Kapungu		Tanzania	-10,783333333	35,550000000
GENMAC	MFNB	19866	Songea			Tanzania	-10,700000000	35,633333333
GENMAC	BMNH		Lumesule Juu	Nachingwea		Tanzania	-10,600000000	37,800000000
GENMAC	BMNH			Jackwa Gorge, S Ruhuru river	N Angoni land	Tanzania	-10,450000000	34,650000000
GENMAC	MFNB	19222	Mikindani			Tanzania	-10,266666667	40,083333333
GENMAC	BMNH		Liwale			Tanzania	-9,766666667	37,933333333
GENMAC	BMNH		Tendaguru	near Lindi		Tanzania	-9,666666667	39,333333333

GENMAC	MFNB	9123		Lake Mkoe		Tanzania	-9,533333333	39,633333333
GENMAC	MFNB	12216	Kiswere			Tanzania	-9,433333333	39,550000000
GENMAC	BMNH		Itumba	Lake Rukwa		Tanzania	-9,400000000	33,183333333
GENMAC	MFNB	19592	Rungwe (market)			Tanzania	-9,133333333	33,666666667
GENMAC	MFNB	19302	Irangi	Kondoa		Tanzania	-8,800000000	35,650000000
GENMAC	BMNH		Tete			Tanzania	-8,633333333	33,150000000
GENMAC	MFNB	20627	Sanyi	N Mahenge		Tanzania	-8,266666667	36,683333333
GENMAC	MFNB	19687	Msia	Lake Rukwa steppe		Tanzania	-7,983333333	31,883333333
GENMAC	MFNB	19227	Utete	Rufiji river		Tanzania	-7,983333333	38,783333333
GENMAC	MFNB	19579	Manda	Lake Rukwa		Tanzania	-7,966666667	32,433333333
GENMAC	MFNB	60968	Luganga	Fringa		Tanzania	-7,516666667	35,533333333
GENMAC	MFNB	19451		Uhehe		Tanzania	-7,083333333	35,000000000
GENMAC	BMNH		Morogoro			Tanzania	-6,816666667	37,666666667
GENMAC	MNHN	1891-260	Mandera	Zanguebar		Tanzania	-6,666666667	39,050000000
GENMAC	ZFMK	6313				Tanzania	-6,500000000	34,683333333
GENMAC	BMNH		Mpwapwa			Tanzania	-6,383333333	36,633333333
GENMAC	MFNB	6721		Dar-es-Salaam - Tabora		Tanzania	-6,300000000	36,100000000
GENMAC	MFNB	19404	Kilimatinde			Tanzania	-5,866666667	34,916666667
GENMAC	MFNB	19689	Kakoma	Tawa		Tanzania	-5,783333333	32,433333333
GENMAC	MFNB	19558		Nguru Mts. ("Nguruman")		Tanzania	-5,500000000	37,616666667
GENMAC	MFNB	6517	Fongu-Berg.	Pangani		Tanzania	-5,433333333	36,966666667
GENMAC	MFNB	19348	Pangani			Tanzania	-5,433333333	38,833333333
GENMAC	MFNB	19342	Hale oasis ("Hahe")			Tanzania	-5,300000000	38,616666667
GENMAC	BMNH		Gongwe	Namanyere	Ufypa district	Tanzania	-5,266666667	38,800000000
GENMAC	BMNH		Mangonyi	Mangonyi district		Tanzania	-5,250000000	34,916666667
GENMAC	MFNB	19182	Amani			Tanzania	-5,150000000	38,600000000
GENMAC	MFNB	19686	Holanguru	Uvinza ("Uwinsa")		Tanzania	-5,133333333	30,383333333
GENMAC	MFNB	19398	Tabora			Tanzania	-5,033333333	32,800000000
GENMAC	BMNH		Kaseke	near Kigoma		Tanzania	-5,016666667	29,783333333
GENMAC	MFNB	19327	Kondoa	Bubu river		Tanzania	-4,900000000	35,766666667
GENMAC	MFNB	19321	Kondoa	Irangi		Tanzania	-4,900000000	35,766666667
GENMAC	MFNB	21241		Usambara Mts.		Tanzania	-4,816666667	38,400000000
GENMAC	BMNH		Mdjengos	near Singida		Tanzania	-4,666666667	34,750000000
GENMAC	BMNH		Nyasa			Tanzania	-4,233333333	33,216666667
GENMAC	BMNH			Wembere river ("Wembele")		Tanzania	-4,166666667	34,216666667
GENMAC	MFNB	19367	Mkalama	Wembere river		Tanzania	-4,166666667	34,666666667
GENMAC	MFNB	19570	Tisso	Burunge		Tanzania	-3,950000000	32,266666667
GENMAC	MFNB	19611	Samuye ("Samui")			Tanzania	-3,816666667	33,333333333
GENMAC	MFNB	19503	Kibondo ("Kibonota")			Tanzania	-3,583333333	30,700000000
GENMAC	BMNH		Tengeru, Game Station	Arusha		Tanzania	-3,383333333	36,716666667
GENMAC	BMNH		Mto wa Mbu	Lake Manyara	N Tanzania	Tanzania	-3,333333333	35,850000000
GENMAC	BMNH	26.8.14.1	Moshi			Tanzania	-3,333333333	37,333333333
GENMAC	MFNB	19351	Moshi ("Moschi")			Tanzania	-3,333333333	37,333333333
GENMAC	BMNH		Lyamungu	S foothills of Mt. Kilimandjaro	Moshi district	Tanzania	-3,250000000	37,233333333
GENMAC	MNHN	1905-379	Kiboscho ("III")	Kilimandjaro		Tanzania	-3,233333333	37,300000000
GENMAC	ZFMK	3486	Gomberi	Moshi, Kilimandjaro		Tanzania	-3,233333333	37,350000000
GENMAC	BMNH		Ler(v)ai Camp	Ngorongoro Crater	N Tanzania	Tanzania	-3,216666667	35,500000000
GENMAC	BMNH		30 km NE of Arusha	Kamurt Lake - Momella Lakes		Tanzania	-3,216666667	36,883333333
GENMAC	MNHN	1913-33	Kibongoto ("Kibonoto")	Kilimandjaro		Tanzania	-3,183333333	37,100000000
GENMAC	MNHN	1913-32	Kibongoto ("Kibonoto")	Kilimandjaro		Tanzania	-3,183333333	37,100000000
GENMAC	BMNH		Javeita	SE flank of Mt. Kilimandjaro		Tanzania	-3,183333333	37,516666667

GENMAC	BMNH			Mt. Kilimandjaro, SE side		Tanzania	-3,166666667	37,500000000
GENMAC	BMNH	65.2562		SE Mt. Kilimandjaro		Tanzania	-3,166666667	37,500000000
GENMAC	BMNH	1937.11.4.11		SE Mt. Kilimandjaro		Tanzania	-3,166666667	37,500000000
GENMAC	ZFMK	36154		Kilimandjaro		Tanzania	-3,083333333	37,383333333
GENMAC	ZFMK	3468		Kilimandjaro		Tanzania	-3,083333333	37,383333333
GENMAC	MNHN	1963-1416		Olduvai	Tanganyika	Tanzania	-2,933333333	35,033333333
GENMAC	MFNB	43468	Ngare Nanyuki			Tanzania	-2,616666667	35,200000000
GENMAC	MFNB	19424	Mwanza ("Muansa")	Usindja		Tanzania	-2,516666667	32,883333333
GENMAC	MFNB	19438		Urekewe Isl.		Tanzania	-2,066666667	32,883333333
GENMAC	MFNB	19433		Ukerewe Isl.		Tanzania	-2,033333333	33,000000000
GENMAC	BMNH			Ukara Isl.		Tanzania	-1,833333333	33,050000000
GENMAC	MFNB	19027	Misahohe			Togo	6,983333333	0,666666667
GENMAC	MFNB	19416	Yege (= "Bismarckburg")			Togo	8,183333333	40,000000000
GENMAC	MFNB	19001	Sokodé			Togo	8,983333333	1,150000000
GENMAC	MNHN	1918-17	Garka, left bank		N Dahomey	Togo	9,516666667	0,350000000
GENMAC	BMNH			forests at foot of Mt. Muhavura	SW Kigezi, SW Uganda	Uganda	-1,366666667	29,683333333
GENMAC	MFNB	19541 / 19540	Bukoba			Uganda	-1,333333333	31,916666667
GENMAC	MFNB	19542	Bukoba			Uganda	-1,333333333	31,916666667
GENMAC	MFNB	19510	Mulema ("Mulera")			Uganda	-0,933333333	30,933333333
GENMAC	BMNH			Queen Elizabeth Park	S side of Kazinga Channel	Uganda	-0,216666667	29,966666667
GENMAC	MFNB	19539	Mengo			Uganda	0,283333333	32,583333333
GENMAC	BMNH		Kampala			Uganda	0,316666667	32,583333333
GENMAC	MRAC		Mugeri mission			Uganda	0,416666667	33,466666667
GENMAC	BMNH		Mubango	Mabira forest	Kyangwe	Uganda	0,533333333	30,283333333
GENMAC	BMNH		Mubende			Uganda	0,566666667	31,383333333
GENMAC	BMNH			near Mubende		Uganda	0,583333333	31,366666667
GENMAC	BMNH		Kasawere	NE Mt. Elgon		Uganda	1,250000000	34,400000000
GENMAC	MRAC			NE Mt. Elgon		Uganda	1,283333333	34,650000000
GENMAC	BMNH		Bugwa ("Bukwa")	Mt. Elgon		Uganda	1,300000000	34,333333333
GENMAC	MNHN	1982-793	Kapau (Wayana)	Hoima road		Uganda	1,450000000	31,333333333
GENMAC	BMNH		Serere	Teso district	Eastern province	Uganda	1,516666667	33,433333333
GENMAC	BMNH		Bulisa	NE Lake Mobutu (Lake Albert)		Uganda	2,100000000	31,416666667
GENMAC	BMNH		Ousuko ("Wsuku")		Eastern province	Uganda	2,200000000	33,916666667
GENMAC	BMNH		Nebbi ("Nbebbi")			Uganda	2,483333333	31,083333333
GENMAC	BMNH		Mamalu	Karamoja district		Uganda	2,750000000	34,250000000
GENMAC	MFNB	19685	Kamengo			Uganda ("Tanzania")	-0,666666667	31,466666667
GENMAC	BMNH	34.4.1.36		Mt. Elgon		Uganda / Kenya	1,183333333	34,516666667
GENMAC	MRAC		Baya	S Elisabethville, Myunga river		Zaire	-11,866666667	27,450000000
GENMAC	MRAC		Mwera (= "Elisabethville")	Kanienga river		Zaire	-11,683333333	27,483333333
GENMAC	MRAC			near Elisabethville		Zaire	-11,683333333	27,483333333
GENMAC	MRAC		Luashi			Zaire	-10,950000000	23,566666667
GENMAC	MRAC			near Dilolo railway station		Zaire	-10,700000000	22,350000000
GENMAC	MRAC		Kakanda			Zaire	-10,700000000	26,400000000
GENMAC	MRAC		Dilolo			Zaire	-10,666666667	22,350000000
GENMAC	IRSNB	3529	Kanzenze	Shimba		Zaire	-10,516666667	25,200000000
GENMAC	MRAC		Lukafu			Zaire	-10,466666667	27,533333333
GENMAC	IRSNB	17334	Kinika			Zaire	-10,450000000	28,133333333
GENMAC	BMNH		Kazungu			Zaire	-10,400000000	24,483333333
GENMAC	MRAC		Tshingamba	Kahemba territory		Zaire	-10,366666667	22,666666667

GENMAC	MRAC		Katentania (Mukishi)			Zaire	-10,316666667	25,400000000
GENMAC	MRAC		Kansenia			Zaire	-10,300000000	26,066666667
GENMAC	MRAC			Kapiri Plateau	Katanga	Zaire	-10,283333333	26,200000000
GENMAC	MRAC		Kundelungu			Zaire	-10,083333333	27,316666667
GENMAC	MRAC		Kapiri			Zaire	-9,700000000	27,216666667
GENMAC	IRSNB	11714		Kanonga river, left tributary of Fungwe river		Zaire	-9,250000000	26,133333333
GENMAC	IRSNB	11703	Mukana	swamp near Lusinga, Upemba N.P.		Zaire	-9,216666667	27,116666667
GENMAC	IRSNB	11705		Kaziba river, left tributary of Senze river, Upemba N.P.		Zaire	-9,116666667	26,850000000
GENMAC	MRAC			Mukishi - Katentania		Zaire	-9,100000000	24,166666667
GENMAC	IRSNB	11706	Kilwezi	right tributary of Lufira river, Upemba N.P.	Lualaba	Zaire	-9,100000000	26,700000000
GENMAC	IRSNB	11708	Lusinga	Upemba N.P.		Zaire	-8,933333333	27,200000000
GENMAC	IRSNB	11722	Kabwoe	right bank of Muye, Upemba N.P.		Zaire	-8,816666667	26,816666667
GENMAC	MRAC		Lukonzolwa			Zaire	-8,750000000	28,666666667
GENMAC	IRSNB	11693		Munte - Mubale confluence, Upemba N.P.		Zaire	-8,733333333	26,900000000
GENMAC	IRSNB	11748	Pelenge	Upemba N.P.		Zaire	-8,666666667	26,833333333
GENMAC	IRSNB	11741	Mabwe	east bank of Lake Upemba, Upemba N.P.		Zaire	-8,650000000	26,516666667
GENMAC	MRAC		Kapanga			Zaire	-8,366666667	22,616666667
GENMAC	MFNB	19688	Moliro ("Muliro")			Zaire	-8,216666667	30,566666667
GENMAC	MRAC		Kitobwe ("Kitobe")			Zaire	-8,016666667	26,600000000
GENMAC	MRAC		Guillaume, falls ("chutes fr Jos - ch Guillaume")			Zaire	-7,700000000	17,333333333
GENMAC	MRAC		Tshimbayeka	Kahemba territory		Zaire	-7,666666667	18,316666667
GENMAC	MRAC		Kandongo			Zaire	-7,450000000	18,550000000
GENMAC	MRAC		Mufikidi ("Mofikiti")	Kahemba territory		Zaire	-7,450000000	18,900000000
GENMAC	MRAC			Lula ("river"), Luisa territory		Zaire	-7,416666667	22,550000000
GENMAC	MRAC		Tende	Mayumbe		Zaire	-7,366666667	22,566666667
GENMAC	MRAC		Kambasondi	Kahemba territory		Zaire	-7,333333333	19,000000000
GENMAC	MRAC		Kahemba	Kahemba territory		Zaire	-7,300000000	18,966666667
GENMAC	MRAC			near Panzi	Kasongo Lunda territory	Zaire	-7,216666667	17,966666667
GENMAC	MRAC		Mwendjila			Zaire	-7,200000000	18,850000000
GENMAC	MRAC		Mwamukanda			Zaire	-7,183333333	19,100000000
GENMAC	MRAC		Kambakala	Kahemba territory		Zaire	-7,033333333	18,433333333
GENMAC	MRAC		Kasongo Lunda			Zaire	-6,500000000	16,850000000
GENMAC	MRAC			Haute Lula river, Luisa territory		Zaire	-6,116666667	19,433333333
GENMAC	MRAC			Luisa territory		Zaire	-6,116666667	19,433333333
GENMAC	MRAC		Banana			Zaire	-6,016666667	12,400000000
GENMAC	MRAC			near Albertville		Zaire	-5,950000000	29,166666667
GENMAC	IRSNB	11750	Lualaba	Upemba N.P.		Zaire	-5,933333333	25,533333333
GENMAC	MRAC		Makala			Zaire	-5,916666667	29,083333333
GENMAC	MRAC		Tshipoko ("Tshiapoko")	Kahemba territory		Zaire	-5,900000000	20,466666667
GENMAC	BMNH		Luluabourg	Kasai	S Zaire	Zaire	-5,883333333	22,433333333
GENMAC	MRAC		Makaia N'tete			Zaire	-5,550000000	13,033333333
GENMAC	MRAC		Kele	near Tumba		Zaire	-5,516666667	14,600000000
GENMAC	MRAC		Temvo			Zaire	-5,466666667	13,216666667
GENMAC	MRAC		Ngele (Kitsioko)	Kahemba territory		Zaire	-5,433333333	25,783333333
GENMAC	MRAC		Weka			Zaire	-5,266666667	12,650000000
GENMAC	MRAC		Kasinzi ("Kazizi")	Kahemba territory		Zaire	-5,266666667	16,833333333
GENMAC	MRAC		Kamanda	Kahemba territory		Zaire	-5,000000000	18,516666667
GENMAC	BMNH		Inkongo	Sankuru river	S Zaire	Zaire	-4,916666667	23,250000000
GENMAC	MRAC		Kamba-Mbongo	Kahemba territory		Zaire	-4,866666667	13,066666667

GENMAC	MRAC		Leverville			Zaire	-4,833333333	18,716666667
GENMAC	MRAC		Kinda			Zaire	-4,800000000	21,833333333
GENMAC	MRAC		Kisantu			Zaire	-4,633333333	15,083333333
GENMAC	MRAC		Kinshasa (= "Léopoldville")			Zaire	-4,300000000	15,300000000
GENMAC	MRAC			Fizi region		Zaire	-4,300000000	28,933333333
GENMAC	MRAC		Baraka			Zaire	-4,083333333	29,083333333
GENMAC	MFNB	18934		Sankuru river		Zaire	-4,050000000	22,550000000
GENMAC	MRAC		Lodja - Komi			Zaire	-3,500000000	23,366666667
GENMAC	MRAC			Lodja territory		Zaire	-3,500000000	23,383333333
GENMAC	MRAC		Komi (Sankuru)			Zaire	-3,333333333	23,800000000
GENMAC	MRAC		Kwango	left bank Wamba Super		Zaire	-3,233333333	17,383333333
GENMAC	MRAC		Kwamouth			Zaire	-3,183333333	16,266666667
GENMAC	MRAC		Kamituga			Zaire	-3,016666667	28,166666667
GENMAC	MRAC		Lemera			Zaire	-3,016666667	29,000000000
GENMAC	MRAC				Akanyaru river	Zaire	-2,716666667	29,916666667
GENMAC	MRAC		Mpelu			Zaire	-2,566666667	16,433333333
GENMAC	MRAC		Butare (= Astrida)			Zaire	-2,566666667	29,716666667
GENMAC	MRAC			Astrida region		Zaire	-2,566666667	29,716666667
GENMAC	MRAC		Lomela			Zaire	-2,316666667	23,250000000
GENMAC	MRAC			Rugege forest		Zaire	-2,250000000	29,233333333
GENMAC	ZFMK	69927	Kahungu	Kivu		Zaire	-2,216666667	28,816666667
GENMAC	MRAC		Umangi			Zaire	-2,166666667	21,150000000
GENMAC	MRAC		Bolobo	near Mankakati		Zaire	-2,150000000	16,233333333
GENMAC	MRAC		Kunungu			Zaire	-2,100000000	16,433333333
GENMAC	MNHN	1962-163	Kalehe			Zaire	-2,100000000	28,916666667
GENMAC	MRAC		Keseki	near Kunungu		Zaire	-2,016666667	16,350000000
GENMAC	MRAC			near Kigali, Nyawarongo river		Zaire	-1,933333333	30,033333333
GENMAC	MRAC		Mongala			Zaire	-1,833333333	16,850000000
GENMAC	MRAC		Kavumu - Walikale road, km 82			Zaire	-1,833333333	28,416666667
GENMAC	MRAC		Bobandana	Kivu		Zaire	-1,683333333	29,000000000
GENMAC	MRAC		Kantundwe	Fuko tributary, Rutshuru sub-tributary, Virunga N.P. (= "Albert N.P.")		Zaire	-1,666666667	29,466666667
GENMAC	MRAC			Kavumu road, km 100 towards Walikale		Zaire	-1,633333333	28,266666667
GENMAC	IRSNB	8661	Gabiro	Kagera N.P.		Zaire	-1,550000000	30,416666667
GENMAC	BMNH		Walikale			Zaire	-1,416666667	28,050000000
GENMAC	IRSNB	12798	Rumangabo	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,333333333	29,350000000
GENMAC	IRSNB	12830	Rumangabo	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,333333333	29,350000000
GENMAC	IRSNB	17333	Kisisile, Secteur N	Rutshuru, Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,200000000	29,500000000
GENMAC	IRSNB	33463	Rutshuru	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENMAC	IRSNB	4660	Rutshuru	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENMAC	IRSNB	3500		near Rutshuru, Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENMAC	MRAC		Ikela			Zaire	-1,100000000	23,100000000
GENMAC	MRAC		Kisaro	near Rutshuri, Virunga N.P. (="Albert N.P.")		Zaire	-0,966666667	29,550000000
GENMAC	MRAC		Nongo-Wanga harbour, 100 km Opala	Opala region		Zaire	-0,900000000	23,733333333
GENMAC	MNHN	1973-60	Tondo (= Tondu)	Lake Toumba		Zaire	-0,883333333	18,150000000
GENMAC	IRSNB	33446	Rwindi camp	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-0,783333333	29,283333333
GENMAC	MRAC		Likete	Lomela river		Zaire	-0,716666667	21,416666667
GENMAC	MRAC		Lutunguru			Zaire	-0,466666667	28,816666667
GENMAC	MRAC		Angumu			Zaire	-0,166666667	27,700000000
GENMAC	MRAC			near Lubero, Kivu		Zaire	-0,150000000	29,216666667
GENMAC	BMNH			Wanka river, Semliki valley		Zaire	-0,133333333	29,600000000

GENMAC	MRAC		Bokuma			Zaire	-0,100000000	18,683333333
GENMAC	MRAC		Bamanya	Tshuapa district		Zaire	0,016666667	18,400000000
GENMAC	MRAC		Vehamba	Butembo region		Zaire	0,033333333	29,433333333
GENMAC	MRAC			Coquilhatville region		Zaire	0,050000000	18,466666667
GENMAC	BMNH		Luwere	Liwale		Zaire	0,050000000	29,466666667
GENMAC	MFNB	19515	Kasindi	Lake Albert Edward		Zaire	0,050000000	29,716666667
GENMAC	MRAC		Malinde ("Mebende")	Butembo		Zaire	0,116666667	29,233333333
GENMAC	MRAC		Musubele	Butembo region		Zaire	0,133333333	29,283333333
GENMAC	MRAC		Butembo			Zaire	0,150000000	29,300000000
GENMAC	MRAC		Vuhovi	Semliki foothills		Zaire	0,150000000	29,400000000
GENMAC	MRAC		Vuhovi ("Vichovi")	Butembo		Zaire	0,150000000	29,400000000
GENMAC	MRAC		Butuhe ("Butuné")	Butembo region		Zaire	0,216666667	29,266666667
GENMAC	IRSNB	17332	Mutsora	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,316666667	29,750000000
GENMAC	IRSNB	3499		Butahu river, Albert N.P.	Kivu	Zaire	0,350000000	29,783333333
GENMAC	IRSNB	21472	Kilia - Kiparata	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,383333333	29,600000000
GENMAC	MRAC		Kiondo	Butembo		Zaire	0,383333333	29,850000000
GENMAC	MRAC		Beni (= "Beni Cartoushi")			Zaire	0,483333333	29,483333333
GENMAC	MRAC		Stanley Falls			Zaire	0,500000000	25,200000000
GENMAC	MRAC		Stanleyville			Zaire	0,500000000	25,200000000
GENMAC	MRAC		Tshoppo Falls			Zaire	0,550000000	25,183333333
GENMAC	MRAC		Pilipili			Zaire	0,550000000	27,733333333
GENMAC	MFNB	19526		NW Beni		Zaire	0,616666667	29,250000000
GENMAC	MFNB	19525		NW Beni		Zaire	0,616666667	29,250000000
GENMAC	IRSNB	12787	Yangambi	Stanleyville district		Zaire	0,766666667	24,450000000
GENMAC	MRAC		Boga(y?)	Ituri		Zaire	1,016666667	29,966666667
GENMAC	MRAC		Mawambi			Zaire	1,066666667	28,583333333
GENMAC	MRAC		Elisabetha	Basoko		Zaire	1,150000000	23,650000000
GENMAC	BMNH		Makoga (Makoka ? Makonga ?)	Semliki valley		Zaire	1,166666667	30,266666667
GENMAC	MRAC		Yambuya			Zaire	1,283333333	24,566666667
GENMAC	MRAC		Avakubi			Zaire	1,333333333	27,566666667
GENMAC	MRAC		Kisenyi			Zaire	1,366666667	32,700000000
GENMAC	MRAC		2 km W Irumu	Ituri forest		Zaire	1,450000000	29,866666667
GENMAC	IRSNB	13951		Blukwa region, Djugu territory		Zaire	1,750000000	30,600000000
GENMAC	MRAC		Djugu			Zaire	1,916666667	30,533333333
GENMAC	IRSNB	14654	Fataki	Djugu territory		Zaire	2,000000000	30,583333333
GENMAC	MRAC		Moenge			Zaire	2,033333333	22,933333333
GENMAC	MRAC		Nioka			Zaire	2,150000000	30,650000000
GENMAC	IRSNB	13030	Madjalanga	Ubangi		Zaire	2,216666667	21,650000000
GENMAC	MRAC		Medjé			Zaire	2,416666667	27,300000000
GENMAC	MRAC		Ibembo			Zaire	2,600000000	23,666666667
GENMAC	MRAC			Paulis region	Uele	Zaire	2,750000000	27,683333333
GENMAC	MRAC		Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
GENMAC	MRAC		Koteli	lower Uele		Zaire	2,850000000	24,566666667
GENMAC	MRAC		Kasai			Zaire	2,966666667	24,150000000
GENMAC	IRSNB	6559	Zobia		Uele	Zaire	2,983333333	25,933333333
GENMAC	MNHN	1939-176	Agoro ("Ogoro")			Zaire	3,083333333	27,833333333
GENMAC	BMNH		Poko	Uele		Zaire	3,133333333	26,966666667
GENMAC	MRAC		Rungu	upper Uele		Zaire	3,250000000	27,950000000
GENMAC	MRAC		Bambesa			Zaire	3,383333333	25,783333333
GENMAC	MRAC		Dungu			Zaire	3,666666667	28,533333333
GENMAC	MRAC		Gangala-na-Bodio			Zaire	3,683333333	29,133333333

GENMAC	MRAC		Faradje			Zaire	3,750000000	-1,666666667
GENMAC	IRSNB	19946	Nagero	Garamba N.P.	Uele	Zaire	3,750000000	29,500000000
GENMAC	IRSNB	21275	II / bd / 4	Garamba N.P.	Uele river	Zaire	3,800000000	29,283333333
GENMAC	BMNH		Mabenge			Zaire	4,233333333	24,150000000
GENMAC	MRAC		Bagbele	Garamba N.P.		Zaire	4,333333333	29,250000000
GENMAC	MRAC		Zungumbia	Garamba N.P.		Zaire	4,350000000	29,266666667
GENMAC	MRAC		Tukpo ("Tukpwo")			Zaire	4,416666667	22,866666667
GENMAC	IRSNB	19945	PFN K 18 / 2	Garamba N.P.	Uele	Zaire	4,416666667	29,800000000
GENMAC	IRSNB	8211	Bagbuyo	Garamba N.P.	Uele	Zaire	4,450000000	29,366666667
GENMAC	IRSNB	19947	Meridi			Zaire	4,916666667	29,466666667
GENMAC	BMNH		Semnio ("Semmio")			Zaire	5,050000000	25,116666667
GENMAC	IRSNB	13031	Yoko	via Kole, Kasaï District		Zaire	5,483333333	12,316666667
GENMAC	BMNH		Panga			Zaire ? Congo ?	1,866666667	26,383333333
GENMAC	BMNH		Sesheke	right bank of Kafue river		Zambia	-17,533333333	24,283333333
GENMAC	MFNB	19676	Malindi "pan" ("Pfanne")	Caprivi "Zipssel"		Zambia	-17,516666667	23,233333333
GENMAC	BMNH			Sesheke district	Muhanga province	Zambia	-17,483333333	24,866666667
GENMAC	BMNH			Machili river	Sesheke district	Zambia	-16,833333333	25,116666667
GENMAC	BMNH			E of Loanga ("Loangwa")	Mterize river	Zambia	-15,750000000	23,283333333
GENMAC	BMNH			Namwala district		Zambia	-15,733333333	26,416666667
GENMAC	MFNB	19654	Namwala			Zambia	-15,733333333	26,600000000
GENMAC	BMNH		Mala ("Maula")	left bank Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-15,733333333	26,733333333
GENMAC	BMNH		Banga	left bank Kafue river	Namuala district	Zambia	-15,666666667	26,500000000
GENMAC	BMNH		Shamakanda	left bank Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-15,116666667	25,250000000
GENMAC	BMNH			nea Kalumbwe ("Kalumbe"), left bank Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-14,766666667	22,416666667
GENMAC	BMNH		Kabwe (= "Broken Hill")			Zambia	-14,483333333	28,416666667
GENMAC	BMNH		Kabulwebulwe	right bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-14,250000000	23,250000000
GENMAC	BMNH			Balovale - Chitokoloki	about 14 miles E Chit. Kanjanja river	Zambia	-13,700000000	23,183333333
GENMAC	BMNH		Chipata (= "Fort Jameson")			Zambia	-13,650000000	32,666666667
GENMAC	BMNH			near Kabompo Boma		Zambia	-13,583333333	24,216666667
GENMAC	BMNH		Balovale		upper Zambesi	Zambia	-13,550000000	23,116666667
GENMAC	BMNH			Kasempa district		Zambia	-13,416666667	25,833333333
GENMAC	BMNH		13 miles NE Lusangazi	E bank Luangwa river	Fort Jameson district	Zambia	-13,350000000	31,683333333
GENMAC	BMNH		13 miles NE Lusangazi	E bank Luangwa river	Fort Jameson district	Zambia	-13,350000000	31,683333333
GENMAC	BMNH			Mulanda - Bantu, right bank of Kafue river		Zambia	-13,283333333	22,950000000
GENMAC	BMNH		Ndola			Zambia	-13,000000000	28,650000000
GENMAC	BMNH		1/2 miles SE Chibembe Pontoon	E bank Luangwa river	Lundazi district	Zambia	-12,766666667	32,083333333
GENMAC	BMNH		Simonis village	2 miles SE of Chibembe Pontoon	E bank of Luangwa river	Zambia	-12,766666667	32,083333333
GENMAC	BMNH		Ngweshe	Kasempa district		Zambia	-12,633333333	25,750000000
GENMAC	BMNH		Chipata (= Fort Jameson)			Zambia	-12,633333333	32,650000000
GENMAC	BMNH		Kapeshi ("Kapeshi")	left bank of Kafue river	Mumbwa district	Zambia	-12,433333333	26,633333333
GENMAC	BMNH		Makumbo	Mpika district	Lulimala river	Zambia	-11,833333333	31,466666667
GENMAC	BMNH			Lake Mweru		Zambia	-9,000000000	28,716666667
GENMAC	BMNH		Mbala ("Mtala bountry")	E Luangwa district		Zambia	-8,850000000	31,366666667
GENPAR	MFNB	1109				"West Africa"	9,533333333	-5,350000000
GENPAR	BMNH	39.12.26.11				Gambia	13,583333333	-15,366666667
GENPAR	BMNH	37.9.16.3	Rio Boutry			Ghana	5,000000000	-1,116666667
GENPAR	BMNH	39.132		small islands in mouth of Volta river, near Ada	Volta river	Ghana	5,800000000	0,650000000
GENPAR	BMNH	46.399	Oda			Ghana	5,916666667	-0,933333333

GENPAR	BMNH	35.10.22.78	Ejura	Ashanti		Ghana	7,383333333	-1,350000000
GENPAR	MNHN	1897-983	Conakry			Guinea	9,550000000	-13,666666667
GENPAR	MNHN	1936-996	Simbareya ("Simbareya")	near Kur(n)dia	Sierra Leone border	Guinea	9,933333333	-12,600000000
GENPAR	ZFMK	97401	Mansira Moribaya	N Faranah	Haut-Niger N.P.	Guinea	10,016666667	-10,783333333
GENPAR	BMNH		Badon			Guinea	12,966666667	-12,366666667
GENPAR	MNHN	1963-1365	Abidjan			Ivory Coast	5,316666667	-4,000000000
GENPAR	MFNB	18425	Potoka ("Patokla")	Upper Cavally		Liberia	5,266666667	-7,983333333
GENPAR	ZFMK	5710	Kpeaple	Cess River		Liberia	6,500000000	-8,600000000
GENPAR	IRSNB	15152		Cess River		Liberia	6,783333333	-8,783333333
GENPAR	MRAC	35128		N Central Province		Liberia	7,000000000	-9,000000000
GENPAR	MRAC	74010M0007		Degeh ("Dege Bong county")		Liberia	7,100000000	-10,166666667
GENPAR	MRAC	34805	Gaple			Liberia	7,133333333	-8,450000000
GENPAR	MNHN	1977-711	Santiaba Mandjak ("Santiaba")			Senegal	12,366666667	-16,550000000
GENPAR	MNHN	1977-704	Kédougou			Senegal	12,550000000	-12,166666667
GENPAR	MNHN	1977-701	Ziguinchor			Senegal	12,583333333	-16,333333333
GENPAR	MRAC	89001M0001	4 km W Ziguinchor			Senegal	12,583333333	-16,266666667
GENPAR	MNHN	1977-699			S Casamance	Senegal	12,733333333	-14,433333333
GENPAR	MNHN	1977-707	Koutango			Senegal	13,666666667	-16,083333333
GENPAR	MNHN	2001-340 [432]				Senegal	13,966666667	-14,283333333
GENPAR	MNHN	1995-424	Saboya	near Touré		Senegal	15,016666667	-16,300000000
GENPAR	MFNB	40535	Saida	via Dagana		Senegal	16,500000000	-15,500000000
GENPAR	BMNH	1996.20		near Gbap ("Gbupp"), Nongoba Bullim Chiefdom		Sierra Leone	8,233333333	-12,250000000
GENPAR	BMNH	50.2045	Makali	Kunike Barina chiefdom		Sierra Leone	8,983333333	-12,666666667
GENPAR	BMNH	46.864	Pendembu	near Makini		Sierra Leone	9,100000000	-12,200000000
GENPAR	MNHN	1992-25	Kondembaia ("Koudembaya")			Sierra Leone	9,366666667	-11,566666667
GENPAR	BMNH	53.132 / 53.131	Musaia	Koinaduau district	N Sierra Leone	Sierra Leone	9,816666667	-11,650000000
GENPOE	MNHN	1894-263		Mayombe Mts.		Congo	-4,500000000	12,466666667
GENPOE	BMNH	55.12.24.412			Bioko Isl.	Equatorial Guinea	3,500000000	8,683333333
GENPOE	BMNH	46.396	Ntronang	near Oda		Ghana	5,816666667	-1,150000000
GENPOE	BMNH	1938.7.25.5		40 miles north of Kumasi		Ghana	7,116666667	-1,616666667
GENPOE	MNHN	1908-58	Grabo	Bouboni plapo, Diangouma wara	Cavally River	Ivory Coast	4,950000000	-7,500000000
GENPOE	BMNH	39.686			Cavally River	Liberia	5,266666667	-7,466666667
GENSCH	MFNB	41780	Concordia			Angola	-12,200000000	15,033333333
GENSCH	MRAC	78-26-M-19		Ruzizi river		Burundi	-3,016666667	29,066666667
GENSCH	BMNH		Mamfe			Cameroon	5,766666667	9,300000000
GENSCH	MRAC	1934	Banzyville			Central African Republic	4,300000000	21,183333333
GENSCH	MNHN	1892-1565				Congo	-1,650000000	15,366666667
GENSCH	BMNH		Dangila	Lake Tana		Ethiopia	11,283333333	34,933333333
GENSCH	MFNB	19179	Derewa ("Derema")			Ethiopia	12,033333333	39,000000000
GENSCH	MFNB	19032	Ho			Ghana	6,633333333	0,633333333
GENSCH	MFNB	19022	Burugu ("Borugu")			Ghana	10,383333333	-0,500000000
GENSCH	BMNH		Solai	Mt. Kenya		Kenya	-0,100000000	37,233333333
GENSCH	BMNH		Coguno	Luhambane		Mozambique	-24,383333333	34,533333333
GENSCH	BMNH			Akata - Ugbo ("Ogbo")	Okoya	Nigeria	6,250000000	4,716666667
GENSCH	MFNB	19454	Usumbura			Rwanda	-3,383333333	29,350000000
GENSCH	BMNH			Moeru district - Mongalla district		Sudan	4,750000000	31,600000000
GENSCH	BMNH		Duk	Mongalla		Sudan	5,200000000	31,766666667
GENSCH	MFNB	18909	Atbara "gebeit"			Sudan	17,666666667	34,000000000

GENSCH	MFNB	19191	Mikindani			Tanzania	-10,266666667	40,083333333
GENSCH	MFNB	19867	Liwale			Tanzania	-9,766666667	37,933333333
GENSCH	MFNB	19296		Pori - Irangi		Tanzania	-8,800000000	35,650000000
GENSCH	BMNH		Kilosa			Tanzania	-6,816666667	37,000000000
GENSCH	BMNH		Kimamba Station	Morogoro		Tanzania	-6,800000000	37,133333333
GENSCH	MFNB	19236		Kondoa - Irangi		Tanzania	-6,733333333	36,000000000
GENSCH	MFNB	19464	Kisengi ("Kissenji")			Tanzania	-5,366666667	33,583333333
GENSCH	MFNB	19172 / 19171	Tanga			Tanzania	-5,033333333	39,100000000
GENSCH	MFNB	19317	Kondoa			Tanzania	-4,900000000	35,766666667
GENSCH	MFNB	19326		Bubu - Kondoa		Tanzania	-4,900000000	35,783333333
GENSCH	MFNB	19645	Moshi ("Moschi")			Tanzania	-3,333333333	37,333333333
GENSCH	MFNB	19038	Yege (= "Bismarckburg")			Togo	8,183333333	40,000000000
GENSCH	MFNB	18127	Sokodé			Togo	8,983333333	1,150000000
GENSCH	BMNH				Ruwenzori East	Uganda	0,416666667	30,233333333
GENSCH	BMNH		Nebbi ("Ntebbi")			Uganda	2,483333333	31,083333333
GENSCH	MRAC	6953	Kunungu	Moba		Zaire	-7,066666667	29,716666667
GENSCH	MRAC	7831	Inkongo			Zaire	-4,916666667	23,250000000
GENSCH	MRAC	17188	Kinshasa (= "Léopoldville")			Zaire	-4,300000000	15,300000000
GENSCH	BMNH		Baraka			Zaire	-4,083333333	29,083333333
GENSCH	MRAC	15332	Butare (= Astrida)			Zaire	-2,566666667	29,716666667
GENSCH	MRAC	27657	Ekampikale			Zaire	-2,166666667	16,550000000
GENSCH	MRAC	5855	Kunungu			Zaire	-2,100000000	16,433333333
GENSCH	MRAC	26908	Bokalakala			Zaire	-2,083333333	16,400000000
GENSCH	MFNB	19632		Lake Lutamba, Lindi river		Zaire	-1,666666667	27,833333333
GENSCH	MRAC	31286		Limi river		Zaire	-1,250000000	22,966666667
GENSCH	MRAC	10324	Mondombe		(equator)	Zaire	-0,916666667	22,866666667
GENSCH	MRAC	18949	Bokungu			Zaire	-0,733333333	22,466666667
GENSCH	MRAC	90042M0221	Kisangani, 42km east of study area			Zaire	-0,466666667	25,550000000
GENSCH	MRAC	19909	Tume ("Tumwe")			Zaire	-0,450000000	21,500000000
GENSCH	MRAC	89-19-M-55	Lubutu road, km 171			Zaire	-0,333333333	26,083333333
GENSCH	MRAC	89019M0058	Amadjabe			Zaire	-0,066666667	25,283333333
GENSCH	MRAC	21748	Yokamba			Zaire	0,016666667	22,283333333
GENSCH	MRAC	9994	Stanleyville			Zaire	0,500000000	25,200000000
GENSCH	BMNH			Stanley Falls		Zaire	0,500000000	25,200000000
GENSCH	BMNH		Mobangi ("Mobengi")			Zaire	0,983333333	28,916666667
GENSCH	MRAC	12077	Penghe			Zaire	1,300000000	28,583333333
GENSCH	MRAC	624	Panga			Zaire	1,866666667	26,383333333
GENSCH	MRAC	251	Moenge ("Moengke")			Zaire	2,033333333	22,933333333
GENSCH	MRAC	4274	Medjé	Ituri		Zaire	2,416666667	27,300000000
GENSCH	MRAC	18979	Ibembo			Zaire	2,600000000	23,666666667
GENSCH	MRAC	10112	Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
GENSCH	MRAC	8335	Koteli	lower Uele		Zaire	2,850000000	24,566666667
GENSCH	MRAC	4822	Poko			Zaire	3,133333333	26,966666667
GENSCH	MRAC	8800	Rungu		upper Uele	Zaire	3,250000000	27,950000000
GENSCH	MRAC	17706	Bambesa			Zaire	3,383333333	25,783333333
GENSCH	MRAC	19797		near Gangala na Bodio		Zaire	3,666666667	29,150000000
GENSCH	MRAC	37051		Garamba N.P.	Bagbele region	Zaire	4,083333333	29,416666667
GENSCH	IRSNB	21279	Bagbele	Garamba N.P.	Uele	Zaire	4,333333333	29,250000000
GENSCH	MRAC	5965			NE Uele	Zaire	4,416666667	27,233333333
GENSCH	BMNH		Semnio ("Semmio")			Zaire	5,050000000	25,116666667
GENSER	MFNB	18991	Moloundou			Cameroon	2,050000000	15,233333333

GENSER	BMNH		Efulen	Bulu contry		Cameroon	2,766666667	10,700000000
GENSER	MFNB	18318	Sangmelima			Cameroon	2,933333333	11,966666667
GENSER	MFNB	18980	Bipindi			Cameroon	3,100000000	10,500000000
GENSER	MFNB	18962	Bipindi yard			Cameroon	3,100000000	10,500000000
GENSER	MFNB	18944	Lolodorf			Cameroon	3,283333333	10,833333333
GENSER	MFNB	19340	Témo ("posten")	Lobo - Mundung		Cameroon	3,500000000	12,583333333
GENSER	MFNB	19336		Yaoundé district	Nyong river	Cameroon	3,516666667	11,500000000
GENSER	MFNB	18986	Akonolinga			Cameroon	3,766666667	12,283333333
GENSER	MFNB	18554	Edéa ("ubber")			Cameroon	3,783333333	10,216666667
GENSER	MFNB	48395	Song Ndong station	Edéa		Cameroon	3,833333333	10,250000000
GENSER	MFNB	18974	Yaoundé			Cameroon	3,850000000	11,516666667
GENSER	MFNB	18946		Lobo - Mandung		Cameroon	3,900000000	11,233333333
GENSER	MFNB	19048	Victoria			Cameroon	4,016666667	9,200000000
GENSER	MFNB	68974	Douala			Cameroon	4,066666667	9,716666667
GENSER	MFNB	18985	Doumé			Cameroon	4,216666667	13,500000000
GENSER	MFNB	19043	Barombi			Cameroon	4,566666667	9,333333333
GENSER	MFNB	17812	Mundame			Cameroon	4,566666667	9,516666667
GENSER	MFNB	18947	Ngamba ("Ngumba")			Cameroon	4,816666667	12,533333333
GENSER	MFNB	18995	Basho			Cameroon	6,133333333	9,433333333
GENSER	MRAC		Moloukou			Central African Republic	3,750000000	17,516666667
GENSER	MNHN	1966-57	Boukoko			Central African Republic	3,900000000	17,933333333
GENSER	MRAC		Bambio			Central African Republic	3,916666667	16,950000000
GENSER	MRAC		Bolondo ("Balando")			Central African Republic	3,950000000	16,783333333
GENSER	MNHN	1970-18	Boboua (Bondara village)	La Maboké		Central African Republic	5,283333333	17,283333333
GENSER	MNHN	1892-2046		upper Kemo river		Central African Republic	6,333333333	19,816666667
GENSER	MNHN	1947-842		between Dolisie and Brazzaville		Congo	-4,300000000	14,166666667
GENSER	MNHN	2001-1157		Léfini Faunal Reserve		Congo	-2,783333333	15,383333333
GENSER	BMNH			Como river		Congo	0,250000000	10,183333333
GENSER	MFNB	19742	Mayumba			Gabon	-3,433333333	10,650000000
GENSER	BMNH		Neumbedouma	Aggebbe Lake		Gabon	-0,933333333	10,016666667
GENSER	MNHN	1959-184	Lastourville			Gabon	-0,833333333	12,683333333
GENSER	MNHN	1854-1275 [433]				Gabon	-0,600000000	11,566666667
GENSER	MNHN	2001-339 [435]				Gabon	-0,600000000	11,566666667
GENSER	MNHN	1853-286 [436]				Gabon	-0,600000000	11,566666667
GENSER	MNHN	1970-390	Makokou			Gabon	0,633333333	12,783333333
GENSER	MNHN	1947-20	Mekambo			Gabon	1,000000000	13,933333333
GENSER	BMNH			Mt. Kenya		Kenya	-0,166666667	37,166666667
GENSER	MFNB	40476	Elgon station ("umgebung der schwedischen")	bei Kitale		Kenya	1,100000000	34,816666667
GENSER	MFNB	19189	Mikindani			Tanzania	-10,266666667	40,083333333
GENSER	MFNB	19300	Irangi	Kondoa		Tanzania	-8,800000000	35,650000000
GENSER	BMNH	33.8.1.20	Dabaga ("Daboga")			Tanzania	-8,116666667	35,916666667
GENSER	MNHN	1892-1211	Mandera		"Zanzibar"	Tanzania	-6,666666667	39,050000000
GENSER	MRAC	97047M0001	Kitogani		Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,283333333	39,433333333
GENSER	MFNB	19557	Umba Ebene	Nasi, Usambara		Tanzania	-4,700000000	38,283333333

GENSER	BMNH			Ruwenzori East		Uganda	0,416666667	30,233333333
GENSER	MFNB	19587	Kianyamwanga	Semliki river		Uganda	1,200000000	31,800000000
GENSER	BMNH			Mt. Elgon		Uganda	1,266666667	34,733333333
GENSER	BMNH	30.12.2.3	Arugot	Mt. Elgon, NE slopes		Uganda	1,333333333	34,716666667
GENSER	BMNH		Nebbi ("Ntebbi")			Uganda	2,483333333	31,083333333
GENSER	MRAC		Elisabethville			Zaire	-11,683333333	27,483333333
GENSER	MRAC		Kitobwe ("Kitobe")			Zaire	-8,016666667	26,600000000
GENSER	MRAC		Luluabourg			Zaire	-5,883333333	22,433333333
GENSER	MRAC		Makaia N'tete			Zaire	-5,550000000	13,033333333
GENSER	MRAC		Kindambi	Mayumbe		Zaire	-5,100000000	18,233333333
GENSER	MRAC			Mayombe		Zaire	-4,983333333	12,900000000
GENSER	MRAC		Inkongo			Zaire	-4,916666667	23,250000000
GENSER	MRAC		Leverville			Zaire	-4,833333333	18,716666667
GENSER	MRAC		Kinshasa (= "Léopoldville")			Zaire	-4,300000000	15,300000000
GENSER	MRAC		Olenge ("Okenge")			Zaire	-4,100000000	19,133333333
GENSER	MRAC		Bene Dibele			Zaire	-4,100000000	22,816666667
GENSER	MRAC		Baraka			Zaire	-4,083333333	29,083333333
GENSER	MRAC		Nyombo			Zaire	-3,883333333	27,416666667
GENSER	MRAC		Komi	Lodja		Zaire	-3,566666667	23,266666667
GENSER	MRAC		Lodja			Zaire	-3,500000000	23,550000000
GENSER	MRAC		Milanga			Zaire	-3,400000000	28,466666667
GENSER	MRAC		Sange	Itombwe foothills		Zaire	-3,083333333	29,116666667
GENSER	MRAC	17546	Mushie	Bompeso		Zaire	-3,016666667	16,916666667
GENSER	MRAC		Mushie	Ibole		Zaire	-3,016666667	16,916666667
GENSER	MRAC		Mulungu			Zaire	-2,316666667	28,800000000
GENSER	MRAC		Bolobo	near Mankakati		Zaire	-2,150000000	16,233333333
GENSER	MRAC		Kunungu			Zaire	-2,100000000	16,433333333
GENSER	IRSNB	12904	Bunyakiri ("Bania Kyri (Kahusi)")	Butahu river, Virunga N.P. ("Albert N.P.)	Kivu	Zaire	-2,083333333	28,566666667
GENSER	MRAC		Katashola	Kalehe		Zaire	-2,066666667	28,883333333
GENSER	MRAC			Kivu Lake region		Zaire	-2,050000000	28,883333333
GENSER	MRAC		Mongala	Butembo region		Zaire	-1,833333333	16,850000000
GENSER	IRSNB	4656	Nyarusambo	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,466666667	29,033333333
GENSER	MRAC		Mutongo	Walikale territory		Zaire	-1,416666667	28,050000000
GENSER	MRAC		Masisi			Zaire	-1,416666667	28,833333333
GENSER	MRAC		Lulenga			Zaire	-1,416666667	29,366666667
GENSER	MRAC		Kabongola			Zaire	-1,400000000	26,866666667
GENSER	MRAC		Ngesho			Zaire	-1,283333333	29,116666667
GENSER	MRAC		Limi (Lubale)			Zaire	-1,250000000	22,966666667
GENSER	MRAC		Biruwe			Zaire	-1,183333333	27,650000000
GENSER	MRAC		Kivumvuri	near Rutshuru		Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENSER	IRSNB	33457	Rutshuru	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENSER	IRSNB	21510	Rutshuru	Albert N.P.	Kivu	Zaire	-1,183333333	29,450000000
GENSER	IRSNB	4657	Nyiragongo volcano	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-1,083333333	29,050000000
GENSER	MNHN	1973-54	Tondo (= Tondu)	Lake Toumba		Zaire	-0,883333333	18,150000000
GENSER	MRAC		Lutunguru			Zaire	-0,466666667	28,816666667
GENSER	MRAC		Mohanga	Butembo region		Zaire	-0,416666667	28,900000000
GENSER	MRAC		Flandria			Zaire	-0,383333333	19,083333333
GENSER	IRSNB	4658	Alimbongo	Virunga N.P. ("Albert N.P.")	Kivu	Zaire	-0,366666667	29,150000000
GENSER	MRAC		Lundjulu			Zaire	-0,333333333	28,600000000
GENSER	MRAC		Angumu			Zaire	-0,166666667	27,700000000
GENSER	MRAC		Bokuma			Zaire	-0,100000000	18,683333333

GENSER	MRAC		Amadjabe			Zaire	-0,066666667	25,283333333
GENSER	MRAC		Bamanya			Zaire	0,016666667	18,400000000
GENSER	MRAC		Yokamba	10 km S equator		Zaire	0,016666667	22,283333333
GENSER	MRAC		Eala			Zaire	0,066666667	18,300000000
GENSER	MRAC		Malinde ("Melende")	Butembo region		Zaire	0,116666667	29,233333333
GENSER	MRAC		Kakange	Butembo region		Zaire	0,133333333	29,283333333
GENSER	MRAC		Butembo			Zaire	0,150000000	29,300000000
GENSER	MRAC		Vuhovi	Semliki foothills, Butembo region		Zaire	0,150000000	29,400000000
GENSER	MRAC		Mutsora	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")		Zaire	0,316666667	29,750000000
GENSER	MRAC		Nyamwamba			Zaire	0,333333333	29,483333333
GENSER	MRAC		Zambo			Zaire	0,333333333	29,500000000
GENSER	MRAC		Kalonge	North Sector, Albert N.P.		Zaire	0,333333333	29,800000000
GENSER	IRSNB	17317		Kalonge ("Mt. Kalonge"), Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,333333333	29,800000000
GENSER	MRAC		Manguredjipa	Butembo region		Zaire	0,350000000	28,733333333
GENSER	IRSNB	17318		Butahu river, Albert N.P.	Kivu	Zaire	0,350000000	29,783333333
GENSER	MRAC		Ituri road, km 42			Zaire	0,466666667	25,550000000
GENSER	MRAC		Lubena	Butembo region		Zaire	0,483333333	29,116666667
GENSER	BMNH		Beni (= "Beni Cartoushi")			Zaire	0,483333333	29,483333333
GENSER	IRSNB	12853		E bank of Lusilube, foot of Ruwenzori (Mwenda region), Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,500000000	29,666666667
GENSER	MRAC			Mobissio road		Zaire	0,583333333	28,783333333
GENSER	MRAC		Alima			Zaire	0,583333333	29,300000000
GENSER	MRAC		Moera			Zaire	0,650000000	29,500000000
GENSER	MRAC		Bafwaboli ("Bafwadodi")			Zaire	0,666666667	26,116666667
GENSER	IRSNB	17319		Musabaki river, N sector of Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Kivu	Zaire	0,666666667	29,716666667
GENSER	IRSNB	12788	Yangambi	Stanleyville district		Zaire	0,766666667	24,450000000
GENSER	IRSNB	7846	Teturi	Kibali - Ituri		Zaire	1,050000000	29,150000000
GENSER	BMNH			20 miles W of Mboga (Mbonga ? Mgoda ?)	E Ituri	Zaire	1,050000000	29,716666667
GENSER	MRAC		Avakubi			Zaire	1,333333333	27,566666667
GENSER	MRAC		25 km W Irumu	Ituri forest		Zaire	1,383333333	28,633333333
GENSER	MNHN	1962-991	Irumu	Ituri		Zaire	1,533333333	29,850000000
GENSER	MRAC		Banalia	Ituri		Zaire	1,550000000	25,383333333
GENSER	MRAC		Blukwa			Zaire	1,750000000	30,633333333
GENSER	MRAC		Panga	Aruwimi river		Zaire	1,866666667	26,383333333
GENSER	MRAC		Lisala	Bumba, Libembo		Zaire	2,133333333	21,616666667
GENSER	MRAC		Wamba			Zaire	2,133333333	28,000000000
GENSER	IRSNB	13030	Madjalanga	Ubangi		Zaire	2,216666667	21,650000000
GENSER	MRAC		Niapu			Zaire	2,416666667	26,516666667
GENSER	MRAC		Medjé			Zaire	2,416666667	27,300000000
GENSER	MRAC		Arebi ("bondo mabe")	upper Uele		Zaire	2,783333333	29,583333333
GENSER	MRAC		Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
GENSER	MRAC		Bomboka	near Kyandolire		Zaire	2,833333333	19,016666667
GENSER	MRAC		Koteli	lower Uele		Zaire	2,850000000	24,566666667
GENSER	MRAC		Poko			Zaire	3,133333333	26,966666667
GENSER	MRAC			5 km left bank of Bondo river		Zaire	3,783333333	23,633333333
GENSER	MRAC		Molegbe (St. Antoine)		Ubangi	Zaire	4,200000000	20,883333333
GENSER	MRAC		Tukpo ("Tukpwo")			Zaire	4,416666667	22,866666667
GENSER	IRSNB	13031	Yoko	via Kole, Kasaï District		Zaire	5,483333333	12,316666667

GENTHI	MNHN	1911-856	Agouagon ("Agouajan")		Dahomey	Benin	7,983333333	2,283333333
GENTHI	MNHN	1970-294	Bobo Dioulasso			Burkina Faso	11,183333333	-4,300000000
GENTHI	MRAC	76014M0086	Bimba			Cameroon	4,166666667	14,116666667
GENTHI	MRAC	76014M0085	Koum			Cameroon	8,383333333	14,516666667
GENTHI	MNHN	1965-329			N Cameroon	Cameroon	9,266666667	13,716666667
GENTHI	BMNH	1981.259	Yundum			Gambia	13,383333333	-16,700000000
GENTHI	BMNH	75.2386				Gambia	13,583333333	-15,366666667
GENTHI	BMNH	35.1.30.51	Ejura	Ashanti division		Ghana	7,383333333	-1,350000000
GENTHI	BMNH	69.1242		Mole N.P.	Northern region	Ghana	9,633333333	-1,800000000
GENTHI	MNHN	1913-407				Guinea	10,533333333	-10,516666667
GENTHI	MNHN	1982-792	Lamto (?)			Ivory Coast	6,500000000	-5,050000000
GENTHI	MNHN	1911-831	Bouaké			Ivory Coast	7,700000000	-5,000000000
GENTHI	MNHN	2000-345	Balangougo			Mali	12,316666667	-8,133333333
GENTHI	BMNH	56.235	Petico - Zo area, 15 miles NW	15 miles NE of Lau	Wukrum Hills	Nigeria	9,333333333	11,366666667
GENTHI	MNHN	1977-692	Bara ("Baria")			Senegal	12,433333333	-12,200000000
GENTHI	MNHN	1977-697	Kédougou			Senegal	12,550000000	-12,166666667
GENTHI	ZFMK	76124	Bémète Diatakounda ("Diattacounda")			Senegal	12,700000000	-15,983333333
GENTHI	MNHN	1952-4				Senegal	13,966666667	-14,283333333
GENTHI	MNHN	1983-715 [444]				Senegal	13,966666667	-14,283333333
GENTHI	MFNB	19040	Thiès			Senegal	14,800000000	-16,933333333
GENTHI	BMNH	19.7.7.3750	Bakel		N Senegal	Senegal	14,900000000	-12,450000000
GENTHI	MNHN	1977-683	Saboya	near Touré		Senegal	15,016666667	-16,300000000
GENTHI	BMNH	46.865	Rokupr			Sierra Leone	8,666666667	-12,383333333
GENTHI	MNHN	1950-275	19 km N Lomé			Togo	6,300000000	1,216666667
GENTHI	MNHN	1950-268	4 km N Sagada			Togo	7,083333333	1,500000000
GENTHI	MRAC	73009M0066	Aledjo ("al kadara")			Togo	9,250000000	1,200000000
GENTHI	MNHN	1950-269	Naware	Bassari		Togo	9,616666667	0,633333333
GENTHI	MRAC	73009M0065	Nanergou			Togo	10,916666667	0,150000000
GENTHI	MFNB	19015	Borgou (?)			Togo	11,300000000	1,083333333
GENTIG	IRSNB	971		Cape of Good Hope		South Africa	-34,233333333	18,416666667
GENTIG	BMNH	5.5.7.39	Knysna			South Africa	-34,033333333	23,050000000
GENTIG	BMNH	37.9.26.127	Wymberg	Cape Town		South Africa	-34,000000000	18,466666667
GENTIG	MFNB	37408	Port Elizabeth			South Africa	-33,983333333	25,600000000
GENTIG	BMNH	95.9.3.5	Rondebosch	near Cape Town		South Africa	-33,966666667	18,466666667
GENTIG	RMNH	34641		Cape		South Africa	-33,833333333	18,750000000
GENTIG	MFNB	1100		Sondags river		South Africa	-33,700000000	25,783333333
GENTIG	BMNH	77.10.12.5	King Williams' town			South Africa	-32,883333333	27,383333333
GENTIG	MFNB	19701			Pondoland	South Africa	-31,016666667	29,950000000
GENTIG	NM	1527		Oribi Gorge		South Africa	-30,700000000	30,233333333
GENTIG	NM	1712	Donnybrook			South Africa	-29,933333333	29,866666667
GENTIG	NM	1603	Underberg			South Africa	-29,783333333	29,500000000
GENTIGhybrid	BMNH	35.9.1.162	Cathcart	Eastern Cape Province		South Africa	-32,283333333	27,133333333
GENTIGhybrid	DNSM	3335	Umdoni Park ("15 Umdoni Road")	New Germany		South Africa	-30,400000000	30,683333333
GENTIGhybrid	NM	1720	7 miles W of Highflats			South Africa	-30,250000000	30,200000000
GENTIGhybrid	NM	1990	Umgeni Valley Game Ranch			South Africa	-29,483333333	30,333333333
GENTIGhybrid	DNSM	2055		Royal Natal N.P.		South Africa	-28,666666667	28,916666667
GENVIC	MRAC	27527	Kakanga			Zaire	-7,516666667	26,383333333
GENVIC	MRAC	25964	Mukulu			Zaire	-5,550000000	19,300000000
GENVIC	MRAC	20726	Kamituga	Kivu		Zaire	-3,016666667	28,166666667
GENVIC	MRAC	28379	Irangi			Zaire	-1,900000000	28,450000000
GENVIC	IRSNB	21467		Lake Kivu	Virunga N.P. (= "Albert	Zaire	-1,600000000	29,083333333

					N.P.")			
GENVIC	IRSNB	12998	Walikale ("Walakali Velé")	Kivu	Virunga N.P. (= "Albert N.P.")	Zaire	-1,416666667	28,050000000
GENVIC	BMNH	30.11.11.208	Aluta	W of Beni		Zaire	-1,233333333	26,216666667
GENVIC	MRAC	18932		S region of Mbingi, Luhule river, and near Mohanga		Zaire	-1,183333333	28,450000000
GENVIC	MRAC	9823	Lubero	N Ituri		Zaire	-0,150000000	29,216666667
GENVIC	BMNH	1.8.9.29		near Lupangalas, 10 miles W of Beni	Ituri forest	Zaire	0,100000000	29,000000000
GENVIC	MRAC	17871	Vuhovi	Semliki foothills		Zaire	0,150000000	29,400000000
GENVIC	MRAC	3271	Zambo			Zaire	0,333333333	29,500000000
GENVIC	MRAC	18351	Zacharia	Butembo region		Zaire	0,400000000	28,866666667
GENVIC	MRAC	22291	Banguru	via Bafwasende		Zaire	0,450000000	27,283333333
GENVIC	MRAC	18341	Lubena			Zaire	0,483333333	29,116666667
GENVIC	MFNB	19531	Beni (= "Beni Cartoushi")			Zaire	0,483333333	29,483333333
GENVIC	MRAC	19891	Bilolo			Zaire	0,533333333	28,800000000
GENVIC	MRAC	1573	Pilipili	Stanleyville district		Zaire	0,550000000	27,733333333
GENVIC	MRAC	20739	Mobisio	Butembo region		Zaire	0,583333333	28,783333333
GENVIC	MRAC	28545	Lukala	Alima		Zaire	0,583333333	29,300000000
GENVIC	MRAC	3443	Moera	Beni		Zaire	0,650000000	29,500000000
GENVIC	MRAC	1576	Boyulu			Zaire	1,016666667	27,100000000
GENVIC	MRAC	2110	Mawambi			Zaire	1,066666667	28,583333333
GENVIC	MRAC	14839	Basoko			Zaire	1,233333333	23,600000000
GENVIC	MRAC	12076	Penghe			Zaire	1,300000000	28,583333333
GENVIC	BMNH	7.1.2.3	Avakubi	Ituri forest		Zaire	1,333333333	27,566666667
GENVIC	MRAC	22848	Irumu			Zaire	1,533333333	29,850000000
GENVIC	MRAC	692	Banalia	Ituri		Zaire	1,550000000	25,383333333
GENVIC	MRAC	656	Makanozu ("Makanoju")			Zaire	1,600000000	19,133333333
GENVIC	MRAC	625	Popoie			Zaire	1,816666667	25,916666667
GENVIC	BMNH	30.11.11.210	Fataki	N Beni		Zaire	2,000000000	30,583333333
GENVIC	MRAC	18466	Wamba	Ebiani river region		Zaire	2,133333333	28,000000000
GENVIC	MRAC	18239	Madjalanga	Lisala		Zaire	2,216666667	21,650000000
GENVIC	MRAC	12298	Niapu			Zaire	2,416666667	26,516666667
GENVIC	MRAC	18597	Medjé			Zaire	2,416666667	27,300000000
GENVIC	MRAC	17258	Buta			Zaire	2,816666667	24,833333333
GENVIC	MRAC	8334	Koteli	lower Uele		Zaire	2,850000000	24,566666667
GENPIS	MRAC	31671 [1150]	Katshungu			Zaire	-2,450000000	27,383333333
GENPIS	MRAC	88047M0067	Lubutu, km 217			Zaire	-0,333333333	26,083333333
GENPIS	MRAC	87068M0002		Kisangani - Lubutu road, from km 162 to km 189		Zaire	-0,333333333	26,083333333
GENPIS	MRAC	18237	Butembo	Manguredjipa		Zaire	0,150000000	29,300000000
GENPIS	MRAC	86033M0001	km 64, Ituri road			Zaire	0,500000000	25,733333333
GENPIS	IRSNB	21007	Nia Nia	Kisangani	Upper Zaire	Zaire	0,500000000	25,750000000
GENPIS	MRAC	87068M0001		Nia Nia - Kisangani road	Enano and Uma rivers	Zaire	0,500000000	25,750000000
GENPIS	MRAC	30844	Epulu			Zaire	1,383333333	28,500000000
GENPIS	MRAC	28889	Lisala			Zaire	2,133333333	21,616666667
POILEI	MRAC	75030M0027	Doyeah Town	Grand Gedeh county		Liberia	5,066666667	-8,066666667
POILEI	BMNH	39.729		Cavally river	E Liberia	Liberia	5,266666667	-7,466666667
POILEI	BMNH	8.8.23.2		Cavally river	NE Liberia	Liberia	5,266666667	-7,466666667
POIRIC	MFNB	69002	Alen			Cameroon	2,366666667	10,583333333
POIRIC	BMNH	23.1.22.42	Bitye			Cameroon	3,166666667	12,333333333
POIRIC	MFNB	47991	Lolodorf			Cameroon	3,283333333	10,833333333

POIRIC	MNHN	2000-370	Maleuleu ("Malélé")	near Ekom village	Dja Reserve	Cameroon	3,333333333	12,966666667
POIRIC	MFNB	69004	Lobo ("Lobomundung"; "mundung" = delta)		S Cameroon	Cameroon	3,900000000	11,233333333
POIRIC	MFNB	19749 / 19748	Buea			Cameroon	4,150000000	9,216666667
POIRIC	MFNB	69003	Sanga	Ngoko river		Cameroon	5,683333333	14,550000000
POIRIC	MNHN	2000-369	Salo 2	right bank of Shanga river		Central African Republic	3,166666667	16,050000000
POIRIC	MRAC	93091M0001		N'gotto forest		Central African Republic	4,033333333	17,350000000
POIRIC	BMNH	98.3.19.11		Benito river, 15 miles from mouth		Equatorial Guinea	1,516666667	9,866666667
POIRIC	BMNH	1.11.21.7		near Benito river, 25 miles from sea		Equatorial Guinea	1,566666667	9,883333333
POIRIC	BMNH	1988.96	Bubi Town	Banterbe(u)ri forest	Bioko Isl. (= "Fernando Po")	Equatorial Guinea	3,216666667	8,400000000
POIRIC	ZFMK	64458	S Cordillere	S Moca	Bioko Isl. (= "Fernando Po")	Equatorial Guinea	3,316666667	8,666666667
POIRIC	ZFMK	64459	30 miles N Urekd ("Ureca")		Bioko Isl. (= "Fernando Po")	Equatorial Guinea	3,350000000	8,583333333
POIRIC	ZFMK	64460	Finca St. Elena	Balacha de Concepcion ("bei Concepcion")	Bioko Isl. (= "Fernando Po")	Equatorial Guinea	3,400000000	8,716666667
POIRIC	ZFMK	69109	Parador de Musola ("Parador"), San Carlos road	N Moca	Bioko Isl. (= "Fernando Po")	Equatorial Guinea	3,416666667	8,650000000
POIRIC	BMNH	42.10.18.1			Bioko Isl.	Equatorial Guinea	3,500000000	8,683333333
POIRIC	MNHN	1958-777	Lastourville			Gabon	-0,833333333	12,683333333
POIRIC	MNHN	1947-18	Kango (3rd canton)	estuary		Gabon	0,166666667	10,150000000
POIRIC	MNHN	1976-389	Makokou			Gabon	0,633333333	12,783333333
POIRIC	MRAC	16121	Kindombe ("Kindambé")	Mayombe		Zaire	-5,116666667	14,416666667
POIRIC	MRAC	15380	Inkongo	Sankuru river		Zaire	-4,916666667	23,250000000
POIRIC	MRAC	18323	Edje ("Eje")	Butembo region		Zaire	-4,516666667	24,783333333
POIRIC	MRAC	10499	Komi	Lodja territory		Zaire	-3,566666667	23,266666667
POIRIC	MRAC	15570		Lubongola region (forest)		Zaire	-2,616666667	27,900000000
POIRIC	MRAC	90042M0367		Bukavu region		Zaire	-2,500000000	28,866666667
POIRIC	ZFMK	69925	Irangi		Kivu	Zaire	-1,900000000	28,450000000
POIRIC	MRAC	21867	Kavumu - Walikae road, km 82			Zaire	-1,833333333	28,416666667
POIRIC	MRAC	17925	Ikela			Zaire	-1,100000000	23,100000000
POIRIC	MRAC	19684	Lutunguru			Zaire	-0,466666667	28,816666667
POIRIC	MRAC	21646	Lundjulu			Zaire	-0,333333333	28,600000000
POIRIC	MRAC	20557	Bokuma	Bongale		Zaire	-0,100000000	18,683333333
POIRIC	MRAC	18321		Butembo region		Zaire	0,133333333	29,283333333
POIRIC	MRAC	18329	Kanzoke ("Konzoda")	Butembo region		Zaire	0,250000000	29,016666667
POIRIC	MRAC	18330	Ombole	Butembo region		Zaire	0,283333333	28,616666667
POIRIC	MRAC	18322	Manguredjipa	Butembo region		Zaire	0,350000000	28,733333333
POIRIC	MRAC	90042M0368	km 42, study area			Zaire	0,466666667	25,550000000
POIRIC	IRSNB	21465	Banzingi	near Maginda river, Virunga N.P. ("Albert N.P.)	Kivu	Zaire	0,833333333	29,916666667
POIRIC	BMNH	7.1.2.4		W Yambuya	Aruwimi river	Zaire	1,283333333	24,566666667
POIRIC	MRAC	22792		Ituri forest, W Irumu region		Zaire	1,850000000	29,966666667
POIRIC	BMNH	9.12.12.6		Loda forest ("Lodja forest")		Zaire	2,116666667	30,950000000
POIRIC	MRAC	12291	Medjé			Zaire	2,416666667	27,300000000
POIRIC	MRAC	88011M0032		Bodjoki - Bumba		Zaire	2,700000000	22,300000000

POIRIC	MRAC	19796		near Gangala-na-Bodio		Zaire	3,666666667	29,150000000
PRILIN	BMNH	85.8.1.28	Bankasun	Tenasserim		Birmania	12,100000000	98,933333333
PRILIN	BMNH	83.10.24.1	Bankasun	Tenasserim		Birmania	12,100000000	98,933333333
PRILIN	MFNB	48089		Jang Plateau	E Java	Indonesia	-7,883333333	112,616666667
PRILIN	BMNH	79.11.21.548			Java	Indonesia	-7,483333333	110,316666667
PRILIN	RMNH	34769			W Java	Indonesia	-6,816666667	107,250000000
PRILIN	BMNH	61.1273	Kajang	Selanga(u), Ulu Langat Forest Reserve	Celebes	Indonesia	-5,333333333	120,350000000
PRILIN	RMNH	34763	Pagaralam		Sumatra	Indonesia	-4,016666667	103,266666667
PRILIN	RMNH	34761	Suban Ajam (Redjang)	Bengkulu ("Bengkulen")	Sumatra	Indonesia	-3,800000000	102,250000000
PRILIN	RMNH	9842	Tanjungpandan	Belitung Isl. ("Biliton")		Indonesia	-2,750000000	107,633333333
PRILIN	RMNH	34765		Bangka Isl.		Indonesia	-2,283333333	106,066666667
PRILIN	RMNH	33550		Banka		Indonesia	-2,283333333	106,066666667
PRILIN	RMNH	34762	Lubuksampir ("Laboe Sampir ")	Barisan Mts., 700 miles Moeara Laboeh	Bovenlanden, Sumatra	Indonesia	-1,333333333	100,950000000
PRILIN	MFNB	68984	Taluk Batung		Sumatra	Indonesia	-1,000000000	100,366666667
PRILIN	RMNH	34764	Padang		Sumatra	Indonesia	-0,950000000	100,350000000
PRILIN	RMNH	reg. N° 7077	Sintang		W Borneo	Indonesia	0,083333333	111,500000000
PRILIN	RMNH	33551	Kutai N.P. ("Kutai") ("Boven Kotabangoen")		E Borneo	Indonesia	0,333333333	117,466666667
PRILIN	MFNB	37764	Sibaulangit	via Medan	N Sumatra	Indonesia	3,316666667	98,583333333
PRILIN	RMNH	33549	Peudawa	Peureula (Perlak)	Atjeh, Sumatra	Indonesia	4,950000000	97,783333333
PRILIN	BMNH	34.7.18.101	Ijok Ulu		Perak	Malaysia	1,216666667	111,533333333
PRILIN	BMNH	99.12.9.17		Mt. Dulit, Baram district	Sarawak	Malaysia	3,366666667	114,066666667
PRILIN	BMNH	86.160				Malaysia	3,700000000	102,266666667
PRILIN	BMNH	99.12.9.18		Baram district	Sarawak	Malaysia	3,783333333	114,466666667
PRILIN	BMNH	55.1602	Taiping		Perak	Malaysia	4,850000000	100,733333333
PRILIN	BMNH	0.2.4.2			Perak	Malaysia	5,250000000	101,000000000
PRILIN	BMNH	1896.6.29.4	Kinabalu			Malaysia	6,050000000	116,533333333
PRILIN	BMNH	951.23.2		Mount Kinabalu		Malaysia	6,066666667	116,600000000
PRIPAR	BMNH	12.6.30.1	Myitkyina		Burma	Birmania	25,400000000	97,416666667
PRIPAR	BMNH	50.531		Nam Tamai Valley	N Burma	Birmania	27,700000000	98,000000000
PRIPAR	MFNB	45381	Yanshan	Kuangsi (= Guangxi)		China	25,416666667	110,133333333
PRIPAR	MNHN	1896-2065	Tsékou		N Yunnan	China	26,066666667	102,683333333
PRIPAR	BMNH	79.11.21.268	Darjiling			India	27,033333333	88,333333333
PRIPAR	MFNB	55374	Gangtok		S Sikkim	India	27,333333333	88,616666667
PRIPAR	BMNH	33.7.11.3	Dikchu		Sikkim	India	27,433333333	88,666666667
PRIPAR	BMNH	33.7.11.4	Singhik		Sikkim	India	27,516666667	88,566666667
PRIPAR	BMNH	91.10.7.16	Mandilli		Sikkim	India	27,566666667	88,450000000
PRIPAR	BMNH	33.7.11.5	Chuntang		Sikkim	India	27,616666667	88,633333333
PRIPAR	BMNH	94.9.15.1	Latchung	Je(a)llap Pass	Sikkim	India	27,700000000	88,800000000
PRIPAR	MFNB	91052	Lachen		Sikkim	India	27,766666667	88,600000000
PRIPAR	BMNH	33.7.11.2	Dening	Mishmi Hills	Assam	India	28,000000000	96,283333333
PRIPAR	BMNH	26.10.4.56	Xieng Khouang			Laos	19,350000000	103,383333333
PRIPAR	BMNH	79.11.21.558				Nepal	27,883333333	84,483333333
PRIPAR	BMNH	43.1.12.10				Nepal	27,883333333	84,483333333
PRIPAR	BMNH	43.1.12.11				Nepal	27,883333333	84,483333333
PRIPAR	BMNH	43.1.12.11				Nepal	27,883333333	84,483333333
PRIPAR	RMNH	34771				Nepal	27,883333333	84,483333333
PRIPAR	MNHN	1929-425		near Hanoi	Tonkin	Vietnam	21,033333333	105,683333333
PRIPAR	BMNH	27.12.1.86	Bac Kan		Tonkin	Vietnam	22,150000000	105,833333333
PRIPAR	BMNH	25.1.1.34	Bao Ha		Tonkin	Vietnam	22,166666667	104,366666667
PRIPAR	BMNH	33.4.1.226	Cha Pa		Tonkin	Vietnam	22,333333333	103,833333333

PRIPAR	BMNH	25.1.1.33	Ngai Tcho ("Ngai-Tio")		Tonkin	Vietnam	22,583333333	103,666666667
VIVCIV	BMNH	20.1.17.3	Trivandrum (Zoo)			India	8,500000000	76,950000000
VIVCIV	BMNH	84.6.3.11			"probably S India"	India	12,416666667	77,350000000
VIVIND	MFNB	34020			Borneo	???	0,550000000	114,316666667
VIVIND	ZFMK	93387	Ghazni (bushmeat market)			Afghanistan	33,550000000	68,416666667
VIVIND	BMNH	1981.935				Afghanistan	33,833333333	66,850000000
VIVIND	BMNH			40 miles S of Pegu	Sittang river Delta	Birmania	16,833333333	96,500000000
VIVIND	BMNH	33.1.6.38	Toungoo			Birmania	18,933333333	96,433333333
VIVIND	BMNH		Belako ("Belafo")			Birmania	18,983333333	97,016666667
VIVIND	BMNH		30 miles N Toungoo			Birmania	19,283333333	96,283333333
VIVIND	BMNH			Mt. Popa		Birmania	20,916666667	95,250000000
VIVIND	BMNH		Kontha	S Chindwin		Birmania	21,800000000	96,783333333
VIVIND	BMNH		Allagappa	30 miles W of Sagaing	Burma	Birmania	21,933333333	95,483333333
VIVIND	BMNH		50 miles W Kindat	Chin Hills	N Birmania	Birmania	23,700000000	94,483333333
VIVIND	IRSNB	962	Bhamo	Kachin state		Birmania	24,266666667	97,233333333
VIVIND	MFNB	68728	Rangoon		Burma	Birmanie	16,783333333	96,166666667
VIVIND	BMNH		Kratie©			Cambodgia	12,500000000	106,050000000
VIVIND	MNHN	1971-102				Cambodia	12,650000000	104,916666667
VIVIND	BMNH	1938.9.7.25		Naochow Isl. ("Isle of Nao-Tchao")	Kwang - T'cheou - Wan	China	20,916666667	110,583333333
VIVIND	BMNH	97.3.16.1		Hong-Kong		China	22,333333333	114,166666667
VIVIND	MFNB	13565	Pingbian ("Ping-Biang")			China	22,900000000	103,650000000
VIVIND	BMNH	74g	Guangzhou (= "Canton")			China	23,133333333	113,333333333
VIVIND	MFNB	68763	Guangzhou (= "Canton")			China	23,133333333	113,333333333
VIVIND	ZFMK	50174	Kn(u)atun, 2000 miles N	Fu-Chien-p'u ("Fukien")		China	23,800000000	112,833333333
VIVIND	BMNH		Xiamen (= "Amoy")			China	24,466666667	118,083333333
VIVIND	MFNB	68761	Fumin ("Fumui")			China	25,183333333	102,533333333
VIVIND	MNHN	1912-712	Anshun ("Anshunfou")	"Sanchouen fou"		China	26,250000000	105,850000000
VIVIND	BMNH		Fuchu ("Foochow")			China	27,133333333	104,316666667
VIVIND	MNHN	1874-487		E Jiangxi ("= Kiang-si ")		China	27,616666667	116,800000000
VIVIND	MFNB	7623	Kiangtze			China	28,950000000	89,633333333
VIVIND	MFNB	67909				China	30,700000000	108,066666667
VIVIND	MFNB	68758	Hankou ("Hankau")			China	30,750000000	114,500000000
VIVIND	MFNB	68764	Kaijiang ("Kingiang")	Yangtse river		China	31,033333333	107,883333333
VIVIND	MFNB	68766	Shangai			China	31,100000000	121,366666667
VIVIND	BMNH		Nankin	S bank of Yangtse		China	32,050000000	118,766666667
VIVIND	MNHN	1913-718	Sanchuan ("Sen-Chouen")			China	33,900000000	111,416666667
VIVIND	RMNH	34812			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34809			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34811			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34810			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34808			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34816			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	RMNH	34817			Mayotte Isl.	Comores	-12,816666667	45,133333333
VIVIND	MFNB	68742			Mohéli Isls.	Comores	-12,316666667	43,733333333
VIVIND	MFNB	1091			Anjouan Isls.	Comores	-12,216666667	44,450000000
VIVIND	MNHN	1976-335	Moroni	Grande-Comore	Comores Isl.	Comores	-11,733333333	43,233333333
VIVIND	BMNH		Trivandrum	Travancore		India	8,500000000	76,950000000
VIVIND	BMNH		Benhope	Nilgiris Mts.		India	11,366666667	76,666666667
VIVIND	BMNH		Tirttamalai	Salem district		India	12,100000000	78,600000000
VIVIND	BMNH		Virarajendrapet ("Virajpet")	S Coorg		India	12,200000000	75,800000000
VIVIND	BMNH		Haleri	N Coorg		India	12,500000000	75,800000000

VIVIND	BMNH		Aiyur	Denkanikota range	N Salem	India	12,533333333	77,783333333
VIVIND	BMNH		Madras			India	13,083333333	80,300000000
VIVIND	BMNH		Koduru	Balapalli range		India	14,383333333	80,150000000
VIVIND	BMNH		Madhavaram	Vontimitta range		India	14,416666667	79,116666667
VIVIND	BMNH		Dharwar (Hubli-Dharwar?)	S Mahratta		India	15,500000000	75,066666667
VIVIND	BMNH			Mayakonda - Penta	Kurnood district	India	15,783333333	77,966666667
VIVIND	BMNH			Halgiri ("Hilgiri Hills")	S India	India	16,716666667	77,233333333
VIVIND	BMNH			5 miles from Kondagorlapenta	Palkonda Hills	India	18,600000000	83,766666667
VIVIND	BMNH		Bombay			India	18,933333333	72,850000000
VIVIND	MNHN	2001-337 [398]				India	20,466666667	78,516666667
VIVIND	BMNH		Rajkot	Kathiawar		India	22,300000000	70,800000000
VIVIND	BMNH		Sohagpur	Hoshangabad		India	22,700000000	78,200000000
VIVIND	BMNH		Sehore		C India	India	23,200000000	77,083333333
VIVIND	BMNH			Angara - Khatra	N Kamrup	India	23,416666667	86,183333333
VIVIND	BMNH		Jagodih(b)(k)	Hazaribag		India	24,000000000	85,366666667
VIVIND	BMNH		Palanpur	Gujarat		India	24,166666667	72,433333333
VIVIND	BMNH		Bahgownie	Darbhanga		India	26,150000000	85,900000000
VIVIND	BMNH		Nasirabad ("Nusserabad")	Rajputana		India	26,300000000	74,716666667
VIVIND	BMNH		Mokokchung	Naga Hills	Assam	India	26,316666667	94,516666667
VIVIND	BMNH		Haldibari		Bengal	India	26,333333333	88,783333333
VIVIND	BMNH		Mehda	Satara district		India	26,416666667	78,916666667
VIVIND	BMNH	16.7.29.50	Hasimara	Bhutan Duars		India	26,750000000	89,350000000
VIVIND	BMNH		Hasimara	Bhutan Duars		India	26,750000000	89,350000000
VIVIND	BMNH	85.8.1.27	Sambhar	Rajputana		India	26,900000000	75,183333333
VIVIND	BMNH		Bhaunrabari ("Bharnabhari")	Bhutan Duars		India	27,016666667	83,333333333
VIVIND	BMNH		Danta		Gujarat	India	27,266666667	75,283333333
VIVIND	BMNH		Sadiya		Assam	India	27,833333333	95,666666667
VIVIND	BMNH		Dagshai	Punjab		India	30,883333333	77,050000000
VIVIND	BMNH	1938.8.2.2		San - Pakwa	Morang, E Nepal Terai	India	31,616666667	78,450000000
VIVIND	BMNH		Kangra	Punjab		India	32,100000000	76,266666667
VIVIND	BMNH	23.9.1.15	Kangra	Punjab		India	32,100000000	76,266666667
VIVIND	BMNH		Jerna	Ramnagar	Kumaon U.P.	India	32,800000000	75,300000000
VIVIND	BMNH		Lombok ("Lombock")	Lombok Isl.		Indonesia	-8,516666667	116,666666667
VIVIND	MFNB	92262	Sumbawa Besar		Sumbawa	Indonesia	-8,500000000	117,433333333
VIVIND	RMNH	33932	Puger	Watangan Mountains, Besuki Distr.	Java	Indonesia	-8,366666667	113,466666667
VIVIND	RMNH	33951	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	RMNH	33955	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	RMNH	33953	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	RMNH	33952	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	RMNH	33954	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	RMNH	33947	Jembrana (= "Djembrana")		SW Bali	Indonesia	-8,366666667	114,650000000
VIVIND	IRSNB	798	Tjandikesoema		Bali	Indonesia	-8,300000000	114,516666667
VIVIND	RMNH	37173	Buleleng		Bali	Indonesia	-8,100000000	115,200000000
VIVIND	RMNH	5231	Tulungagung	Kediri	Java	Indonesia	-8,050000000	111,900000000
VIVIND	RMNH	34776	Besoeki		E Java	Indonesia	-7,733333333	113,683333333
VIVIND	RMNH	14652	Pangandaran		M Java	Indonesia	-7,683333333	108,666666667
VIVIND	BMNH	55.1606	Krian road			Indonesia	-7,400000000	112,583333333
VIVIND	BMNH	74a			Java	Indonesia	-7,383333333	109,983333333
VIVIND	RMNH	2881	Tasikmalaja		W Java	Indonesia	-7,333333333	108,216666667
VIVIND	RMNH	33925	Cibuni river (= "Tjibuni river")	Bandoeng	W Java	Indonesia	-7,316666667	106,550000000
VIVIND	RMNH	2879	Surabaya		E Java	Indonesia	-7,250000000	112,733333333

VIVIND	RMNH	none	Garut	Kampong Lampegan	W Java	Indonesia	-7,216666667	107,900000000
VIVIND	RMNH	34772	Cinyiruan-hilir ("Tjinjiroenwan")		Java	Indonesia	-7,150000000	107,550000000
VIVIND	RMNH	33996	Cepu (= "Tjepu")		M Java	Indonesia	-7,116666667	111,583333333
VIVIND	RMNH	33941	Kedung ("Kedung Halang")	Bogor	W Java	Indonesia	-7,100000000	106,850000000
VIVIND	RMNH	14653	Cibadak (= "Tjibadak")		W Java	Indonesia	-6,900000000	106,750000000
VIVIND	BMNH				Kangean Isl.	Indonesia	-6,866666667	115,366666667
VIVIND	RMNH	reg. N° 2067	Pangrango Mts. ("Pangerango")			Indonesia	-6,800000000	106,950000000
VIVIND	RMNH	15681		Gunung Pangrango Mt., Sitoe Gunung	W Java	Indonesia	-6,750000000	107,016666667
VIVIND	RMNH	33920	Tojurhalang	Mt. Salak, S Bogor	W Java	Indonesia	-6,716666667	106,733333333
VIVIND	RMNH	33959	Cirebon ("Cheribon")		W Java	Indonesia	-6,716666667	108,566666667
VIVIND	RMNH	33919		Gunung Salak Mt.	W Java	Indonesia	-6,683333333	106,716666667
VIVIND	RMNH	33940	Cimangu (= "Tjimangoe")	W Bogor	W Java	Indonesia	-6,583333333	106,766666667
VIVIND	RMNH	33942	Bogor		W Java	Indonesia	-6,583333333	106,800000000
VIVIND	RMNH	33977	Keling	N Gunung Moeria	N coast of M Java	Indonesia	-6,483333333	110,866666667
VIVIND	RMNH	33956	Keling	N Gunung Moeria	N coast of M Java	Indonesia	-6,483333333	110,866666667
VIVIND	RMNH	34800	Jakarta (= "Batavia") ("Weltevreden")		W Java	Indonesia	-6,183333333	106,833333333
VIVIND	RMNH	34783			Bawean Isl.	Indonesia	-5,783333333	112,650000000
VIVIND	RMNH	33975	Kualasimpang		NE Sumatra	Indonesia	4,283333333	98,066666667
VIVIND	RMNH	5111		Aceh region (= "Atjeh")	N Sumatra	Indonesia	4,566666667	96,716666667
VIVIND	RMNH	33968	Peureulak ("Peureula")	E Aceh region (= "Atjeh"), Perlak	N Sumatra	Indonesia	4,816666667	97,883333333
VIVIND	RMNH	33971	Peureulak ("Peureula")	E Aceh region (= "Atjeh"), Perlak	N Sumatra	Indonesia	4,816666667	97,883333333
VIVIND	MNHN	1929-397	Napè			Laos	18,300000000	105,100000000
VIVIND	MNHN	1898-1595	Manambondro	Farafanaga		Madagascar	-23,800000000	47,550000000
VIVIND	MNHN	1882-1607		Salohy forests		Madagascar	-22,600000000	47,816666667
VIVIND	MNHN	1932-3546	Ivohibe			Madagascar	-22,466666667	46,883333333
VIVIND	MNHN	1882-1602	Manakara ("Manokar")	E coast		Madagascar	-22,150000000	48,016666667
VIVIND	BMNH	48.203	6 miles E Ivohibe		SE Madagascar	Madagascar	-22,083333333	47,000000000
VIVIND	BMNH			Sihanaka forest	E Madagascar	Madagascar	-21,766666667	48,133333333
VIVIND	MFNB	44573	Amboasary	S Mandraré	prov. Fr. Dauphin, SE Madagascar	Madagascar	-21,250000000	47,100000000
VIVIND	MNHN	1882-1598	Ambodivato		E coast	Madagascar	-21,083333333	47,966666667
VIVIND	RMNH	34804	Morondava ("Mouroundawa")			Madagascar	-20,300000000	44,266666667
VIVIND	MNHN	1932-3544	Duohibe			Madagascar	-19,850000000	47,033333333
VIVIND	BMNH		Sirabe			Madagascar	-19,850000000	47,033333333
VIVIND	MNHN	1961-268	70 km from Antananarivo (= "Tananarive"), Mahajanga (= "Majunga") road			Madagascar	-18,433333333	47,150000000
VIVIND	MFNB	68748	Tamatave		E Madagascar	Madagascar	-18,166666667	49,383333333
VIVIND	RMNH	34815	Mahambo			Madagascar	-17,916666667	47,633333333
VIVIND	BMNH		Ranobe			Madagascar	-17,216666667	44,350000000
VIVIND	BMNH	48.205		near Imerimandroso	Lake Alaotra	Madagascar	-17,066666667	48,100000000
VIVIND	BMNH		Beroboka	40 miles N of Morondava	West Coast	Madagascar	-16,766666667	45,650000000
VIVIND	BMNH		Maroantsetra			Madagascar	-15,433333333	49,733333333
VIVIND	MNHN	1932-3547		two days NE of Maroantsetra		Madagascar	-15,283333333	49,866666667
VIVIND	MFNB	3781		Nossi-Bé island	N Madagascar	Madagascar	-13,333333333	48,250000000
VIVIND	RMNH	34819		Nosi Faly Isl.	Diego-Suarez Distr.	Madagascar	-13,316666667	48,466666667
VIVIND	RMNH	34807		Nosi Faly Isl.	Diego-Suarez Distr.	Madagascar	-13,316666667	48,466666667
VIVIND	BMNH	61.1268	Kampong Sungai Buloh ("Sungei Buloh, leper Settlement")	Sungei Buloh	Selangor	Malaysia	3,933333333	100,950000000
VIVIND	BMNH	79.11.21.277	Pinang	Canton®		Malaysia ? Indonesia ?	5,416666667	100,333333333

VIVIND	MFNB	2751				Nepal	27,883333333	84,483333333
VIVIND	BMNH	54.1078	Banbasa ("Banbassa")		United Provinces	Nepal	29,016666667	80,133333333
VIVIND	BMNH	4.1.19.1		Dhofar	S Oman	Oman	17,700000000	54,050000000
VIVIND	MNHN	1896-2	Mascate		("Emirats")	Oman	23,600000000	58,533333333
VIVIND	BMNH		Naudero	Larkana	Sind	Pakistan	27,666666667	68,366666667
VIVIND	BMNH			about 30 miles E of Jhang	W Pakistan	Pakistan	30,716666667	70,716666667
VIVIND	BMNH		Weligama		S Province	Sri Lanka	5,983333333	80,416666667
VIVIND	BMNH		Anasigalta	Matugama		Sri Lanka	6,516666667	80,116666667
VIVIND	BMNH			Kumbukhan Oya river ("Kumbukhan")		Sri Lanka	6,616666667	81,483333333
VIVIND	BMNH		Kandy			Sri Lanka	7,283333333	80,666666667
VIVIND	BMNH			N Kandy		Sri Lanka	7,433333333	80,600000000
VIVIND	BMNH	15.3.1.51	Maha-Oya			Sri Lanka	7,516666667	81,366666667
VIVIND	BMNH		Maha-Oya		E Province	Sri Lanka	7,516666667	81,366666667
VIVIND	BMNH	71.781	Wariyapola		NW Province	Sri Lanka	7,616666667	80,250000000
VIVIND	RMNH	33935	Palammulla			Sri Lanka	7,850000000	80,266666667
VIVIND	BMNH		Mankeni		E Province	Sri Lanka	8,016666667	81,483333333
VIVIND	BMNH		Tammannewa		NC Province	Sri Lanka	8,283333333	80,483333333
VIVIND	BMNH	94.11.22.1	Laulong	Central Mts.		Taiwan	23,750000000	121,116666667
VIVIND	BMNH		Chung-yang	S Hupeh		Taiwan	23,950000000	120,550000000
VIVIND	RMNH	20851	Pu-li			Taiwan	23,966666667	120,950000000
VIVIND	RMNH	20910	Wu-She			Taiwan	24,033333333	121,133333333
VIVIND	BMNH	64.1105	Kilima Cheche		Zanzibar Isl.	Tanzania	-6,366666667	39,466666667
VIVIND	BMNH		Kikuv(w)ajuni	Zanzibar Town		Tanzania	-6,166666667	39,183333333
VIVIND	BMNH	64.1106	Mkoani		Pemba Isl.	Tanzania	-5,366666667	39,650000000
VIVIND	MFNB	68740	Chake Chake		Pemba Isl.	Tanzania	-5,250000000	39,766666667
VIVIND	MFNB	68743		Fundu	W Pemba Isl.	Tanzania	-5,133333333	39,716666667
VIVIND	MFNB	42205	Chanthaburi ("Chantaboon")			Thailand	12,616666667	102,116666667
VIVIND	MFNB	43139	Pak Chong ("Pak Yong")			Thailand	14,700000000	101,416666667
VIVIND	MNHN	397				Thailand	15,750000000	101,000000000
VIVIND	ZFMK	2000002	Ban Na Sabaeng, Khemmerat, Amphoe	Prov. Ubon Ratchathani	NE Thailand	Thailand	16,200000000	104,333333333
VIVIND	BMNH			60 miles N Raheng	Mae Nam Wang river ("Me Wang river")	Thailand	17,250000000	99,083333333
VIVIND	BMNH		Ho Chi Minh-ville (= "Saigon")			Vietnam	10,766666667	106,716666667
VIVIND	MNHN	1982-845	Tay Ninh			Vietnam	11,350000000	106,116666667
VIVIND	BMNH		Phan Rang ("Phan Ran")			Vietnam	11,566666667	109,000000000
VIVIND	BMNH		Phurieng		N Cochinchine	Vietnam	11,600000000	107,250000000
VIVIND	BMNH		Nha Trang		Annam	Vietnam	12,250000000	109,200000000
VIVIND	BMNH		Dak To		Annam	Vietnam	14,700000000	107,850000000
VIVIND	BMNH		Thuy Ba Ha ("Thuy-Ba")	Quangtri	Annam	Vietnam	17,016666667	107,000000000
VIVIND	MNHN	1899-56	Huong-Hoa		Annam	Vietnam	20,316666667	105,983333333
VIVIND	BMNH	54.27		Mt. Bavi, near Son Tay	Tonkin	Vietnam	21,133333333	105,516666667
VIVIND	BMNH		Lang Son		Tonkin	Vietnam	21,850000000	106,766666667
VIVIND	BMNH		Cha Pa		Tonkin	Vietnam	22,333333333	103,833333333
VIVIND	BMNH		Ngai Tcho ("Ngai-Tio")		Tonkin	Vietnam	22,583333333	103,666666667
VIVIND	BMNH	1899.3.14.3	Dahamish		Socotra Isl.	Yemen	12,500000000	54,166666667
VIVIND	BMNH	99.3.14.2	Komhil	E Socotra	Socotra Isl.	Yemen	12,533333333	54,283333333
VIVMEG	BMNH	14.12.8.107	Victoria Point (Victoria Mt.)	S Tenasserim	S Burma	Birmania	11,916666667	98,983333333
VIVMEG	BMNH	32.5.4.33	Tenasserim Town	Tenasserim	S Burma	Birmania	12,100000000	98,933333333
VIVMEG	BMNH	32.5.4.34	Allagappa	30 miles W of Sagaing	Burma	Birmania	21,933333333	95,483333333
VIVMEG	BMNH	1879.11.21.624	Straits settlements		Penang	Malaysia	5,383333333	100,383333333
VIVMEG	MFNB	30405			a.d. Bahnlinie	Thailand	15,750000000	101,000000000

VIVMEG	BMNH	9.10.11.29	Nan			Thailand	18,783333333	100,766666667
VIVMEG	BMNH	1878.6.17.11	Ho Chi Minh-ville (= "Saigon")		S Cochinchine	Vietnam	10,766666667	106,716666667
VIVMEG	BMNH	28.7.1.38	Tay Ninh		Cochinchine	Vietnam	11,350000000	106,116666667
VIVMEG	BMNH	1906.11.6.7	Nambar	near Nha Trang	Annam	Vietnam	12,250000000	109,200000000
VIVTAN	MFNB	83470	Makasar		Java	Indonesia	-6,266666667	106,850000000
VIVTAN	RMNH	34832		Jakarta (= "Amboine")		Indonesia	-6,183333333	106,833333333
VIVTAN	RMNH	34838	Peleihari		Borneo	Indonesia	-3,800000000	114,750000000
VIVTAN	RMNH	20729	Hitu-... ("Hitoe")	Ambon		Indonesia	-3,600000000	128,166666667
VIVTAN	BMNH	1922.8.26.7		Buru Isl.	Mollucas	Indonesia	-3,400000000	126,633333333
VIVTAN	RMNH	34846			Seram Isl.	Indonesia	-3,100000000	129,316666667
VIVTAN	MFNB	83452		Seram Isl.		Indonesia	-3,083333333	129,400000000
VIVTAN	BMNH	40.383	Malabo	Quarles Mt.	C Celebes	Indonesia	-3,033333333	119,300000000
VIVTAN	ZFMK	3946	Kumai ("Koemai")		SW Borneo	Indonesia	-2,750000000	111,716666667
VIVTAN	RMNH	34826	Tengaleng (Tinggalong)	Bangka Isl.		Indonesia	-2,283333333	106,066666667
VIVTAN	RMNH	33980		Bangka Isl.		Indonesia	-2,283333333	106,066666667
VIVTAN	RMNH	2412			Celebes	Indonesia	-2,266666667	120,500000000
VIVTAN	BMNH	80.839	Torro	Kulawi	C Celebes	Indonesia	-1,450000000	119,983333333
VIVTAN	MFNB	83462	Telukbatung ("Telok Betong")		Sumatra	Indonesia	-1,383333333	100,600000000
VIVTAN	MFNB	83473	Sintang		Borneo	Indonesia	0,083333333	111,500000000
VIVTAN	RMNH	34857			Sumatra	Indonesia	0,416666667	101,366666667
VIVTAN	MFNB	83471	Gorontalo		Celebes	Indonesia	0,550000000	123,066666667
VIVTAN	RMNH	34828		Halmahera Isl.		Indonesia	0,650000000	127,983333333
VIVTAN	RMNH	12437	Roema Mano(u)eal	Mt. Kenepai	Borneo	Indonesia	0,700000000	111,733333333
VIVTAN	RMNH	34844	Ternate			Indonesia	0,783333333	127,366666667
VIVTAN	BMNH			mainland opposite of Labuan	B.N.B.	Indonesia	1,000000000	118,816666667
VIVTAN	RMNH	12441	Pulau (= "Poelow")	Sibau river (= "Sibow River"), tributary of upper Kapuas river	Borneo	Indonesia	1,500000000	112,500000000
VIVTAN	RMNH	34843	Manado		Celebes	Indonesia	1,500000000	124,833333333
VIVTAN	RMNH	34840		Siau Isl. (= "Siao")	Sangihe Archipelago, N Celebes	Indonesia	2,750000000	125,383333333
VIVTAN	MNHN	1959-258		Upper Bahau	NE Borneo	Indonesia	3,033333333	115,833333333
VIVTAN	MNHN	377		Sangihe Isl. ("Sanghir")		Indonesia	3,566666667	125,533333333
VIVTAN	BMNH	1939.1759		Mt. Ranai	Natuna Isl.	Indonesia	3,966666667	108,350000000
VIVTAN	MFNB	83469	Lampin ("Lampit")		Borneo	Malaysia	1,000000000	111,533333333
VIVTAN	BMNH	55.741	Sungei Pelandok	Paku	Sarebas, Sarawak	Malaysia	1,033333333	111,583333333
VIVTAN	BMNH	51.190	Kalulongor	Belaga	Borneo	Malaysia	2,700000000	113,766666667
VIVTAN	BMNH			Mt. Dulit, Baram district	Sarawak	Malaysia	3,366666667	114,066666667
VIVTAN	MFNB	83475		Baram river	Sarawak	Malaysia	3,783333333	114,466666667
VIVTAN	BMNH		Mile 12, N Kalabakan		N Borneo	Malaysia	4,533333333	117,516666667
VIVTAN	MFNB	83463		Darvel Bay	N Borneo	Malaysia	4,900000000	118,150000000
VIVTAN	MFNB	83460	Lahad Datu ("La Datu")		Borneo	Malaysia	5,033333333	118,333333333
VIVTAN	BMNH	49.437	Batu Puteh	Pulau - Langkawi		Malaysia	5,416666667	117,916666667
VIVTAN	MFNB	83474	Teluk Marudu Bay ("Maruda Bay")		Borneo	Malaysia	6,733333333	116,983333333
VIVTAN	MFNB	5504	Zamboanga	Mindanao Isl.		Philippines	6,916666667	122,066666667
VIVTAN	MNHN	1884-11	Jingaron	Puerto Princesa	Parawan Isl.	Philippines	9,750000000	118,733333333
VIVTAN	BMNH	1842.2.15.243			Negros Isl.	Philippines	10,000000000	122,000000000
VIVTAN	MFNB	5450		Guimaras Isl.	Panay Isl.	Philippines	10,600000000	122,583333333
VIVTAN	MFNB	2752	Catbalogan	Samar Isl.		Philippines	11,766666667	124,883333333
VIVTAN	RMNH	34845	Manilla			Philippines	14,616666667	120,966666667
VIVTAN	BMNH	1872.8.20.2	Luzon			Philippines	16,000000000	120,850000000
VIVTAN	MNHN	1970-369	Singapour			Singapour	1,300000000	103,850000000

VIVTAN	MNHN	1886-678				Thailand	15,750000000	101,000000000
VIVZIB	BMNH			Telom river	Pahang	Birmania	4,066666667	97,083333333
VIVZIB	BMNH		Bankachon	S Tenasserim		Birmania	12,000000000	98,933333333
VIVZIB	BMNH		Kawkareik		Tenasserim	Birmania	16,550000000	98,233333333
VIVZIB	IRSNB	954	Dint Jado	Carin Mts, NE Tounghoo (Toungoo)	Pegu	Birmania	18,933333333	96,433333333
VIVZIB	BMNH		15 miles N of Toungoo			Birmania	19,116666667	96,366666667
VIVZIB	BMNH		Pyungaung ("Pyaunggaung")	Northern Shaw States	Burma	Birmania	20,183333333	93,166666667
VIVZIB	BMNH	1914.12.8.106	Thayet	Little Tenasserim river		Birmania	20,250000000	93,066666667
VIVZIB	BMNH		Gokteik	Northern Shaw States	Burma	Birmania	22,333333333	96,900000000
VIVZIB	BMNH		Kani township	Yin jungle	S Chindwin	Birmania	22,450000000	94,866666667
VIVZIB	BMNH		Chindwin	Kabaw valley, Manipur border		Birmania	22,600000000	95,100000000
VIVZIB	BMNH	15.7.1.9	Hkamti	N Chindwin		Birmania	25,350000000	96,900000000
VIVZIB	BMNH		Kawapang	S Sumpabum	N Burma	Birmania	26,166666667	97,500000000
VIVZIB	BMNH		Htingnan	Triangle	N Burma	Birmania	26,600000000	97,866666667
VIVZIB	MFNB	36594	Tso Wan ("Tso Gok Wahn")	Hong Kong	S China	China	22,316666667	114,050000000
VIVZIB	MFNB	28553	45 "engl. Meilen Sudl." Tengxiang		Guangxi province	China	23,033333333	108,316666667
VIVZIB	ZFMK	50725	Kn(u)atun, 2000 miles N	Fu-Chien-p'u ("Fukien")		China	23,800000000	112,833333333
VIVZIB	MNHN	1904-5			Yunnan	China	24,183333333	101,816666667
VIVZIB	BMNH		Xiamen (= "Amoy")			China	24,466666667	118,083333333
VIVZIB	BMNH	11.6.1.3		40 miles of Han-Chung-Fu	Shenxi ("Shensi")	China	25,433333333	115,583333333
VIVZIB	BMNH		Tingzhou ("Tingchow")			China	25,833333333	116,350000000
VIVZIB	BMNH		Fuchu ("Foochow")			China	27,133333333	104,316666667
VIVZIB	MFNB	67946	Hing-an-Fu ? ("Hsingaufu")		Shinsi province	China	28,416666667	117,583333333
VIVZIB	MFNB	83449	Hsinganfu (Hing-an-Fu ?)		Shinsi province	China	28,416666667	117,583333333
VIVZIB	MFNB	43452	Shihuang ("Siu-Hang")		Kuangtung	China	29,533333333	120,650000000
VIVZIB	RMNH	34860	I'chang (= "Itchang")	Szechwan		China	30,716666667	111,366666667
VIVZIB	MFNB	83446	Hankou ("Hankau") (market)			China	30,750000000	114,500000000
VIVZIB	MFNB	83448	Kaijiang ("Kinkiang")	Yangtse river		China	31,033333333	107,883333333
VIVZIB	MFNB	83450	Shangai (market)			China	31,100000000	121,366666667
VIVZIB	MNHN	1962-156	Sanchuan ("San-Chouen")			China	33,900000000	111,416666667
VIVZIB	MNHN	1902-688	Longshou ("Long-Tcheou")	Konang-si province		China	35,616666667	109,300000000
VIVZIB	MNHN	1870-51	Muping ("Moupin") ("Kangding")	Sétchouan		China	37,383333333	121,583333333
VIVZIB	BMNH		Suileng ("Sui Ling")			China	47,250000000	127,100000000
VIVZIB	BMNH		Shangpung	Jaintia Hills		India	25,483333333	92,350000000
VIVZIB	BMNH		Tura	Garo Hills		India	25,516666667	90,233333333
VIVZIB	BMNH		Rajapara	S Kamrup		India	25,716666667	90,633333333
VIVZIB	BMNH		Okotso	Naga Hills		India	25,783333333	94,250000000
VIVZIB	ZFMK	6885		Garro Hills	Assam	India	26,316666667	92,383333333
VIVZIB	BMNH		Mokokchung	Naga Hills		India	26,316666667	94,516666667
VIVZIB	BMNH		Golaghat		Assam	India	26,516666667	93,966666667
VIVZIB	BMNH		Hasimara	Bhutan Duars		India	26,750000000	89,350000000
VIVZIB	BMNH		Bhaunrabari ("Bharmabhori")	Bhutan Duars		India	27,016666667	83,333333333
VIVZIB	BMNH		Batasia (Batasia Tonqhu ?)	Tongh	Darjiling	India	27,033333333	88,250000000
VIVZIB	BMNH		Golpaldhara	Darjiling		India	27,033333333	88,250000000
VIVZIB	BMNH		Narbong	Darjiling		India	27,033333333	88,266666667
VIVZIB	BMNH	43.123	Kalimpang		Sikkim	India	27,066666667	88,483333333
VIVZIB	BMNH		Rangli		Sikkim	India	27,216666667	88,700000000
VIVZIB	MFNB	91053	Gangtok		S Sikkim	India	27,333333333	88,616666667
VIVZIB	BMNH		Sadiya	Lohib Valley	Assam	India	27,833333333	95,666666667
VIVZIB	IRSNB	3597	Kerang ("Kureong")		Himalaya	India	28,033333333	88,766666667
VIVZIB	BMNH		Morang		Nepal Terai	India	31,616666667	78,450000000

VIVZIB	MFNB	2753			Java	Indonesia	-7,383333333	109,983333333
VIVZIB	MFNB	19839	Langen			Indonesia	-7,366666667	108,633333333
VIVZIB	BMNH			Mt. Ranai	Natuna Isl.	Indonesia	3,966666667	108,350000000
VIVZIB	MNHN	1929-393	Xieng Khouang ("Xien-Quang-Koo")			Laos	19,350000000	103,383333333
VIVZIB	BMNH	1903.2.6.24	Kampong Ayer Molek ("K. Malek")		Malay Peninsula	Malaysia	2,216666667	102,333333333
VIVZIB	BMNH		Rantau Panjang	Klang	Selangor	Malaysia	2,883333333	101,483333333
VIVZIB	BMNH	55.1605	Kualah Lumpur			Malaysia	3,133333333	101,700000000
VIVZIB	BMNH	55.1604	Temangoh		N Perak	Malaysia	4,833333333	100,900000000
VIVZIB	BMNH		Penang		Malay Peninsula	Malaysia	5,300000000	100,433333333
VIVZIB	BMNH	1843.1.12.23				Nepal	27,883333333	84,483333333
VIVZIB	BMNH	1843.1.12.25				Nepal	27,883333333	84,483333333
VIVZIB	RMNH	34819				Nepal	27,883333333	84,483333333
VIVZIB	BMNH		Boitary	Gorkha		Nepal	28,016666667	84,633333333
VIVZIB	BMNH		Chengli	Gorkha		Nepal	28,016666667	84,633333333
VIVZIB	BMNH	32.5.4.11	Khoplang	Gorkha ("Gorkha Zwest")	NW Nepal	Nepal	28,016666667	84,633333333
VIVZIB	BMNH		Bana®o	Bahasi ("Bahari")		Nepal	28,966666667	80,200000000
VIVZIB	BMNH		Satthar	Gorkha Zwest	NW Nepal	Nepal	29,200000000	82,616666667
VIVZIB	BMNH	49.346	Bang Nara	Pattani		Thailand	6,866666667	101,250000000
VIVZIB	MFNB	42610	Surat Thani (= "Ban Don")			Thailand	9,150000000	99,333333333
VIVZIB	BMNH	14.8.22.13			SW Thailand	Thailand	13,833333333	99,250000000
VIVZIB	BMNH			Meetaw forest	Raheng	Thailand	16,833333333	99,000000000
VIVZIB	BMNH		Me Sakerp	6 miles E of Salween river		Thailand	18,416666667	97,516666667
VIVZIB	BMNH		Chiang Maï			Thailand	18,783333333	99,000000000
VIVZIB	BMNH		Phurieng		N Cochinchine	Vietnam	11,600000000	107,250000000
VIVZIB	BMNH		Quang Hi		Annam	Vietnam	13,850000000	109,150000000
VIVZIB	BMNH		Kon Tum		Annam	Vietnam	14,350000000	108,016666667
VIVZIB	MNHN	1929-390	Dak To		Annam	Vietnam	14,700000000	107,850000000
VIVZIB	MNHN	1929-390	Dak To		Annam	Vietnam	14,700000000	107,850000000
VIVZIB	BMNH		Hoa Xuan		Annam	Vietnam	15,516666667	108,600000000
VIVZIB	BMNH			Hue ("near Hul")	Annam	Vietnam	16,466666667	107,583333333
VIVZIB	MNHN	1929-395	Lang La Vang Ta ("La-Vang")	near Quangtri	Annam	Vietnam	16,716666667	107,200000000
VIVZIB	MNHN	1929-394	8 km W of Quang Tr (= "Quang-tri")	near La-Vang	Annam	Vietnam	16,750000000	107,116666667
VIVZIB	BMNH		Thuy Ba Ha ("Thuy -Ba")	Quang(tzé)	Annam	Vietnam	17,016666667	107,000000000
VIVZIB	MFNB	83442			Tonkin	Vietnam	22,016666667	105,050000000
VIVZIB	MNHN	1929-392	Bac Kan		Tonkin	Vietnam	22,150000000	105,833333333
VIVZIB	BMNH		Bao Ha		Tonkin	Vietnam	22,166666667	104,366666667
VIVZIB	BMNH		Cha Pa		Tonkin	Vietnam	22,333333333	103,833333333

Annexe III. Liste des échantillons, pour chaque espèce, utilisés pour le séquençage du cytochrome *b* et de l'intron I de la transthyrétine. SBPUR1 = Station Biologique de Paimpont – Université de Rennes 1.

***** séquences de cytochrome *b* réalisées par G. Veron.

espèce	substrat / n° tissu	n° extraction	collecteur ou donnateur (institution) / origine	localité	cytochrome *b*	transthyrétine - Intron I
Nandinia binotata	poils / TC-15	C-42	H. Sitek (Zoo Poznan, Pologne) / Zoo Poznan	inconnue	complet	
Nandinia binotata	tissu / FM 151366	E-72	S. Goodman (Field Museum, USA) / banque ADN Field Museum	Kilimandjaro, Tanzanie	complet	
Nandinia binotata	tissu / T-111	E-112	S. Lavoué (MNHN, France) / terrain	Four Place, Gabon	complet	
Nandinia binotata	tissu / T-33	E-40	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	République d'Afrique Centrale	complet	TR-i-I: 1-869
Nandinia binotata	tissu / T-54	E-55	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Mouilla, Gabon	complet	
Nandinia binotata	tissu / T-56	E-56	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Gabon	complet	
Nandinia binotata	tissu / TC-42	C-126	J. Eger & M. Engstrom (Royal Ontario Museum, Canada) / banque ADN Royal Ontario Museum	San Pedro, Côte d'Ivoire	complet	
Cryptoprocta ferox	ADN	C-13	R. Albignac (ORSTOM, Madagascar) / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	Madagascar	complet *	TR-i-I: 513-869
Fossa fossana	ADN	C-69	B. Burgess & J. Martenson (Royal Ontario Museum, Canada) / banque ADN Lab. Genetic Diversity, Frederick, USA	Madagascar	complet *	
Paguma larvata	ADN	C-72	R. Wayne (Institute of Zoology, Royaume-Uni) / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	captivité	complet *	TR-i-I: 1-816
Paradoxurus hermaphroditus	tissu / T-2091	C-136	J. Patton / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	N Vietnam	complet *	TR-i-I: 30-816
Arctogalidia trivirgata	tissu / TC-1	C-35	G. Veron (MNHN, France) / Ménagerie du Jardin des Plantes, Paris (France)	Bornéo?	complet *	
Hemigalus derbyanus	poils / TC-9	C-40	P. Martellli (Singapore Zoological Garden, Singapour) / Singapore Zoological Garden	inconnue	complet *	
Chrotogale owstoni	poils / SH-8	C-31	S. Heard (Owston Conservation Program, Vietnam) / Zoo de Ho Chi Minh Ville (Vietnam)	inconnue	complet *	TR-i-I: 30-869
Civettictis civetta	ADN	C-68	B. Burgess & J. Martenson (Royal Ontario Museum, Canada) / banque ADN Lab. Genetic Diversity, Frederick, USA	inconnue	complet	
Civettictis civetta	tissu / FM 149356	E-71	J. Kerbis, via L. Heaney and J. Phelps (Field Museum, USA) / banque ADN Field Museum	Kibira National Park, Burundi	complet	TR-i-I: 1-869
Civettictis civetta	tissu / T-31	E-38	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	République d'Afrique Centrale	complet	
Civettictis civetta	tissu / T-32	E-39	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	République d'Afrique Centrale	complet	TR-i-I: 1-869

Civettictis civetta	tissu / T-55	E-54	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Réserve de la Moukalaba, Gabon	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-235	E-115	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	House, Ethiopie	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-252	E-117	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	Sura, Ethiopie	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-253	E-119	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	Angesu, Ethiopie	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-43	C-61	B. Burgess & J. Martenson (Royal Ontario Museum, Canada) / banque ADN Lab. Genetic Diversity Frederick, USA	Liberia	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-81	C-88	I. Parker (Kenya) / terrain	Simba, Kenya	complet	
Civettictis civetta	tissu / TC-82	C-89	R. Glen (Kenya) via I. Parker / terrain	Mikumi National Park, Tanzanie	complet	
Genetta "pardina schoutedeni"	tissu connectif / SBPUR1 Z1588	EA-1	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Kisangani, Zaïre	cytb: 104-1104	
Genetta bourloni	peau salée / MNHN 2001-1156	EA-6	S. Dufour (Centre d'Etudes et de Gestion de l'Environnement du Nimba, Guinée) / terrain	Mont Nimba, Guinée	cytb: 104-1104	
Genetta cf. pardina	poils / T-106	E-106	A. Dunham (Stony Brook University, USA) / terrain	W Cavally river, Liberia	complet	
Genetta genetta	ADN	C-81	Gaucher via L. Granjon / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	Djedda, Arabie Saoudite	complet	
Genetta genetta	ADN	C-9	F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France) / terrain	Puechabon, Hérault, France	complet	
Genetta genetta	lignée cellulaire / T-10	E-17	E. Harley (Dptmt of Chemical Pathology, République d'Afrique du Sud) / banque lignées cellulaires Dptmt of Chemical Pathology	Beaufort West, République d'Afrique du Sud	complet	TR-i-I: 188-264 / 364-632 / 762-870
Genetta genetta	poils / T-01	E-01	D. Guérineau (Zoorama de Chizé, France) / Zoorama de Chizé	forêt de Chizé, France	complet	
Genetta genetta	poils / T-34	E-41	Vilatte (Zoo de Gramat, France) / Zoo de Gramat	inconnue	complet	
Genetta genetta	poils / T-38	E-49	P. Fournier (GREGE Villandraut, France) / terrain	Lot-et-Garonne, France	complet	TR-i-I: 1-869
Genetta genetta	poils / T-59	E-51	J-M. Cassiède (FDC Landes, France) / terrain	Onard, Landes, France	complet	
Genetta genetta	poils / T-59	E-64	C. Parrenin (Parc Zoologique de Sainte-Croix, France) / Parc Zoologique de Sainte-Croix	inconnue	complet	
Genetta genetta	poils / T-87	E-88	M. Gouichiche (Centre Cynégétique de Zéralda, Algérie) / Centre Cynégétique de Zéralda	Jilel, Algérie	complet	
Genetta genetta	poils / T-88	E-89	S. de Vries (Zoo de Rotterdam, Pays-Bas) / Zoo de Rotterdam	Okahandja, Namibie	complet	
Genetta genetta	poils / T-93	E-91	B. Hamou (Parc Zoologique et des Loisirs d'Alger, Algérie) / Parc Zoologique et des Loisirs d'Alger	inconnue	complet	

Genetta genetta	poils / T-99	E-107	P. Vercammen (Sharjah Desert Park, Oman) / Sharjah Desert Park	République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta genetta	poils / TC-16	E-03	H. Sitek (Zoo de Poznan, Pologne) / Zoo de Poznan	inconnue	complet	
Genetta genetta	poils / TC-38	E-04	C. & T. Stuart (African-Arabian Wildlife Research Centre, République d'Afrique du Sud) / terrain	Victoria West District, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta genetta	poils / TC-39	E-05	C. & T. Stuart (African-Arabian Wildlife Research Centre, République d'Afrique du Sud) / terrain	Victoria West District, République d'Afrique du Sud	complet	TR-i-I: 30-869
Genetta genetta	poils / TC-65	E-08	A. Piriz (Parc National de Donana, Espagne) / terrain	Parc National de Donana, Espagne	complet	
Genetta genetta	poils / TC-66	E-09	A. Piriz (Parc National de Donana, Espagne) / terrain	Parc National de Donana, Espagne	complet	
Genetta genetta	poils / TC-67	E-10	A. Piriz (Parc National de Donana, Espagne) / terrain	Parc National de Donana, Espagne	complet	
Genetta genetta	tissu / T-09	E-16	L. Granjon & B. Sicard (IRD Bamako, Mali) / terrain	Emnal'here, Mali	complet	
Genetta genetta	tissu / T-36	E-43	E. Brandt (Garde Chef National de Chasse et Faune sauvage, France) / terrain	Le Bugue, Dordogne, France	complet	
Genetta genetta	tissu / T-37	E-48	P. Fournier (GREGE Villandraut, France) / terrain	Gironde, France	complet	
Genetta genetta	tissu / T-39	E-50	P. Fournier (GREGE Villandraut, France) / terrain	Languedoc, France	complet	
Genetta genetta	tissu / T-41	E-58	P. Fournier (GREGE Villandraut, France) / terrain	Languedoc, France	complet	
Genetta genetta	tissu / T-60	E-65	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	Dakar, Sénégal	complet	
Genetta genetta	tissu / T-61'	E-75	K. Ba (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	Dakar, Sénégal	complet	
Genetta genetta	tissu / T-69	E-81	P. Lluch / terrain	Tentane, Mauritanie	complet	
Genetta genetta	tissu / TC-248	E-118	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	Angesu, Ethiopie	complet	
Genetta genetta	tissu / TC-250	E-114	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	Angesu, Ethiopie	complet	
Genetta genetta	tissu / TC-31	C-52	A. Kitchener (National Museums of Scotland, Royaume-Uni) / terrain	Salallah, Oman	complet	
Genetta johnstoni	poils / T-62	E-73	A. Dunham (Stony Brook University, USA) / terrain	Parc National de Taï, Côte d'Ivoire	complet	
Genetta johnstoni	poils / T-90	E-94	P. Gaubert, C. Crémière (MNHN, Paris), A. Dunham (Stony Brook University, USA) / terrain	Parc National de Taï, Côte d'Ivoire	complet	
Genetta johnstoni	poils / T-91	E-95	P. Gaubert, C. Crémière (MNHN, Paris), A. Dunham (Stony Brook University, USA) / terrain	Parc National de Taï, Côte d'Ivoire	complet	
Genetta johnstoni	tissu / T-63	E-74	S. Shultz (University of Liverpool, Royaume-	Parc National de Taï, Côte	complet	TR-i-I: 1-869

			Uni) / terrain	d'Ivoire		
Genetta maculata	peau salée / MNHN 2001-1158	EA-9	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	rivière Léfini, Congo	cytb: 104-1104	
Genetta maculata	tissu / FM149359	E-70	J. Kerbis, via L. Heaney and J. Phelps (Field Museum, USA) / banque ADN Field Museum	Kibira National Park, Burundi	complet	TR-i-l: 1-869
Genetta maculata	tissu / T-12	E-19	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Chelmsford, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-13	E-20	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Kloof, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-14	E-21	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	New Germany, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-15	E-22	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Blidschap Private Reserve, Northern Province, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-16	E-23	Transvaal Museum (Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum (République d'Afrique du Sud)	Blidschap Private Reserve, Northern Province, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-17	E-24	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Westville, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-18	E-25	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Waterfall, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-19	E-26	Transvaal Museum (Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum (République d'Afrique du Sud)	Pietermaritzburg, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-20	E-27	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Botha's Hill, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-21	E-28	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Hillary, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-22	E-29	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Umhloti, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-23	E-30	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Albert Falls Nature Reserve, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	

Genetta maculata	tissu / T-24	E-31	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Gillits, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-25	E-32	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	St. Lucia village, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-26	E-33	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Kloof, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-27	E-34	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Westville, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-28	E-35	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Paradise Valley, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-29	E-36	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Dlinza forest, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-30	E-37	P. Taylor (Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud) / banque ADN Durban Natural Science Museum	Umgeni river mouth, Kwazulu-Natal, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta maculata	tissu / T-58	E-53	D. Allan (République d'Afrique du Sud) / via Durban Natural Science Museum, République d'Afrique du Sud	Lesotho	complet	
Genetta maculata	tissu / T-64	E-86	R. Wayne & D. Girman (Institute of Zoology, London) / terrain	Kibwezi, Kenya	complet	
Genetta maculata	tissu / TC-238	E-113	K. Laurenson (University of Edinburgh, Royaume-Uni) / terrain	House, Ethiopie	complet	
Genetta maculata	tissu / TC-60	E-06	I. Parker (Kenya) / terrain	Thika, Kenya	complet	
Genetta maculata	tissu / TC-80	C-87	I. Parker (Kenya) / terrain	Laneata, Kenya	complet	
Genetta pardina	lignée cellulaire / TC-33	C-47	banque lignées cellulaires de V. Volobouev (MNHN, Paris)	Liberia	complet	TR-i-I:1-869
Genetta pardina	poils / TC-40	E-07	J. Tobias (Miller Park Zoo, USA) / Miller Park Zoo	inconnue	complet	
Genetta pardina	tissu / T-78	E-103	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta pardina	tissu / T-79	E-84	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	TR-i-I: 30-870
Genetta pardina	tissu / T-80	E-85	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta pardina	tissu / T-81	E-104	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta pardina	tissu / TC-44	C-62	J. Eger & M. Engstrom (Royal Ontario Museum, Toronto, Canada) / banque ADN Royal Ontario Museum	Tappita, Liberia	complet	
Genetta poensis	tissu connectif /	EA-5	Dybowski / collection MNHN	Congo	cytb: 104-1104	

	MNHN 1894-263					
Genetta servalina	tissu	C-20	J-P. Hugot (MNHN, France) / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	Kouala Moutou, Gabon	complet	TR-i-I: 1-869
Genetta thierryi	poils / T-107	E-108	R. Zingg (Zoo de Zürich, Suisse) / Zoo de Zürich	Lagos, Nigeria (saisie)	complet	
Genetta thierryi	poils / T-108	E-109	R. Zingg (Zoo de Zürich, Suisse) / Zoo de Zürich	Lagos, Nigeria (saisie)	complet	
Genetta thierryi	poils / T-109	E-110	R. Zingg (Zoo de Zürich, Suisse) / Zoo de Zürich	Lagos, Nigeria (saisie)	complet	
Genetta thierryi	tissu / T-07	E-14	L. Granjon & B. Sicard (IRD Bamako, Mali) / terrain	Balangougo, Mali	complet	TR-i-I: 1-869
Genetta thierryi	tissu / T-08	E-15	L. Granjon & B. Sicard (IRD Bamako, Mali) / terrain	Balangougo, Mali	complet	
Genetta thierryi	tissu / T-76	E-83	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta thierryi	tissu / T-77	E-102	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta thierryi	tissu / T-82	E-105	A. Galat-Luong (IRD Dakar, Sénégal) / terrain	près de Kédougou, Sénégal	complet	
Genetta tigrina	lignée cellulaire / T-06	E-13	E. Harley (Dptmt of Chemical Pathology, République d'Afrique du Sud) / banque lignées cellulaires Dptmt of Chemical Pathology	East London, République d'Afrique du Sud	complet	TR-i-I: 513-869
Genetta tigrina	lignée cellulaire / T-11	E-18	E. Harley (Dptmt of Chemical Pathology, République d'Afrique du Sud) / banque lignées cellulaires Dptmt of Chemical Pathology	East London, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta tigrina	lignée cellulaire / T-13	E-52	E. Harley (Dptmt of Chemical Pathology, République d'Afrique du Sud) / banque lignées cellulaires Dptmt of Chemical Pathology	East London, République d'Afrique du Sud	complet	
Genetta victoriae	dent / SBPUR1 Z5225	EA-10	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Kisangani, Zaïre	cytb: 102-1104	TR-i-I: 348-529
Osbornictis piscivora	dents / SBPUR1 Z2544	EA-11	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Kisangani, Zaïre	cytb: 115-1104	TR-i-I: 348-528 / 772-812
Poiana richardsonii	peau villageoise / MNHN 2000-370	EA-3	M. Colyn (SBPUR1, France) / terrain	Dja, Cameroun	complet	TR-i-I: 513-869
Poiana richardsonii	tissu / T-110	E-111	S. Lavoué (MNHN, France) / terrain	Four Place, Gabon	complet	TR-i-I: 1-869
Prionodon linsang	poils / TC-19	C-43	T. L. Roth (Zoo Cincinnati, USA) / Zoo Cincinnati	inconnue	complet *	
Prionodon pardicolor	tissu / TC-108	C-163	J. Walston (WCS Cambodge) / terrain	Kirirom National Park, Cambodge	complet *	TR-i-I: 1-816
Prionodon pardicolor	tissu connectif / MNHN 1896-2065	E-46	Rev. P. Soulié / collection MNHN	Tsekou, N Yunnan, Chine	complet	
Viverra megaspila	tissu / TC-122	C-200	J. Walston (WCS Cambodge) / terrain	Mondulkiri Province, Cambodge	complet	TR-i-I: 1-869
Viverra tangalunga	tissu / FMNH 145742	C-201	S. Goodman via L. Heaney and J. Phelps (Field Museum, USA) / banque ADN Field Museum	Romblon Province, Sibuyan Island, Philippines	complet *	

Viverra zibetha	poils / TC-121	C-183	L. Grassman (Texas University A & M, USA; Kasetsart University, Thaïlande) / terrain	Phu Khieo W.S., Thailande	complet	TR-i-I: 1-869
Viverricula indica	poils / TC-120	C-182	L. Grassman (Texas University A & M, USA; Kasetsart University, Thaïlande) / terrain	Phu Khieo W.S., Thailande	complet	TR-i-I: 513-869
Viverricula indica	poils / TC-177	C-304	L-L. Lee (National Taiwan University) / terrain	N Taïwan	complet *	
Viverricula indica	tissu / TC-25	C-37	Rakotondavony / banque ADN (F. Catzeflis, Université Montpellier, France)	Ranomafana, Madagascar	complet *	
Herpestes ichneumon	ADN	C-21	F. Palomares (Estacion Biologica de Donana, Espana) / banque ADN (F. Catzeflis, Université de Montpellier II, France)	Parc National de Donana, Espagne	complet *	TR-i-I: 1-869
Cynictis penicillata	poils / TC-35	C-111	C. & T. Stuart (African-Arabian Wildlife Research Centre, République d'Afrique du Sud) / terrain	Loxton, République d'Afrique du Sud	complet *	
Ichneumia albicauda	ADN	C-79	Gaucher via L. Granjon / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montpellier II, France)	Djeddah, Arabie Saoudite	complet *	
Mungotictis decelimineata	lignée cellulaire / TC-32	C-46	banque lignées cellulaires de V. Volobouev (MNHN, Paris)	Madagascar	complet *	
Hyaena hyaena	ADN	AM-60	R. Benveniste / banque ADN Lab. Genetic Diversity, Frederick, USA	captivité	complet *	
Crocuta crocuta	ADN	C-70	R. Wayne (Institute of Zoology, Royaume-Uni) / banque ADN F. Catzeflis (Université de Montepellier II, France)	captivité	complet *	

.Annexe IV. Protocole d'extraction ADN (Kocher et al., 1989 ; modifié) pour substrats «frais » (tissus, poils, lignées cellulaires).

*** méthode au CTAB[1]**

-CTAB préchauffé dans un bain-marie à 60°C

-substrat (quantité < 0,3 g) directement mis en digestion dans 950 µl de CTAB après l'avoir épongé de l'alcool dans lequel il était conservé.

-incubation au bain-marie à 60°C pendant une période variable (environ 24 h).

-nettoyage au CIA (Chloroforme-Isoamyle alcool 96:4) par centrifugation. Un volume égal à la solution d'extrait ADN est ajouté puis mélangé pendant deux minutes avant que le tout soit centrifugé 10 min à 15000g, à une te mpérature de 4°C.

-précipitation de l'ADN à l'isopropanol. Un volume égal à 2/3 de la solution d'ADN est ajouté puis le tout est laissé environ une nuit à 4°C.

-récupération de l'ADN précipité par centrifugation.

-rinçage du culot avec 500 µl d'ETOH 70 % (deux fois).

-séchage du culot, puis reprise de l'extrait dans 20 à 120 µl de H_2O suivant la quantité d'ADN.

-remise en suspension du culot d'ADN puis conservation à -20°C.

[1] Composition du tampon CTAB (pour 100 ml) :

.CTAB 2%	2g
.NaCl 1,4M	46ml de NaCl 3M (5M = 28ml)
.β-mercaptoéthanol 0,2%	200µl
.EDTA 20mM	4ml de EDTA à 0,5M
.Tris HCl PH8 100mM	20ml de HCl à 0,5M
.Protéinase K 0,1 mg/ml	10mg
.H2O	ajusté à 100ml

.Annexe V. Protocole de purification "Gene-Clean" (modifié) de l'ADN.

**** fixation de l'ADN sur microbilles de silice***

-accrochage de l'ADN sur les microbilles de silice : légère agitation de la solution (5 µg d'ADN maximum + 50 µl H2O + 150 µg NAI + 5 µl glass-milk) puis repos 10 min à température ambiante.

-centrifugation 1 à 2 min pour culotter les billes de glass-milk sur lesquelles l'ADN s'est fixé. Le surnageant, contenant les inhibiteurs potentiels et autres impuretés, est éliminé.

-rinçage du culot (trois fois) avec 500 µl de new wash: le culot est remis en suspension puis la solution est centrifugée 1 à 2 min pour ne garder que le culot final.
-séchage du culot à température ambiante pendant environ 1 heure.
-récupération de l'ADN par remise en suspension dans 30µl d'H_2O bidistillée durant 15 min à 55°C. Le surnageant contenant l'ADN purifié est récupéré puis conservé à –20°C.

.Annexe VI. Protocole d'extraction ADN pour matériel dentaire ou osseux, modifié à partir de Hardy et al. (1994).

-rinçage du matériel dans 5 ml de Tampon de lavage[1], sous agitation constante, à 37°C, environ une heure (deux fois).
-digestion du matériel dans 2,5 ml de Tampon d'extraction[2] avec ajout de protéinase K (20 mg/ml) tous les trois jours, sous agitation constante, à 37°C, jusqu'à ramollissement des fragments dentaires et osseux (une semaine). Le matériel est ensuite retiré de la solution de digestion, pilé, puis remis en suspension dans la solution, pour encore dix jours, jusqu'à ce que le volume initial du matériel ait diminué au moins de moitié.
-purification de l'extrait ADN, mélangé à 2 ml de solution phénol-chloroforme (1:1) puis centrifugé.
-récupération du surnageant contenant l'ADN, et concentration de l'ADN par centrifugation dans un centricon (Centricons Amicon 30).
-rinçage de l'ADN avec 750 ml d'H_20 bidistillée, et récupération de l'ADN concentré dans le bac collecteur du centricon, conservé à –20°C.

[1] Tampon de lavage
Pour 400ml de tampon :

Na_2EDTA 0.5M pH 8.5	74.8g
NaOH	12.65g
H20 bidistillée	complété à 400 ml

[2] Tampon d'extraction :
Pour 150ml de tampon :

Lauryl Sarcosine 0.5%	0.75g
Protéinase K	100µg/ml final
Tampon de Lavage	complété à 150 ml

.Annexe VII. Protocole de purification des PCRs directement à partir de l'amplifiat (MinElute PCR).

**** Purification des fragments de PCRs sur colonne*** *(récupération maximum = 75% du produit PCR)*

Seuls les fragments de tailles comprises entre 70 pb et 4 kb sont fixés sur la membrane de la colonne, ce qui permet l'élimination des sondes et des dNTPs non utilisés au cours de la PCR. L'ADN fixé sur la colonne subit plusieurs phases de nettoyage servant à éliminer l'agarose dans un premier temps, puis à éliminer les différents sels dans un deuxième temps.

-fixation de l'ADN sur la membrane de la colonne par ajout de 5 volumes de PB buffer (qui fournit une concentration de sels et un pH inférieur ou égal à 7,5 de façon à rendre optimale la fixation) et centrifugation à froid (1 min).

-rinçage de l'ADN par ajout de 750 ìl de PE buffer (ETOH) et centrifugation à froid (1 min).

-élimination de l'éthanol par centrifugation (1 min).

-récupération de l'ADN par ajour de 25 à 40 ìl d'H_2O (suivant la concentration initiale de l'amplifiat) par centrifugation à froid (1 min). L'ADN purifié est libéré de la membrane et est conservé à –20°C.

.Annexe VIII. Protocole de purification des PCRs à partir des bandes découpées sur gel (MinElute Gel).

**** Purification des fragments de PCRs sur colonne*** *(récupération maximum = 75% du produit PCR)*

-dépôt du produit PCR sur gel d'agarose et visualisation sur table UV (marquage au Bleu de Glycérol ; migration longue pour bien départager les éventuelles multibandes).

-solubilisation du gel d'agarose par incubation au QG buffer (3 volumes par volume de gel), pendant 10 min à 50°C.

-ajout d'isopropanol (1/3 du volume de la solution) pour favoriser la fixation des petits fragments d'ADN lors du passage sur la membrane de la colonne.

-fixation de l'ADN sur la membrane par centrifugation à froid (1 min ; action du QG Buffer fournissant les conditions appropriées à la fixation de l'ADN : concentration en sels et pH inférieur ou égal à 7,5) et élimination de l'agarose.

-second rinçage (élimination de l'agarose) par ré-ajout de 500 ìl de QG buffer et centrifugation à froid (1 min).

-rinçage de l'ADN par ajout de 750 ìl de PE buffer (ETOH) et centrifugation à froid (1 min).

-élimination de l'éthanol par centrifugation (1 min).

-récupération de l'ADN par ajout de 25 à 40 ìl d'H_2O (suivant la concentration initiale de l'amplifiat) par centrifugation à froid (1 min). L'ADN purifié est libéré de la membrane et est conservé à –20°C.

.Annexe IX. Protocole de séquençage automatique.

**** amorces marquées par fluorescence***

-dosage des amplifiats sur un biophotomètre (entre 75 et 100 fentomoles d'ADN).

-réaction de séquence (kit classique "Dye Terminator cycle sequencing ") effectuée dans une plaque de 96 puits (8 x 12). Distribution de 12 µl de mix (4 x 2 µl ddUTP, ddGTP, ddCTP et ddATP - 2 µl Buffer 10X – 1 µl dNTP – 1 µl ADN polymérase) par puit. Ajout de 2 µl d'amorce à 10pM et de la dose appropriée d'amplifiat. La plaque est ensuite centrifugée et mise au thermocycleur (30 cycles : 96°C → 40 s - 50°C → 40 s - 60°C → 4 min), puis stockée à 4°C.

-précipitation des réactions de séquence. Ajout de 5 µl de solution stop (2 µl $NaC_2H_3O_2$ – 2 µl Na_2EDTA 100mM – 1 µl Glycogène) par puits, puis 60 µl d'ETOH 95 % conservé à –20°C et centrifugation pour récupérer les culots précipités.

-rinçage des culots à l'ETOH 70 % (deux fois), puis séchage à vide pendant 40 min (Speed Vac).

-re-suspension des culots d'ADN dans 30 µl de formamide désionisée et homogénéisation au vortex pendant 15 – 20 min.

-préparation d'une plaque de buffer (8 x 12) dans laquelle les capillaires trempent lors de la séparation des fragments.

-mise en route du séquenceur automatique via l'ouverture du programme "CEQ sequencing".

-séquençage avec les programmes d'analyse DTCS-1 (adaptés aux petits fragments) ou DTCS-2 (pour les fragments de taille supérieure à 200 pb).

-exportation et stockage des données. Les séquences sont exportées en format .SCF dans un répertoire du disque D de l'ordinateur relié au séquençeur (SSMCEQ). Chaque plaque séquencée est exportée dans un fichier dont le nom correspond à la date du séquençage.

-lecture des chromatographes sous le logiciel CEQ^{TM} Sequencing software (Beckman, 1998), l'ensemble des séquences analysées étant ensuite géré sous BioEdit version 5.0.6 (Hall, 1999).

.Annexe X. Protocole de séquençage manuel.

**** amorces marquées à la radioactivité***

-marquage des amorces (kination) dans une solution comprenant, pour chaque amorce : 1,25 µl d'H_2O, 0,5 µl de Tampon A, 0,5 µl d'amorce (20pM/µl), 0,5 µl de T_4 Kinase (10 U/µl) et 2,25 µl de [ä^{33}P] dATP. La réaction de marquage est ensuite lancée avec la plaque contenant les solutions pour tous les couples d'amorces, pendant 10 min à 37°C puis 3 min à 95°C.

-purification des amplifiats (10 µl), par ajout d'1 µl d'exonucléase (10 U/µl) et d'1 µl de Shrimp alcaline phosphatase (2 U/µl). La réaction est lancée pendant 15 min à 37°C puis 15min à 80°C.

-élongation. La solution de réaction est préparée sans Prémix (quantité d'ADN faible) : 10 µl d'amplifiat, 1,5 µl de Tampon, 1,5 µl de Thermoséquénase, 1 µl de sonde marquée. Dans chaque puit de la plaque de séquence, 3 µl de ddNTP est ajouté à 3 µl (x 4) de solution de réaction. La réaction de séquence se fait dans un thermocycleur : 3 min à 95°C – [30s à 95°C – 1 min à 50°C – 1 min à 72°C] x 30 – 10 min à 72°C – pause à 15°C.

-ajout de 3µl de solution stop, puis dénaturation au thermocycleur pendant 4 min à 95 °C.

-dépôt sur gel polyacrylamide de séquence : 2 à 3 µl de la solution de réaction sont déposés dans les peignes du gel (gel à gradient).

-migration des fragments d'ADN entre 3 et 4 h.

-arrêt de la migration, puis séchage pendant environ 1 h.

-autoradiographie du gel (dans une cassette autoradiographique) pendant un minimum de 48h, puis développement du film par un passage « révélateur – fixateur ».

-lecture et saisie manuelle des séquences.

Annexe XI. Matrice d'alignement des séquences de cytochrome *b* utilisées dans l'article 7 (§ III-2.a.2.).

```
                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                      5         15         25         35         45         55         65         75
Prionodon linsang AF511065         ATGACCAACA TGCGAAAATC CCACCCGCTA ATTAAAATCA TCAACGAATC CTTTATTGAT CTTCCAACTC CATCTAATAT
Prionodon pardicolor AF511048     ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTT ATTAAAATTA TCAACGAATC CTTTATTGAT CTCCCAACTC CATCCAACAT
Poiana richardsonii AF511049       ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC CTTCATTGAC CTTCCCGCCC CCTCCAACAT
Osbornictis piscivora AF511050    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051         ATGACCGACA TCCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAGTC ATTCATCGAT CTCCCCGCTC CCTCCAACAT
Genetta thierryi AF511052          ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GTCAAAATCA TTAACGAATC ATTTATTGAT CTTCCCGCTC CCTCTAACAT
Genetta servalina AF511053         ATGACCAACA TYCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TTAACGAATC ATTCATTGAT CTCCCCGCTC CCTCTAACAT
Genetta genetta AF511054           ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACAAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AF511055          ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Viverricula indica AF511044        ATGACCAACA TTCGAAACTC TCACCCCCTC GTCAAGATCG TAAATGAATC ATTCATTGAT CTCCCTGCCC CCTCTAACAT
Civettictis civetta AF511043       ATGACCAACA TGCGAAAGTC TCACCCCCTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ACTCATTGAT CTCCCTGCTC CTTCCAACAT
Viverra tangalunga AF511045        ATGACCAACA TTCGAAAATC TCATCCCCTT GCCAAAATCA TCAATGAATC ATTCATTGAT CTACCCGCTC CCTCTAACAT
Viverra zibetha AF511047           ATGACCAACA TTCGAAAATC TCATCCCCTT GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTTATTGAT CTACCCGCTC CCTCTAACAT
Viverra megaspila AF511046         ATGACCAACA TTCGAAAATC TCATCCCCTT GCTAAAATGA TTAATAAATC ATTCATTGAT CTACCCGCTC CCTCTAACAT
Chrotogale owstoni AF511066        ATGACCAACA TCCGAAAATC TCACCCAATC GCCAAAATCA TGAACGAATC CTTTATTGAT TTACCTGCTC CCTCTAACAT
Hemigalus derbyanus AF511067       ATGACCAACA TCCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAGTC ATTCATTGAT TTACCTACCC CCTCTAACAT
Arctogalidia trivir. AF511068      ATGACCAACA TTCCAAAATC TCACCCGCTC GTCAAAATCG TTAACGAGTC CTTTATTGAT TTACCTGCTC CATCTAACAT
Paguma larvata AF511069            ATGACCAACA TTCGAAAATC TCACCCACTC GCTAAAATTA TCAATGAATC ATTCATTGAT TTACCTGCTC CCTCTAACAT
Paradoxurus herm. AF511056         ATGACCAACA TTCGAAAATC CCATCCACTC GCCAAAATTA TGAATGATTC ATTCATTGAT TTACCTGCTC CATCTAACAT
Fossa fossana AF511062             ATGACCAACA TCCGAAAATC ACACCCACTT ATCAAAATTA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Cryptoprocta ferox AF511070        ATGGCCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC ATCAAAATTG TCAACGAGTC GTTCATTGAC CTTCCCACCC CCTCCAACAT
Mungotictis decem. AF511061        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC ATCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCCC CCTCTAACAT
Nandinia binotata AF511057         ATGACCAACA TCCGCAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTTCCCGCAC CATCCAACAT
Herpestes auropunctatus X94926     ATGACCAACA TCCGCAAATC ACACCCACTC ATTAAAATCG TCAACGAATC ATTCATTGAT CTCCCTACCC CATCTAACAT
Ichneumia albicauda AF511058       ATGACCAACA TCCGCAAATC ACATCCACTT ATCAAGATCG TTAACGAGTC ATTCATCGAT CTTCCCGCCC CATCCAACAT
Cynictis penicillata AF511060      ATGACCAACA TCCGCAAATC ACATCCACTC ATCAAAATCG TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCCC CATCCAACAT
Herpestes ichneumon AF511059       ATGACCAACA TCCGCAAATC GCACCCACTA ATCAAGATCG TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCCC CATCCAATAT
Hyaena hyaena AF511063             ATGACCAACA TTCGAAAATC TCACCCGCTC ATTAAAATTG TCAACGAATC ATTCATCGAT CTCCCCACCC CATCCAACAT
Crocuta crocuta AF511064           ATGACCAACA TTCGAAAATC TCACCCACTC ATTAAAATTG TCAACGAATC ATTCATTGAC CTCCCCACCC CATCCAACAT
Panthera tigris X82301             ATGACCAACA TTCGAAAATC ACACCCCCTT ATCAAAATTA TTAATCACTC ATTTATTGAC CTACCCGCCC CATCCAATAT
Felis catus X82296                 ATGACCAACA TTCGAAAATC ACACCCCCTT ACCAAAATTA TTAATCACTC ATTCATCGAC CTACCTGCCC CATCTAACAT
Vulpes vulpes X94929               ATGACCAACA TTCGAAAGAC TCACCCACTA GCTAAAATCG TAAACGACTC ATTCATCGAC CTTCCCGCAC CATCAAATAT
Canis familiaris AB048590          ATGACCAACA TTCGAAAAAC CCACCCACTA GCCAAAATTG TTAATAACTC ATTCATTGAC CTCCCAGCGC CGTCTAACAT
Mustela erminea AB051240           ATGACCAACA TTCGTAAAAC TCACCCATTA ACCAAAATCA TCAACAACTC ATTTATCGAC CTCCCCGCTC CATCAAACAT
Mustela putorius X94925            ATGACCAACA TTCGTAAAAC CCACCCACTA ACCAAAATCA TCAACAACTC ATTCATTGAC CTACCCGCCC CATCAAACAT
Procyon lotor X94930               ATGACCAACA TCCGAAAAAC TCACCCATTA GCTAAAATCG TCAACAACTC ATTCATTGAT CTACCCACCC CCTCAAACAT
Mephitis mephitis X94927           ATGACCAACA TTCGAAAGAC GCACCCACTA GCAAAAATCA TCAACGACTC ATTTATTGAT TTACCTACTC CAGCCAATAT
Bassaricyon gabii X94931           ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTA GCTAAAATCA TTAACGACTC ATTTATTGAT TTACCTACCC CCTCAAACAT
Ursus arctos X82308                ATGACCAACA TCCGAAAAAC CCACCCATTA GCTAAAATCA TCAACAACTC ATTTATTGAC CTTCCAACAC CATCAAACAT
Tremarctos ornatus U23554          ATGACCAACA TCCGAAAAAC TCACCCACTA GCTAAAATCA TCAACAGCTC ATTCATTGAC CTCCCAACAC CATCAAATAT
Odobenus rosmarinus X82299         ATGACCAACA TTCGAAAAAC CCACCCACTA GCTAAAATCA TCAACAACAC ATTTATCGAC TTACCCACAC CATCAAACAT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    85         95        105        115        125        135        145        155
Prionodon linsang AF511065      CTCAGCATGA TGAAACTTTG GTTCCCTATT AGGAATCTGC CTAGTTCTAC AAATCTTAAC AGGCTTATTT CTAGCTATAC
Prionodon pardicolor AF511048   TTCAGCTTGA TGAAATTTCG GCTCTCTGTT AGGAATCTGC TTAATCCTAC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCTATAC
Poiana richardsonii AF511049    CTCTGCTTGA TGAAATTTCG GCTCTCTACT AGGAATTTGC CTTATCATCC AGATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Osbornictis piscivora AF511050  NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTGTTC CTAGCTATAC
Genetta johnstoni AF511051     TTCAGCATGA TGAAATTTTG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta thierryi AF511052       CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCTTTATT GGGAGTCTGC CTTATCATCC AAATCTTAAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Genetta servalina AF511053      CTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCTATAC
Genetta genetta AF511054        TTCAGCATGG TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTYTGC CTCATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AF511055       TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Viverricula indica AF511044     CTCGGCCTGA TGAAACTTCG GCTCCTTATT AGGAATCTGC CTTATCTTAC AAATCCTAAC AGGCCTATTC TTAGCTATAC
Civettictis civetta AF511043    CTCAGCTTGA TGAAATTTCG GCTCTCTACT AGGAATCTGC CTTATTTTAC AAATCCTAAC AGGGCTATTC TTAGCCATAC
Viverra tangalunga AF511045     CTCAGCCTGA TGAAACTTTG GCTCCCTACT AGGAGTCTGC CTTATCTTAC AAATCTTAAC AGGTCTATTT TTAGCTATAC
Viverra zibetha AF511047        CTCAGCCTGA TGAAACTTTG GCTCCCTACT AGGAGTTTGC CTTATCTTAC AAATCTTAAC AGGCCTATTC TTAGCCATAC
Viverra megaspila AF511046      CTCAGCCTGA TGAAACTTTG GCTCCCTACT AGGGGTTTGC CTTATCTTAC AAATCTTAAC AGGCCTATTC TTAGCCATAC
Chrotogale owstoni AF511066     CTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTCTCCT AGGAATCTGC TTAATCCTCC AAATCCTAAC CGGATTATTC CTAGCCATAC
Hemigalus derbyanus AF511067    CTCAGCATGA TGAAACTTTG GTTCCTTATT AGGAATCTGC CTAATCCTTC AAATCCTAAC CGGACTATTC TTAGCTATAC
Arctogalidia trivir. AF511068   CTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAATTTGC CTCATTCTAC AAATTCTAAC AGGATTATTT CTAGCCATAC
Paguma larvata AF511069        CTCAGTATGA TGAAATTTCG GATCATTACT AGGAATTTGT CTTATTCTAC AAATCCTAAC AGGTCTATTC TTAGCCATAC
Paradoxurus herm. AF511056      CTCAGTATGA TGAAATTTTG GTTCATTACT AGGAATTTGC CTTATCTTAC AAATTCTAAC AGGTTTATTC CTAGCCATAC
Fossa fossana AF511062          TTCAGCATGA TGGAACTTCG GCTCCCTACT AGGAGTATGC TTGATTTTGC AAATCCTGAC AGGCCTATTC CTGGCCATAC
Cryptoprocta ferox AF511070     CTCAGCATGA TGAAACTTTG GCTCCCTCTT AGGAGTGTGT CTAGCACTAC AAATCTTAAC AGGCCTATTT CTGGCCATGC
Mungotictis decem. AF511061     TTCAGCATGA TGAAATTTTG GTTCCCTTCT AGGAGTCTGT CTAATCTTAC AGATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Nandinia binotata AF511057      CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCCCTACT AGGCGTCTGC CTGATTCTAC AGATCCTAAC AGGCCTATTC CTGGCCATAC
Herpestes auropunctatus X94926  TTCAGCCTGA TGAAACTTTG GCTCCCTTTT AGGAGTGTGC CTTATTCTAC AGATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCTATAC
Ichneumia albicauda AF511058    CTCAGCCTGA TGAAACTTCG GCTCCCTCTT AGGAGTATGC CTTATTCTAC AGATTCTAAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Cynictis penicillata AF511060   CTCAGCCTGA TGAAATTTCG GCTCCCTTTT AGGAGTATGC CTCATTCTAC AGATTCTAAC AGGCCTATTT CTAGCTATAC
Herpestes ichneumon AF511059    CTCAGCCTGA TGGAACTTCG GCTCCCTCTT AGGAGTATGC CTTATTCTAC AGATTCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATGC
Hyaena hyaena AF511063          CTCAGCATGA TGAAACTTCG GATCGCTATT AGGAATCTGC CTAATCTTAC AGATTCTGAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Crocuta crocuta AF511064        CTCAGCATGA TGAAATTTCG GGTCACTATT AGGAATCTGC TTAATCTTAC AAATCCTGAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Panthera tigris X82301          TTCAGCATGA TGAAACTTTG GCTCCTTACT AGGGGTGTGC TTAATCTTAC AAATCCTCAC TGGCCTCTTT CTAGCCATAC
Felis catus X82296              CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCCCTTCT AGGAGTCTGC CTAATCTTAC AAATCCTCAC CGGCCTCTTT TTGGCCATAC
Vulpes vulpes X94929            TTCTGCCTGA TGGAACTTCG GGTCCCTGCT AGGTGTATGC CTTATTCTAC AGATTGCAAC AGGTCTATTT TTAGCCATAC
Canis familiaris AB048590      CTCTGCTTGA TGGAACTTCG GATCCTTACT AGGAGTATGC TTGATTCTAC AGATTCTAAC AGGTTTATTC TTAGCTATGC
Mustela erminea AB051240       CTCGGCATGA TGAAACTTCG GCTCCCTCCT CGGAATCTGC CTAATCATTC AGATTCTTAC AGGTTTATTT TTAGCCATGC
Mustela putorius X94925         TTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCCCTTCT CGGAATCTGC CTAATTATTC AGATTCTTAC AGGTTTATTT TTAGCCATAC
Procyon lotor X94930            CTCAGCATGA TGAAATTTCG GTTCCCTCCT CGGAATTTGT TTGCTTCTAC AGATCGCAAC AGGTTTATTT TTAGCCATGC
Mephitis mephitis X94927        TTCAACATGA TGAAACTTCG GTTCCTTGCT CGGAATTTGC TTGATTCTAC AGATTGCAAC AGGTTTATTC CTAGCCATAC
Bassaricyon gabii X94931        CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCTCTACT CGGAATCTGC CTTATTCTAC AGATTCTAAC CGGCCTATTC TTAGCTATAC
Ursus arctos X82308             CTCAGCATGA TGAAACTTTG GATCCCTCCT TGGAGTGTGT TTAATTCTAC AGATTCTAAC AGGCCTGTTT CTAGCCATAC
Tremarctos ornatus U23554       CTCAGCGTGA TGAAACTTCG GGTCCCTTCT TGGGGTGTGC CTGATCCTAC ACATCCTAAC GGGCCTATTC CTGGCCATAC
Odobenus rosmarinus X82299      CTCGGCGTGA TGGAACTTCG GATCCCTGCT CGCTACTTGC TTAATTCTAC AAATCCTAAC GGGCCTATTT CTAGCCATAC
```

```
                                 ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   165        175        185        195        205        215        225        235
Prionodon linsang AF511065       ACTACACATC AGACACAGCA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCATATTTGC CGCGACGTCA ACTACGGATG AATTATCCGA
Prionodon pardicolor AF511048    ACTATACATC AGACACAGCA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATTTGC CGTGACGTCA ACTATGGATG AATCATCCGA
Poiana richardsonii AF511049     ACTATACATC AGACACAATA ACCGCTTTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGTGACGTTA ACTACGGCTG AATCATTCGA
Osbornictis piscivora AF511050   ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta johnstoni AF511051       ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGT CGCGACGTTA ACTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta thierryi AF511052        ATTACACATC AGACACAACA ACTGCCTTCT CATCAGTGAC TCACATTTGT CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta servalina AF511053       ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AF511054         ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AF511055        ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Viverricula indica AF511044      ATTACACATC GGACACAATA ACCGCCTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGTGACGTTA ACTACGGCTG AATTATCCGA
Civettictis civetta AF511043     ACTACACAGC AGACACAACA ACCGCCTTCT CATCAGTCAC CCACATTTGT CGTGATGTTA ATTATGGCTG AATTATCCGA
Viverra tangalunga AF511045      ATTACACAGC AGATACAATA ACCGCTTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGCGATGTTA ACTACGGCTG AATTATCCGA
Viverra zibetha AF511047         ATTACACAGC AGATACAATA ACCGCTTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGCGATGTCA ACTATGGCTG AATTATTCGA
Viverra megaspila AF511046       ATTACACAGC AGATACAACA ACCGCTTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGCGATGTTA ACTATGGCTG AATTATCCGA
Chrotogale owstoni AF511066      ACTATTCATC AGATACAATA ACTGCATTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGCGACGTTA ACCACGGTTG AATAATCCGA
Hemigalus derbyanus AF511067     ACTACACATC AGATACAATA ACCGCATTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGTGACGTTA ATTATGGTTG AATTATTCGA
Arctogalidia trivir. AF511068    ACTACACATC AGACACAACA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCATATCTGC CGTGACGTTA ACTACGGATG AATCATCCGA
Paguma larvata AF511069          ATTATTCATC AGACACAGTT ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCATATTTGC CGTGACGTCA ACTACGGATG AATCATCCGA
Paradoxurus herm. AF511056       ATTATTCATC AGACACAGCC ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGTGACGTTA ACTACGGATG AATCATCCGA
Fossa fossana AF511062           ATTACACGTC AGACACAGCA ACCGCTTTCT CATCAGTAAC CCACATCTGC CGCGACGTCA ATTACGGCTG AATCATCCGG
Cryptoprocta ferox AF511070      ACTACACATC AGATACAGCA ACCGCCTTTT CATCGGTGAC CCACATTTGT CGTGACGTCA ACTATGGCTG AATTATCCGA
Mungotictis decem. AF511061      ACTACACTTC AGATACGGCA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCACATCTGC CGTGACGTCA ACTACGGCTG AATCATCCGA
Nandinia binotata AF511057       ACTACACATC AGACACAATA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC ACATATCTGC CGCGACGTAA ACTACGGCTG AATTATCCGA
Herpestes auropunctatus X94926   ACTACACATC AGACACATCA ACCGCCTTTT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGCGACGTCA ACTACGGCTG AATCATTCGA
Ichneumia albicauda AF511058     ACTATACATC AGATACAACA ACTGCCTTTT CATCGGTAAC TCATATTTGC CGCGACGTGA ACTACGGCTG AATCATCCGA
Cynictis penicillata AF511060    ACTACACACC AGACACAGCA ACTGCCTTTT CATCAGTAAC TCACATTTGC CGCGACGTCA ATTACGGTTG AATTATCCGA
Herpestes ichneumon AF511059     ACTACACATC AGACACAGCA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGCGATGTTA ACTATGGCTG AATAATCCGA
Hyaena hyaena AF511063           ACTACACATC AGACACAACA ACCGCCTTTT CATCAGTAAC ACACATCTGC CGAGACGTCA ACTATGGCTG AATTATCCGA
Crocuta crocuta AF511064         ACTACACATC AGACACAACA ACCGCCTTCT CATCAGTGAC CCACATCTGC CGAGACGTAA ACTACGGCTG AATCATCCGA
Panthera tigris X82301           ACTACACATC AGACACAATA ACCGCATTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGCGACGTAA ACTACGGCTG GATTATCCGA
Felis catus X82296               ACTACACATC AGACACAACA ACCGCCTTTT CATCAGTTAC CCACATCTGT CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATCCGA
Vulpes vulpes X94929             ACTATACATC TGACACAGCT ACTGCTTTCT CATCTGTCAC TCACATCTGC CGAGACGTTA ACTATGGCTG AATTATCCGC
Canis familiaris AB048590       ACTATACATC GGACACAGCC ACAGCTTTTT CATCAGTCAC CCACATCTGC CGAGACGTTA ACTACGGCTG AATTATCCGC
Mustela erminea AB051240         ATTACACATC AGACACAGCC ACAGCCTTCT CATCAGTCAC CCACATCTGC CGAGACGTCA ACTACGGCTG AATCATCCGA
Mustela putorius X94925          ACTATACATC AGACACAGCC ACAGCCTTTT CATCAGTCAC CCACATCTGT CGAGACGTCA ACTATGGCTG AATTATCCGA
Procyon lotor X94930             ACTATACACC AGATACAACC ACAGCTTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGAGATGTAA ATTATGGCTG AATTATCCGA
Mephitis mephitis X94927         ACTACACATC AGATACAACT ACAGCCTTTT CCTCAGTCAC CCATATTTGT CGAGATGTAA ATTACGGCTG AATCATCCGA
Bassaricyon gabii X94931         ACTACACATC AGACACGGCC ACGGCCTTCT CGTCGGTCAC CCACATTTGC CGGGATGTCA ACTACGGATG AATCATCCGA
Ursus arctos X82308              ACTATACATC AGACACAACC ACAGCTTTTT CATCAGTCAC CCACATTTGC CGAGACGTTC ACTACGGGTG AGTTATCCGA
Tremarctos ornatus U23554        ACTATACAGC AGACACGACT ACAGCCTTCT CATCAGTCGC CCATATCTGT CGAGACGTTA ACTACGGATG AGTTATCCGA
Odobenus rosmarinus X82299       ACTATACTTC AGACACCACC ACAGCTTTCT CATCAATCAC ACATATCTGC CGAGATGTCA ACTATGGTTG AATCATTCGA
```

```
                                 ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    245        255        265        275        285        295        305        315
Prionodon linsang AF511065       TATATACATG CTAATGGAGC TTCTATATTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGTCGA GGCATATACT ACGGCTCCTA
Prionodon pardicolor AF511048    TATATACATG CTAATGGGGC TTCTATATTC TTCATTTGCC TATTCATGCA CGTAGGCCGA GGCATATACT ACGGCTCCTA
Poiana richardsonii AF511049     TATATACACG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTCATTTGCC TATTCATACA CGTAGGCCGA GGGTTATACT ACGGTTCCTA
Osbornictis piscivora AF511050   TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGCGTATACT ACGGCTCATT
Genetta johnstoni AF511051       TACATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGCAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta thierryi AF511052        TACATACATG CCAATGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGTT TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATATT ACGGCTCATA
Genetta servalina AF511053       TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATCTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AF511054         TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTCC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta maculata AF511055        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Viverricula indica AF511044      TACATACATG CTAACGGAGC CTCCATATTC TTCATCTGCT TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAATATACT ACGGTTCTTA
Civettictis civetta AF511043     TACATACATG CCAATGGAGC TTCCATATTT TTTATTTGCT TATTCATTCA TGTAGGCCGA GGAATATACT ATGGTTCCTA
Viverra tangalunga AF511045      TACATACATG CCAACGGGGC TTCCATATTC TTTATCTGCT TATTTATACA CGTAGGCCGA GGGATGTATT ATGGCTCCTA
Viverra zibetha AF511047         TATATACATG CCAACGGGGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCATACA CGTAGGCCGA GGAATGTACT ATGGCTCCTA
Viverra megaspila AF511046       TATATACATG CCAACGGGGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCATACA CGTAGGCCGA GGAATATATT ATGGCTCCTA
Chrotogale owstoni AF511066      TATATACACG CCAATGGAGC TTCCTTATTC TTCATTTGTT TATTCATACA TGTAGGCCGT GGAGTGTACT ATGGCTCTTA
Hemigalus derbyanus AF511067     TACATACACG CCAATGGGGC CTCCCTATTC TTCATCTGTT TATTCATACA TGTAGGTCGC GGGATATATT ATGGCTCTTA
Arctogalidia trivir. AF511068    TATATACACG CTAACGGAGC ATCCATATTC TTCATTTGCT TATTCATACA TGTAGGACGA GGAATATACT ACGGCTCATA
Paguma larvata AF511069          TATATACACG CTAACGGAGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAATATATT ACGGTTCATA
Paradoxurus herm. AF511056       TATATACATG CTAATGGAGC CTCCATATTC TTCATCTGCT TATTTATACA TGTAGGACGA GGAATATACT ACGGCTCATA
Fossa fossana AF511062           TACATACACG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTTATTTGCC TGTTTATGCA TGTCGGCCGA GGCATGTACT ACGGCTCACA
Cryptoprocta ferox AF511070      TACATACACG CTAATGGAGC CTCTATATTC TTCATCTGCG TATTCATGCA TGTCGGCCGA GGCATGTACT ACGGCTCCTA
Mungotictis decem. AF511061      TACATACACG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCATGCA CATCGGCCGT GGCATGTATT ACGGCTCATA
Nandinia binotata AF511057       TACATACACG CCAATGGAGC CTCTATATTT TTCATCTGTC TATATATACA TGTAGGCCGA GGCATGTACT ATGGCTCCTA
Herpestes auropunctatus X94926   TATATACACG CTAACGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCATACA CGTAGGACGA GGCATATATT ATGGCTCTTA
Ichneumia albicauda AF511058     TACATACACG CCAATGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGCC TATTTATACA TGTAGGTCGA GGCATATACT ATGGCTCTTA
Cynictis penicillata AF511060    TACATGCACG CCAACGGGGC CTCCATATTC TTTATCTGCC TATTTATACA CGTAGGCCGA GGCATATATT ATGGTTCCTA
Herpestes ichneumon AF511059     TACATACACG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTCATCTGCC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGCATATACT ATGGTTCCTA
Hyaena hyaena AF511063           TATATGCACG CCAACGGGGC CTCCATGTTT TTCATCTGCC TGTTCATGCA CGCCGGCCGA GGAATGTACT ACGGATCCTA
Crocuta crocuta AF511064         TACATACACG CCAACGGAGC TTCCATATTC TTCATCTGTC TATATATACA TATCGGCCGA GGAATATACT ACGGATCTTA
Panthera tigris X82301           TATCTACATG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGTC TATACATGCA CGTAGGACGA GGAATATACT ACGGCTCCTA
Felis catus X82296               TATTTACACG CCAACGGAGC TTCTATATTC TTTATCTGCC TGTACATACA TGTAGGACGG GGAATATACT ACGGCTCCTA
Vulpes vulpes X94929             TACATACATG CAAACGGAGC ATCTATATTT TTTATCTGCC TCTTCATGCA CGTGGGACGA GGCTTATATT ATGGATCTTA
Canis familiaris AB048590        TATATGCACG CAAATGGCGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCCTACA TGTAGGACGA GGCCTATATT ACGGATCCTA
Mustela erminea AB051240         TACATACACG CAAACGGAGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TATTCCTACA CGTAGGACGA GGCTTATATT ACGGTTCTTA
Mustela putorius X94925          TACATACACG CAAACGGAGC TTCCATATTC TTTATCTGCC TGTTCCTGCA CGTAGGGCGG GGTTTATATT ATGGATCTTA
Procyon lotor X94930             TATATACACG CTAACGGAGC TTCCATATTC TTTATATGCC TATTCTTACA CGTAGGACGA GGCTTATACT ATGGCTCCTA
Mephitis mephitis X94927         TATTTACATG CTAATGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGCC TATATCTACA TGTAGGACGA GGATTGTACT ATGGTTCTTA
Bassaricyon gabii X94931         TACATACACG CTAACGGAGC TTCCATATTC TTCATCTGCC TATTCCTGCA TGTAGGACGA GGATTGTACT ACGGCTCTTA
Ursus arctos X82308              TATGTACATG CAAATGGAGC CTCCATGTTC TTTATCTGCC TATTCATGCA CGTAGGACGG GGCCTGTACT ATGGCTCATA
Tremarctos ornatus U23554        TACATACACG CGAACGGAGC TTCAATATTC TTTATCTGCT TGTTCATACA CGTGGGACGG GGTCTGTATT ACGGCTCATA
Odobenus rosmarinus X82299       TATATACACG CAAATGGAGC TTCTATATTT TTCATCTGCC TCTATGCACA CATAGGGCGG GGAATCTACT ACGGCTCCTA
```

```
                                 ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   325        335        345        355        365        375        385        395
Prionodon linsang AF511065       TACATTCCTA GAAACATGAA ATATCGGAAT CATACTACTA TTTACAGTTA TAGCAACAGC CTTTATAGGC TATGTATTGC
Prionodon pardicolor AF511048    TACGTTCCTA GAAACATGAA ATATCGGAAT CATTCTATTA TTTGCAGTCA TAGCAACAGC CTTTATAGGC TATGTTCTAC
Poiana richardsonii AF511049     CACCTTCACA GAAACATGAA ACATCGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTTATAGGC TACGTTCTAC
Osbornictis piscivora AF511050   CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTCA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta johnstoni AF511051       CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTCACAGTTA TAGCTACAGC CTTTATAGGC TACGTCCTGC
Genetta thierryi AF511052        TACCTTCACA GAAACATGAA ACATTGGAAT CCTATTAATA TTCACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta servalina AF511053       CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AF511054         CTCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATG TATACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AF511055        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Viverricula indica AF511044      TACCTTTTCA GAAACATGAA ACATCGGAAT TCTACTACTA TTTGCAGTTA TAGCCACAGC CTTTATAGGC TACGTCCTAC
Civettictis civetta AF511043     TACCTTCTCA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTATTATTA TTCGCAGCCA TAGCCACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTAC
Viverra tangalunga AF511045      CACCTTCTCA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTACTACTA TTCACAGTCA TAGCCACAGC CTTCATAGGC TATGTCTTAC
Viverra zibetha AF511047         TACCTTCTCA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTACTATTA TTCACAGTCA TAGCCACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Viverra megaspila AF511046       TACCTTCTCA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTACTATTA TTCACAGTCA TAGCCACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTAC
Chrotogale owstoni AF511066      TACCTTTTCA GAAACATGAA ATATTGGAAT CCTACTATTA CTCACAGTGA TAGCAACCGC CTTTATAGGC TACGTACTAC
Hemigalus derbyanus AF511067     TACCTTTTCA GAAACATGAA ATATTGGAAT CTTACTGCTA TTTTCAGTAA TAGCAACTGC CTTTATAGGT TACGTATTAC
Arctogalidia trivir. AF511068    TACTTTCTTA GAAACATGAA ATATCGGGAT CCTATTATTA TTCACAGTCA TAGCTACAGC TTTCATAGGC TACGTCCTAC
Paguma larvata AF511069          TACCTTTTCA GAAACATGAA ACATTGGAAT TTTACTATTA TTTGCAGTAA TAGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTTC
Paradoxurus herm. AF511056       TACCTTTTCA GAGACATGAA ATATTGGAAT TTTATTACTA TTTGCAGTTA TAGCTACAGC CTTCATAGGT TATGTCCTAC
Fossa fossana AF511062           CACCTTCTCA GAAACATGAA ACATCGGGAT TCTTCTACTA TTCGCAGTCA TGGCCACAGC CTTTATAGGA TATGTATTAC
Cryptoprocta ferox AF511070      CACCCTCTCA GAAACATGAA ACATCGGGAT CATCCTATTA TTCACTATCA TAGCCACGGC CTTCATAGGA TACGTCCTAC
Mungotictis decem. AF511061      CACTTTCTCA GAAACATGAA ACATCGGAAT CCTCCTCCTA TTCGCAGTAA TAGCCACAGC TTTCATAGGA TACGTCCTAC
Nandinia binotata AF511057       TACCTTCTCA GAGACATGAA ACATCGGAAT TTTACTACTA TTCGCCGTCA TGGCCACCGC ATTCATAGGT TACGTCCTAC
Herpestes auropunctatus X94926   TACATTCATA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTCCTATTA TTCACAGTAA TAGCAACTGC ATTCATAGGT TACGTACTAC
Ichneumia albicauda AF511058     CACTTTCATA GAAACATGAA ATATCGGAAT TCTCCTATTA TTTACAGTAA TAGCAACTGC CTTCATAGGT TACGTACTAC
Cynictis penicillata AF511060    TACTTTCATA GAAACATGAA ATATTGGGAT TCTCCTATTA TTTACAGTAA TAGCAACTGC CTTCATAGGC TACGTGTTAC
Herpestes ichneumon AF511059     TACTTTCATA GAAACATGAA ATATTGGAAT TCTCCTACTA TTTACAGTAA TAGCAACTGC CTTCATAGGT TACGTATTAC
Hyaena hyaena AF511063           CACGTTCTCA GAAACATGAA ACATTGGAAT TCTACTATTA TTTACAGTAA TAGCCACCGC ATTCATAGGT TACGTCTTAC
Crocuta crocuta AF511064         CACACTCCCA GAGACGTGAA ACATCGGAAT CCTACTACTA TTCACAGTAA TAGCTACCGC ATTCATAGGT TATGTCCTAC
Panthera tigris X82301           CACCTTCTCA GAAACATGAA ATATCGGGAT TGTGCTATTG TTTACGGTCA TGGCTACAGC CTTCATAGGA TATGTCTTAC
Felis catus X82296               CACCTTCTCA GAGACATGAA ACATTGGAAT CATACTATTA TTTACAGTCA TAGCCACAGC TTTTATGGGA TACGTCCTAC
Vulpes vulpes X94929             TGTATTCATA GAAACATGAA ATATTGGAAT TATCTTATTG TTCGCAACCA TGGCCACAGC ATTTATGGGC TACGTTTTAC
Canis familiaris AB048590       TGTATTCATA GAAACATGAA ACATTGGAAT TGTACTATTA TTCGCAACCA TAGCCACAGC ATTCATGGGC TATGTACTAC
Mustela erminea AB051240         TATATTCCCC GAAACATGAA ACATTGGCAT TATCTTATTA TTCGCAGTCA TAGCAACTGC ATTCATAGGT TACGTTTTAC
Mustela putorius X94925          TATATTCACC GAAACATGAA ACATCGGCAT TACCTTATTG TTCGCAGTCA TAGCAACTGC ATTCATAGGT TACGTTTTAC
Procyon lotor X94930             TACATTCTCT GAAACATGAA ATATTGGTGT TATTTTACTA CTCACAGTAA TAGCAACTGC TTTCATAGGT TACGTCCTCC
Mephitis mephitis X94927         TATATTCTTA GAAACCTGAA ACATTGGCAT TCTCCTACTT TTTACAGTAA TAGCAACAGC ATTCATAGGT TATGTATTAC
Bassaricyon gabii X94931         CATATTCTCA GAAACATGAA ACATTGGCAT TATCCTACTA TTCGCGGTTA TGGCAACCGC ATTCATAGGT TACGTATTAC
Ursus arctos X82308              CCTATTCTCA GAAACATGAA ACATTGGCAT TATTCTCCTA TTTACAGTTA TAGCCACCGC ATTTATAGGA TACGTCCTAC
Tremarctos ornatus U23554        CCTATTCTCA GAAACATGAA ACATTGGAAT TATTCTCCTA CTCACAATTA TAGCCACAGC ATTCATGGGG TACGTGCTGC
Odobenus rosmarinus X82299       CACCCTCGCA GAAACATGGA ACATCGGTAT CGTATTATTA CTCACTATTA TAGCCACAGC ATTTATAGGC TATGTATTAC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   405        415        425        435        445        455        465        475
Prionodon linsang AF511065      CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGGGCTG CAGTAATTAC CAACCTCCTA TCAGCAATTC CATACATCGG TACTGATCTG
Prionodon pardicolor AF511048   CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCTA CCGTAATTAC CAATCTACTA TCAGCAATCC CATACATCGG CACAAGCTTA
Poiana richardsonii AF511049    CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATCAC CAACCTCCTA TCAGCCATCC CCTATATCGG AACTAGCCTG
Osbornictis piscivora AF511050  CATGAGGCCA ATTATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTG
Genetta johnstoni AF511051      CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATCAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTA
Genetta thierryi AF511052       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATCC CCTACATCGG AACCAACCTA
Genetta servalina AF511053      CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTG
Genetta genetta AF511054        CGTGAGGACA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta maculata AF511055       CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Viverricula indica AF511044     CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCCA CTGTAATTAC CAACCTCCTA TCAGCTATCC CCTATATCGG AACTAATCTT
Civettictis civetta AF511043    CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCCA CTGTAATTAC TAACCTCTTG TCAGCAATCC CCTACATCGG AACCAATCTC
Viverra tangalunga AF511045     CATGAGGCCA AATGTCCTTC TGAGGGGCTA CCGTAATTAC CAATCTCTTA TCAGCAATTC CCTATATCGG AACCAATCTC
Viverra zibetha AF511047        CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCCA CYGTAATTAC CAACCTCCTA TCAGCAATTC CCTATATCGG AACTAATCTC
Viverra megaspila AF511046      CATGAGGCCA AATGTCATTC TGAGGGGCCA CTGTAATTAC TAACCTCCTA TCAGCAATTC CCTATATCGG AACTAATCTC
Chrotogale owstoni AF511066     CATGAGGACA AATGTCCTTC TGAGGGGCTA CCGTAATCAC CAACCTTTTA TCAGCAATCC CATATATTGG GACCAACTTA
Hemigalus derbyanus AF511067    CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCTA CCGTAATTAC CAACCTTTTA TCAGCAATTC CATATATCGG GACCAATTTA
Arctogalidia trivir. AF511068   CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGGGCCA CCGTAATTAC CAACCTCCTA TCAGCAATTC CCTATATCGG AACCGACCTA
Paguma larvata AF511069        CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCCA CAGTAATTAC AAACCTCCTA TCAGCAATCC CTTATATCGG AACCAACTTA
Paradoxurus herm. AF511056      CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGAGCCA CAGTAATCAC AAATCTCCTA TCAGCAATCC CCTACATTGG AACTAATCTA
Fossa fossana AF511062          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCGA CTGTCATCAC CAACCTACTA TCGGCAATCC CCTATATCGG AACGAACCTG
Cryptoprocta ferox AF511070     CCTGAGGCCA AATATCATTC TGAGGGGCTA CAGTCATTAC CAACCTCCTA TCAGCAATCC CCTATGTCGG AACCAACTTA
Mungotictis decem. AF511061     CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCTA CAGTCATTAC TACACTACTA TCAGCAATCC CTTACATCGG CACCAACCTA
Nandinia binotata AF511057      CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATCAC GAACCTCCTA TCAGCAATCC CCTACATTGG TACCAACCTA
Herpestes auropunctatus X94926  CATGAGGTCA AATATCATTC TGAGGAGCCA CAGTCATCAC TAATCTACTA TCAGCAATCC CCTACATCGG AACTAACCTA
Ichneumia albicauda AF511058    CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGCGCCA CGGTCATCAC TAACCTATTA TCAGCAATCC CTTACATCGG AACCAATCTG
Cynictis penicillata AF511060   CATGAGGCCA AATATCATTT TGAGGCGCCA CAGTCATCAC CAACCTACTA TCAGCAATCC CCTACATCGG GACCAACCTA
Herpestes ichneumon AF511059    CATGAGGCCA AATATCATTT TGAGGTGCTA CAGTCATTAC TAATCTACTA TCAGCAATCC CCTACATCGG AACCAATCTA
Hyaena hyaena AF511063          CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGTGCCA CAGTCATCAC CAACCTCCTA TCAGCCATCC CATATATCGG GACCAACCTA
Crocuta crocuta AF511064        CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGTGCCA CAGTCATCAC CAACCTCCTA TCAGCCATCC CGTACATCGG AACTAATCTA
Panthera tigris X82301          CATGAGGCCA AATGTCTTTT TGAGGGGCAA CCGTAATCAC CAACCTCCTG TCAGCAATCC CATATATTGG GACCGACCTA
Felis catus X82296              CATGAGGCCA AATGTCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATCAC TAACCTCCTG TCAGCAATTC CATACATCGG GACTGAACTA
Vulpes vulpes X94929            CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATTAC AAATCTTCTA TCTGCTATTC CCTATATCGG AACCGATCTA
Canis familiaris AB048590      CATGAGGACA AATATCATTT TGAGGAGCAA CTGTAATCAC TAATCTTCTC TCTGCCATCC CTTATATCGG AACTGACTTA
Mustela erminea AB051240       CATGAGGACA AATATCATTT TGAGGTGCAA CCGTAATTAC TAACTTACTA TCCGCCATCC CATACATCGG AACTAACCTT
Mustela putorius X94925         CATGAGGACA AATATCATTT TGGGGTGCAA CCGTAATTAC CAACTTACTG TCTGCTATCC CATATATCGG AACTAATCTT
Procyon lotor X94930            CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCAA CAGTAATTAC AAACCTCCTG TCAGCTATCC CCTATATCGG ATCTAACCTT
Mephitis mephitis X94927        CATGAGGACA AATATCATTT TGAGGAGCAA CTGTAATCAC AAATCTATTA TCAGCCATCC CCTATATCGG CACTAGTCTT
Bassaricyon gabii X94931        CATGAGGACA AATATCCTTT TGAGGAGCAA CAGTAATTAC AAATCTATTG TCAGCAATCC CCTACATCGG GACCAGCCTA
Ursus arctos X82308             CCTGAGGCCA AATGTCCTTC TGAGGAGCAA CTGTCATCAC CAATCTACTA TCGGCCGTTC CCTATATCGG AACGGACCTG
Tremarctos ornatus U23554       CCTGAGGCCA AATATCCTTT TGAGGAGCAA CCGTCATCAC CAATCTGCTA TCAGCTATCC CCTACATTGG AACCGACCTA
Odobenus rosmarinus X82299      CATGAGGACA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTCATCAC CAACCTTCTG TCAGCAATTC CCTATGTAGG GACTGACTTG
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   485        495        505        515        525        535        545        555
Prionodon linsang AF511065      GTAGAATGAA TCTGAGGCGG CTTCTCAGTA GACAAGGCCA CCTTGACACG GTTTTTCGCC TTTCACTTCA TCCTTCCATT
Prionodon pardicolor AF511048   GTAGAATGAA TTTGAGGTGG TTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTTTTCGCC TTTCACTTTA TTCTTCCATT
Poiana richardsonii AF511049    GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Osbornictis piscivora AF511050  GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta johnstoni AF511051      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTATTTGCT TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta thierryi AF511052       GTAGAGTGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GATAAAGCAA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta servalina AF511053      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AF511054        GTAGAATGGA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCTTCCCATT
Genetta maculata AF511055       GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Viverricula indica AF511044     GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GACAAAGCTA CCTTAACCCG ATTCTTCGCC TTCCATTTTA TCCTTCCATT
Civettictis civetta AF511043    GTAGAGTGGG TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GACAAGGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCC TTCCACTTTA TCCTCCCGTT
Viverra tangalunga AF511045     GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GACAAGGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Viverra zibetha AF511047        GTAGAATGGA TCTGAGGGGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Viverra megaspila AF511046      GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTCTCAGTA GATAAGGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Chrotogale owstoni AF511066     GTAGAATGAA TTTGAGGGGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG CTTCTTTGCC TTCCACTTTA TTCTTCCTTT
Hemigalus derbyanus AF511067    GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG TTTCTTCGCC TTTCACTTCA TCCTTCCCTT
Arctogalidia trivir. AF511068   GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTCTCAGTA GATAAAGCTA CCCTAACACG CTTTTTCGCT TTCCACTTTA TTCTCCCATT
Paguma larvata AF511069        GTAGAATGGA TCTGAGGAGG ATTTTCAGTA GACAAAGCTA CTCTAACACG CTTCTTCGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Paradoxurus herm. AF511056      GTCGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCTA CCCTAACACG CTTCTTCGCC TTCCACTTTA TTCTCCCATT
Fossa fossana AF511062          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG ATTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCC TTCCACTTCA TCCTCCCATT
Cryptoprocta ferox AF511070     GTAGAGTGGA TCTGGGGCGG ATTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCC TTCCACTTTA TTCTCCCATT
Mungotictis decem. AF511061     GTAGAATGAA TCTGAGGCGG GTTCTCAGTA GACAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TTCTCCCGTT
Nandinia binotata AF511057      GTAGAATGAA TCTGAGGCGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCCTT
Herpestes auropunctatus X94926  GTAGAATGAA TCTGAGGCGG ATTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCA TTCCACTTCA TCCTACCATT
Ichneumia albicauda AF511058    GTAGAGTGAA TCTGAGGTGG GTTCTCAGTA GACAAGGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCA TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Cynictis penicillata AF511060   GTAGAATGAA TTTGAGGCGG GTTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCA TTCCACTTCA TCTTACCATT
Herpestes ichneumon AF511059    GTAGAGTGAA TCTGAGGCGG ATTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCA TTCCACTTCA TCCTACCATT
Hyaena hyaena AF511063          GTAGAATGGA TCTGAGGGGG CTTCTCAGTG GATAAAGCCA CATTAACACG ATTCTTCGCC TTCCACTTCA TCCTCCCATT
Crocuta crocuta AF511064        GTAGAGTGAG TCTGAGGAGG ATCCTCAGTG GATAAAGCCA CATTAACACG ATTCTTCGCC CTCCACTTTA TCCTCCCATT
Panthera tigris X82301          GTAGAGTGAA TCTGAGGGGG TTTCTCAGTA GACAAAGCTA CCCTGACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA CCCTTCCGTT
Felis catus X82296              GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTCTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTCA TTCTTCCATT
Vulpes vulpes X94929            GTAGAATGAA TTTGAGGGGG CTTCTCAGTA GACAAAGCAA CCCTAACACG ATTCTTTGCA TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Canis familiaris AB048590      GTAGAATGAA TCTGAGGCGG CTTCTCAGTG GACAAAGCAA CCCTAACACG ATTCTTTGCA TTCCATTTCA TCCTCCCTTT
Mustela erminea AB051240       GTAGAATGAA TCTGAGGCGG ATTTTCAGTA GACAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTCGCC TTCCATTTTA TCCTGCCATT
Mustela putorius X94925         GTAGAATGAA TCTGAGGCGG ATTCTCAGTA GATAAAGCTA CCCTAACACG ATTCTTCGCT TTCCACTTCA TCCTACCATT
Procyon lotor X94930            GTAGAATGAA TTTGAGGAGG GTTTTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCA TTCCACTTCA TTCTACCATT
Mephitis mephitis X94927        GTAGAATGAA TCTGAGGCGG ATTCTCAGTA GACAAGGCAA CTCTTACTCG ATTCTTTGCT TTTCATTTTA TCCTACCATT
Bassaricyon gabii X94931        GTAGAATGAA TCTGGGGAGG ATTCTCAGTG GACAAGGCAA CCCTAACACG GTTCTTTGCT TTCCACTTTA TCCTACCCTT
Ursus arctos X82308             GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTTTCCGTA GATAAGGCGA CTCTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTTA TTCTCCCGTT
Tremarctos ornatus U23554       GTAGAATGAA TCTGAGGTGG ATTCTCAGTA GATAAAGCAA CCCTTACCCG ATTTTTCGCT TTTCACTTTA TCCTTCCATT
Odobenus rosmarinus X82299      GTCGAATGAG TCTGAGGGGG GTTTTCAGTT GATAAAGCAA CCCTAACACG ATTCCTCGCC CTCCACTTCG TTCTTCCATT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   565        575        585        595        605        615        625        635
Prionodon linsang AF511065      CATCATCGCC GCTCTAGCAG CAGTCCACCT ACTATTCCTT CATGAAACTG GATCAAACAA CCCCTCAGGA ATTTCATCAG
Prionodon pardicolor AF511048   TATCATCGCC GCCCTAGCAG CAGTCCACCT ACTATTCCTC CACGAAACTG GATCAAATAA CCCCTCAGGA ATTACGTCCG
Poiana richardsonii AF511049    CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACTT ATTATTCCTC CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCAGGT GTAATATCCA
Osbornictis piscivora AF511050  CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACTT GCTATTCCTC CACGAAACTG GCTCCAACAA TCCCTCAGGC ATAATATCTG
Genetta johnstoni AF511051      CATTATTTCA GCCTTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACGG GTTCCAACAA TCCCTCAGGT ATAATATCCG
Genetta thierryi AF511052       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GATCTAATAA CCCCTCAGGC GTAATATCCA
Genetta servalina AF511053      CATTATTTCA GCCCTAGCAG CCGTTCACCT GCTATTTCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta genetta AF511054        CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta maculata AF511055       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Viverricula indica AF511044     TATCATCTCA GCCCTAGCAG CCGTTCATTT ACTATTTCTA CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCAGGA ATAGTATCTG
Civettictis civetta AF511043    TATCATCTCA GCCTTAGCGG CAGTCCACCT ATTATTCCTA CACGAAACAG GGTCTAACAA TCCTTCAGGA ATAGTGTCTG
Viverra tangalunga AF511045     CATTATCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACTT ATTATTTCTA CATGAAACAG GATCCAATAA TCCCTCAGGA GTAATATCTG
Viverra zibetha AF511047        CATCATCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACTT ACTATTCCTA CATGAAACAG GATCCAACAA TCCCTCAGGA GTAGTATCTG
Viverra megaspila AF511046      CATTATCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACTT ATTATTCCTA CATGAAACAG GATCCAATAA CCCCTCAGGA GTAGTATCTG
Chrotogale owstoni AF511066     CATCATTTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACTT ACTATTTCTA CACGAAACAG GATCTAATAA TCCCTCAGGA ATGATATCTG
Hemigalus derbyanus AF511067    CATTATCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACCT ATTATTTCTA CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCTGGA ATATCATCCG
Arctogalidia trivir. AF511068   CATTATCTCA GCCCTAGCGG TAGTCCACCT ACTATTTCTC CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCAGGA TTAACATCAG
Paguma larvata AF511069        CATCATCTCA GCCTTAGCAG CAGTCCACTT GCTATTCCTT CACGAAACAG GATCCAATAA CCCTTCAGGA ATAACATCTG
Paradoxurus herm. AF511056      CATCATTTCC GCCCTAGCAG CAGTCCATCT ATTATTCCTC CATGAAACAG GATCCAATAA CCCCTCAGGA ATAATATCTG
Fossa fossana AF511062          CATCATCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACCT TCTATTCCTC CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCTGGA ATACCATCTG
Cryptoprocta ferox AF511070     CATCATTTCA GCCCTAGTGG CAGTTCACCT TCTATTTCTC CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCAGGA TTGGTGTCCA
Mungotictis decem. AF511061     CATTATCGCC GCCCTGGCAG CAGTCCACCT GCTATTTCTT CACGAAACAG GATCCAACAA TCCCTCAGGA CTAACCTCCA
Nandinia binotata AF511057      CATCATTTTA GCTCTAGCAG CAATTCACCT CCTATTCCTA CATGAAACAG GATCCAATAA CCCCTCAGGA ATCCCATCCA
Herpestes auropunctatus X94926  CATTATCTCA GCCCTCGCAG CAGTACACCT CCTATTTCTG CATGAAACAG GATCTAACAA CCCCTCAGGA ATCTCATCAG
Ichneumia albicauda AF511058    TATCATCTCA GCTCTCGCAG CAGTACACCT TCTATTCTTA CATGAAACAG GATCCAACAA CCCTTCAGGA ATCTCATCCG
Cynictis penicillata AF511060   CATCATCTCA GCCCTCGCAG CAGTACACCT TCTATTCTTA CATGAAACAG GGTCCAATAA CCCTTCAGGA ATTTCATCAG
Herpestes ichneumon AF511059    CATCATCTCA GCCCTCGCAG CAGTACACCT CCTATTCCTA CATGAAACAG GATCCAACAA CCCTTCTGGA ATCTCATCAG
Hyaena hyaena AF511063          TATCATCCTA GCCCTGGCAA TCATCCATCT GCTATTCCTG CACGAAACAG GCTCCAATAA CCCCTCAGGA ATGACATCAG
Crocuta crocuta AF511064        TATCATCCTA GCCGTGGCAA CCGTCCACCT ACTATTCCTA CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGA ATAACATCAG
Panthera tigris X82301          TATCGTCTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACCT CCTATTCCTT CACGAAACAG GATCCAATAA CCCCTCAGGA ATGGTGTCCG
Felis catus X82296              CATTATCTCA GCCTTAGCAG CAGTACACCT CTTATTCCTT CATGAAACAG GATCTAACAA CCCCTCAGGA ATTACATCCG
Vulpes vulpes X94929            CATCATCGCA GCATTAGCGA TGGTTCATCT CTTATTTCTC CACGAAACAG GATCCAACAA TCCTTCAGGA ATCACATCCG
Canis familiaris AB048590      CATCATCGCA GCTCTAGCAA TAGTACACCT CCTATTTCTA CACGAAACCG GATCCAACAA CCCTTCAGGA ATCACATCAG
Mustela erminea AB051240        CATCATTTCA GCACTAGCAG CAGTCCACCT ACTATTCCTC CACGAAACAG GATCCAACAA TCCCTCCGGA ATCCCATCCG
Mustela putorius X94925         CATCATTTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACCT ACTATTCCTC CACGAAACAG GATCTAATAA CCCCTCCGGA ATTCCATCTG
Procyon lotor X94930            TATTATCACA GCGCTAGCAA TAATTCACCT GCTATTCCTA CACGAAACAG GATCCAATAA CCCTTCTGGA ATTACATCAG
Mephitis mephitis X94927        CATTATTTCA GCCTTAGCAG TAGTTCACTT ACTATTCCTA CATGAAACAG GATCTAATAA TCCATCTGGA ATAGTATCAG
Bassaricyon gabii X94931        CATTATCTCA GCATTGGCAA TAGTACACCT CCTATTCCTA CATGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCCGGA ATCCCATCAG
Ursus arctos X82308             CATCATCCTA GCACTAGCAG CAGTCCACCT ATTATTCCTA CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCTGGA ATCCCATCTG
Tremarctos ornatus U23554       CATTATTTTA GCACTAGCCA TAGTCCACCT ATTATTTCTT CACGAAACAG GATCCAACAA TCCCTCTGGA ATCTCATCGA
Odobenus rosmarinus X82299      CATGGCATTA GCACTAACAG CAGTACACCT ACTATTTCTC CACGAAACAG GATCTAACAA CCCTTCGGGA ATCCTATCTG
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   645        655        665        675        685        695        705        715
Prionodon linsang AF511065      ATCTAGATAA AATTCCCTTT CATCCTTACT ACACAATCAA AGACATCCTA GGCCTATTAA TTCTAATTCA AGCCCTAATA
Prionodon pardicolor AF511048   ACCTAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ACACAATCAA AGACATCCTA GGCCTGCTAT TCCTTATCCA AGTCCTGATA
Poiana richardsonii AF511049    ACTCAGATAA AATCCCCTTC CACCCATACT ATACAACTAA AGACATTTTA GGCCTCCTAA TCCTAATCCT AATACTAATA
Osbornictis piscivora AF511050  ACTCAGATAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATCCT AGTACTAATA
Genetta johnstoni AF511051      ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACCATTAA AGACATTCTA GGTATCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta thierryi AF511052       ACTCAGACAA AATCCCTTTC CATCCATATT ACACCATCAA AGACATTCTA GGCCTTTTAC TACTTATTCT GGTATTAATA
Genetta servalina AF511053      ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AF511054        ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta maculata AF511055       ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Viverricula indica AF511044     ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCATACT ATACAATCAA AGATATCTTA GGCCTCCTAT TCCTAATCCT AACACTAATA
Civettictis civetta AF511043    ACTCCGACAA AATCCCATTC CACCCATATT ACACAATTAA GGACATTCTA GGCCTCTTAC TCCTAATCCT AGTACTGATA
Viverra tangalunga AF511045     ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCGTACT ATACAATTAA AGATATTCTA GGTCTCCTAT TCCTAATTCT AGCATTAATA
Viverra zibetha AF511047        ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ATACAATTAA AGATATCTTA GGACTCTTAC TCCTAATTCT AACATTAATA
Viverra megaspila AF511046      ACTCAGACAA GATCCCATTC CACCCATACT ATACAATTAA AGATATCTTA GGCCTCTTAC TCCTAATTCT AACACTAATA
Chrotogale owstoni AF511066     ACTCAGATAA AATTCCATTC CACCCATACT ATACAATCAA AGATATCCTC GGCCTGTTAT TTCTAATCCT AGCACTAATA
Hemigalus derbyanus AF511067    ACTTAGATAA AATTCCATTT CACCCTTATT ATACAATTAA AGATATTCTA GGCCTATTAC TTCTAATTAT AGTACTAATA
Arctogalidia trivir. AF511068   ACTCCGATAA AATCCCATTC CACCCTTACT ACATAATTAA AGATATCTTA GGAATCCTGC TTTTAATTCT AATATTATTA
Paguma larvata AF511069         ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCTTACT ACACAATCAA AGACATCTTA GGCCTTTTAA TCTTAATTAT GGCATTAATA
Paradoxurus herm. AF511056      ATTCAGACAA AATTCCATTC CATCCTTACT ATACAATCAA AGATATCCTA GGCTTTCTAA TTTTAATTAT AATATTAATA
Fossa fossana AF511062          ACTCAGACAA AATCCCATTC CATCCATACT ATACATTCAA GGACATCCTA GGCGTCCTAC TTCTAATCCT AAYCTTAACA
Cryptoprocta ferox AF511070     ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ATACTATCAA GGACATCCTA GGCCTACTAC TCCTAATCCT AATACTCATA
Mungotictis decem. AF511061     ACTCCGACAA AATCCCATTC CACCCGTACT ACACCATCAA AGACATCCTA GGCCTTCTAT TCCTAATCCT GACACTCATA
Nandinia binotata AF511057      ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCATACT ATACAATCAA AGACATCCTA GGCCTTTTAA TCCTCATTCT AATACTCATA
Herpestes auropunctatus X94926  ACTCAGACAA AATTCCATTT CACCCCTACT ATACAATCAA AGACATCCTA GGACTCCTAA TTATACTCAT AATACTCATA
Ichneumia albicauda AF511058    ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCGTACT ATACAATTAA AGATATCCTA GGACTCCTAG TTATGCTTAT ACTCCTTATA
Cynictis penicillata AF511060   ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCGTACT ATACAATCAA AGACATCCTA GGGCTCCTAA TCATGCTTAT AGCACTTATA
Herpestes ichneumon AF511059    ACTCAGACAA AATTCCATTC CACCCGTACT ACACAATTAA AGACATCCTA GGACTCCTAA TCATACTTGT AGCACTCATG
Hyaena hyaena AF511063          ACACAGACAA AATCCCATTC CATCCCTACT ACACCATTAA GGACATCCTA GGCCTCCTAC TCCTAATCCT AATACTAATG
Crocuta crocuta AF511064        ACACAGACAA AATCCCATTT CACCCCTACT ATACCACCAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TCCTGATCTT AATACTATTA
Panthera tigris X82301          ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ACACAATTAA AGATATCTTA GGCCTCTTAG TACTAGTCCT AACCCTCATA
Felis catus X82296              ATTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ATACAATCAA AGACATCCTA GGTCTTCTAG TACTAGTTTT AACACTCATA
Vulpes vulpes X94929            ACTCAGACAA AATTCCGTTT CACCCCTACT ACACAATTAA AGACATCCTA GGAGTTTTAC TTCTCCTTTC AGTTCTAATA
Canis familiaris AB048590      ACTCAGACAA AATTCCATTT CACCCTTACT ACACAATCAA GGATATCCTA GGAGCCTTAC TCCTACTCCT AATCCTAATA
Mustela erminea AB051240        ACTCTGACAA AATCCCATTC CACCCTTACT ATACCATCAA AGACATCCTA GGCGCCCTAT TCCTTATTCT AACACTAATA
Mustela putorius X94925         ACTCCGACAA AATCCCATTT CACCCTTACT ACACCATCAA AGACATCCTA GGCGCCCTAC TCCTTATTCT AATACTAACA
Procyon lotor X94930            AATCTGACAA AATTCCATTT CACCCATACT ACACCATTAA AGACATTCTG GGAATCCTAT TCCTTATTTT TGTACTTATA
Mephitis mephitis X94927        ACACAGACAA AATCCCATTT CACCCCTACT ATACAATCAA AGATATTCTA GGGGTATTAC TCCTTATTTT AATACTTCTA
Bassaricyon gabii X94931        ACTCCGACAA AATCCCCTTC CACCCGTACT ATACTGTCAA AGACATCCTA GGTGCCCTAG TAATAATCCT CATACTAATG
Ursus arctos X82308             ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ATACAATTAA GGATATTCTA GGCGCCCTAC TTCTCACCCT AGCCTTAGCA
Tremarctos ornatus U23554       ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCTTACT ATACAATTAA AGATATTCTA GGCGTCTTAC TTCTTCTCCT AGCCCTGGTA
Odobenus rosmarinus X82299      ACTCAGACAA AATCCCATTT CACCCGTACT ACACAATTAA AGATATCCTA GGGCTCATCA TTCTAATCCT AATCCTAATA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   725        735        745        755        765        775        785        795
Prionodon linsang AF511065      CTTCTAGTCT TATTCTCGCC AGACATGCTT GGAGACCCAG ACAATTACAT TCCAGCTAAC CCTCTAAATA CCCCATCCCA
Prionodon pardicolor AF511048   CTTCTAGTCC TATTTTCACC AGACATACTT GGAGACCCAG ACAATTATAT CCCCGCCAAC CCCTTAAATA CTCCACCCCA
Poiana richardsonii AF511049    CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTCTTA GGAGACCCTG ACAACTACAT TCCTGCCAAC CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Osbornictis piscivora AF511050  CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCYG AYAACTAYAT YCCTGCYAAY CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta johnstoni AF511051      TTATTAGTAT TATTCTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ATAACTATAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCTCA
Genetta thierryi AF511052       CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTCTA GGAGACCCCG ACAACTATAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta servalina AF511053      CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGATCCCG ATAACTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AF511054        CTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AF511055       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Viverricula indica AF511044     CTGCTAGTCC TATTCTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCAG ATAATTACAT TCCCGCCAAC CCCTTAAACA CCCCACCACA
Civettictis civetta AF511043    CTGCTAGTCC TATTCTCACC CGACCTATTG GGAGACCCAG ACAACTATAC CCCCGCCAAC CCCCTAAGCA CCCCACCACA
Viverra tangalunga AF511045     CTGTTAGTCC TATTCTCACC TGACCTCCTA GGAGACCCAG ATAACTATAC CCCTGCCAAC CCTCTAAACA CTCCACCCCA
Viverra zibetha AF511047        CTGTTAGTCC TATTCTCACC TGACCTCCTA GGGGACCCAG ACAACTATAC CCCTGCCAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Viverra megaspila AF511046      CTGTTAGTTC TATTCTCACC TGACCTCTTA GGAGACCCAG ACAACTATAC CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCTCA
Chrotogale owstoni AF511066     TTGCTAGTCC TATTTTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCAG ACAACTACAC CCCTGCAAAC CCTCTAAACA CCCCTCCCCA
Hemigalus derbyanus AF511067    CTATTAGTTC TATTTTCACC TGACCTCCTA GGAGACCCAG ACAATTATAC CCCTGCAAAC CCCCTAAACA CCCCTCCTCA
Arctogalidia trivir. AF511068   TTACTAGTAT TATTCTCACC TGACCTCCTA GGAGACCCAG ACAACTATAC CCCCGCCAAC CCTTTAAATA CACCACCCCA
Paguma larvata AF511069        TTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTCCTA GGAGACCCAG ACAACTATAC CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Paradoxurus herm. AF511056      ATACTAGTTT TATTCTCACC TGACCTCCTA GGAGACCCAG ACAATTATAC TCCCGCCAAT CCCCTAAATA CCCCACCCCA
Fossa fossana AF511062          ATCCTAGTCC TATTCTCACG GACGTATCTG GGGGACGCGG ACGACTACAC CCCAGCCAAC CCCCTATATA CCCCACCCCA
Cryptoprocta ferox AF511070     CTCCTCGTCC TATTCTCACC AGACCTGCTA GGAGATCCCG ACAACTACAC TCCCGCCAAC CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Mungotictis decem. AF511061     CTCCTCGTCC TCTTTTCCCC AGACCTCTTA GGAGACCCCG ACAACTACAC TCCCGCCAAC CCCCTAAATA CCCCACCCCA
Nandinia binotata AF511057      CTACTAGTCC TATTCTCCCC CGACCTGCTA GGAGACCCAG ACAATTATAT CCCCGCCAAC CCCCTAAATA CACCTCCCCA
Herpestes auropunctatus X94926  ATACTAGTCC TATTCTCACC AGACCTTCTA GGAGACCCAG ACAACTACAC CCCAGCCAAC CCACTAAACA CCCCACCACA
Ichneumia albicauda AF511058    ACTCTAGTTC TATTCTCACC AGACCTTCTA GGGGACCCAG ACAACTACAC CCCAGCCAAC CCACTAAGCA CCCCACCACA
Cynictis penicillata AF511060   ATTCTAGTCC TATTCTCACC AGACCTTTTG GGAGACCCAG ACAACTACAC CCCAGCCAAC CCATTAAATA CCCCTCCACA
Herpestes ichneumon AF511059    ACCCTAATTC TATTCTCACC AGACCTCCTG GGAGACCCAG ACAACTACAC CCCAGCCAAC CCACTAAACA CCCCACCACA
Hyaena hyaena AF511063          CTCCTAGTAC TATTCTCACC AGACCTCCTA GGAGACCCCG ACAACTACAC ACCAGCCAAC CCCCTAAACA CCCCACCACA
Crocuta crocuta AF511064        CTCCTAGTAC TATTCTCACC AGACCTCCTA GGAGACCCCG ACAACTACAC ACCAGCCAAC CCCTTAAATA CCCCACCACA
Panthera tigris X82301          CTACTCGTCC TATTCTCACC AGACCTATTA GGAGACCCTG ATAACTACAT CCCCGCCAAC CCCCTAAATA CCCCTCCCCA
Felis catus X82296              CTACTCGTCC TATTTTCACC AGACCTGCTA GGAGACCCAG ACAACTACAT CCCAGCCAAC CCTTTAAATA CCCCTCCCCA
Vulpes vulpes X94929            TCACTAGTCC TATTCTCACC AGATCTTTTA GGAGACCCAG ACAATTACAC CCCCGCAAAC CCTCTCAGCA CTCCCCCACA
Canis familiaris AB048590      TCACTAGTTT TATTTTCACC TGACCTACTA GGAGACCCAG ATAACTACAC CCCTGCAAAC CCCCTAAACA CCCCTCCACA
Mustela erminea AB051240        CTACTAGTAC TATTCTCACC TGACCTGCTA GGAGACCCAG ACAACTACAT CCCAGCCAAC CCCCTCAACA CACCTCCCCA
Mustela putorius X94925         CTATTAGTAT TATTCTCACC CGACCTATTA GGAGACCCAG ACAACTACAT CCCCGCTAAT CCCCTCAACA CACCTCCCCA
Procyon lotor X94930            GGTTTAGTGC TATTTACGCC AGACCTACTA GGTGACCCAG ATAATTACAC ACCCGCTAAC CCCTTAAACA CCCCACCTCA
Mephitis mephitis X94927        ACCTTAGTCC TATTTTTACC TGACATACTA GGAGATCCAG ACAACTATAC TCCAGCCAAT CCACTGAACA CCCCACCCCA
Bassaricyon gabii X94931        ACACTCGTAC TATTCACACC CGACCTACTA GGAGACCCAG ACAACTACAC CCCAGCCAAC CCACTCAACA CTCCCCCACA
Ursus arctos X82308             ACCCTAGTCC TATTCTCGCC CGACTTACTA GGAGACCCTG ACAACTATAT CCCCGCAAAT CCACTGAGCA CCCCACCCCA
Tremarctos ornatus U23554       ACCCTAGTCC TATTCTCACC CGACTTACTA GGAGACCCCG ACAACTACAC CCCTGCAAAC CCAGTGAGCA CCCCACTACA
Odobenus rosmarinus X82299      CTACTAGTAC TATTCTCACC AGATTTACTG GGAGACCCGG ACAATTACAC CCCAGCCAAC CCTCTCAGCA CCCCACCCCA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   805        815        825        835        845        855        865        875
Prionodon linsang AF511065      TATCAAAACCC GAATGGTATT TTCTATTCGC ATACGCAATT CTCCGATCCA TCCCTAATAA ATTAGGAGGA GTTACAGCCC
Prionodon pardicolor AF511048   TATTAAACCA GAATGATATT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTTCGATCTA TCCCCAATAA ATTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Poiana richardsonii AF511049    TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATACGCAATT CTCCGATCCA TCCCTAATAA ATTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Osbornictis piscivora AF511050  TATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TTCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta johnstoni AF511051      TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta thierryi AF511052       CATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAATAA ATTAGGAGGA GTTCTAGCCC
Genetta servalina AF511053      TATTAAACCC GAATGGTATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTGGCCC
Genetta genetta AF511054        TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATATGCAATT CTCCGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AF511055       TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Viverricula indica AF511044     CATTAAACCT GAATGATATT TCTTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCTC
Civettictis civetta AF511043    TATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTCGC ATACGCAATT CTCCGATCCA TCCCCAATAA GCTAGGAGGA GTCCTAGCTC
Viverra tangalunga AF511045     TATTAAACCC GAATGATACT TCCTATTCGC ATACGCAATC CTTCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCTC
Viverra zibetha AF511047        CATTAAACCC GAATGATACT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TCCCTAACAA GCTAGGAGGA GTCTTAGCTC
Viverra megaspila AF511046      CATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA GCTAGGAGGA GTATTAGCTC
Chrotogale owstoni AF511066     TATTAAACCT GAATGATATT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTACGATCTA TCCCTAACAA ACTAGGAGGT GTCCTACCTC
Hemigalus derbyanus AF511067    TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATATGCAATT CTCCGATCCA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTGGCCC
Arctogalidia trivir. AF511068   CATCAAACCC GAATGATATT TCCTATTCGC ATACGCAATC CTTCGGTCGA TTCCCAATAA ACTAGGAGGA GTACTAGCCC
Paguma larvata AF511069        TATCAAACCT GAATGATATT TCCTATTTGC GTATGCTATA CTCCGATCCA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTTTTAGCCC
Paradoxurus herm. AF511056      TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATATGCTATT CTCCGATCTA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTATTAGCCC
Fossa fossana AF511062          TATCAAGCCC GAATGATATT TCCTGTTCGC ATACGCTATC CTTCGATCCA TTCCCAACAA GCTAGGAGGA GTAATAGCCC
Cryptoprocta ferox AF511070     CATCAAACCC GAATGATACT TCCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCTAACAA ACTGGGAGGG GTCATAGCCC
Mungotictis decem. AF511061     TATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTCGC ATATGCAATT CTTCGATCCA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTATTAGCCC
Nandinia binotata AF511057      CATCAAGCCC GAATGATATT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCAA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Herpestes auropunctatus X94926  TATTAAGCCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATATGCAATC CTCCGATCCA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTACTAGCCC
Ichneumia albicauda AF511058    TATTAAACCC GAATGATACT TCCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTACTAGCCC
Cynictis penicillata AF511060   CATCAAACCC GAATGGTACT TTCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTACTAGCTC
Herpestes ichneumon AF511059    CATCAAACCT GAATGATACT TTCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TCCCCAATAA ACTAGGAGGA GTACTAGCCC
Hyaena hyaena AF511063          TATCAAGCCA GAGTGATATT TCCTGTTCGC ATACGCAATT CTTCGATCCA TCCCTAACAA ACTAGGAGGA GTATTAGCCT
Crocuta crocuta AF511064        TATTAAGCCC GAATGATACT TCCTATTCGC ATACGCAATT CTTCGATCTA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTATTAGCCC
Panthera tigris X82301          TATTAAGCCC GAATGGTATT TCCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAATAA ACTAGGAGGA GTTCTAGCCC
Felis catus X82296              TATTAAACCT GAATGATACT TCCTATTCGC ATACGCAATT CTCCGATCCA TCCCCAACAA ACTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Vulpes vulpes X94929            TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC CTATGCCATT CTCCGGTCCA TCCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Canis familiaris AB048590      TATTAAACCT GAGTGATATT TTCTATTCGC CTATGCTATC CTACGATCCA TTCCTAATAA ATTAGGAGGT GTACTCGCCC
Mustela erminea AB051240       CATTAAACCT GAGTGATACT TCCTATTCGC ATATGCTATC CTACGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGAGGA GTACTAGCCT
Mustela putorius X94925         CATTAAACCC GAGTGATACT TCCTATTCGC GTATGCCATT CTGCGATCCA TCCCCAACAA ATTAGGAGGG GTACTAGCCC
Procyon lotor X94930            CATTAAACCT GAATGATATT TTCTATTCGC CTACGCAATT CTACGTTCCA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Mephitis mephitis X94927        TATTAAACCA GAGTGATACT TCTTATTTGC CTATGCTATT TTACGATCCA TCCCAAACAA ACTAGGAGGA GTATTAGCCC
Bassaricyon gabii X94931        TATTAAACCC GAATGATATT TCCTATTCGC ATATGCAATC CTACGATCTA TCCCAAACAA GCTAGGAGGA GTCCTCGCCC
Ursus arctos X82308             CATCAAACCC GAGTGGTACT TTCTATTTGC CTACGCTATC CTACGATCCA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTACTAGCAC
Tremarctos ornatus U23554       TATCAAGCCT GAATGGTACT TCTTATTTGC CTACGCCATT CTACGATCTA TTCCCAATAA ATTGGGAGGA GTACTGGCCC
Odobenus rosmarinus X82299      TATCAAAACCC GAATGATATT TCCTATTCGC CTACGCTATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTCGGGGGA GTACTAGCTC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   885        895        905        915        925        935        945        955
Prionodon linsang AF511065      TCATTCTTTC TATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCCCTACT TCATACCTCA AAACAACGAG GTATGATATT CCGACCATTA
Prionodon pardicolor AF511048   TCGTTCTTTC CATCCTAATC CTAGCTATCA TCCCCCTACT CCACACCTCA AAACAACGAG GCATGATATT CCGACCACTA
Poiana richardsonii AF511049    TCGTCCTCTC TATCTTAATC CTAGCAATCA TCCCCCTTCT CCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTA
Osbornictis piscivora AF511050  TCGTTTCTTC AATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCTCTACT CCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta johnstoni AF511051      TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCTTTCCT TCACACTTCA AAACAACGAA GCATGATATT CCGGCCATTA
Genetta thierryi AF511052       TCGTCCTCTC AATTCTAGTC CTAGCAATTA TTCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCAATA
Genetta servalina AF511053      TCGTCCTTTC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCTCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AF511054        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AF511055       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Viverricula indica AF511044     TCGTCCTCTC TATTCTAATT CTAGCAATCA TTCCCCTACT ACATACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTT
Civettictis civetta AF511043    TCGTCCTCTC TATCCTAATT CTAGCAGTCA TCCCCCTACT ACACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTT
Viverra tangalunga AF511045     TTATTCTTTC CATCCTAATC CTAGCAATTA TTCCTCTACT ACACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGGCCACTT
Viverra zibetha AF511047        TCATTCTCTC TATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCTTTACT CCATACTTCA AAACAACGAA GTATAATATT CCGACCACTT
Viverra megaspila AF511046      TCATCCTCTC TATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCTTTACT ACATACTTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCGCTC
Chrotogale owstoni AF511066     ACGCTATATC AATCCTCATC CTACCAATTA TCCCAATATT ACACACTTCA AAACAACGAA GCATTATATT CCGACCATTA
Hemigalus derbyanus AF511067    TCATCATGTC AATTCTCATC CTAGCAATTA TTCCACTATT ACATACTTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Arctogalidia trivir. AF511068   TCATCCTATC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCACTATT ACACACTTCA AAACAACGAA GTATAATATT TCGACCATTC
Paguma larvata AF511069        TCATTTTATC GATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCACTACT ACATACTTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTT
Paradoxurus herm. AF511056      TCATTCTATC AATTTTAATC CTAGCAATCA TTCCACTACT ACACACTTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTC
Fossa fossana AF511062          TAGTACTATC AATCTTAATC CTAGCTATCC TACCCCTACT CAATACCTCA AAACAACGAG GCATAATATT CCGACCTCTC
Cryptoprocta ferox AF511070     TTGTACTATC CATCCTAGTC CTAGCGATTG TACCCCTACT CCACACCTCA AAACAACGAG GCATGACATT CCGTCCTCTC
Mungotictis decem. AF511061     TCGTCCTATC CATCTTAATC CTAGCAGCCA TACCACTACT CCACACCTCA AAACAACGAA GCATGATATT CCGACCGCTC
Nandinia binotata AF511057      TAGTCCTCTC CATCTTAATT CTAGCAATCA TTCCCCTACT CCACACATCA AAACAACGAG GAATAATATT CCGGCCCCTA
Herpestes auropunctatus X94926  TAGTACTATC TATTATAATC TTAGCTATCG TACCACTACT TCACACCTCA AACCAACGAG GCATGATATT CCGACCACTC
Ichneumia albicauda AF511058    TTGTATTGTC CATTATGGTC CTAGCTATCG TACCACTACT ACACACCTCA AACCAACGAG GAATAATATT CCGACCACTC
Cynictis penicillata AF511060   TTGTATTATC CATCATAATC CTAGCCATCG TACCACTACT TCACACCTCA AACCAACGAG GCATAATATT CCGACCACTC
Herpestes ichneumon AF511059    TTGTATTATC CATCATAATT CTAGCCATCG TACCACTACT CCACACCTCA AACCAACGAG GTATAATATT TCGACCACTC
Hyaena hyaena AF511063          TAATTCTATC AATCCTAATT CTAGCAATAG TACCACTACT ACACACCTCA AAACAACGAG GTATAATGTT CCGACCAATC
Crocuta crocuta AF511064        TAACCCTATC GATCCTAATC CTAGCAATAG TACCACTACT ACACACCTCA AAACAACGAG GAATGACATT CCGACCAATC
Panthera tigris X82301          TAGTCTTATC CATCTTAATC TTAGCCATTA TCCCTGCCCT CCACACATCC AAACAACGAG GAATAATGTT TCGACCACTA
Felis catus X82296              TAGTACTCTC CATCCTAGTA CTAGCAATCA TTCCAATCCT CCACACCTCC AAACAACGAG GAATAATGTT TCGACCACTA
Vulpes vulpes X94929            TAGTGTTCTC AATCCTAATC TTAGCACTTA TCCCCCACCT ACACACCTCA AAACAACGTG GGATAATATT CCGACCCCTT
Canis familiaris AB048590      TAGTATTCTC CATCCTAATC TTGGCATTCA TTCCACTCCT CCACACATCT AAGCAACGCA GCATAATATT CCGGCCCCTT
Mustela erminea AB051240       TAGTCTTCTC CATCCTAGTA CTAGCCATCA TTCCCCTACT CCACACCTCA AAACAACGAA GTATAATATT CCGCCCACTA
Mustela putorius X94925         TAATCTTCTC CATTCTAATC CTAGCCATCA TCCCCCTACT CCATACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGCCCACTA
Procyon lotor X94930            TAGTCCTCTC CATCTTAATC CTAATCATCA TTCCACTCCT ACACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT TCGGCCACTT
Mephitis mephitis X94927        TAATCTTATC AATCCTCATC TTAGCCATCA TTCCACTCCT AAACACATCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCCCTT
Bassaricyon gabii X94931        TAGTACTATC CATCCTAATC CTAGCTATAA TCCCACTACT ACATACTTCA AAGCAACGTA GCATGATATT CCGACCACTC
Ursus arctos X82308             TAATTTTCTC CATTCTAATC CTAGCCCTCA TTCCTCTTCT ACACACGTCC AAACAACGAG GAATGATATT CCGGCCCCTA
Tremarctos ornatus U23554       TAATCTTCTC CATTCTAATC CTAGCTATCA TTCCTCTGCT GCACACATCC AAACAACGAG GAATGATATT CCGACCTTTA
Odobenus rosmarinus X82299      TACTCCTATC CATCCTAGTC CTGGCTATTG TTCCGTCTCT CCACACATCG AAACAACGGA GCATAATATT CCGACCAATT
```

```
                                 ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    965       975       985       995      1005      1015      1025      1035
Prionodon linsang AF511065       AGCCAGAGNC TCTTCTGACT ACTCGTGGCA GACCTATTTA CCCTAACATG AATTGGAGGG CAACCTGTAG AGCACCCTTT
Prionodon pardicolor AF511048    AGCCAATGCC TCTTCTGATT ACTAGTAGCA GACCTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCTGTAG AATACCCCTT
Poiana richardsonii AF511049     AGCCAATGCC TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Osbornictis piscivora AF511050   AGCCAATGCT TATTCTGACT TTCAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta johnstoni AF511051       AGCCAATGCT TATTCTGACT ATTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Genetta thierryi AF511052        AGTCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACCTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Genetta servalina AF511053       AGCCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACCTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AF511054         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AF511055        AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GATTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Viverricula indica AF511044      AGTCAATGCT TATTCTGATT CTTAGTAGCA GACCTACTCA CTTTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Civettictis civetta AF511043     AGTCAATGCT TATTTTGACT TTTAACAGCA GATCTACTTA CCCTAACATG AATTGGAGGC CAACCAGTAG AACACCCTTT
Viverra tangalunga AF511045      AGTCAATGCT TATTCTGATT TTTAGTAGCA GACCTACTTA TCCTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACATCCTTT
Viverra zibetha AF511047         AGTCAATGCT TATTCTGATT TCTAGTAGCA GATCTACTTA CCCTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Viverra megaspila AF511046       AGTCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GATCTACTTA CCCTAACATG GATTGGAGGA CAACCAGTAG AGCACCCTTT
Chrotogale owstoni AF511066      AGCCAATGCA TATTCTGACT CCTAGTAGCA GATCTCCCTA TTCTAACATG AATTGGAGGC CAACCAGTAG AATATCCCTT
Hemigalus derbyanus AF511067     AGCCAATGTA TATTCTGGCT CCTAGTAGCA AATCTCCTTA TCTTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACATCCCTT
Arctogalidia trivir. AF511068    AGCCAATGCT TGTTCTGACT CCTAGTAGCA GACCTACTTA TTCTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AATACCCTTT
Paguma larvata AF511069          AGCCAATGCT TATTCTGACT CCTAGTTGCT AACCTACTTA CCCTAACATG AATTGGAGGT CAACCAGTAG AACATCCCTT
Paradoxurus herm. AF511056       AGTCAATGCC TATTCTGAAT TCTAGTAGCT AATCTACTTA CCCTAACATG AATTGGAGGT CAACCAGTAG AACATCCCTT
Fossa fossana AF511062           AGCCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACCTACTAA CACTCACATG AATCGGAGGA CAGCCAGTAG CATACCCATT
Cryptoprocta ferox AF511070      AGTCAATGCC TATTATGACT CTTAGTAGCA GACCTGCTAA CCCTGACATG AATCGGAGGC CAACCAGTAG AATATCCCTT
Mungotictis decem. AF511061      AGTCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACCTACTAA CCCTAACATG AATTGGAGGG CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Nandinia binotata AF511057       AGCCAATGCG TATTCTGATT CTTAGTAGCA GACCTACTAA CTCTAACATG AATTGGAGGC CAACCAGTCG AATACCCCTT
Herpestes auropunctatus X94926   AGCCAATGCT TATTTTGACT TCTAGTAGCA GACCTACTAA CACTAACATG AATTGGAGGT CAACCAGTAG AACACCCATT
Ichneumia albicauda AF511058     GGCCAATGTC TATTTTGACT TCTAGTGGCA GACCTATTAA CTCTTACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AATACCCATT
Cynictis penicillata AF511060    AGTCAATGCT TATTTTGACT TCTGGTGGCA GACTTACTAA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AATACCCATT
Herpestes ichneumon AF511059     AGTCAATGCC TGTTTTGACT TCTAGTAGCA GACCTACTGA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCATT
Hyaena hyaena AF511063           AGCCCATGTC TGTTCTGACT CTTAGTGGCA GACCTACTAA CTCTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTGG AACACCCATT
Crocuta crocuta AF511064         AGCCAATGCC TATTTTGACT TCTAGTGGTG GATTTACTAA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTGG AACACCCATA
Panthera tigris X82301           AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTGGCA GACCTTCTGA CCCTAACATG AATTGGTGGC CAACCTGTAG AACACCCCTT
Felis catus X82296               AGCCAATGTC TATTCTGACT CCTAGTAGCG GATCTCCTAA CCCTAACATG AATCGGTGGC CAACCTGTAG AACATCCATT
Vulpes vulpes X94929             AGTCAATGCC TATTCTGACT TCTAACCGCA GACCTCCTCA CCTTAACTTG AATCGGAGGG CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Canis familiaris AB048590       AGCCAATGCC TATTCTGACT TTTAGTCGCC GATCTTCTCA CTTTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTTG AACACCCTTT
Mustela erminea AB051240        AGCCAATGCT TATTCTGACT GCTAGTAGCT GACCTCTTAA CCCTAACCTG AATCGGTGGC CAACCAGTAG AACACCCATT
Mustela putorius X94925          AGTCAATGCT TATTCTGACT ACTAGTAGCT GACCTCCTTA CCCTAACCTG AATCGGCGGC CAACCAGTAG AACACCCATT
Procyon lotor X94930             AGCCAATGTT TATTCTGATT CCTAGTAGCA GACCTCCTCG TCCTAACATG AATTGGAGGT CAACCAGTAG AATATCCCTT
Mephitis mephitis X94927         AGCCAATTCC TATTCTGACT GCTTGTAGCA GACTTACTTA CTCTTACCTG AATTGGAGGC CAACCAGTAG AACACCCATA
Bassaricyon gabii X94931         AGCCAATGCC TGTTCTGACT ACTAACAGCA GACCTACTAA CCCTAACGTG AATCGGGGGT CAACCAGTAG AGTACCCTTT
Ursus arctos X82308              AGCCAATGCC TATTTTGACT TCTAGTAGCA GACCTACTAA CACTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Tremarctos ornatus U23554        AGCCAATGCC TTTTCTGGCT TCTAGCAGCA GACTTACTAA CACTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTGG AACATCCTCT
Odobenus rosmarinus X82299       AGTCAATGCC TGTTCTGACT ACTAGTAGCT GACCTCATCA CATTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTCG AACACCCATT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   1045       1055       1065       1075       1085       1095       1105       1115
Prionodon linsang AF511065      CATCATTATC GGACAATTAG CCTCATCTAT ATACTTTTCA ATTATTCTCA TTCTAATACC TATCTTTGGT ATCATCGAAA
Prionodon pardicolor AF511048   TATCATTATC GGTCAACTAG CCTCAGTCAT CTACTTCTCA ATCATCCTAA TTCTAATGCC TATTTCCGGT ATCATTGAAA
Poiana richardsonii AF511049    CATTACCATC GGACAACTAG CTTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Osbornictis piscivora AF511050  CATCACCATC GGACAACTAG CCTCTATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CATNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051      CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta thierryi AF511052       CATTACCATC GGACAGCTAG CCTCTATCCT TTACTTCTCA ATTTTCCTCA TCCTAATGCC CGCTTCAGGT ATTATCGAAA
Genetta servalina AF511053      TATTACCATC GGACAACTAG CCTCCGTTCT CTACTATTCA ATCTCCCTCA TCCTGATACT CACTTCAGGC ATCATCGAAA
Genetta genetta AF511054        CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AF511055       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Viverricula indica AF511044     CATCACCATC GGACAATTAG CCTCTATTTT CTACTTTTCA ATCCTTCTCA TCCTAATACC TATCTTCGGT ACCATCGAAA
Civettictis civetta AF511043    CATAACCATG GGACAACTAG CCTCCATCCT CTATTTCTCA ATCCTCCTTA TTCTCATACC CATTTCTGGC ACTATCGAAA
Viverra tangalunga AF511045     CATTACCATC GGTCAATTAG CCTCTATCTT CTACTTCTCA ATCCTCCTTG TCCTAATACC CATCTTTGGC ATCATCGAAA
Viverra zibetha AF511047        TATCACCATC GGTCAACTAG CCTCTATTTT CTACTTTTCA ATCCTCCTTA TCCTAATACC CATCTTTGGT ACCATTGAAA
Viverra megaspila AF511046      TATCACCATC GGTCAACTAG CCTCTATTTT CTACTTCTCA ATCCTCCTTA TCCTAATACC CATCTTTAGC ACCATCGAAA
Chrotogale owstoni AF511066     CATTACCATT GGCCAACTAG CCTCCGTATA CATTTCCTCA ATTCTCCTAA TNCTAATACC TATTTTCGGT ATTATCGAAA
Hemigalus derbyanus AF511067    TATTACAATT GGACAATTAG CCTCCATATC ATATTTTTCA ATCCTCCTAA TCTTAATGCC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Arctogalidia trivir. AF511068   CATCACCATC GGCCAACTAG CTTCTATCCT CTACTTCTCA ATCCTCCTTA TCCTAATACC CATCTCCAGC ATCATTGAAA
Paguma larvata AF511069         TATCATTATT GGACAATTAG CCTCCATCTC CTACTTCTCA ATTCTCCTAA TCCTAATACC AATCTCTGGT ATYATCGAAA
Paradoxurus herm. AF511056      CATTATTATC GGACAATTAG CCTCTATCTC CTACTTCTCA ATTCTCCTAA TCCTAATACC AATCTCCGGT ATTATCGAAA
Fossa fossana AF511062          TATCACCATC GGCCAACTAG CCTCCATTCT ATACTTTCTC ACCATCCTAA TTCTCATACC CATTTCCGGC ATCATCGAAA
Cryptoprocta ferox AF511070     CATCACTATC GGACAACTAG CCTCTATCCT ATACTTCCCT ACCATCCTAA TTCTAATACC CATCTCCGGA ATCATTGAAA
Mungotictis decem. AF511061     CATCACCATT GGCCAACTAG CCTCCATCCT ATACTTCTTC ACAATCCTAG TCCTCATACC TATCTCCAGC ATAATTGAAA
Nandinia binotata AF511057      TATCATTATT GGCCAACTAG CCTCCATCCT ATACTTCTCC ACCCTCCTAA TCCTAATACC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Herpestes auropunctatus X94926  CATCGCCATC GGACAACTAG CCTCTATCCT ATACTTTTCT ATTATCCTTA TCCTCATGCC CGTCTTCGGA ACTATCGAAA
Ichneumia albicauda AF511058    CATCGCCATT GGACAACTAG CCTCCATCCT ATACTTTTCC ATTATCCTAA TCCTCATGCC CATCTTCGGT ACCATCGAAA
Cynictis penicillata AF511060   CATCACCATC GGACAACTAG CCTCTATCCT GTACTTCTCA ATCATCCTAA TCCTCATACC CATCTCCGGT ACCATCGAAA
Herpestes ichneumon AF511059    CATCATTATC GGACAGTTAG CCTCCATCCT ATACTTCTCC ATCATCCTAA TCCTCATGCC CATCTCCGGA ACCATCGAAA
Hyaena hyaena AF511063          CATCACCATC GGCCAACTCG CCTCCATCAT ATACTTCTCC ATCATCTTAA TCCTAATACC CATCTCCGGC ATCATCGAAA
Crocuta crocuta AF511064        CACCATTATC GGCCAACTGG CTTCCATTAT ATACTTCTCC ATTATCCTAA TTCTAATACC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Panthera tigris X82301          TATTGCCATC GGCCAACTAG CCTCTATCCT ATACTTCTTC ATCCTCCTAG TCCTAATACC CATCTCAGGC ATTATTGAAA
Felis catus X82296              CATCACCATC GGCCAACTAG CCTCCATCCT ATATTTCTCA ACCCTCCTAA TCCTAATACC CATCTCAGGC ATTATTGAAA
Vulpes vulpes X94929            TATCATCATT GGCCAAATTG CCTCCATCCT GTATTTTGCT ATCTTATTGA TTCTAATGCC AACCATTAGC ATTATCGAAA
Canis familiaris AB048590       CATCATTATC GGACAAGTCG CTTCAATCTT ATATTTCACC ATCTTATTGA TCCTAATACC AACAGTTAGC GTTATCGAAA
Mustela erminea AB051240        CATCACCATT GGCCAACTAG CCTCAATTCT CTACTTCATA ATCCTCTTAG TCCTTATACC AATTATTAGC ATTATCGAAA
Mustela putorius X94925         CATCATTATC GGCCAACTAG CCTCAATCCT CTACTTCATG ATTCTCCTAG TCCTTATACC TATTATCAGC ATTATCGAAA
Procyon lotor X94930            CATCATCATC GGCCAACTAG CCTCCATCTT CTACTTTATA ATCCTCCTGA TCCTAATACC AACAATAAAT ATCATCGAAA
Mephitis mephitis X94927        TATTATTATT GGCCAACTAG CCTCAATATT ATATTTCACC ATCCTCTTGA TTCTAATACC TGTCACCAGT ATTATTGAAA
Bassaricyon gabii X94931        CATTATCATC GGCCAACTAG CCTCCATCCT ATACTTCACA ATCCTCCTAA TCCTAATACC GACGATCAGC ATTATCGAAA
Ursus arctos X82308             CATTATTATC GGACAACTAG CCTCCATTCT CTACTTTACA ATCCTCCTAG TACTTATACC CACCGCTGGA ATTATTGAAA
Tremarctos ornatus U23554       TGTTATCATC GGACAGCTAG CCTCTATCCT CTACTTCACA ATCCTCCTAG TACTTATACC CATCGCCGGA ATCATTGAAA
Odobenus rosmarinus X82299      CATCATCATC GGCCAACTAG CCTCAATTCT ATACTTTATA ATTCTACTAG TATTTATGCC TATTGCCGGT ATAATCGAAA
```

```
                                ....|....| ....|....|
                                   1125       1135
Prionodon linsang AF511065      ATCANNNNNN NNNNNNNNNN
Prionodon pardicolor AF511048   ACCACCTCTT AAAATGAAGA
Poiana richardsonii AF511049    ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Osbornictis piscivora AF511050  NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051      ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta thierryi AF511052       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta servalina AF511053      ATCGTATCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AF511054        ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AF511055       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Viverricula indica AF511044     ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Civettictis civetta AF511043    ACCGCCTCTT AAAATGAAGA
Viverra tangalunga AF511045     ACCGCCTTTT AAAATGAAGA
Viverra zibetha AF511047        ACCGCCTCTT AAAATGAAGA
Viverra megaspila AF511046      ACCACCTCTT AAAATGAAGA
Chrotogale owstoni AF511066     ATCATTCCGT AAAATGAAGA
Hemigalus derbyanus AF511067    ATCATCTCTT AAAATGAAGA
Arctogalidia trivir. AF511068   ACCATTTCTT AAAATGAAGA
Paguma larvata AF511069         ACCATTTATT AAAATGAAGA
Paradoxurus herm. AF511056      ACCATTTATT AAAATGAAGA
Fossa fossana AF511062          ACCAGCTCCT AATATGAAGA
Cryptoprocta ferox AF511070     ACCAACTCCT AACATGAAGA
Mungotictis decem. AF511061     ATCGGTTCCT AAAATNNNNN
Nandinia binotata AF511057      ATAACCTCTT AAAATGAAGA
Herpestes auropunctatus X94926  ATCAACTCCT AAAGTGAAGA
Ichneumia albicauda AF511058    ACCATCTCCT AAANNNNNNN
Cynictis penicillata AF511060   ACCAACTCCT AAAGTGAAGA
Herpestes ichneumon AF511059    ACCAACTCCT AAAGTAAAGA
Hyaena hyaena AF511063          ACCACCTCTT AAATTGAAGA
Crocuta crocuta AF511064        ACCACCTCTT AAATTGAAGA
Panthera tigris X82301          ACCGCCTCCT TAAATGAAGA
Felis catus X82296              ACCGCCTACT CAAATGAAGA
Vulpes vulpes X94929            ACAATCTCCT AAAATGAAGA
Canis familiaris AB048590       ACAACCTTCT AAAATGAAGA
Mustela erminea AB051240        ATAACATATT AAAATGAAGA
Mustela putorius X94925         ATAACATGTT AAAATGAAGA
Procyon lotor X94930            ATAATCTGTT AAAATGAAGA
Mephitis mephitis X94927        ATAATATATT AAAATGAAGA
Bassaricyon gabii X94931        ACAACTTAAT AAAATGAGGG
Ursus arctos X82308             ACAACCTCTT AAAGTGGAGA
Tremarctos ornatus U23554       ATAACCTCTC AAAGTGAAGA
Odobenus rosmarinus X82299      ACAGTATCTT GAAGTGAAGA
```

Annexe XII. Matrice d'alignement des séquences de l'intron I de la transthyrétine utilisées dans l'article 8 (§ III-2.a.3.).

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    5         15         25         35         45         55         65         75
Felis silvestris AF039724       GATGAAGTAG AAGGGCCCTC TCCCAGCTCT GCCAGTCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Panthera leo AF039725           GATGAAGTAG AAGGGCCCTC TCCCAGCTCT GCCAGTCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Prionodon pardicolor AY232610   GATGTAGTAG AAGTGCCTTT TCCCAGCTCT GCCAGCCAGC CTGTGTCACG AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Crossarchus obscurus AF039726   GATGAAGTAG CAATGCCTTC ~CTCAGCTCT GCCGGTCACC TTGTGTTGCT AGGACAAGGG TACCCAGCGT CGACTTTTAA
Herpestes ichneumon AY232611    GATGAAGTAG CAGTGCCTTA ~CTCAGCTCT GCCGGCCACC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Cryptoprocta ferox AY232612     GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCACC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Crocuta crocuta AF039728        GATGACACAG AGGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCGGC TTGTGTTACT AGGAGAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Nandinia binotata AY232613      GACGAAGGAG AAGTGACTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCTGC TTTTGTTACT AGGACAAGGG CGCCCAGCAT CGACTTTTAA
Chrotogale owstoni AY232614     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT ARGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Paguma larvata AY232615         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TGCCCAGCAT CGACTTTTAA
Paradoxurus herm. AF039730      GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCGCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AAGACAAGGG TGCCCAGCAT CGACTTTTAA
Viverra tangalunga AF039731     GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTAAT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Viverra zibetha AY232616        GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTAAT AGGACAAGGG TACCCAGCGT CGACTTTTAA
Viverra megaspila AY232617      GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTAAT AGGACAAGGG TACCCAGCGT CGACTTTTAA
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619    GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTAAT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CGACTTTTAA
Poiana richardsonii AY232620    GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AY232624      GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Genetta thierryi AY232625       GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCCCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Genetta servalina AY232626      GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Genetta maculata AY232627       GATGAAGTAG AAGTGCCTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Genetta genetta AY232628        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNCT GCCAGCCAGC TTGTGTTACT AGGACAAGGG TACTCAGCAT CGACTTTTAA
Canis lupus AF039732           GTTGAAGTGG AAGTGACTTC TTTTGGCTCT GCCAGCTGGC TTTTGTTGCT AGGACAAGGG TACCCAGCAT CAACTCTTAA
Mustela frenata AF039735        GATGAAGTAG AAATGAATTC TTTCAGCTCT GCCAGCCGCC TTTTGTTACT AGGACAAGGG GAGCCCGCAT CGACTTTTAA
Procyon lotor AF039736          GATGAAGTAG AAGTGACTTC TTTCAGCTCT GCCGGCTGCC TTTTGTTACT AGGACAAGGG TACCCCGCGT CGACTTTTAA
Ursus arctos AF039741           ~~~GGCGAAG AAGTGACTTC TCTCAGCTCT GCCAGCCGCC TTTTGTTACT AGGACAAGGG TACCCCGCAT GGGCTTTTAA
Odobenus rosmarinus AF039743    GATGGAGTAG AAGTGACTTC TTTCAGCTCT GCCCGCCACC TTTTGTTCCT AGGACAAGGG CACCCCACAT CGACTTTTAA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   85         95        105        115        125        135        145        155
Felis silvestris AF039724       ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCACTG ACCTGGACCT TGGACCCTGG GTGCTCCCCA
Panthera leo AF039725           ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCACTG ACCTGGAGCT TGGACCCTGG GTGCTCCCCA
Prionodon pardicolor AY232610   ATGTCATTGA TTCAAACCGC AAAATGAATG AAGTTCCGCA GAGCTCACTG ACCTGGAACT TGAACCCTGG GTGCTCCCGA
Crossarchus obscurus AF039726   ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGCTG ACCTGGAGCT TGGACACTGG GTGCTCCCCA
Herpestes ichneumon AY232611    ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGCTG GCCTGGAGCG TGGACCCTGG ATGCTCCCCA
Cryptoprocta ferox AY232612     ATATCATTGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AGGTTCTGCA GAGCTCACTG ACATGGAGCT TGGACCCTGG GTGCTCCCCA
Crocuta crocuta AF039728        ATACCATCGA GTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCACTG ATCTGGAGCT TGGACCCTGG GTGCTCCCCA
Nandinia binotata AY232613      ATATCCTTGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCACTG ACCTGGAGCT TGGACCCTGG GTGCTCCCCA
Chrotogale owstoni AY232614     AYATCATCGA TTTGAACTGC AAAATGAATG AAGATCTGCA GTG~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CCC~GG GTTCTCCTCA
Paguma larvata AY232615         ACATCATCGA TTTGAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCCCTG CCCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTTCA
Paradoxurus herm. AF039730      ACATCATCGA TTTGAACTGC AAAATGAATG AAGATCTGCA GAGCTCCCTG CCCCAGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTTCA
Viverra tangalunga AF039731     ATATCATCAA TTCAAGCTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCCTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCCCCA
Viverra zibetha AY232616        ATATCATCAA TTCAAGCTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCCTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCCCCA
Viverra megaspila AY232617      ATATCATCAA TTCAAGCTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCCTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCCCCA
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619    ATATCATCAA TTCAAGCTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCCTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCCCCA
Poiana richardsonii AY232620    ATATCATCGA TTCAAGCTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCAGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNCTGG GTTCTCTCCA
Genetta johnstoni AY232624      ATATCATTGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Genetta thierryi AY232625       ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Genetta servalina AY232626      ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Genetta maculata AY232627       ATATCATCGA TTCAAACTAC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Genetta genetta AY232628        ATATCATCGA TTCAAACTGC AAAATGAATG AAGTTCTGCA GAGCTCGTTG ACCCGGAGCT TGGACCCTGG GTTCTCTCCA
Canis lupus AF039732           ATCTCATTGA TGCAAACCTC AGACTGAATC AAGTTCTGCA GAGCTCACTG AACTGAGGCT TGGACCCTGG GTGCTCCCTG
Mustela frenata AF039735        ATATCATTGA GTCAAACTTC AAAATGAGCC AAGTTCTGCA GAGCTCACTG AACGGGGGCT GGAACCCTGG GTGTGTCCCA
Procyon lotor AF039736          ATATCATTGA GTCAAACTTC AAAATGAGCC AAGTTCTGCA GAGCTCACTG AACGGGGGCT GGGACCCCGG GTGCGCCCCG
Ursus arctos AF039741           ATGTCATTGA TTCAAACTTC AAAATGAGTC AAGCTCTGCA GAGCTC~~~~ ~~~~~~~~~T GGGACCCTGG ~TGCACCCCG
Odobenus rosmarinus AF039743    ATGTCATTGA TTCAAACTTC AAAATGAGTC AAGTTCGGCA GAGCTCACTG AACCGGGGCT GGGACCCTGG GTGCGCCCCG
```

```
                                 ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    165        175        185        195        205        215        225        235
Felis silvestris AF039724        CTATAGCTTT GGTGCACTGG GTTTA~~CGG TGCCTGGCTC CTTGCCTCAA TTTCCTCGAA TATATGGTAG GAATAACAAT
Panthera leo AF039725            CTATAGCTTT GGTGCACTGG GTTTA~~CAG TGCCTGGCTC CTTGCCTCAA TTTCCTCGAA TATATGGTAG GAATAAAAAT
Prionodon pardicolor AY232610    CTATAGCTTT GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGGCTC CTTGCCTCAA TGTCCTCAAA TATATGGTAG GAATAACGAT
Crossarchus obscurus AF039726    CTATAGCTTC GGGACACTGG GTTTA~~CTG CGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCAAA TATATGGTAG AAACAAAGAT
Herpestes ichneumon AY232611     CTATAGCTTC GGGGCACTGG GTTTA~~CTG CACCTGACTC CTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATACGGTAG AAATAAAGAT
Cryptoprocta ferox AY232612      CTATAGCTTC GGGGCACTGG GTTTA~~CTG TGCCTGACTC CTGCCCTCGA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Crocuta crocuta AF039728         CTATAGCTTC GGTGCACTGA GTTTA~~CCG TGCCTGACTC CTGCCCTCAA TGTGCTCGAG TATGTGGTAG AAATAAAGAT
Nandinia binotata AY232613       CTCTAGCTTT GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGGCTC CTGCCCTCAA TGTCATCGGA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Chrotogale owstoni AY232614      CTATAGCTTC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAG TGTCCTCGGA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Paguma larvata AY232615          CTATAGCTTC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG CGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Paradoxurus herm. AF039730       CTATAGCTTT GGTGCACTGA GTTTA~~CCG CACCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Viverra tangalunga AF039731      CTATAGCATC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCAAA TATATGGTAG AAATAAAGGT
Viverra zibetha AY232616         CTATAGCATC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGGT
Viverra megaspila AY232617       CTATAGCATC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGGT
Viverricula indica AY232618      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619     CTATAGCATC GGTGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Poiana richardsonii AY232620     CTATAGCTTC AGWGCACTGG GTTTA~~CTG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Genetta piscivora AY232621-3     CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AY232624       CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCTCTCAA TGTCCTCGAA CATATGGTAG AAATAAAGAT
Genetta thierryi AY232625        CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Genetta servalina AY232626       CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA CATATGCTAG AAATAAAGAT
Genetta maculata AY232627        CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCTCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Genetta genetta AY232628         CTATAGCTTC AGAGCACTGG GTTTA~~CCG TGCCTGACTC TTGCCCTCAA TGTCCTCGAA TATATGGTAG AAATAAAGAT
Canis lupus AF039732             CTCTTGCTTT GGTGCCCTGG CTTTA~~CAG TGCCTGGCTC CTCCACTCCA TTCCCTCAGA GAGATGGTAG AACTAAAGGT
Mustela frenata AF039735         CTGTTGCTCC GGTGCCCTGG GGTTATATGG GGCCTGGATC CTCTGCTCTG TTTCCTCAGA ~~~~TGGTAG AAATAAAGAC
Procyon lotor AF039736           CTGTTCCTCT TGTGCCCCAG GGTTA~~CGG GCATTGGCTG CTCTGCTCCC TTTCCTCAGA GAGATGGTAG AAATAAAGAC
Ursus arctos AF039741            CTATTGCTTT GGTGCCCTGG GCCTGC~AGG GTCCTGGCTC CTCCGCTCCA TTTCCTCAGA TAGATGGTAG AAATAAAGAC
Odobenus rosmarinus AF039743     CTATTGCTTT GGTGCACTGG GGGTT~ACAG GGCCTGGTTC CTCCGCTCAA TTTCCTCAGA TAGATGGTAG AAATAAAGAC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   245        255        265        275        285        295        305        315
Felis silvestris AF039724       ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTGCG TTGTCAGATG TGCATCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTCATCAA
Panthera leo AF039725           ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTGCG TTGTCAGATG TGCATCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTCATCAA
Prionodon pardicolor AY232610   ATGCTATTCA CGAAGCTACC AATA~TTACG TTTTCAGAAA TGCATCCTTT TGTAAAGTTT ATTTCCCTTT GGCTAATCAA
Crossarchus obscurus AF039726   ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCATCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Herpestes ichneumon AY232611    ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCATCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Cryptoprocta ferox AY232612     ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACG TTTTCAGAAA TGCATCCTTC TATAAAATGT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Crocuta crocuta AF039728        ATGATATTCA TTAAGCTACC AATA~TTACG TTTTCAGAAA TACTTCCTTT TATAAGGTTT ATTTCCCTTC AGCTAACCAA
Nandinia binotata AY232613      ATGATCTTCA TGAAGCTACT AACG~TTATG TTTTCAGAAA TGCATCCTCT TTTAAAGTTT ATTTCCCTTG AGTTAATCAA
Chrotogale owstoni AY232614     ATGATATTCC TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCATGCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Paguma larvata AY232615         ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC GGCTAATCAA
Paradoxurus herm. AF039730      ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAGTTT ACTTCCCTTC GGCTAATCAA
Viverra tangalunga AF039731     ATGATATTCG TGAAGCTACC AATA~CTACG TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Viverra zibetha AY232616        ATGATATTTG TGAAGCTACC AATA~CTACG TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGGTAATCAA
Viverra megaspila AY232617      ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~CTACG TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619    GTGATATTCG TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Poiana richardsonii AY232620    ATGATATTCA TGAAGCTACC GATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT CATAAATTTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AY232624      ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Genetta thierryi AY232625       ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGYGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Genetta servalina AY232626      ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Genetta maculata AY232627       ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCATCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Genetta genetta AY232628        ATGATATTCA TGAAGCTACC AATA~TTACA TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAATTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Canis lupus AF039732            GTGATATTCA TGAAGCCACC GATA~TTATG TTTTCAGAAA TGCATCCTTT CATAAAGCTT GTTTCTTTTC AGCTAATCTA
Mustela frenata AF039735        GTGGTCTTCG CGAAGCTACC AATA~TCACG TTTTCAGAAA TGCATCCTCT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTAACCAA
Procyon lotor AF039736          GTGATCTTCG CGAAGCTACT GATAATCATG TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAAGTTT ACTTCCCTTC AGCTAATCAA
Ursus arctos AF039741           GTGATATTCG CGAAGCTACC AATA~TCACG TTTTCAGAAA TGGATCCTTT TATAAAGTTT ATTTCCCTTC AGCTAATCAA
Odobenus rosmarinus AF039743    GTGGTATTCG CGAAGCGACC TAATATCACG TTTTCAGAAA TGCGTCCTTT TATAAGGTTT ATTTCCCTTC TGCTAATCAA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   325       335       345       355       365       375       385       395
Felis silvestris AF039724       AATGTATCTA TTGATTAATC TCTGAAAGGC TGGGTGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATGCTTAAGT CCTCTAGAGG
Panthera leo AF039725           AATGTATCTA TGGATTAATC TCTGAAGGGC TGGGTGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATGCTTAAGT CCTCTAGAAG
Prionodon pardicolor AY232610   AATGTGTCTA TTGATTAACC TTTGAAAGGC TGGGTGGACA ACATTCTAGT AGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Crossarchus obscurus AF039726   AATGTACCTC TTGATTAATC TTTGAAAGGC CAGGCAGACA ATATTCTAGT CGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Herpestes ichneumon AY232611    AATGTATCTC TTGATTAATC TTTGAAAAGC CAGGCAGACA ATATTCTAGT CTAATACTGA ATTTTTAAGT CCTCTAGAAG
Cryptoprocta ferox AY232612     AATGTATCTC TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGGCAGACA ATATTCTAGT AGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Crocuta crocuta AF039728        AATGTGTCTA TTGATTCAGC TCTGAAAGGC TGGGTGGACA ACATTCTAGT CAAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Nandinia binotata AY232613      AATGTATCTA TTGATTCGTC TTTGAGAGGC TGGGCAGACA ACATGCTAGT CAAATACCAA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Chrotogale owstoni AY232614     AATGTATCCA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGGCGGACA ~~~TTCTAGT GGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Paguma larvata AY232615         AATATATCTG TTGATTAATC TTCGAAAGGC TGGGCGGACA ~~~TTCTAGC CGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Paradoxurus herm. AF039730      AATGTATCTG TTGATTAATC TTCGAAAGGC TGGGCGGACA ~~~TTCTAGC CGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Viverra tangalunga AF039731     AATATATCTA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGATGAACA ACATTCTAGT TGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Viverra zibetha AY232616        AATATATCTA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGATGAACA ACATTCTAGT TGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Viverra megaspila AY232617      AATATATCTA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGATGAACA ACATTCTAGT TGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619    AACATATCTA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGATGGACA ACATTCTAGT TGAATACTGA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Poiana richardsonii AY232620    AATGTATCTA TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGACGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNGGC TGGACGGACA ACATTCTNGT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta johnstoni AY232624      AATGTGTCTG TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGACGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta thierryi AY232625       AATGTAGCTG TTGATTAATC CTTGAAAGGC TGGACGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta servalina AY232626      AATGTGTCTG TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGACGGACA ATATTCTA~T TGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta maculata AY232627       AATGTGTCTG TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGACGGACA ACATTCTAGT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Genetta genetta AY232628        AATGTGTCTG TTGATTAATC TTTGAAAGGC TGGACGGACA ACATTCT~GT CGAATACTGA ATCCTTAAGT CCTCTAGAAG
Canis lupus AF039732           AAGGTATTGA TTGATTGATT TTTGCAAGGC TTGGCAGACA CTGTTCTAAT CAAATACCTA ATTCTTAAGT CCTCTAAAAG
Mustela frenata AF039735       AATGTCTTTA TTGATTAATT TTTGAAAGGC TTGGCAGAAA ACCTTCTAGT CAAATACCGA ATTCTTAAGT CCTCTGGAAG
Procyon lotor AF039736         AATATCTTTA TTGATTAATT TTTGAAAGGC TTGGCGGACA ACCTCCTAGT CAAATACCGG ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
Ursus arctos AF039741          AATGTCTTTA TTGATTAATT TTTGAAAGGC TTGGCAGACA CCATTCTAGT CAAATACCGA ATTCTTTAGT CCTCTAGAAG
Odobenus rosmarinus AF039743   AATGTCTTTA TTGATTAATT TTTGAAAGGC TTGGCAGACA ACATTCTAGT CAAATACCAA ATTCTTAAGT CCTCTAGAAG
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   405        415        425        435        445        455        465        475
Felis silvestris AF039724       AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TTAAGTAGTC ~GACATTATT TTCCAACCAG TAAGAGGGAA TTACTACAAC
Panthera leo AF039725           AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TTAAGTAGTC ~GACATTATT TTACAACCAG TAAGAGGGAA TTACTACAAC
Prionodon pardicolor AY232610   AATTAACTAA TACT~~~GTA AAACGTACCC TGAAGTAGTC TAACATTATT TTACAACCAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Crossarchus obscurus AF039726   AATTAACCGA TACT~~~ATA AAATGCATCC TAAAGTCGTC TGACATTATT TTACAACCAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Herpestes ichneumon AY232611    AATTAACCGA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTCGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Cryptoprocta ferox AY232612     AATTAACCAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Crocuta crocuta AF039728        AATTAATTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAGCTAG TAACAGGGAA TTACTACAGC
Nandinia binotata AY232613      AATTCACTGA TACTTATATA AAATGTATCA TGAGGTAGTC TGACATTATT TTACACCTAG TAGGAGGGAA ATACTACAGC
Chrotogale owstoni AY232614     AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Paguma larvata AY232615         AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Paradoxurus herm. AF039730      AATTAACTAA TACC~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Viverra tangalunga AF039731     AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTACT TTACAACTAG TAAGTGGAAA TTACTACAGC
Viverra zibetha AY232616        AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTACT TTACAACTAG TAAGTGGAAA TTACTACAGC
Viverra megaspila AY232617      AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTACT TTACAACTAG TAAGTGGAAA TTACTACAGC
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Civettictis civetta AY232619    AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTACT TCACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Poiana richardsonii AY232620    AATTAACTAA TACT~~~ATG AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta piscivora AY232621-3    AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta johnstoni AY232624      AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta thierryi AY232625       AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta servalina AY232626      AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta maculata AY232627       AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAGGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Genetta genetta AY232628        AATTAACTAA TACT~~~ATA AAATGCATCC TGAAGTAGTC TGACATTATT TTACAACTAG TAAGAGGGAA TTACTACAGC
Canis lupus AF039732            AATTAACTCA TACT~~~ATA AAATGGCCCA TGAAACAGCC TGACATTATT TTGCAGCCAG TGAGAGGGAA TTACTACAGC
Mustela frenata AF039735        AATTAACTAA TACT~~~ATT AAATGGGTCA TGAAATAGTC TGACAGGATT GTACAACTAA TAAGAGGGAA TGACAACAGC
Procyon lotor AF039736          AATTAACTAA TACT~~~~TT CAATGGGTCA TGAAATAGTC CCACGTGATG GTACAACTAG TGAGAGCGAA TGACAACAGC
Ursus arctos AF039741           AATTAACTAA TACT~~~ATT AAATGGGTCA TCAAATAGTC TGGCATGACT TTACAACTAG TAAGTGGGAA TGACTACAGC
Odobenus rosmarinus AF039743    AATTGACTAA TGCT~~~ATT AAATGGGTCA TGATGTAGTC TGACGTGATT TTACGACTAG TCAGAGGGAA TGACTACAGC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   485        495        505        515        525        535        545        555
Felis silvestris AF039724       AGCAGCTGAC TAAAACGTTC TCAGGA~~~A AAACAAGCTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AACTCCA
Panthera leo AF039725           AGCAGCTGAC TAAAACATTC TCAGGA~~~A AAACAAGCTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AACTCCA
Prionodon pardicolor AY232610   AGCAGCTGAC TAAAATGTTC TGCAGA~~~A AAACAAACTA TATGGTCYTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AACTCCA
Crossarchus obscurus AF039726   AGCAGTTGAC AAGAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAATGC TTTGGTCCTG TGACACATTG CATCGTTTTA GT~AATTCCA
Herpestes ichneumon AY232611    AGCAGTTGAC TAGAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGACACATTG CATCATTTTA GT~AATTCCA
Cryptoprocta ferox AY232612     AGCAGCTGAC TAAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACCAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCGTTTTA GT~AATTCCA
Crocuta crocuta AF039728        AGCAGCTGAC TAAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Nandinia binotata AY232613      AGCAGGTGAC TAAAATACTC TCAGGA~~~A AAAC~~~~TC TTCGGTCTTA TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Chrotogale owstoni AY232614     AGCATCTGCC TAAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCGCATTG CATCTTTTTA GTTAATTCCC
Paguma larvata AY232615         AGCATCTGAC TAAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTG CTTGGTCCTG TGACACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Paradoxurus herm. AF039730      AGCATCTGAC TAAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA CTTGGTCCTG TGACACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Viverra tangalunga AF039731     CGCAGCTGAC TGAAAAGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Viverra zibetha AY232616        CGCAGCTGAC TGAAAAGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATGTTTTTA GT~AATTCCA
Viverra megaspila AY232617      CGCAGCTGAC TGAAAAGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG TATCTTTTTA GT~AATTCCA
Viverricula indica AY232618     NNNNNNNNNN NNAAAAGTTC TCAGGA~~~A AAACAAATTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~GATTCTA
Civettictis civetta AY232619    CGCAGCTGAC TGAAATGTTC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Poiana richardsonii AY232620    AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Genetta piscivora AY232621-3    AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~G AAACAGACTA CTTGGTCNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AY232624      AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~A AAACAGACTA CTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Genetta thierryi AY232625       AGCAGCTGAC TAAACTGTGC TCAGGA~~~A AAACAGACTA CTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Genetta servalina AY232626      AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~G AAACAGACTA CTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Genetta maculata AY232627       AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~A AAACAGACTA CTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Genetta genetta AY232628        AGCAGCTGAC TAAAATGTGC TCAGGA~~~A AAACAAACTA TTTGGTCCTG TGGCACATTG CATCTTTTTA GT~AATTCCA
Canis lupus AF039732            AACAGCCGAC TACAATGCTC TCGGGG~~AA AAACTAACTA TTTGGTCCTA TGGCACATTA TACCTTTTCA GT~AATTCCA
Mustela frenata AF039735        AACAGAGGAC TGAAGGGTTC TCAGGG~~AG AAACTCACTC TTTGGGCCTA TGGCACATTA CATCTTTTCA GT~AATTCCA
Procyon lotor AF039736          AACAGCGGAC TGAAGTGCTC TCGGGG~~AG AAACTAACCC TTTGGTCCTA TGGCATATTA CAGCTTTTCA GT~AATTCCA
Ursus arctos AF039741           AACAGAGAAC TAAAATGCTC TAGGGGGGAG AAACTAACTA TTGGGTCCTA TGGCACATTA CATCTTTTCA GT~AATTCCA
Odobenus rosmarinus AF039743    AACAGCGGAC TCAAGAGCTC TCGAGG~~AG AAACTAGCTC TTTGGGCCTG TGGCACAT~A CGTCTTTTCA GT~AATTCCA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   565        575        585        595        605        615        625        635
Felis silvestris AF039724       CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CTTTAAAATT
Panthera leo AF039725           CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CTTTAAAATT
Prionodon pardicolor AY232610   CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCCACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CTTTTAAATT
Crossarchus obscurus AF039726   CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ GAAATGGCTA GGCTTAACAA AGCAC~TGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATC
Herpestes ichneumon AY232611    CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ GAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCATCTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTTAAATC
Cryptoprocta ferox AY232612     CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ GAAATGGCAA GGCTTAACAA TGCACCGGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Crocuta crocuta AF039728        CTAAATTCCA CATTGCCACT CAAATGGCAA TGCTTAACAC AGCACCAGTT CTCAGAGGGC CTGTTTTCTC CCTTAAAATT
Nandinia binotata AY232613      CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCGA GGCTTAACAA AGCACCTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Chrotogale owstoni AY232614     CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAGCCA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC TGATTTTCTC CCTTAAAATT
Paguma larvata AY232615         CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTTTTTTCTC CCTTAAAATT
Paradoxurus herm. AF039730      CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTTTTTTCTC CCTTAAAATT
Viverra tangalunga AF039731     CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Viverra zibetha AY232616        CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Viverra megaspila AY232617      CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAACGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Viverricula indica AY232618     CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Civettictis civetta AY232619    CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCCACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Poiana richardsonii AY232620    CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGACAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AY232624      CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCGA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Genetta thierryi AY232625       CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCAA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Genetta servalina AY232626      CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCGA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Genetta maculata AY232627       CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCGA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Genetta genetta AY232628        CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATGGCGA GGCTTAACAA AGCAACTGTT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Canis lupus AF039732            CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATAGTGA GGCTTAACAA AGCAACTCTT CTCAAAGGGC CTACTTTCTC CCTTAAAATT
Mustela frenata AF039735        CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAGTAGCGA GGCTTCACAA AGCAATTGTT CTCAGGGTGC CTCTTTTTTC CCTTAAAATT
Procyon lotor AF039736          CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATAGCAA GGCTTCACAA AGCAATTGTT CTTAGAGGGC CTCTTTTCTC CCTTAAAATT
Ursus arctos AF039741           CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CAAATAGCGA GGCTTCACAA AGCAACTGCT CTCAGAGGGC CTATTTTCTC CCTTAAAATT
Odobenus rosmarinus AF039743    CT~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ CCAATAGCGA GGCTTCACAA AGCAACTGGT CCCAGAGGGC TTATTTTCTC CCTTAAAACT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   645        655        665        675        685        695        705        715
Felis silvestris AF039724       CATTATACAT GTTCCAGGTC GATGGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTTCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Panthera leo AF039725           CATTATACAT GTTCCAGGTC GATGGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTTCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Prionodon pardicolor AY232610   CATTATACAT GTTCCAGGTC AATCGCAGCA TGTCCAGAGG CAGAAACCAG TCTTTCTTCG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Crossarchus obscurus AF039726   CATTACACAA GTTCCAGGTC GATCGCAGCC TGTCTGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTCG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Herpestes ichneumon AY232611    CATTACACAA GTTCCAGGTC GATTACAGCC TGTCTGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTCG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Cryptoprocta ferox AY232612     CATTACACAA GTTCTAGGTC AATCACAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTYTGTGTC
Crocuta crocuta AF039728        CATTACACGA GTTCCAGGTC GATCGCTGCA TGTCCGGGGG CCGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Nandinia binotata AY232613      CATTAAACAT GTTCCAGGTC GATCGCAACA TGTCCAGAGG CAGAAACCAG TCTTCCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Chrotogale owstoni AY232614     TATTATACAT GTTCTAGGTC GATCGCAGGG TGTTCGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTGTG GGAACGTTCA TGTCTGTGTT
Paguma larvata AY232615         CATTATACAT GTTCTAGGTC GATCGCGGCA TGTCCGGAGG CAGAAGCCAG TCTTGCTATG GGAACAATCG TGTCTGTGTT
Paradoxurus herm. AF039730      CATTATACAT GTTCTAGGTC GATCGCGGCA TGTCCGGAGG CAGAAGCCAG TCTTGCTTTG GGAACAATCG TGTCTGTGTT
Viverra tangalunga AF039731     CATTATACAT GTTCTAGGTC AATCACAGCA TGTCCAGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAGTCA TGTCTGTGTT
Viverra zibetha AY232616        CATTATACAT GTTCTAGGTC AATCACAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAGTCA TGTCTGTGTT
Viverra megaspila AY232617      CATTATACAT GTTCTAGGTC AAGCACAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAGTCA TGTCTGTGTT
Viverricula indica AY232618     CATTATACAT GTTCTAGGTC AATCACAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Civettictis civetta AY232619    CATTATACAT GTTCTAGGTC AATCACAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG TCTTCCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Poiana richardsonii AY232620    CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACTAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGCCTGTGTT
Genetta piscivora AY232621-3    NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNACYAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Genetta johnstoni AY232624      CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACTAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Genetta thierryi AY232625       CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAATCAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Genetta servalina AY232626      CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAGACTAG TCTTGCTTTG GGAATAATCA TGTCTGTGTT
Genetta maculata AY232627       CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACTAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Genetta genetta AY232628        CATTATACAT GTTCTAGGTC GATTGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACTAG TCTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCTGTGTT
Canis lupus AF039732           CATTATACAC GTCCCTGGTC AATTGTAGCG TGTCTGGAGA CAGAAATCAG CTTTGCTGTG GAAGCAATCA TGTCTG~GTC
Mustela frenata AF039735        CATTAGGCAC GTCCCCGGCT GATCATAGGG GA~~CAGAAG CATAAACCAG CTTTGCTTTG GGAACAATCA TGTCCGTGTG
Procyon lotor AF039736          CATTAGACAC ATCCCTGGCT GATCGCGGCA GGTCCGGAGG CAGAAACCAG CCTTGCTTTG GGGGCAATCA TGTCTGTGTG
Ursus arctos AF039741           CATTAGACAC ATCCCCGGTC GATCGCAGCA TGTCCGGAGG CAGAAACCAG CCTTGCTCTG GGAGCACTCA TGTCTCTGTT
Odobenus rosmarinus AF039743    CATTAGCCCC GTCCC~AGTC GATCGCAGCA CGTCCGGAGG CAGAAGCCAG CCTTGCTTTG GGGGCAATCG AGTCCGGGCT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   725        735        745        755        765        775        785        795
Felis silvestris AF039724       ATATACTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC AATGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Panthera leo AF039725           ATATACTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC AATGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Prionodon pardicolor AY232610   ACA~~CCGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGATTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Crossarchus obscurus AF039726   ATA~~CTGTG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Herpestes ichneumon AY232611    ACA~~CTGTG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTACTGGAA ATGGACTTGG CACGGACTTC TTGCCTTGTT
Cryptoprocta ferox AY232612     ATCCCCTGTG AAGGGGAGCT CATTTACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTG TTGCCTTGTT
Crocuta crocuta AF039728        ATA~~CTGAG CAGGGGAGCT CACTAACTGT CGACATTCAC ATTGCTGAAA ATGGAGTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Nandinia binotata AY232613      ATA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CACGGACCTC CTGCTTCATT
Chrotogale owstoni AY232614     ATA~~CTGCA AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTT TTGCCTTGTT
Paguma larvata AY232615         ATA~~CTGCG AAGGGGAGCT CATTATCTGT CAACACTTAC ATTGCTGCAA ATGGACTCGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Paradoxurus herm. AF039730      ATA~~CTGCG AAGGGGAGCT CATTATCTGT CAACACTTAC ATTGCTGCAA ATGGACTCAG CCTGGACTTC TTGCCTTGTT
Viverra tangalunga AF039731     GTA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Viverra zibetha AY232616        GTA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Viverra megaspila AY232617      GTA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACCTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Viverricula indica AY232618     GAA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Civettictis civetta AY232619    GTA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAC ATTGCTGGAA ATGGACTTGG CATGGACTTC TTGCCTTGTT
Poiana richardsonii AY232620    ATA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATTGCTGGCA ATGGACTTGG TGTGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta piscivora AY232621-3    ATA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATYGCTGGAA ATGGACTTGG TRTGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta johnstoni AY232624      ATA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATTGCTGGAA ATGGACTTGG TATGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta thierryi AY232625       GTA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATTGCTGGAA ATGGACTTGG TGTGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta servalina AY232626      ATA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATTGCTGGAA ATGGACTTGG TGTGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta maculata AY232627       ATA~~CTGAG ACGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATCGCTGGAA ATGGACTTGG TGTGGACTTC TTGCCTTGTT
Genetta genetta AY232628        ATA~~CTGAG ACGGGGAGCT CATTAACTGT CAACACTTAA ATTGCTGGAA ATGGACTTGG TGTGGACTTC TTGCCTTGTT
Canis lupus AF039732            ACA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTAT CAACACTTGC ATTGCTGGAA ATGGAATTGG CATGTACTTT TTACCTTGTT
Mustela frenata AF039735        ACA~~TGGAG AAAGGGAGCT CATTACCTAG CAACACTTAT ATTGCTGGAA ATGGAACTGG CATGTACATC TTGCCTTGTT
Procyon lotor AF039736          ACA~~TGGAG AA~GGGAGCT CATTAACAAG CAATATTTAT ATTGCTGGAA ACGGAACTGG CATGTACATC TTGCCTTGTT
Ursus arctos AF039741           ACA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTAACTAT CAACATGTAT ACTGCTGGGA ATGCAATTGG CATGTACATC TTGCCTTGTT
Odobenus rosmarinus AF039743    ACA~~CTGAG AAGGGGAGCT CATTCCCTCT CAACGCTTAT ATTGCTGGAA ATGGAATTGG CGTGTACGTC TTGCCTTGTT
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   805        815        825        835        845        855        865        875
Felis silvestris AF039724       CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGCT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Panthera leo AF039725           CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGCT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Prionodon pardicolor AY232610   CCAGA~TTTC TAACANNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNN~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crossarchus obscurus AF039726   CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGAT CTTTTTG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Herpestes ichneumon AY232611    CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Cryptoprocta ferox AY232612     CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crocuta crocuta AF039728        CCAGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAGAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Nandinia binotata AY232613      CCTGA~TTTC TAACACCATA AAGAACAAAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Chrotogale owstoni AY232614     CAAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GGT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paguma larvata AY232615         CCAGA~TTTC TAACANNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNN~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paradoxurus herm. AF039730      CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra tangalunga AF039731     CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra zibetha AY232616        CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra megaspila AY232617      CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverricula indica AY232618     CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Civettictis civetta AY232619    CCAGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCG~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Poiana richardsonii AY232620    CGGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta piscivora AY232621-3    CCGGA~TTTC TNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNN~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta johnstoni AY232624      CCGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta thierryi AY232625       CCGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta servalina AY232626      CCGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta maculata AY232627       CCGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta genetta AY232628        CCGGA~TTTC TAACA~~~~~ ~~~~~~~GAT CCTTTCA~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Canis lupus AF039732            CCAGA~TTTC TAGCACCATA AAGAACAGAT CCTTTTAGGG GCACCTGGAT AGCTCAGTTG GTTAAGCATC TGCCTTCGGC
Mustela frenata AF039735        CCAGA~TTTC GAACCCTATA AAGGATAGAT CCTTTCAGGG GTGCCTGAGT GGCTCAGTTG GTTAAGGGTC TGCCTTTGAC
Procyon lotor AF039736          CCAGA~TTTC NAACACCATA AAGGATAGAT CCTTTCAGGG GCACCTGGGT GGCTCAGTTG GTTAAGGGTC TGCCTTCGGC
Ursus arctos AF039741           CCAGG~TTTC TAACACCATC AAGGATAGAT CCTTTCAGGG GCACCTGGGT GGTTCAGTTG CTTAAGTGTC TGCCTTTGGC
Odobenus rosmarinus AF039743    CCAGA~CTTC GAACACCATC AAGGATAGAT CCTTTCAGGG GCGCCTGGGG GGCTCAGTCG GTAAAGCGTC TGCCTTTGGC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   885        895        905        915        925        935        945        955
Felis silvestris AF039724       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Panthera leo AF039725           ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Prionodon pardicolor AY232610   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crossarchus obscurus AF039726   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Herpestes ichneumon AY232611    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Cryptoprocta ferox AY232612     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crocuta crocuta AF039728        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Nandinia binotata AY232613      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Chrotogale owstoni AY232614     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paguma larvata AY232615         ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paradoxurus herm. AF039730      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra tangalunga AF039731     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra zibetha AY232616        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra megaspila AY232617      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverricula indica AY232618     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Civettictis civetta AY232619    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Poiana richardsonii AY232620    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta piscivora AY232621-3    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta johnstoni AY232624      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta thierryi AY232625       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta servalina AY232626      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta maculata AY232627       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta genetta AY232628        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Canis lupus AF039732            TCGGGTCATG GTCCTGAGGT CTTGAGATCA AGTCCCACAT CGGGCTCCCT GCTCCACGGG AAGCCTGCTT CTCCCTCTCC
Mustela frenata AF039735        TCCGGTCATT ATCCCAAGGT CCTAAGATCA AACCTCACAT CAGGGTCCCT ACTCAGCGGG GAGTCTACTG CTCCCTCTGC
Procyon lotor AF039736          TCCAGTCACG ATCCCAGGGT TCTGAGATTA AGCCCCACAT CAGGCTCCCT GCTTGGCGGG GGGCCTGATT CTCCCTCTAC
Ursus arctos AF039741           TCCGGTCATG ATCCCAGGGT CCTGGGATCA AGCCCTGTGT CAGGCTCTCT GCTCAGCTGG GCGTCTGCTT CTCCCCCT~~
Odobenus rosmarinus AF039743    TCAGGTCATG ATCCCAGGGC CCTGGGATCG AGCCCCACAT CGGGCTCCCT GCTCAGGAGG GAACCTGCTT CTCCCTCTCC
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   965        975        985        995       1005       1015       1025       1035
Felis silvestris AF039724       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Panthera leo AF039725           ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Prionodon pardicolor AY232610   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crossarchus obscurus AF039726   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Herpestes ichneumon AY232611    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Cryptoprocta ferox AY232612     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Crocuta crocuta AF039728        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Nandinia binotata AY232613      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Chrotogale owstoni AY232614     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paguma larvata AY232615         ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Paradoxurus herm. AF039730      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra tangalunga AF039731     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra zibetha AY232616        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverra megaspila AY232617      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Viverricula indica AY232618     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Civettictis civetta AY232619    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Poiana richardsonii AY232620    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta piscivora AY232621-3    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta johnstoni AY232624      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta thierryi AY232625       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta servalina AY232626      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta maculata AY232627       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Genetta genetta AY232628        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~
Canis lupus AF039732            CTCTGCCTGT CACTCCCCCA GGTTGTGCTC TCCCTCCTTC T~~GTCAAAT AAATAAATGA AATCTGAAAA TTTT~~TTAA
Mustela frenata AF039735        CC~~~~~~~~ ~~TTCCCCCT GCTTGTGCTC TCTCTCTCTT ~~AAATAAAT AAATAAAATA AA~~~~~~~~ ~~~~~~~AAA
Procyon lotor AF039736          CT~~~~~~~~ ~~TTCCCCCT GCTCATGCTC TCTCTTTCTT TTAAATAAAT AAATAAAAAA AATATTAAAA TAAAAAAAAA
Ursus arctos AF039741           ~~~~~~~~~~ ~~~~CCCCCT GCTCGAGCTA AATAAAT~~~ ~~AAATAAAT AAATAAATAA AACCTTA~~~ ~~~~~~~AAA
Odobenus rosmarinus AF039743    CTGC~~~~~~ TGCTCCCTGT GCTTGTGCTC TCTCTCTCT~ ~~~~~~~~~C AAATAAAGAA AATCTTA~~~ ~~~~~~~AAA
```

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|.
                                   1045       1055       1065       1075       1085       1095
Felis silvestris AF039724       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTTG TTGACCTCTT ACTGGT
Panthera leo AF039725           ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTTG TTGACCTCTT ACTGGT
Prionodon pardicolor AY232610   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~NNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNN
Crossarchus obscurus AF039726   ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCCTA ACCAGTTTTG TTGACCTCTC ACTGGT
Herpestes ichneumon AY232611    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Cryptoprocta ferox AY232612     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Crocuta crocuta AF039728        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTTG TTGACCTCTC ACTGGT
Nandinia binotata AY232613      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTTG TTGACCTGTC ACTGGT
Chrotogale owstoni AY232614     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Paguma larvata AY232615         ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~NNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNN
Paradoxurus herm. AF039730      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTGGTN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNN
Viverra tangalunga AF039731     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGGT
Viverra zibetha AY232616        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Viverra megaspila AY232617      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA CCCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Viverricula indica AY232618     ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Civettictis civetta AY232619    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCAGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Poiana richardsonii AY232620    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Genetta piscivora AY232621-3    ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~NNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNN
Genetta johnstoni AY232624      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Genetta thierryi AY232625       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Genetta servalina AY232626      ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Genetta maculata AY232627       ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Genetta genetta AY232628        ~~~~~~~~~~ ~~~~~~~~~~ ~~~~CTCTTA ACCCGTTTCG TTGACCTCTC ACTGAT
Canis lupus AF039732            AAATGAAAAG AATAGATCCT TTCCCTCTTA ~TCACTTTTG TTGACTTCTT TATGGC
Mustela frenata AF039735        CAAGAAAAAG AATAGACCTT TTCATTCTGA ~TCGGTTTTG CTGACCTCTC CCTGGC
Procyon lotor AF039736          AAAGAAAAAG AATAGATCCT TTCACTCTGA ~CCAGTTTTG TTGACCTCTC CCTGGC
Ursus arctos AF039741           TAAGAAAAAG AATAGATCCT TTCACTCTTA ~CCGGTTTTA TTGACCTCTC ACTGGT
Odobenus rosmarinus AF039743    TAAGAAAAAG AATAGATTCT TTCACTCTTA ~CCAGTTTTG TTGAC~TCTC ACTGGC
```

Annexe XIII. Matrice d'alignement des séquences de cytochrome *b* utilisées dans l'article 9 (§ III-2.b.1.).

```
                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                    5         15         25         35         45         55         65         75
Viverricula indica AY241890     ATGACCAACA TTCGAAACTC TCACCCCCTC GTCAAGATCG TAAATGAATC ATTCATTGAT CTCCCTGCCC CCTCTAACAT
Poiana richardsonii AY241891    ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTT GCTAAAATCA TCAACGAATC CTTCATTGAC CTTCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta piscivora AF511050      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051      ATGACCGACA TCCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAGTC ATTCATCGAT CTCCCCGCTC CCTCCAACAT
Genetta johnstoni AY241892      ATGACCGACA TCCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAGTC ATTCATCGAT CTCCCCGCTC CCTCCAACAT
Genetta thierryi AF511052       ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GTCAAAATCA TTAACGAATC ATTTATTGAT CTTCCCGCTC CCTCTAACAT
Genetta thierryi AY241893       ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GTCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAT CTTCCCGCTC CCTCTAATAT
Genetta victoriae AY241894      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta servalina AF511053      ATGACCAACA TYCGAAAATC TCACCCACTC GCCAAAATCA TTAACGAATC ATTCATTGAT CTCCCCGCTC CCTCTAACAT
Genetta pardina  AY241895       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta pardina  AY241896       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCCC CCTCCAATAT
Genetta poensis  AY241897       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta bourloni  AY241898      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241899      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241900      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta maculata AY241901       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241902        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCACTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241903        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241904        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AF511054        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACAAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241905        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241906        ATGACCAACA TYCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCACTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241907        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACAAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241908        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TTAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241909        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TTAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241910        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCYAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241911        ATGACCAACA TCCGAAAATC CCATCCACTC GCTAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCTGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241912       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241913       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241914       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241915       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241916       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241917       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241918       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241919       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241920       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta maculata AY241921       ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta tigrina AY241876        ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta tigrina AY241877        ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
```

```
Genetta tigrina AY241878          ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241879          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881          ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta angolensis AY241882       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241883       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241884          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241885          ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241886          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241887         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241888         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241889          ATGACCAACA TTCGAAAATC CCACCCACTC GCCAAAATCA TCAACGAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT
Genetta genetta AY241922          ATGACCAACA TCCGAAAATC CCACCCACTC GCTAAAATCA TCAACAAATC ATTCATCGAC CTCCCCGCTC CCTCCAATAT

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                      85         95        105        115        125        135        145        155
Viverricula indica AY241890       CTCGGCTTGA TGAAACTTCG GCTCCTTATT AGGAATCTGC CTTATCTTAC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCTATAC
Poiana richardsonii AY241891      CTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTCTATT AGGAATCTGC CTTATCATCC AGATCCTAAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Genetta piscivora AF511050        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTGTTC CTAGCTATAC
Genetta johnstoni AF511051        TTCAGCATGA TGAAATTTTG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta johnstoni AY241892        TTCAGCATGA TGAAATTTTG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta thierryi AF511052         CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCTTTATT GGGAGTCTGC CTTATCATCC AAATCTTAAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Genetta thierryi AY241893         CTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCTTTACT GGGAGTCTGC CTTATCATCC AAATCTTAAC AGGTCTATTC CTAGCCATAC
Genetta victoriae AY241894        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NCTCTCTACT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTGTTC CTAGCCATAC
Genetta servalina AF511053        CTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCTATAC
Genetta pardina  AY241895         TTCAGCATGA TGAAACTTCG GCTCTTTATT AGGAGTYTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta pardina  AY241896         TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta poensis  AY241897         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNTCTYTACT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTGTTC CTAGCCATAC
Genetta bourloni  AY241898        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNTCTCTACT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta "schout." AY241899        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTAATATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta "schout." AY241900        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNTCTYTACT AGGAGTTTGC CTTAATATCC AAATCTTAAC AGGCTTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241901         TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241902          CTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241903          TTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241904          CTCAGCATGA TGAAATCTCG GCTCTTTATT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta genetta AF511054          TTCAGCATGG TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTYTGC CTCATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241905          TTCAGCATGG TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241906          YTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTCTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241907          TYCAGCATGG TGAAATTTCG GCTCTATATT AGGAGTCTGC CTCATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241908          TTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTCTGTT AGGAATTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241909          TTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTCTGTT AGGAATTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241910          TTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241911          TTCAGCATGA TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCTATAC
Genetta maculata AY241912         CTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTCTATT AGGAGTATGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
```

```
Genetta maculata AY241913       TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241914       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241915       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241916       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241917       TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241918       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241919       TTCAGCATGA TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241920       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta maculata AY241921       TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241876        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241877        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241878        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241879        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTCTGTT AGGAATTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241880        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta angolensis AY241882     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTTTATT AGGAATTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta angolensis AY241883     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTTTATT AGGAATTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241884        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta tigrina AY241885        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241886        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTT CTAGCCATAC
Genetta cristata AY241887       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC TTAGCTATAC
Genetta cristata AY241888       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTTATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC TTAGCTATAC
Genetta tigrina AY241889        TTCAGCATGG TGAAACTTCG GTTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCTTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC
Genetta genetta AY241922        TTCAGCATGG TGAAATTTCG GCTCTTTATT AGGAGTTTGC CTCATTATCC AAATCCTAAC AGGCCTATTC CTAGCCATAC

                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   165        175        185        195        205        215        225        235
Viverricula indica AY241890     ATTACACATC GGACACAATA ACCGCCTTCT CATCAGTTAC CCACATTTGC CGCGACGTTA ACTACGGCTG AATTATCCGA
Poiana richardsonii AY241891    ACTATACATC AGACACAATA ACCGCTTTCT CATCAGTAAC CCACATTTGC CGTGACGTTA ACTACGGCTG AATCATTCGA
Genetta piscivora AF511050      ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta johnstoni AF511051      ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGT CGCGACGTTA ACTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta johnstoni AY241892      ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGT CGCGACGTTA ACTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta thierryi AF511052       ATTACACATC AGACACAACA ACTGCCTTCT CATCAGTGAC TCACATTTGT CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta thierryi AY241893       ATTACACATC AGACACAACA ACTGCCTTCT CATCAGTGAC TCACATTTGT CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta victoriae AY241894      ACTACACATC AGACACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATTCGA
Genetta servalina AF511053      ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta pardina  AY241895       ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta pardina  AY241896       ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta poensis  AY241897       ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta bourloni  AY241898      ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta "schout." AY241899      ACTATACATC AGATACAATA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATATGC TGCGACGTTA ATTAYGGTTG AATCATTCGA
Genetta "schout." AY241900      ACTACACATC AGATACAATA ACCGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241901       ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241902        ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
```

```
Genetta genetta AY241903          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241904          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGCTG AATCATCCGA
Genetta genetta AF511054          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241905          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241906          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATCCGA
Genetta genetta AY241907          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241908          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGTGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241909          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGTGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241910          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241911          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241912         ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241913         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241914         ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241915         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241916         ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241917         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241918         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241919         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241920         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta maculata AY241921         ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241876          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241877          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241878          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241879          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGTGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241880          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta angolensis AY241882       ACTACACATC AGACACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC CCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta angolensis AY241883       ACTACACATC AGACACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC CCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241884          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241885          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241886          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta cristata AY241887         ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGTGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta cristata AY241888         ACTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGTGACGTTA ACTATGGTTG AATCATTCGA
Genetta tigrina AY241889          ATTATACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTTA ATTACGGTTG AATCATTCGA
Genetta genetta AY241922          ACTACACATC AGATACAATA ACTGCCTTCT CATCAGTAAC TCACATCTGC CGCGACGTCA ATTATGGTTG AATCATTCGA

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     245        255        265        275        285        295        305        315
Viverricula indica AY241890       TACATACATG CTAACGGAGC CTCCATATTC TTCATTTGCT TATTCATACA TGTAGGTCGA GGGGTATATT ACGGCTCTTA
Poiana richardsonii AY241891      TATATACACG CCAACGGAGC CTCCATATTC TTCATTTGCC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGATTATACT ATGGTTCCTA
Genetta piscivora AF511050        TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGCGTATACT ACGGCTCATT
Genetta johnstoni AF511051        TACATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGCAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta johnstoni AY241892        TACATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGCAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta thierryi AF511052         TACATACATG CCAATGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGTT TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATATT ACGGCTCATA
```

```
Genetta thierryi AY241893       TATATACATG CCAATGGAGC CTCCATATTC TTTATCTGTC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATATT ACGGCTCATA
Genetta victoriae AY241894      TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATATTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta servalina AF511053      TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATCTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta pardina  AY241895       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta pardina  AY241896       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta poensis  AY241897       TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta bourloni  AY241898      TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta "schout." AY241899      TATATACATG CCAATGGAGC CTCCATGTCC TTCATCTGCC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta "schout." AY241900      TATATACATG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241901       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241902        TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTTACACA CGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241903        TATATACATG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241904        TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGCC TATTCATACA CGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AF511054        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTCC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241905        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241906        TACATACATG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241907        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241908        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241909        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241910        TATATACATG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta genetta AY241911        TATATACATG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta maculata AY241912       TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241913       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241914       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241915       TATATTCACG CTAACGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241916       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241917       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241918       TATATTCACG CTAACGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241919       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241920       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TGTTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta maculata AY241921       TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241876        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241877        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241878        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241879        TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241880        NNNNNNNNNN NNNATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241881        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta angolensis AY241882     TATATACACG CTAACGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta angolensis AY241883     TATATACACG CTAACGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241884        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta tigrina AY241885        TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241886        TACATACATG CTAATGGAGC CTCTATGTTC TTCATCTGTC TATTCATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA
Genetta cristata AY241887       TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATATT ACGGCTCATA
Genetta cristata AY241888       TATATACACG CCAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATATT ACGGCTCATA
```

```
Genetta tigrina AY241889          TATATTCACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATT
Genetta genetta AY241922          TATATACACG CTAATGGAGC CTCCATGTTC TTCATCTGTC TATTTATACA TGTAGGCCGA GGAGTATACT ACGGCTCATA

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     325        335        345        355        365        375        385        395
Viverricula indica AY241890       CACCTTTTCA GAAACATGAA ACATCGGAAT TCTACTACTA TTTGCAGTTA TAGCCACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTAC
Poiana richardsonii AY241891      CACCTTCACA GAAACATGAA ACATCGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTTATAGGC TACGTCCTAC
Genetta piscivora AF511050        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTCA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta johnstoni AF511051        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTCACAGTTA TAGCTACAGC CTTTATAGGC TACGTCCTGC
Genetta johnstoni AY241892        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTCACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTGC
Genetta thierryi AF511052         TACCTTCACA GAAACATGAA ACATTGGAAT CCTATTAATA TTCACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta thierryi AY241893         TACCTTCACA GAAACATGAA ACATTGGAAT CCTATTAATA TTCACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta victoriae AY241894        TACCTTCACA GAAACATGAA ACATTGGAAT CCTATTAATA TTCACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta servalina AF511053        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta pardina  AY241895         CACCTTTACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTGCTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTAC
Genetta pardina  AY241896         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTAC
Genetta poensis  AY241897         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTCATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTAC
Genetta bourloni  AY241898        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTCA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTAC
Genetta "schout." AY241899        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTCA TAGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta "schout." AY241900        CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTAC
Genetta maculata AY241901         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241902          CGCTTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241903          CGCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTTCTGC
Genetta genetta AY241904          CGCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta genetta AF511054          CTCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATG TATACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241905          CTCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATG TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241906          CGCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TATACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241907          CTCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATG TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241908          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTCA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta genetta AY241909          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta genetta AY241910          CGCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241911          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTCACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241912         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATRGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241913         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241914         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241915         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241916         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241917         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241918         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241919         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241920         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta maculata AY241921         CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta tigrina AY241876          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta tigrina AY241877          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
```

```
Genetta tigrina AY241878          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241879          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta tigrina AY241880          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta tigrina AY241881          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta angolensis AY241882       CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTAC
Genetta angolensis AY241883       CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TACGTCCTAC
Genetta tigrina AY241884          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta tigrina AY241885          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241886          CGCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTTCTGC
Genetta cristata AY241887         TACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT TCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta cristata AY241888         TACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT TCTACTAATA TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTAC
Genetta tigrina AY241889          CACCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATA TTTACAGTTA TAGCTACAGC CTTCATGGGC TATGTCCTGC
Genetta genetta AY241922          CTCCTTCACA GAAACCTGAA ACATTGGAAT CCTACTAATG TTTACAGTTA TGGCTACAGC CTTCATAGGC TATGTCCTGC

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     405        415        425        435        445        455        465        475
Viverricula indica AY241890       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGNGCCA CNGTAATYAC CAAYCTCYTA TCAGCTATYC CCTATATCGG AACTAATCTT
Poiana richardsonii AY241891      CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATCAC CAACCTCCTA TCAGCCATCC CCTATATCGG AACTAGCCTA
Genetta piscivora AF511050        CATGAGGCCA ATTATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTG
Genetta johnstoni AF511051        CATGAGGCCA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATCAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTA
Genetta johnstoni AY241892        CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATCAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTA
Genetta thierryi AF511052         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATCC CCTACATCGG AACCAACCTA
Genetta thierryi AY241893         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCTA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACCAACCTA
Genetta victoriae AY241894        CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACNAATCTR
Genetta servalina AF511053        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTG
Genetta pardina  AY241895         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACGAATCTG
Genetta pardina  AY241896         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACGAATCTG
Genetta poensis  AY241897         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACGAATCTG
Genetta bourloni  AY241898        CATGAGGTCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACGAATCTG
Genetta "schout." AY241899        CATGAGGTCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACGAATCTG
Genetta "schout." AY241900        CATGAGGTCA AATATCCTTC TGAGGGGCAA CCGTGATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241901         CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACGAATCTG
Genetta genetta AY241902          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241903          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTYTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241904          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGGGCAA CCGTAATTAC AAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATATCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AF511054          CGTGAGGACA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241905          CGTGGGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241906          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTYTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241907          CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241908          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC WAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACAAATCTG
Genetta genetta AY241909          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC WAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACAAATCTG
Genetta genetta AY241910          CATGGGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta genetta AY241911          CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACATCTTA TCAGCCATTC CCTACGTCGG AACTAATCTA
Genetta maculata AY241912         CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTYTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTR
```

```
Genetta maculata AY241913       CGTGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241914       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241915       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241916       CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241917       CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241918       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241919       CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241920       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta maculata AY241921       CATGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta tigrina AY241876        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta tigrina AY241877        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta tigrina AY241878        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta genetta AY241879        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACAAATCTG
Genetta tigrina AY241880        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta tigrina AY241881        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta angolensis AY241882     CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CTGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACAAACCTA
Genetta angolensis AY241883     CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CTGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACAAACCTA
Genetta tigrina AY241884        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta tigrina AY241885        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta genetta AY241886        CATGGGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTG TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTA
Genetta cristata AY241887       CATGAGGCCA AATATCCTTT TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTG
Genetta cristata AY241888       CATGAGGCCA AATATCCTTT TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTCTTA TCAGCCATTC CCTACATCGG AACTAATCTG
Genetta tigrina AY241889        CATGAGGCCA AATATCCTTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC TAACCTTTTA TCAGCCATTC CCTATGTCGG AACGAATCTG
Genetta genetta AY241922        CGTGAGGACA AATATCATTC TGAGGAGCAA CCGTAATTAC AAACCTYTTA TCAGCCATTC CCTCCGTCGG AACTAATCTA

                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   485        495        505        515        525        535        545        555
Viverricula indica AY241890     GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GACAAAGCCA CCTTAACTCG ATTCTTCGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Poiana richardsonii AY241891    GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCTA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Genetta piscivora AF511050      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta johnstoni AF511051      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTATTTGCT TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta johnstoni AY241892      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTATTTGCT TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta thierryi AF511052       GTAGAGTGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GATAAAGCAA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta thierryi AY241893       GTAGAGTGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GACAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCT TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta victoriae AY241894      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTCCA TCCTCCCATT
Genetta servalina AF511053      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta pardina  AY241895       GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTCGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta pardina  AY241896       GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTYA TCCTCCCATT
Genetta poensis  AY241897       GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Genetta bourloni  AY241898      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Genetta "schout." AY241899      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TCCTTCCATT
Genetta "schout." AY241900      GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTCA TTCTTCCATT
Genetta maculata AY241901       GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta genetta AY241902        GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAGGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
```

```
Genetta genetta AY241903          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAGGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241904          GTAGAATGGA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAARGCAA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TTCTTCCATT
Genetta genetta AF511054          GTAGAATGGA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCTTCCCATT
Genetta genetta AY241905          GTAGAATGGA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCTTCCCATT
Genetta genetta AY241906          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241907          GTAGAATGGA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCTTCCCATT
Genetta genetta AY241908          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta genetta AY241909          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta genetta AY241910          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241911          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241912         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241913         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta maculata AY241914         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241915         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241916         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241917         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta maculata AY241918         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241919         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TACCACTTAA TCCTTCCATT
Genetta maculata AY241920         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta maculata AY241921         GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241876          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241877          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241878          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241879          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta tigrina AY241880          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241881          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta angolensis AY241882       GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta angolensis AY241883       GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTTCCATT
Genetta tigrina AY241884          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241885          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241886          GTAGAATGAA TCTGAGGAGG TTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTCA TCCTCCCATT
Genetta cristata AY241887         GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta cristata AY241888         GTAGAATGAA TCTGAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta tigrina AY241889          GTAGAATGAA TCTGAGGGGG TTTCTCAGTA GATAAAGCCA CCCTAACACG ATTCTTTGCC TTCCACTTTA TCCTCCCATT
Genetta genetta AY241922          GTAGAATGRA TCTCAGGAGG CTTTTCAGTA GATAAAGCCA CCTTAACACG ATTCTTTGCC TTTCACTTTA TCTTCCCATT

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     565        575        585        595        605        615        625        635
Viverricula indica AY241890       TATTATCTCA GCCCTAGCAG CCGTCCATTT ACTATTTCTA CACGAAACAG GATCCAACAA CCCCTCAGGA ATAGTATCTG
Poiana richardsonii AY241891      TATCATTTCA GCCCTGGCAG CAGTTCACTT ATTATTCCTC CATGAAACAG GATCCAACAA CCCTTCGGGT GTAATATCCA
Genetta piscivora AF511050        CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACTT GCTATTCCTC CACGAAACTG GCTCCAACAA TCCCTCAGGC ATAATATCTG
Genetta johnstoni AF511051        CATTATTTCA GCCTTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACGG GTTCCAACAA TCCCTCAGGT ATAATATCCG
Genetta johnstoni AY241892        CATTATTTCA GCCTTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA TCCCTCAGGT ATAATATCCG
Genetta thierryi AF511052         CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GATCTAATAA CCCCTCAGGC GTAATATCCA
```

```
Genetta thierryi AY241893       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTCCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GATCTAATAA CCCCTCAGGC GTTATATCCA
Genetta victoriae AY241894      CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCTAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta servalina AF511053      CATTATTTCA GCCCTAGCAG CCGTTCACCT GCTATTTCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta pardina  AY241895       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta pardina  AY241896       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta poensis  AY241897       CATCATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta bourloni  AY241898      CATCATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta "schout." AY241899      CATCATTTCA GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta "schout." AY241900      CATCATTTCA GCCTTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241901       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATYTG
Genetta genetta AY241902        CATTATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241903        CATTATTTCG ACCCTGGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAAYAA CCCCTCGGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241904        CATTATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC TACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AF511054        CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241905        CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241906        CATCATTTCG ACCCTGGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCGGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241907        CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241908        CATTATTTCG GCCCTAGCAG CAGTCCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCTTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta genetta AY241909        CATTATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCTTCAGGT GTAGTATCTG
Genetta genetta AY241910        CATCATTTCG ACCCTGGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCGGGC GTAATATCTG
Genetta genetta AY241911        CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA TCCCTCGGGC GTAATATCTG
Genetta maculata AY241912       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241913       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241914       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241915       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241916       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241917       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241918       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241919       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241920       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CATGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta maculata AY241921       CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta tigrina AY241876        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta tigrina AY241877        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta tigrina AY241878        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta genetta AY241879        CATTATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta angolensis AY241882     TATTATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCTTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta angolensis AY241883     TATTATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCTTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta tigrina AY241884        CACCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241885        CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta genetta AY241886        CATCATTTCG ACCCTGGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCGGGC GTAATATCTG
Genetta cristata AY241887       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CCGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta cristata AY241888       CATTATTTCA GCCCTAGCAG CCGTTCACCT ACTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
```

```
Genetta tigrina AY241889          CATCATTTCG GCCCTAGCAG CAGTTCACCT GCTATTCCTC CACGAAACAG GCTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAGTATCTG
Genetta genetta AY241922          CATCATTTCG GCCCTGGCAG CAGTTCACCT GTTATTCCTC CACGAAACAG GTTCCAACAA CCCCTCAGGC GTAATATCTG

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     645        655        665        675        685        695        705        715
Viverricula indica AY241890       ACTCAGACAA AATCCCATTC CACCCATACT ATACAATCAA AGATATCTTA GGTCTCCTAT TTCTAATCCT AATACTAATA
Poiana richardsonii AY241891      ACTCAGATAA AATCCCCTTC CACCCATACT ATACTATTAA AGACATTTTA GGCCTCTTAT TCCTAATCTT AACATTAATA
Genetta piscivora AF511050        ACTCAGATAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATCCT AGTACTAATA
Genetta johnstoni AF511051        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACCATTAA AGACATTCTA GGTATCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta johnstoni AY241892        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACCATTAA AGACATTCTA GGTATCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta thierryi AF511052         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CATCCATATT ACACCATCAA AGACATTCTA GGCCTTTTAC TACTTATTCT GGTATTAATA
Genetta thierryi AY241893         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACCATCAA AGACATTCTA GGCCTTTTAC TACTTATTCT GGTACTAATA
Genetta victoriae AY241894        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta servalina AF511053        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta pardina  AY241895         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATACT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta pardina  AY241896         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATACT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta poensis  AY241897         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATAYT ACACTATCAA AGACATTCTA GGCCTCCTAT TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta bourloni  AY241898        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATAYT ACACTATCAA AGACATTCTA GGCCTCCTAT TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta "schout." AY241899        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATAYT ACACTATCAA AGACATTCTA GGCCTCCTAT TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta "schout." AY241900        ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATAYT ACACTATCAA AGACATTCTA GGCCTCCTAT TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241901         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAACTCT AGTGCTAATA
Genetta genetta AY241902          ACTCAGACAA AATCCCCTTC CATCCATACT ATACTATTAA AGACATYCTA GGCCTACTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241903          ACTCAGACAA AATCCCCTTC CATCCATACT ATACTATTAA AGACATCCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241904          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATCCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AF511054          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241905          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241906          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241907          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241908          ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCGTATT ACACTATTAA AGACATCCTG GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241909          ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCGTATT ACACTATTAA AGACATTCTG GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241910          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241911          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta maculata AY241912         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241913         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241914         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241915         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta maculata AY241916         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta maculata AY241917         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241918         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta maculata AY241919         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241920         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta maculata AY241921         ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta tigrina AY241876          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta tigrina AY241877          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
```

```
Genetta tigrina AY241878          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241879          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta tigrina AY241881          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta angolensis AY241882       ACTCAGACAA AATTCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta angolensis AY241883       ACTCAGACAA AATTCCCTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta tigrina AY241884          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNTTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta tigrina AY241885          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTGCTAATA
Genetta genetta AY241886          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta cristata AY241887         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta cristata AY241888         ACTCAGACAA AATCCCCTTC CACCCATATT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta tigrina AY241889          ACTCAGACAA AATCCCTTTC CACCCATATT ACACTATTAA AGATATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA
Genetta genetta AY241922          ACTCAGACAA AATCCCCTTT CATCCATACT ATACTATTAA AGACATTCTA GGCCTCCTAC TACTAATTCT AGTACTAATA

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     725        735        745        755        765        775        785        795
Viverricula indica AY241890       CTACTAGTCC TATTCTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCAG ATAACTACAT TCCTGCCAAC CCCTTAAACA CCCCTCCACA
Poiana richardsonii AY241891      CTCCTAGTAT TATTCTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCTG ACAACTACAT CCCTGCCAAC CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta piscivora AF511050        CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCYG AYAACTAYAT YCCTGCYAAY CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta johnstoni AF511051        TTATTAGTAT TATTCTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ATAACTATAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCTCA
Genetta johnstoni AY241892        TTATTAGTAT TATTCTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ATAACTATAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCTCA
Genetta thierryi AF511052         CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTCTA GGAGACCCCG ACAACTATAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta thierryi AY241893         CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTCTA GGAGACCCCG ACAACTATAT CCCTGCTAAT CCTCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta victoriae AY241894        CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGAYCCCG AYAACTAYAT CCCYGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta servalina AF511053        CTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGATCCCG ATAACTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta pardina  AY241895         TCACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTYCTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta pardina  AY241896         TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta poensis  AY241897         TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAACTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta bourloni  AY241898        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCYGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta "schout." AY241899        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta "schout." AY241900        CTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241901         TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241902          CTACTAGTAT TATATTCACC CGACCTCTTA GGAGACCCCG ACAACTACAT CCCCGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241903          TTACTAGTAT TATATTCACC CGACCTCTTA GGAGACCCCG ACAACTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241904          CCACTAGTAT TATATTCACC CGACCTCTTA GGAGACCCCG ACAACTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta genetta AF511054          CTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241905          CTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241906          CTACTAGTAT TATTTTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241907          CTACTAGTAT TATCTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241908          TTATTAGTAT TATTCTCACC TGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAC CCTCTAAATA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241909          TTATTAGTAT TATTTTCACC TGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAC CCTCTAAATA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241910          TTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta genetta AY241911          CTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCCGCTAAC CCCCTAAATA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241912         TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
```

```
Genetta maculata AY241913       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241914       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241915       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241916       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241917       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241918       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241919       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241920       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta maculata AY241921       TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta tigrina AY241876        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta tigrina AY241877        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta tigrina AY241878        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta genetta AY241879        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNCCACCCCA
Genetta tigrina AY241880        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta tigrina AY241881        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta angolensis AY241882     CTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCTG ACAATTACAT CCCCGCTAAC CCTCTAAATA CCCCACCCCA
Genetta angolensis AY241883     CTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCTG ACAATTACAT CCCCGCTAAC CCTCTAAATA CCCCACCCCA
Genetta tigrina AY241884        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta tigrina AY241885        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta genetta AY241886        CTACTAGTAC TATTTTCACC TGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta cristata AY241887       TTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGATCCCG ACAACTACAT TCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta cristata AY241888       TTACTAGTAT TATTCTCACC CGACCTTTTA GGAGATCCCG ACAACTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA
Genetta tigrina AY241889        TTACTAGTAT TATTTTCACC CGATCTTTTA GGAGACCCCA ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CTCCACCCCA
Genetta genetta AY241922        CTACTAGTAT TATTTTCACC CGACCTTTTA GGAGACCCCG ACAATTACAT CCCTGCTAAT CCCCTAAACA CCCCACCCCA

                                ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                   805        815        825        835        845        855        865        875
Viverricula indica AY241890     CATCAAACCT GAATGATACT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Poiana richardsonii AY241891    CATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTCGC ATATGCAATT CTTCGATCCA TTCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta piscivora AF511050      TATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TTCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta johnstoni AF511051      TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta johnstoni AY241892      TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATACGCAATC CTCCGATCCA TCCCTAATAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta thierryi AF511052       CATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAATAA ATTAGGAGGA GTTCTAGCCC
Genetta thierryi AY241893       CATCAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAATAA ATTAGGAGGA GTTCTAGCCC
Genetta victoriae AY241894      TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta servalina AF511053      TATTAAACCC GAATGGTATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTGGCCC
Genetta pardina  AY241895       TATTAAACCC GAATGGTATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta pardina  AY241896       TATTAAACCC GAATGGTATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta poensis  AY241897       TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGTGGA GTCCTGGCCC
Genetta bourloni  AY241898      TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGTGGA GTCCTGGCCC
Genetta "schout." AY241899      TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGTGGA GTCCTGGCCC
Genetta "schout." AY241900      TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGTGGA GTCCTGGCCC
Genetta maculata AY241901       TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241902        TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTCGC ATATGCAATC CTTCGATCTA TTCCTAACAA ATTAGGAGGA GTCCTAGCCC
```

```
Genetta genetta AY241903          TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241904          TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTCGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ATTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AF511054          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTCGC ATATGCAATT CTCCGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241905          TATTAAACCC GAATGATATA TTCTATTCGC ATATGCAATT CTCCGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241906          TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241907          TATTAAACCC GAATGATATA TTCTATTCGC ATATGCAATT CTCCGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241908          TATTAAACCC GAATGATATT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241909          TATCAAACCC GAATGATATT TCCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241910          TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241911          TATTAAACCC GAATGGTACT TCCTATTTGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA GCTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241912         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241913         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241914         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241915         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241916         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241917         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241918         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241919         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241920         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta maculata AY241921         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241876          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241877          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241878          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241879          TATCAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241880          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241881          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta angolensis AY241882       TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta angolensis AY241883       TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241884          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta tigrina AY241885          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGGGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241886          TATTAAACCC GAATGATACT TTCTATTTGC ATATGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta cristata AY241887         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTGGCCC
Genetta cristata AY241888         TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCCAACAA ACTAGGAGGA GTCCTGGCCC
Genetta tigrina AY241889          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTTGC ATACGCAATC CTCCGATCTA TTCCTAACAA ACTAGGAGGA GTCCTAGCCC
Genetta genetta AY241922          TATTAAACCC GAATGATATT TTCTATTYGC ATATGCAATT CTCCGATCTA TTCCCAACAA ATTAGGGGGA GTCCTAGCCC

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     885        895        905        915        925        935        945        955
Viverricula indica AY241890       TCGTCCTTTC CATTCTAATC CTAGCAATCA TCCCCCTACT ACATACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCACTT
Poiana richardsonii AY241891      TTATCTTTTC AATCTTAATC CTAGCGATCA TCCCCCTTCT CCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT TCGACCACTA
Genetta piscivora AF511050        TCGTTTCTTC AATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCTCTACT CCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta johnstoni AF511051        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCTTTCCT TCACACTTCA AAACAACGAA GCATGATATT CCGGCCATTA
Genetta johnstoni AY241892        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATCA TCCCTTTCCT TCACACTTCA AAACAACGAA GCATGATATT CCGGCCATTA
Genetta thierryi AF511052         TCGTCCTCTC AATTCTAGTC CTAGCAATTA TTCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCAATA
```

```
Genetta thierryi AY241893       TCGTCCTCTC AATTCTAGTC CTAGCAATTA TTCCCCTTCT TCATACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCAATA
Genetta victoriae AY241894      TCGTTCTTTC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCTCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta servalina AF511053      TCGTCCTTTC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCTCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta pardina  AY241895       TTATCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta pardina  AY241896       TCATCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta poensis  AY241897       TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta bourloni  AY241898      TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta "schout." AY241899      TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta "schout." AY241900      TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCTTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241901       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241902        TCGTTCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241903        TCGTYCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241904        TCGTTCTCTC CATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AF511054        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241905        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241906        TCGTTCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241907        TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241908        TCGTCCTCTC AATCCTGATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTG
Genetta genetta AY241909        TCGTCCTCTC AATCCTGATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTG
Genetta genetta AY241910        TCGTTCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241911        TCGTTCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241912       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241913       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241914       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241915       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241916       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241917       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241918       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241919       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241920       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta maculata AY241921       TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241876        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241877        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241878        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241879        TCGTCCTCTC AATCCTGATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTG
Genetta tigrina AY241880        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241881        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta angolensis AY241882     TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATCG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta angolensis AY241883     TCGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATCG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241884        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta tigrina AY241885        TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241886        TCGTTCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCANNN
Genetta cristata AY241887       TCGTCCTTTC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCTCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta cristata AY241888       TCGTCCTCTC AATCCTAATC TTAGCAATTA TCCCTCTCCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
```

```
Genetta tigrina AY241889          TTGTCCTCTC AATCCTAATC CTAGCAATTG TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA
Genetta genetta AY241922          TCGTCCTTTC AATCCTAATC CTAGCAATTA TCCCCCTTCT TCACACCTCA AAACAACGAA GCATAATATT CCGACCATTA

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     965        975        985        995       1005       1015       1025       1035
Viverricula indica AY241890       AGTCAATGCT TATTCTGATT CTTAGTAGCA GACCTATTCA CTTTAACATG AATTGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Poiana richardsonii AY241891      AGTCAATGCC TGTTCTGACT TTTAGTAGCA GACCTACTCG CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AATACCCCTT
Genetta piscivora AF511050        AGCCAATGCT TATTCTGACT TTCAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta johnstoni AF511051        AGCCAATGCT TATTCTGACT ATTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Genetta johnstoni AY241892        AGCCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCTTT
Genetta thierryi AF511052         AGTCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACCTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Genetta thierryi AY241893         AGTCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Genetta victoriae AY241894        AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAGCCAGTAG AACACCCCTT
Genetta servalina AF511053        AGCCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACCTACTCA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta pardina  AY241895         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGCGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta pardina  AY241896         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta poensis  AY241897         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCGGTAG AATACCCCTT
Genetta bourloni  AY241898        AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCGGTAG AACACCCCTT
Genetta "schout." AY241899        AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCGGTAG AACACCCCTT
Genetta "schout." AY241900        AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCGGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241901         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GATTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241902          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241903          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGCGGT CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241904          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGAGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AF511054          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241905          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA TCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241906          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGCGGT CAACCAGTAG AACATCCCTT
Genetta genetta AY241907          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA TCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACACCTT
Genetta genetta AY241908          AGCCAATGCT TATTTTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241909          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTACTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241910          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGCGGT CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241911          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACGTG AATCGGCGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241912         AGCCAATGCT TATTCTGACT CCTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241913         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GATTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241914         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241915         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241916         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241917         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GATTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241918         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241919         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GATTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241920         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta maculata AY241921         AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta tigrina AY241876          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta tigrina AY241877          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
```

```
Genetta tigrina AY241878          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241879          AGCCAATGCT TATTTTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881          AGCCAATGCT TATTCTGACT CCTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241882       AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241883       AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241884          AGCCAATGCT TATTCTGACT CCTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241885          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta genetta AY241886          NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241887         AGTCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241888         AGTCAATGCT TATTCTGACT TTTAGTAGCA GACTTACTCA CCCTAACATG ANNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241889          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA CCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT
Genetta genetta AY241922          AGCCAATGCT TATTCTGACT CTTAGTAGCA GACTTACTTA TCCTAACATG AATCGGTGGA CAACCAGTAG AACACCCCTT

                                  ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
                                     1045       1055       1065       1075       1085       1095       1105       1115
Viverricula indica AY241890       CATCACCATC GGGCAATTAG CCTCTATCTT CTACTTTTCA ATCCTTCTCA TCCTAATACC CATCTTCGGT ACCATCGAAA
Poiana richardsonii AY241891      TATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATTCT CTACTTCTCC ATCTTCCTCA TCCTAATACC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Genetta piscivora AF511050        CATCACCATC GGACAACTAG CCTCTATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CATNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta johnstoni AY241892        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta thierryi AF511052         CATTACCATC GGACAGCTAG CCTCTATCCT TTACTTCTCA ATTTTCCTCA TCCTAATGCC CGCTTCAGGT ATTATCGAAA
Genetta thierryi AY241893         CATTACCATC GGACAGCTAG CCTCTATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CGCTTCAGGT ATCATCGAAA
Genetta victoriae AY241894        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CGNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta servalina AF511053        TATTACCATC GGACAACTAG CCTCCGTTCT CTACTATTCA ATCTCCCTCA TCCTGATACT CACTTCAGGC ATCATCGAAA
Genetta pardina  AY241895         CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTTTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGTCTCTGGT ATTATCGAAA
Genetta pardina  AY241896         CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTTTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGTCTCTGGT ATCATCGAAA
Genetta poensis  AY241897         CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CGNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta bourloni  AY241898        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CRNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241899        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241900        CATTTCCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTTTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta maculata AY241901         CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATACC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241902          CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATCATCGAAA
Genetta genetta AY241903          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241904          CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCGTCCT CTACTTCTCC ATCTTCCTTA TCCTAATACC TATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AF511054          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241905          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCC ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241906          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241907          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCGTCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATCATCGAAA
Genetta genetta AY241908          CATTACCATC GGACAACTAG CCTCTATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTTTCCGGT ATCATCGAAA
Genetta genetta AY241909          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATCATCGAAA
Genetta genetta AY241910          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241911          CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATGCC CGTCTCCGGT ATCATCGAAA
Genetta maculata AY241912         CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTCTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
```

```
Genetta maculata AY241913       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241914       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGY ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241915       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241916       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241917       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241918       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATTCCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241919       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGC ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241920       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta maculata AY241921       CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta tigrina AY241876        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta tigrina AY241877        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta tigrina AY241878        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241879        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241882     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241883     NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241884        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241885        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta genetta AY241886        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241887       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241888       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241889        CATTACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT TTACTTTTCA ATCTTCCTCA TCCTAATGCC CATCTCCGGT ATTATCGAAA
Genetta genetta AY241922        CATCACCATC GGACAACTAG CCTCCATCCT CTACTTCTCA ATCTTCCTTA TCCTAATACC CGTCTCCGGT ATTATCGAAA


                                ....|....| ....|....|
                                   1125       1135
Viverricula indica AY241890     ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Poiana richardsonii AY241891    ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta piscivora AF511050      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta johnstoni AF511051      ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta johnstoni AY241892      ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta thierryi AF511052       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta thierryi AY241893       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta victoriae AY241894      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta servalina AF511053      ATCGTATCTT AAAATGAAGA
Genetta pardina  AY241895       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta pardina  AY241896       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta poensis  AY241897       NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta bourloni  AY241898      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241899      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta "schout." AY241900      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta maculata AY241901       ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
```

```
Genetta genetta AY241902         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241903         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241904         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AF511054         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241905         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241906         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241907         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241908         ACCGTCTCYT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241909         ACCGTCTCCT TAAATGAAGA
Genetta genetta AY241910         ATCGTCTCNT TAAATGAAGA
Genetta genetta AY241911         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241912        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241913        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241914        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241915        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241916        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241917        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241918        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241919        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241920        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta maculata AY241921        ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta tigrina AY241876         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta tigrina AY241877         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta tigrina AY241878         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241879         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241880         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241881         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241882      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta angolensis AY241883      NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241884         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241885         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta genetta AY241886         NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241887        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta cristata AY241888        NNNNNNNNNN NNNNNNNNNN
Genetta tigrina AY241889         ATCGTCTCTT AAAATGAAGA
Genetta genetta AY241922         ACCGTCTCTT AAAATGAAGA
```

Summary

The subfamily Viverrinae (Carnivora, Feliformia, Viverridae) has a much debated systematics, which is representative of the taxonomic imbroglio prevailing within the "catch-all" family Viverridae. Viverrinae are constituted by a set of species with heteroclite morphotypes: the Terrestrial Civets, large and digitigrade (*Civettictis, Viverra* and *Viverricula*), the Genets, smaller, thinner and semi-digitigrade (*Genetta*), and a set of taxa with atypical morphological characteristics, the Genet-like taxa (*Prionodon, Poiana* and *Osbornictis*). The taxonomy and phylogeny of this group has never been exhaustively questioned to date, and relationships between the genets, distributed in Africa, and the Genet-like taxa, both represented in Asia and Africa, remain controversial. Fossil data are very scarce and -when available- restricted to recent geological periods (Pliocene).

Our study aims at clarifying the interspecific boundaries among Viverrinae, and especially within genus *Genetta*, and questioning the phylogenetic position of genera *Prionodon, Poiana* and *Osbornictis* relative to genets in the framework of the phylogeny of Viverridae. In order to tackle the issues concerning the systematics and biogeography of the group, different types of materials were used and then compared / combined: discrete characters (morphology), collection localities (distributional range) and nucleotidic sequences (cytochrome *b* [cytb] and tranthyretin intron I [TR-i-I] genes). In order to consider an exhaustive and representative taxonomic sample set among Viverrinae, collection specimens were involved as a complementary source for DNA extraction.

Our investigations lead to a new definition of Viverrinae. The Asiatic Linsangs (*Prionodon* spp.) are excluded from the subfamily and are sister-group of Felidae (highly supported by TR-i-I). Within the newly delimited Viverrinae, appear two tribes, both characterized by several strict morphological synapomorphies, namely Viverrini (Terrestrial Civets) and Genettini *trib. nov.* (*Poiana* + *Genetta*). Phylogenetic analyses based on molecular sequences unambiguously include the aquatic Genet (*Osbornictis piscivora*) within the genet clade. Thus, genus *Osbornictis* Allen, 1919 should be synonymized with genus *Genetta* G. Cuvier, 1816. The molecular tree topology indicates that the African Linsangs (*Poiana* spp.) are highly supported as the sister-group of genets. The interspecific boundaries within genus *Genetta* have been clarified following the combination of three types of material. As a consequence, we here propose a re-updated classification that delimits 16 species, one of them having been described during our investigations (*Genetta bourloni* Gaubert, 2003).

The phylogenetic patterns obtained shed a new light on the morphological evolution of the early Feliformia (like, for instance, the Oligocene genus *Paleoprionodon*). They also evidence the high homoplasy conveyed by morphological characters (including "diagnostic" traits) among what was grouped under Viverridae but also within genus *Genetta*. Our estimations of ancestral areas and divergence times fix an Asiatic origin of Viverridae *sensu stricto* around 23 Myr. However, the geographic origin of the subfamily Viverrinae, which is estimated to appear ca. 21 Myr, remains equivocal. The origin of genus *Genetta* is dated from ca. 8 Myr, which is largely antecedent to the Pliocene fossil records. The genet ancestor is likely to have exhibited a *Poiana*-like morphotype, and we suggest that the first phase of diversification of genus *Genetta* mainly took place within the African rainforest during a period of ca. 4 Myr. However, the evolutionary history of the genets seems to have been influenced by complex factors and does not completely fit a model of ecological speciation.

The subfamily Viverrinae, consisting of a set of heteroclite morphotypes (also within genus *Genetta*), is characterized by a remarkable morphological lability, and viverrine lineages seem to have been the subject of important extinction rates.

Key words: Feliformia, Viverridae, Viverrinae, *Genetta, Prionodon, Poiana, Osbornictis*, taxonomy, phylogeny, morphological characters, cytochrome *b*, transthyretin intron I, distributional range, divergence time, interspecific boundaries, morphological convergence, ancestral area, ancestral morphotype, Africa, Asia, evolutionary scenario.

Résumé

La sous-famille des Viverrinae (Carnivora, Feliformia, Viverridae), qui demeure un taxon à la systématique confuse, est représentative de l'imbroglio taxinomique constitué par le « groupe poubelle » que sont les Viverridae. Les Viverrinae sont constitués d'espèces aux morphotypes très hétéroclites : les civettes terrestres, massives et digitigrades (*Civettictis, Viverra* et *Viverricula*), les genettes, plus petites, d'apparence plus élancées, et semi-digitigrades (*Genetta*), et un ensemble de taxons à la morphologie atypique, les « Genet-like taxa » (*Prionodon, Poiana* et *Osbornictis*). Jusqu'à présent, la taxinomie et la phylogénie du groupe n'avaient pas été abordées de façon exhaustive, et les relations de parenté entre les genettes, africaines, et les énigmatiques « Genet-like taxa », afro-asiatiques, restaient très controversées. Les données fossiles relatives à ces taxons demeurent en outre inexistantes ou très rares, et limitées au registre Pliocène.

Notre travail a porté sur la clarification des délimitations interspécifiques au sein des Viverrinae, et plus particulièrement au sein du genre *Genetta*, et sur la position des genres *Prionodon, Poiana* et *Osbornictis* par rapport aux genettes, dans le contexte de la phylogénie des Viverridae. Pour répondre à l'ensemble des questions relatives à la systématique et la biogéographie du groupe, des supports de diverse nature ont été utilisés, puis comparés et / ou combinés : morphologie (caractères discrets), biogéographie (aires de répartition) et séquences nucléotidiques (gène du cytochrome *b* [cytb] et intron I de la transthyrétine [TR-i-I]). Afin d'établir la phylogénie moléculaire des Viverrinae dans un cadre taxinomique le plus exhaustif possible, nous avons également utilisé, en complément des échantillons frais, du matériel de collection.

Nos investigations ont permis de redéfinir la sous-famille des Viverrinae, en en excluant les linsangs asiatiques (*Prionodon* spp.), ces derniers étant groupe-frère des Felidae (position fortement soutenue par TR-i-I), et en y discriminant deux tribus aux synapomorphies morphologiques fortes : les Viverrini (civettes terrestres) et les Genettini (*Poiana* + *Genetta*). Les analyses basées sur les données moléculaires incluent la genette aquatique (*Osbornictis piscivora*) dans le clade des genettes, le genre *Osbornictis* Allen, 1919 devant ainsi être mis en synonymie avec le genre *Genetta* G. Cuvier, 1816. Elles supportent également de façon très soutenue la position des linsangs africains (*Poiana* spp.) en tant que groupe-frère des genettes. Les limites interspécifiques au sein du genre *Genetta* ont pu être clarifiées grâce à la combinaison des trois types de support, et nous avons pu proposer une classification réactualisée délimitant 16 espèces, incluant la nouvelle espèce *Genetta bourloni* Gaubert, 2003.

Les patrons phylogénétiques obtenus ont permis de jeter une nouvelle lumière sur l'évolution morphologique des « premiers » féliformes (comme le genre *Paleoprionodon*, de l'Oligocène) ainsi que sur la labilité de caractères considérés comme diagnostiques et la forte homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques, aussi bien en ce qui concerne les taxons anciennement regroupés au sein des Viverridae que le genre *Genetta*. Nos estimations d'aires ancestrales et de temps de divergence aboutissent à considérer une origine asiatique des Viverridae, tels que nouvellement définis, aux alentours de 23 Ma. Toutefois, elles ne permettent pas de clarifier l'origine géographique de la sous-famille des Viverrinae, estimée apparaître vers 21 Ma. Nos estimations datent l'origine du genre *Genetta* aux environs de 8 Ma, soit à une période bien antérieure à ce que pouvait laisser supposer le registre fossile. L'ancêtre des genettes semble être de type « *Poiana*-like », et nous suggérons que la première phase de diversification du genre se soit effectuée en majorité au sein de la forêt tropicale africaine sur environ 4 Ma. Toutefois, l'histoire évolutive des genettes semble avoir été influencée par un ensemble complexe de facteurs, et ne s'accorde qu'en partie à un modèle de spéciation écologique.

La sous-famille des Viverrinae, de par le fait qu'elle regroupe un ensemble de morphotypes hétéroclites (y compris au sein même du genre *Genetta*), paraît avoir subi d'importants taux d'extinction de ses lignées et / ou être caractérisée par une labilité morphologique remarquable.

Mots-clés : Feliformia, Viverridae, Viverrinae, *Genetta, Prionodon, Poiana, Osbornictis*, taxinomie, phylogénie, caractères morphologiques, cytochrome *b*, transthyrétine intron I, aires de répartition, temps de divergence, limites interspécifiques, convergence morphologique, aires ancestrales, morphotype ancestral, Afrique, Asie, scénario évolutif.