

Estimates of evolutionary divergence between genera (uncorrected p-distances) in concatenated sequences of three genes: c-mos, ND4 and Cyt b. The number of base differences per site from between sequences are shown. The rate variation among sites was modelled with a gamma distribution (shape parameter = 1). This analysis involved 25 nucleotide sequences. All ambiguous positions were removed for each sequence pair (pairwise deletion option). There were a total of 2698 positions in the final data set. Evolutionary analyses were conducted in MEGA X (KUMAR et al. 2018).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
1	<i>Bofa erlangeri</i> , MPFC4498																							
2	<i>Bothrolycus ater</i> , AY611950	0.118																						
3	<i>Bothrophthalmus brunneus</i> , AY611965	0.139	0.145																					
4	<i>Gonionotophis brussauxi</i> , AY611952	0.168	0.174	0.161																				
5	<i>Hormonotus modestus</i> , FJ404261	0.165	0.171	0.170	0.179																			
6	<i>Lamprophis aurora</i> , HQ207101	0.111	0.121	0.145	0.159	0.166																		
7	<i>Lamprophis fiskii</i> , HQ207087	0.131	0.137	0.159	0.167	0.182	0.093																	
8	<i>Boaedon montanus</i> , HQ207071	0.144	0.145	0.161	0.170	0.180	0.133	0.149																
9	<i>Lamprophis fuscus</i> , HQ207127	0.149	0.161	0.187	0.204	0.205	0.103	0.132	0.175															
10	<i>Alopecion guttatum</i> , DQ486179	0.126	0.121	0.144	0.169	0.161	0.094	0.122	0.133	0.134														
11	<i>Elaeophis inornatus</i> , HQ207084	0.139	0.145	0.160	0.173	0.181	0.125	0.143	0.144	0.166	0.121													
12	<i>Inyoka swazicus</i> , HQ207086	0.149	0.162	0.166	0.175	0.159	0.149	0.166	0.165	0.187	0.143	0.168												
13	<i>Boaedon virgatus</i> , AY611917	0.147	0.150	0.162	0.177	0.181	0.146	0.153	0.118	0.183	0.151	0.160	0.163											
14	<i>Lycodonomorphus laevissimus</i> , DQ486162	0.131	0.133	0.159	0.161	0.173	0.114	0.125	0.138	0.150	0.117	0.131	0.158	0.156										
15	<i>Lycophidion capense</i> , DQ486168	0.163	0.172	0.178	0.168	0.179	0.158	0.171	0.169	0.209	0.158	0.164	0.167	0.169	0.159									
16	<i>Lycophidion laterale</i> , FJ404280	0.149	0.155	0.160	0.158	0.160	0.156	0.172	0.164	0.196	0.148	0.176	0.166	0.166	0.164	0.140								
17	<i>Lycophidion nigromaculatum</i> , FJ404281	0.133	0.145	0.141	0.155	0.153	0.135	0.139	0.158	0.198	0.137	0.145	0.148	0.157	0.146	0.129	0.112							
18	<i>Gracililima nyassae</i> , FJ404283	0.168	0.166	0.163	0.137	0.170	0.165	0.176	0.177	0.203	0.161	0.175	0.174	0.174	0.169	0.186	0.159	0.149						
19	<i>Pseudoboodon lemniscatus</i> , DQ486174	0.127	0.141	0.158	0.164	0.176	0.123	0.141	0.160	0.171	0.127	0.142	0.152	0.169	0.137	0.164	0.155	0.140	0.164					
20	<i>Aspidelaps scutatus</i> , AY058923	0.176	0.186	0.182	0.193	0.192	0.181	0.180	0.185	0.230	0.175	0.182	0.180	0.188	0.185	0.196	0.195	0.177	0.197	0.181				
21	<i>Attractaspis bibronii</i> , AY187969	0.161	0.170	0.179	0.190	0.177	0.162	0.174	0.174	0.215	0.157	0.172	0.179	0.178	0.175	0.179	0.177	0.165	0.195	0.164	0.182			
22	<i>Buhoma procterae</i> , DQ486177	0.169	0.173	0.182	0.183	0.194	0.164	0.167	0.178	0.200	0.164	0.183	0.186	0.176	0.178	0.183	0.179	0.170	0.187	0.170	0.193	0.182		
23	<i>Duberria lutrix</i> , DQ486161	0.169	0.177	0.182	0.190	0.206	0.173	0.179	0.179	0.208	0.169	0.174	0.179	0.185	0.170	0.188	0.181	0.161	0.204	0.168	0.193	0.180	0.192	
24	<i>Prosymna ruspolii</i> , DQ486171	0.186	0.206	0.202	0.210	0.215	0.191	0.199	0.198	0.234	0.188	0.190	0.207	0.210	0.192	0.202	0.210	0.179	0.213	0.195	0.216	0.203	0.194	0.189
25	<i>Psammophis crucifer</i> , DQ486158	0.164	0.174	0.175	0.182	0.173	0.155	0.166	0.166	0.201	0.154	0.177	0.177	0.173	0.168	0.167	0.164	0.154	0.187	0.168	0.185	0.167	0.179	0.170

Reference

KUMAR, S., G. STECHER, M. LI, C. KNYAZ & K. TAMURA (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. Molecular Biology and Evolution 35: 1547–1549.