

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université A. MIRA - Bejaïa

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie
Département des sciences biologiques de l'environnement
Spécialité Biodiversité et Sécurité Alimentaire

Réf :

Mémoire de Fin de Cycle
En vue de l'obtention du diplôme

MASTER

Thème

Initiation à la phylogénie : Cas des genres *Coronilla* et *Securigera* (Fabaceae)

Présenté par :

Oulhassi Faycal & Oukaci Salim

Soutenu le : 03 juillet 2024

Devant le jury composé de :

M. SAHNOUNE Mohamed
Mme BENMOUHOUH Hassina
Mme MESBAH Melilia

Professeur	Encadreur
MAA	Présidente
MCB	Examinatrice

Année universitaire : 2023 / 2024

Remerciements

Avant tout, pendant tout et après tout, je remercie Dieu le Tout Puissant, de m'avoir donné la volonté et de m'avoir permis d'arriver à ce stade des études, et pour tout ce qu'il m'a donné surtout la foi et la persévérance qui m'ont permis d'accomplir ce travail.

J'exprime ma reconnaissance et gratitude à mon encadreur M. Mohamed SAHNOUNE et je le remercie pour son suivi permanent, sa disponibilité, sa rigueur, sa pédagogie, et son sens du travail. Je le remercie également pour son écoute tout au long de la réalisation de ce travail ainsi que pour le temps qu'il nous a consacré.

Je remercie également les membres du jury : la présidente du jury Mme Hassina BENMOUHOU et l'examineur Mme Melilia MESBAH d'avoir accepté de juger notre modeste travail.

Je remercie aussi tous les membres du laboratoire de recherche en écologie et environnement de la faculté des Sciences de la Nature et de la Vie de l'Université Abderrahmane Mira de Bejaïa.

J'adresse mes plus sincères remerciements à tous nos proches et amis qui nous ont toujours soutenus et encouragés au cours de la réalisation de ce projet. Et enfin, nous tenons à présenter nos remerciements à toutes les personnes qui nous ont aidés de près ou de loin pour l'élaboration de ce projet.

Dédicaces

Je dédie ce modeste travail, avant tout au bon Dieu, dont les bénédictions et la guidance ont illuminé chaque étape de mon chemin.

Je dédie humblement ce travail :

À mes chers parents, Smail et Bouziane Dahbia, pour leur amour inconditionnel, leur soutien indéfectible et leurs encouragements sans faille.

À mes frères et sœurs, Abdenoure, Atmane, Zouhir, Naimi, Lyes et ma sœur Zakia, mes compagnons de vie et mes premières sources d'inspiration, pour leur soutien inestimable et leur présence réconfortante.

Enfin, à tous mes amis et collègues, pour leur amitié sincère et leur soutien précieux qui ont enrichi chaque instant de ce parcours.

Avec une profonde gratitude.

Salim Oukaci

Je dédie ce modeste travail, avant tout au bon Dieu, dont les bénédictions et la guidance ont illuminé chaque étape de mon chemin.

Je dédie humblement ce travail :

À mes chers parents, Meziane et Bouchibane Louiza, pour leur amour inconditionnel, leur soutien indéfectible et leurs encouragements sans faille.

À mes frères et sœurs, Hassen, Karim, Rabah, Nadjim, Nadia, Fadila, Dalila, Farida, mes compagnons de vie et mes premières sources d'inspiration, pour leur soutien inestimable et leur présence réconfortante

À mes neveux et nièces

Enfin, à tous mes amis et collègues, pour leur amitié sincère et leur soutien précieux qui ont enrichi chaque instant de ce parcours.

Avec une profonde gratitude.

Faycal Oulhassi

SOMMAIRE

Dédicaces	(p. 4)
Liste des tableaux	(p. 10)
Liste des abréviations	(p. 12)
Introduction	p. 1
1. REVUE BIBLIOGRAPHIQUE	p. 3
1.1. Phylogénie	p. 3
1.1.1. Aperçu historique sur la phylogénie	p. 3
1.1.2. Les arbres phylogénétiques	p. 4
1.1.3. Groupes taxonomiques (monophylétiques, paraphylétiques, etc.)	p. 5
1.1.4. Racine et groupe externe, interprétation et utilité	p. 6
1.1.5. Représentations graphiques : cladogramme, phénogramme, etc. ...	p. 7
1.2. Les marqueurs moléculaires	p. 8
1.2.1. Marqueurs chloroplastiques et nucléaires (trnL-F, matK, ITS)	p. 9
1.2.2. Techniques : AFLP, RAPD, etc.	p. 10
1.3. Alignement et modèles d'évolution	p. 11
1.3.1. Alignement multiple	p. 11
1.3.2. Modèles d'évolution moléculaire (Kimura, etc.)	p. 12
1.4. Méthodes de reconstruction phylogénétique	p. 13
1.4.1. Méthode de distance (NJ, UPGMA)	p. 14
1.4.2. Méthode de parcimonie	p. 15
1.4.3. Maximum de vraisemblance	p. 16
1.4.4. Méthode bayésienne	p. 17
1.5. Robustesse des phylogénies	p. 18
1.5.1. Bootstrap, Jackknife	p. 18
1.6. Famille des Fabaceae	p. 19
1.7. Genres <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i>	p. 21
1.8. Nombre chromosomique	p. 23
1.9. Biogéographie	p. 24
1.9.1. Répartition mondiale et en Algérie	p. 24
1.10. Histoire taxonomique et relations évolutives	p. 26
2. MATÉRIEL ET MÉTHODES	p. 27
2.1. Recherche et traitement des données	p. 27
2.2. Alignement des séquences	p. 28
2.3. Logiciels utilisés (Phylogeny.fr, ClustalX, MEGA, PHYLIP, MrBayes)	p. 30
2.4. Choix des marqueurs (ITS) et des groupes externes (Medicago)	p. 32
2.5. Construction des arbres	p. 34
2.6. Évaluation des arbres phylogénétiques	p. 36
3. RÉSULTATS ET DISCUSSION	p. 48

3.1. Résultats obtenus par :	p. 48
3.1.1. Phylogeny.fr	p. 48
3.1.2. MEGA (Maximum Likelihood)	p. 50
3.1.3. PHYLIP	p. 52
3.1.4. MrBayes	p. 54
3.2. Discussion générale	p. 56
3.3. Remarques complémentaires	p. 59
Conclusion	p. 60
...Références bibliographiques	p. 64
Annexes	p. 70

Liste des figures

Figures	Titres	Pages
Figure 1	Arbre phylogénétique du vivant (Doolittle, 2019)	3
Figure 2	Schéma des différentes notions concernant la représentation d'un arbre Phylogénétique (Daniel Richard et al.2014)	4
Figure 3	Groupes taxonomiques : Monophylétique, Paraphylétique et Polyphylétique (AquaPortail, 20/10/2007 (mise à jour le 11/10/2023).)	5
Figure 4	Un arbre phénogramme (COSENTINO, 23 janvier 2022)	6
Figure 5	Schéma représentant les différents types de dendrogrammes (schéma de différents type de dendrogramme , 29 mars 2004)	7
Figure 6	Les caractéristiques morphologiques d'une fabaceae (Lassen P. , A new delimitation of the genera <i>Coronilla</i> , <i>Hippocrepis</i> , and <i>Securigera</i> (Fabaceae)., 1989)	11
Figure 7	<i>Coronilla valentina</i> dans son milieu naturel (Le Driant, 2009)	13
Figure 8	<i>Coronilla juncea</i> dans ce milieu naturel (Le Driant, 2009)	14
Figure 9	<i>Coronilla vaginalis</i> dans son milieu naturel (Le Driant, 2009)	14
Figure 10	<i>Coronilla minima</i> dans son milieu naturel (Le Driant, 2009)	15
Figure 11	<i>Coronilla coronata</i> dans son milieu naturel (Le Driant, 2009)	15
Figure 12	<i>Coronilla scorpioi</i> dans son milieu naturel (Le Driant, 2009)	16
Figure 13	<i>Coronilla repanda</i> dans son milieu naturel (Flora Europaea" éditée par Tutin et al. (1964) (Tutin, 1964)	16
Figure 14	<i>Coronilla viminalis</i> dans son milieu naturel. plant biodeversity of south-western morocco (February 12, 2024)	17
Figure 15	<i>Securigera orientalis</i> dans son milieu naturel Lassen, P. (1989) (Lassen P. , A new delimitation of the genera <i>Coronilla</i> , <i>Hippocrepis</i> , and <i>Securigera</i> (Fabaceae), 1989)	17

Figure 16	<i>Securigera parviflora</i> dans son milieu naturel 29 mars 2015- genadi – rhodes	18
Figure 17	<i>Securigera securidaca</i> dans son milieu naturel Willdenowia, 19(2), 59-72.	18
Figure 18	<i>Securigera somalensis</i> dans son milieu naturel (INaturaliste United Kingdom)	19
Figure 19	<i>Securigera varia</i> , The Plant List, retrieved 2014-10-27	19
Figure 20	<i>Coronilla</i> distribution mondiale	20
Figure 21	<i>Securigera</i> distribution mondiale (https://www.gbif.org)	21
Figure 22	Carte de la Petite Kabylie (Hamza Zeghlache, 2004) (26/2004)	21
Figure 23	Carte géographique du relief de l'Afrique du Nord (27 juin 2006).	21
Figure 24	Capture d'écran de l'interface de site phylogenie.fr	28
Figure 25	Capture d'écran de l'interface des paramètres site phylogenie.fr	29
Figure 26	Capture d'écran de l'interface de sélection de la séquence de <i>coronilla</i> ITS sur le site phylogenie.fr	29
Figure 27	Capture d'écran de l'interface des réglages nécessaires pour le site phylogenie.fr	29
Figure 28	Capture d'écran de l'arbre phylogénétique qu'on a obtenu avec le site phylogenie.fr	30
Figure 29	Capture d'écran de la séquence de phylogenie.fr en format newick	30
Figure 30	Capture d'écran de l'arbre phylogénétique qu'on a obtenu avec le site phylogenie.fr en format cladogramme	31
Figure 31	Capture d'écran de l'arbre phylogénétique de site phylogenie.fr en format phylogramme	31
Figure 32	Arbre phylogénétique finale de phylogenie.fr	32
Figure 33	Capture d'écran de l'interface du logiciel ClustalX avant l'alignement multiple de séquences des espèces <i>Coronilla</i> et <i>securigera</i>	33

Figure 34	Capture d'écran de l'interface du logiciel ClustalX montrant l'alignement multiple de séquences des espèces <i>Coronilla</i> et <i>securigera</i>	34
Figure 35	Options d'Entrée de Données pour les Séquences de Nucléotides	34
Figure 36	Capture d'écran des donnée d'analyse dans logiciel MEGA	35
Figure 37	Capture d'écran de l'interface du fichier Excel montrant les 25 modèles d'évolution obtenu par le logiciel MEGA pour l'alignement multiple des ITS des espèces de <i>coronilla</i> et <i>securigera</i> et l'Outgroup	35
Figure 38	Capture d'écran des donnée d'analyse dans logiciel MEGA	36
Figure 39	Progression du Bootstrapping de l'Arbre Phylogénétique avec Log Likelihood et Détails de l'Opération	36
Figure 40	Capture d'écran de l'arbre phylogénétique basé sur ces paramètres de programme MEGA	36
Figure 41	Capture d'écran de à la fenêtre "Newick Export Options"	37
Figure 42	Capture d'écran de la séquences de l'arbore MEGA en format newick	37
Figure 43	Capture d'écran d'une arbre phylogénétique au format spécifié.	37
Figure 44	Capture d'écran de l'arbore MEGA dans le programme Treeview en forme cladogramme	38
Figure 45	Capture d'écran de l'arbore MEGA dans le programme Figtree	38
Figure 46	Capture d'écran de l'identification de l'outgroupe	39
Figure 47	Arbore phylogénitique finale de programme MEGA	39
Figure 48	Capture d'écran de l'interface de programme PHYLIP 3.698	40
Figure 49	Capture d'écran de consense	40
Figure 50	Capture d'écran de la séquence de l'arbre généré par dnaml	40
Figure 51	Capture d'écran de l'arbre phylogénitique de programme phylip 3.698	41
Figure 52	Capture d'écran de l'analyse des deux paramétere dans le programme MrBayes	42

Figure 53	Capture d'écran de tableau des résultat d'analyse de programme MrBayes	43
Figure 54	Capture d'écran de L'arbre phylogénétique avec les probabilités postérieures (équivalentes aux valeurs de bootstrap en termes d'interprétation) de programme MrBayes	44
Figure 55	Arbre phylogénétique final des espèces de <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i> utilisant <i>medicago</i> comme groupe externe	45
Figure 56	Arbre phylogénétique final des espèces de <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i> généré avec MEGA	47
Figure 57	Arbre phylogénétique final des espèces de <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i> généré avec phylip3.698	49
Figure 58	Arbre phylogénétique final des espèces de <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i> généré avec MRbayes	51
Figure 59	Capture d'écran de l'interface de la séquence de <i>Coronilla viminalis</i> au format Fasta	53
Figure 60	Capture d'écran de l'interface de site BLAST	55
Figure 61	Capture d'écran de résultat de l'analyse de BLAST pour <i>Coronilla viminalis</i>	55
Figure 62	Capture d'écran de l'interface de séquence de <i>Coronilla scorpioides</i> au format Fasta	56
Figure 63	Capture d'écran de l'interface de site BLAST	57
Figure 64	Capture d'écran de résultat de l'analyse de BLAST pour <i>Coronilla scorpioides</i>	57
Figure 65	Capture d'écran de l'interface de séquence de <i>Coronilla valentina</i> AF 218530	58
Figure 66	Capture d'écran de l'analyse de BLAST	59
Figure 67	Capture d'écran de résultat de l'analyse de BLAST	59

Figure 68	Capture d'écran de résultat de l'analyse de BLAST	60
-----------	---	----

Liste des tableaux

N°	Titres	pages
Tab01	Taxonomie de <i>Coronilla</i> (Lassen, 1986)	10
Tab02	Taxonomie de <i>Securigera</i> (Lassen P. , A new delimitation of the genera <i>Coronilla</i> , <i>Hippocrepis</i> , and <i>Securigera</i> (Fabaceae), 1989)	11
Tab03	Tableau des codes de séquences utilisées à partir du site NCBI (genres <i>Coronilla</i> et <i>Securigera</i>)	24-25

Listes d'abréviations

NCBI : National Center for Biotechnology Information.

ITS (Internal Transcribed Spacer) : Internal Transcribed Spacer.

AFLP : amplified fragement length polymotphism.

ADN (Acide Désoxyribonucléique) : Acide Désoxyribonucléique.

ARN (Acide Ribonucléique) : Acide Ribonucléique.

PCR (Polymerase Chain Reaction) : Polymerase Chain Reaction.

INTRODUCTION

La phylogénie, discipline fondamentale de la biologie, éclaire notre compréhension des relations évolutives entre les organismes et leur environnement (Hedges, 2015 ; Frédéric Delsuc, 2018). En retraçant les liens entre les espèces et en identifiant les ancêtres communs, elle offre un aperçu précieux de l'histoire évolutive de la vie sur Terre. Parmi les sujets d'étude majeurs en phylogénie, les genres *Coronilla* et *Securigera* se distinguent, membres éminents de la famille des Fabaceae, qui suscitent l'intérêt de nombreux chercheurs depuis des décennies (Al-Shehbaz, 2006 ; Lavin, 2005 ; Soltis, 2010 ; Wendel, 2015 ; Wojciechowski, 2004 ; Donohue, 2015 ; Doyle, 1997).

Ces genres partagent un héritage évolutif commun et présentent un intérêt particulier en raison de leur diversité morphologique et de leur répartition géographique variée. L'analyse phylogénétique de *Coronilla* et *Securigera* révèle à la fois leur parenté étroite et leurs différences distinctives, mettant en lumière les caractéristiques morphologiques partagées ainsi que les adaptations uniques à leurs environnements respectifs. En combinant données morphologiques, moléculaires et écologiques, les chercheurs peuvent reconstruire l'histoire évolutive complexe de ces plantes, permettant une meilleure compréhension de l'impact des facteurs génétiques, environnementaux et géographiques sur leur diversification à travers le temps (Al-Shehbaz, 2006 ; Wendel, 2015 ; Wojciechowski, 2004 ; Doyle, 1997 ; Lavin, 2005).

Ce travail est une initiation à la reconstruction phylogénétique en utilisant différents programmes : PhyML (Phylogeny.fr), MEGA11, DNAML (PHYMLIP) et MrBayes. Les séquences ITS (Internal Transcribed Spacer) des espèces des deux genres proches, *Coronilla* et *Securigera*, seront utilisées comme support pour cette reconstruction phylogénétique. Les résultats obtenus par les quatre différents programmes seront comparés et discutés.

La revue bibliographique passe en revue les études antérieures sur la phylogénie des genres *Coronilla* et *Securigera*. Elle se concentre sur les méthodes et outils utilisés pour explorer les relations évolutives et la diversité de ces genres, citant des travaux clés et les techniques employées. Par exemple, Schmidt a étudié les numéros chromosomiques des genres *Coronilla* et *Securigera*, tandis que Talavera et Hedge ont contribué aux révisions taxonomiques importantes (Schmidt, 1979 ; Hedge, 1974 ; Talavera, 1979).

La méthodologie détaille les procédures expérimentales de l'étude, y compris la collecte de données, le traitement des séquences ITS (Internal Transcribed Spacer), et l'utilisation de programmes comme PhyML (Phylogeny.fr) et MEGA11 DNAM (PHYMLIP) et MrBayes. Chaque étape est décrite pour une compréhension claire des méthodes appliquées. (Guindon & Gascuel, 2003; Tamura et al., 2021; Felsenstein, 1989; Ronquist et Huelsenbeck, 2003).

Les résultats présentent et comparent les arbres phylogénétiques générés par les quatre programmes. Les similitudes et différences entre les approches méthodologiques sont analysées pour identifier les variations dans les résultats.

La discussion analyse les similitudes et divergences des résultats obtenus par chaque programme de reconstruction phylogénétique, en interprétant les implications évolutives et leur signification pour l'histoire évolutive des genres *Coronilla* et *Securigera*.

La conclusion synthétise les principales découvertes et offre des suggestions pour les recherches futures. Elle résume les contributions de l'étude à la compréhension des relations phylogénétiques entre *Coronilla* et *Securigera*, et propose des directions pour des études ultérieures afin d'approfondir cette compréhension.

CHAPITRE I :

REVUE

BIBLIOGRAPHIQUE

1.1 Aperçu historique sur la phylogénie

La phylogénie, terme issu de la combinaison des mots grecs "phulon" signifiant "race, tribu" et "genesis" pour "genèse, formation", a été formalisée par Ernst Haeckel en 1866 dans le but de retracer l'enchaînement des espèces animales et végétales à travers le temps. Les premières représentations d'arbres évolutifs, établies par Darwin et Haeckel dans la seconde moitié du XIXe siècle, posent les bases de la pensée phylogénétique. Cependant, ce n'est qu'à partir des années 1950, avec les travaux de Hennig, que cette pensée se concrétise dans la systématique en tant que discipline à part entière (Thomas, 2016).

Pendant près d'un siècle, la phylogénie s'appuie principalement sur l'analyse des caractères morphologiques, physiologiques et métaboliques des organismes. Cependant, l'avènement de la phylogénie moléculaire dans les années 1960, initiée par les recherches pionnières de Zuckerkandl et Pauling ainsi que de Fitch et Margoliash sur les séquences protéiques du cytochrome C et de la globine chez les Vertébrés, marque un tournant majeur. Cette nouvelle approche vise à reconstruire les arbres phylogénétiques en comparant les informations génétiques présentes dans les génomes des êtres vivants, afin de classer les espèces selon leurs liens de parenté (Judd, 2002).

La phylogénie repose sur l'hypothèse selon laquelle toutes les espèces découlent d'un ancêtre commun hypothétique (Figure 1). Cependant, la véritable révolution de la phylogénie moléculaire survient dans les années 1990 avec l'avènement de la PCR (Polymerase Chain Reaction) (Polymerase Chain Reaction) et le développement des techniques de séquençage. Ces avancées permettent pour la première fois d'effectuer une classification phylogénétique précise des microorganismes, notamment la découverte du troisième domaine du vivant, les archées, grâce à l'analyse des fragments de l'ARN (Acide Ribonucléique) ribosomique 16S (Woese, 1990).

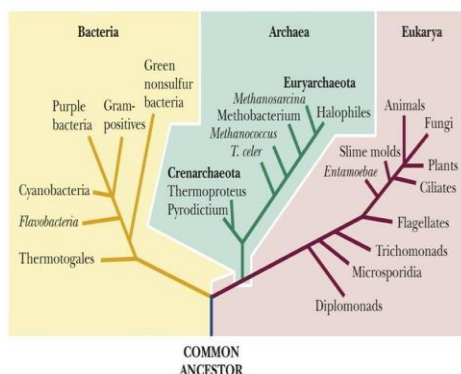


Figure 1 : Arbre phylogénétique du vivant (Doolittle, 2019)

1.2 Les arbres phylogénétiques

Un arbre phylogénétique est une représentation graphique qui illustre les relations évolutives entre différents taxons (Figure 2). Il se compose de feuilles, représentant les branches taxonomiques observables telles que les organismes, et de nœuds, représentant des ancêtres communs hypothétiques. Les branches connectent ces feuilles et nœuds, illustrant les liens évolutifs, tandis que la racine symbolise l'ancêtre commun à tous les organismes (Darlu, 1993).

Les arbres phylogénétiques sont fondamentaux en biologie, en mathématiques et en informatique pour comprendre la parenté entre les organismes. Ils offrent une vision claire de l'évolution des espèces et sont utilisés pour reconstruire leur histoire (Adjrad, 2005).

Deux types d'arbres phylogénétiques existent (figure2).

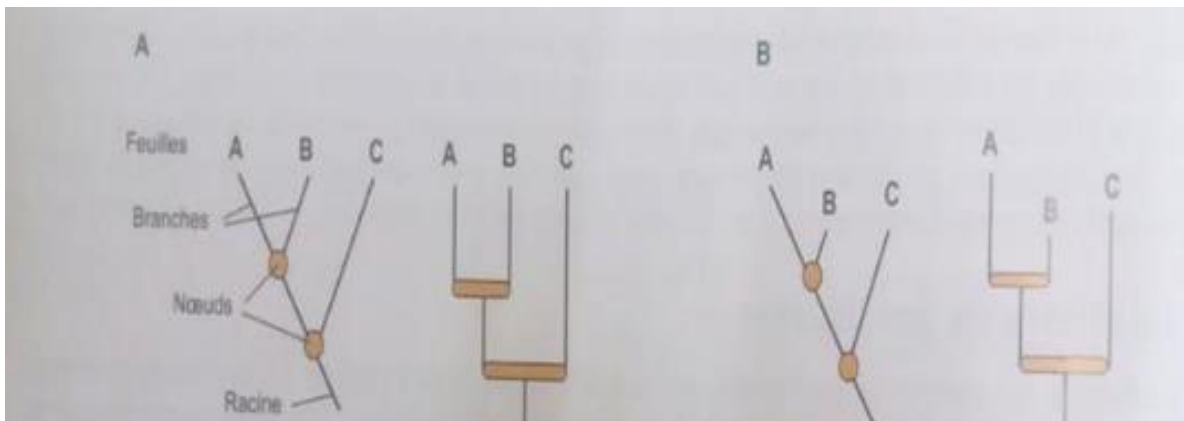


Figure 2 : Schéma des différentes notions concernant la représentation d'un arbre Phylogénétique (Richard, 2014). A (arbre non enraciné) B (arbre enraciné)

- Un arbre non enraciné est une représentation intemporelle des relations phylogénétiques, les liens entre nœuds ne sont pas orientés, et un seul chemin permet de passer d'un sommet à l'autre. Cet arbre n'induit donc aucune hiérarchie (Figure.2-A).
- Un arbre enraciné est un arbre dans lequel un des nœuds est désigné pour être la racine, et la direction des apports héréditaires est déterminée (Figure.2-B).

1.3 Les groupes taxonomiques

Les groupes taxonomiques se divisent en trois catégories distinctes, comme illustré dans la (Figure 3), chacune ayant une signification biologique différente (Thomas et al., 2016).

- a) Un groupe monophylétique englobe un ancêtre hypothétique et tous ses descendants.
- b) Un groupe paraphylétique comprend un ancêtre hypothétique et certains de ses descendants.

c) Un groupe polyphylétique rassemble des taxons non apparentés partageant des caractéristiques similaires, tandis que la classification phylogénétique se base sur la proximité phylogénétique des espèces étudiées. Cette approche définit des groupes pouvant être monophylétiques, paraphylétique ou polyphylétiques (Richard, 2014).

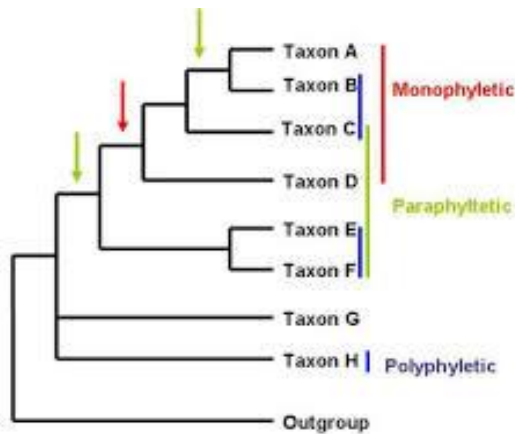


Figure 3 : Groupes taxonomiques : Monophylétique, Paraphylétique et Polyphylétique (aqua portail 20/10/2007).

Les groupes monophylétiques, ou clades, comprennent un ancêtre hypothétique et tous les descendants qui en découlent. Chaque espèce terminale est supposée être monophylétique. En revanche, les groupes paraphylétique sont formés sur la base du partage d'un caractère ancestral, mais excluent un groupe monophylétique interne. Les groupes polyphylétiques, quant à eux, se forment lorsque les taxons ne sont reliés qu'à des nœuds très profonds, excluant la plupart des descendants du groupe. Ces derniers peuvent résulter de regroupements utilitaristes ou d'erreurs phylogénétiques (Rosenberg, 2022).

1.4 Notions de racine et de groupes externes

La racine d'un arbre phylogénétique représente le point de départ, symbolisant l'ancêtre commun de tous les taxons analysés. Pour déterminer sa position, une référence externe est nécessaire, souvent sous la forme d'un groupes externes composé de taxons distincts. Cette approche permet de donner un sens directionnel à l'arbre et d'orienter l'évolution des espèces étudiées. La convention de la trifurcation est couramment utilisée, où trois branches se détachent de la base de l'arbre, une menant au groupes externes et les deux autres représentant la première bifurcation à l'intérieur du groupe interne (Bigo T ,2013).

1.5 Interprétation de la racine et utilité du groupes externes

La racine dans un arbre phylogénétique représente l'ancêtre commun à toutes les séquences présentes dans l'arbre, offrant ainsi une perspective temporelle sur l'évolution. Pour

l'interpréter, la méthode du groupes externes est souvent utilisée. Celle-ci implique l'inclusion de séquences externes au groupe étudié lors de la construction de l'arbre, permettant de positionner la racine entre le groupes externes et le reste de l'arbre. Cette approche offre une manière efficace de comprendre les relations évolutives entre les taxons (Felsenstein, J.2004)

1.5.1 Différentes représentations graphiques pour les arbres

Selon la représentation graphique utilisée, il est possible de distinguer différents types d'arbres et de comprendre les informations qu'ils véhiculent

Dendrogramme : Le dendrogramme est une représentation arborescente utilisée pour visualiser les relations entre les taxons. Il peut prendre différentes formes, telles que les cladogrammes, les phénogrammes, les phylogrammes ou les arbres ultramétrique (Figure 5).

- **Cladogramme :** Ce type de dendrogramme présente les taxons terminaux de manière équidistante de la racine de l'arbre, ne représentant que les relations de parenté. (Hennig W, 1966).
- **Phylogrammes :** Ce dendrogramme représente à la fois les relations de parenté et le degré de différence entre les nœuds et les taxons terminaux, qui ne sont pas tous équidistants de la racine. Les longueurs des branches sont proportionnelles au nombre de changements évolutifs.

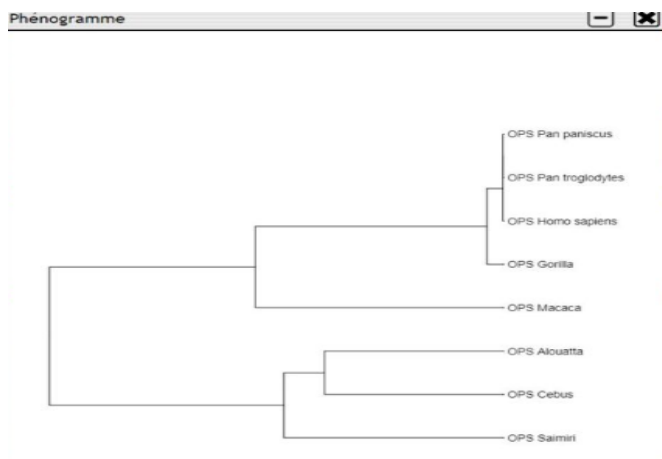


Figure 4 : Un arbre phénogramme (COSENTINO, 23 janvier 2022).

- **Arbre ultramétrique :** Dans cette représentation, tous les taxons terminaux sont à égale distance de la racine, mais les liens entre les nœuds internes n'ont pas nécessairement la même longueur.
- **Phénogrammes :** Produit par une étude phénétique, ce dendrogramme (Figure 4) ressemble à un arbre ultramétrique, mais ne représente pas les relations de parenté. Il regroupe plutôt les taxons Présentant une forte similitude globale (Sneath, 1973).

- Les méthodes cladistique et phénétique sont utilisées pour construire un dendrogramme. (Erwan Corce, 2013).

Types d'arbres et longueurs de branches

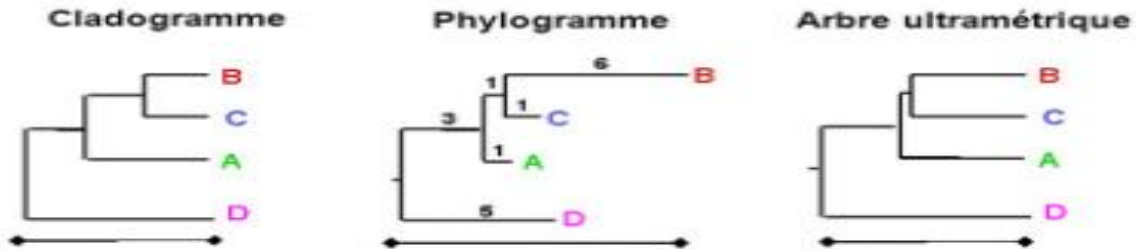


Figure 5 : Schéma représentant les différents types de dendrogrammes (schéma de différents types de dendrogramme, 29 mars 2004).

1.6 Les marqueurs utilisés pour le genre *Coronilla* et *Securigera* de la famille des Fabaceae

Les marqueurs moléculaires sont essentiels pour l'identification et la classification des genres *Coronilla* et *Securigera* de la famille des Fabaceae. Les principaux types de marqueurs utilisés incluent les marqueurs de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) chloroplastique, les marqueurs de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) nucléaire et l'AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism).

Les marqueurs de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) chloroplastique, tels que trnL-F (trnL (ARNt) - trnF (ARNt) et matK (Maturase K), sont utilisés pour étudier les relations phylogénétiques grâce à leur taux de mutation faible. Par exemple, Wojciechowski et al ont utilisé le gène plastidial matK pour clarifier les sous-clades au sein des Fabaceae (Wojciechowski, 2004).

Les marqueurs de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) nucléaire, comme les régions ITS1 (Internal Transcribed Spacer 1) et ITS2 (Internal Transcribed Spacer 2) de l'ADNr et les microsatellites (SSR), offrent une résolution fine des relations phylogénétiques et détectent la variation génétique des populations. Bena a soutenu le transfert taxonomique de six espèces vers le genre *Securigera*, tandis que Stefanovic et Atkinson ont étudié les relations phylogénétiques des genres *Coronilla* et *Securigera* (Bena, 2001).

L'AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)., quant à lui, détecte de nombreux polymorphismes génomiques, ce qui est utile pour les études de diversité génétique et phylogénétique. Nybom et Bartish ont démontré l'efficacité de l'AFLP pour estimer la diversité génétique des plantes (Nybom et Bartish, 2000).

1.7 Alignements multiples

L'alignement multiple utilise des méthodes heuristiques pour obtenir une approximation de l'alignement optimal. Cependant, l'alignement de certaines régions peut être difficile en raison de nombreux événements mutationnels, tels que des substitutions et des insertions-délétions. L'objectif de l'alignement multiple est de faire correspondre les positions homologues et de déterminer l'ordre des séquences, ce qui est crucial pour la qualité de l'alignement final. L'algorithme de l'alignement progressif, est le plus couramment utilisé pour réaliser ces alignements (Guindon, 2003 ; Corpet, 1988).

1.8 Modèles d'évolution moléculaire

Les modèles d'évolution sont essentiels en phylogénie moléculaire, car ils calculent la distance évolutive entre deux séquences, définie comme le nombre moyen de substitutions par site. Par exemple le modèle de Kimura à deux paramètres distingue les transitions (changements entre purines ou pyrimidines) des transversions (changements entre une purine et une pyrimidine), avec les transitions étant plus fréquentes. Ces estimations de distances évolutives sont fondamentales pour les méthodes de reconstruction phylogénétique, sauf pour la méthode de parcimonie (Perrière, 2010).

1.9 Méthodes de reconstruction phylogénétique

Avec l'avancée des technologies comme la PCR (Polymerase Chain Reaction) et le séquençage automatisé, la collaboration interdisciplinaire a facilité la construction et l'évaluation d'arbres phylogénétiques. Il existe trois principales méthodes : les méthodes de distances, de parcimonie et de maximum de vraisemblance.

1.9.1 Méthodes de distances

Elles calculent la distance entre chaque paire de séquences et construisent un arbre basé sur une matrice de distances. Les deux principales méthodes sont :

- Méthode de Neighbor_joining : est une technique de reconstruction d'arbres phylogénétiques qui crée un arbre non-raciné en optimisant la structure de l'arbre pour

refléter les relations évolutives les plus probables entre les taxons, en se basant sur les distances entre eux. (Saitou, 1987).

- Méthode de UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean): est une technique de reconstruction d'arbres phylogénétiques qui génère des arbres enracinés en utilisant un modèle mathématique basé sur l'hypothèse d'un taux de substitution constant au fil du temps. Cette méthode crée des groupes de taxons en calculant la moyenne des distances entre eux, en supposant que les substitutions se produisent à un rythme uniforme. L'arbre résultant reflète les relations évolutives en suivant une hiérarchie basée sur les distances moyennes entre les taxons (Kurtzman et al., 2010; Sokal, 1958).

1.9.2 Méthode de parcimonie

La méthode de parcimonie, fondée sur le principe du rasoir d'Occam, est un modèle mathématique qui cherche à reconstruire l'arbre phylogénétique nécessitant le moins de changements évolutifs pour expliquer les données observées. Cette approche vise à minimiser le nombre total de transformations nécessaires pour décrire les relations entre les taxons. Bien que cette méthode ait été initialement développée pour les données morphologiques, elle est également applicable aux séquences nucléotidiques (Hennig, 1966).

1.9.3 Méthode du maximum de vraisemblance

Introduite par Neyman et perfectionnée par Felsenstein, la méthode de maximum de vraisemblance est une approche sophistiquée pour évaluer les hypothèses évolutives en termes de probabilité. Cette méthode repose sur l'estimation de la probabilité d'observer les données phylogénétiques données un arbre et un modèle d'évolution particulier. L'algorithme évalue diverses hypothèses évolutives en calculant la vraisemblance de chaque arbre potentiel, puis choisit l'arbre dont la probabilité d'explication des données est la plus élevée. Bien que cette méthode soit plus précise dans la reconstruction des relations évolutives en tenant compte des modèles de substitution spécifiques, elle est également plus gourmande en ressources de calcul et en temps en raison de sa complexité (Strimmer, 1997).

1.9.4 La méthode bayésienne

Pour la reconstruction d'arbres phylogénétiques utilise le théorème de Bayes pour estimer les relations évolutives en combinant des modèles d'évolution préalables avec les données observées. Elle calcule la probabilité a posteriori des arbres en explorant l'espace des arbres possibles à l'aide de techniques comme les chaînes de Markov Monte Carlo (MCMC). Bien que cette approche soit flexible et capable d'intégrer les incertitudes et des modèles complexes, elle est également très exigeante en ressources computationnelles.

1.10 Évaluation de la robustesse des phylogénies par Bootstrap

La méthode de bootstrap évalue la robustesse des arbres phylogénétiques en fournissant des estimations de confiance pour chaque clade en calculant la proportion d'arbres bootstrap qui affichent le même clade. Cette approche repose sur la création de multiples jeux de données échantillonnés avec remplacement à partir des données originales, appelés échantillons Bootstrap. Pour chaque échantillon, un arbre phylogénétique est reconstruit, et la fréquence d'apparition de chaque clade dans ces arbres est comptabilisée. Cette proportion indique la confiance accordée à chaque clade dans l'arbre observé.

L'analyse de convergence est utilisée pour vérifier la cohérence des résultats obtenus en s'assurant que les arbres phylogénétiques convergent vers des solutions similaires à travers les échantillons Bootstrap. Cette analyse aide à confirmer la robustesse des clades et à identifier les divergences potentielles. De plus, l'analyse selon la méthode de parcimonie, qui cherche à minimiser le nombre de changements évolutifs nécessaires pour expliquer les données, peut être appliquée pour valider les résultats du bootstrap. Par ailleurs, la méthode Jackknife, qui exclut successivement des échantillons de données pour tester la stabilité des clades, complète ces évaluations. En calculant le nombre de fois qu'un clade apparaît dans les arbres échantillonnés, la méthode de bootstrap permet d'estimer la robustesse des clades, où une fréquence élevée indique une confiance plus forte dans leur présence (Efron, 1993).

1.2 famille des Fabaceae

Les Fabaceae, ou Légumineuses, sont une famille de plantes dicotylédones comprenant environ 19 000 espèces réparties sur près de 730 genres. Elles sont reconnues pour leurs fleurs papilionacées, leurs fruits en gousses et leur capacité à fixer l'azote grâce à des nodules racinaires contenant des bactéries symbiotiques du genre *Rhizobium*. Les Fabaceae sont essentielles en agriculture et dans les écosystèmes, servant de sources de protéines

végétales, de fourrages et d'améliorateurs de sol. Elles sont présentes globalement, notamment dans les régions tempérées et tropicales (Polhill, 1981).

1.2.1 Caractéristiques générales de la famille des Fabaceae

Elles se caractérisent par des fleurs souvent papilionacées avec cinq pétales disposés en étendard, ailes et carène (Figure 6). Les feuilles sont généralement composées, pennées ou trifoliées, avec des stipules à la base. Le fruit typique est une gousse qui s'ouvre par deux coutures pour libérer les graines. Un trait distinctif des Fabaceae est leur capacité à fixer l'azote Atmosphérique grâce à des nodules racinaires contenant des bactéries symbiotiques du genre *Rhizobium*. Les Fabaceae sont présentes mondialement, particulièrement dans les régions tempérées et tropicales. Elles jouent un rôle écologique et économique crucial en étant une source majeure de protéines végétales (haricots, pois, lentilles) et en améliorant la fertilité des sols agricoles par l'enrichissement en azote. (Lewis et al., 2005).

1.2.2 Le genre *Coronilla* et *Securigera*

Les genres *Securigera* et *Coronilla* appartiennent à la famille des Fabaceae et se distinguent par leur diversité morphologique et leurs utilisations écologiques et médicinales. *Securigera*, comprenant des espèces comme *Securigera varia*, est reconnue pour ses inflorescences attractives et son rôle dans la réhabilitation des sols. *Coronilla*, incluant des espèces telles que *Coronilla valentina*, est valorisée pour ses applications ornementales et ses propriétés thérapeutiques. Ces genres, similaires à *Silene*, sont bien représentés en Afrique du Nord avec plusieurs taxons endémiques, contribuant ainsi à la richesse floristique de la région (Maire, 1963; Dobignard et al., 2013).

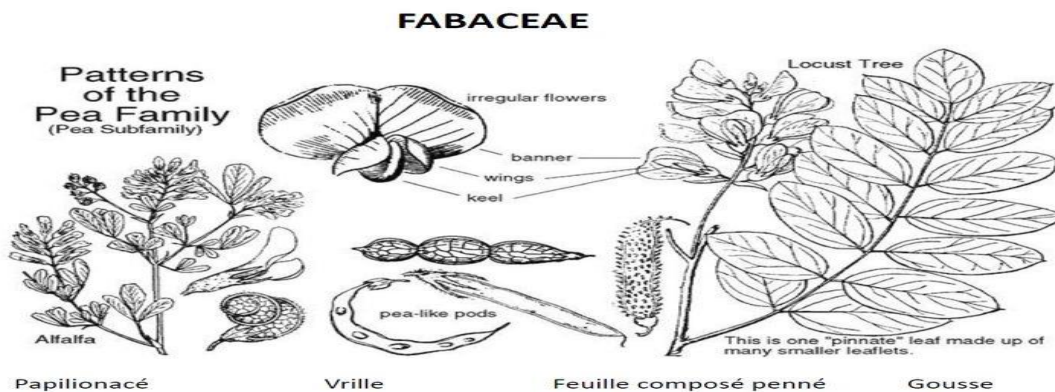


Figure 6 : Les caractéristiques morphologiques d'une fabaceae (Lassen, 1989).

1.2.3 Systématique des genres *Coronilla* et *Securigera*

- *Coronilla*

Tableau 1 : Taxonomie de *Coronilla*

<i>Coronilla</i>	
- Règne	Plantae Haeckel, 1866
- SousRègne	Viridae plantae
- Infra-Règne	Streptophyta John, Williamson & Guiry, 2011
- Classe	Equisetopsida C.Agardh, 1825
- Sous-Classe	Magnoliidae Novák ex Takht., 1967
- Super-Ordre	Rosanae Takht., 1967
- Ordre	Fabales Bromhead, 1838
- Famille	Fabaceae Lindl., 1836
- Sous-Famille	Papilionoideae DC., 1825
- Super-Tribu	Robinioideae
- Tribu	<i>Loteae</i> DC
- Genre	<i>Coronilla</i> L., 1753
- Espèce	<i>Coronilla coronata</i> L., 1759 .

- *Securigera*

Tableau 2 : Taxonomie de *Securigera*

<i>Securigera</i>	
Règne	Plantae
Phylum	Tracheophyta
Classe	Magnoliopsida
Ordre	Fabales
Famille	Fabaceae
Genre	<i>Securigera</i> L.
Espèce	<i>Securigera orientalis</i> (Mill).

1.2.4 La description de *Coronilla* et *Securigera*

- *Coronilla*

Le genre *Coronilla* se compose de 152 espèces. Les coronilles sont des plantes glabres, herbacées ou arbustives, annuelles ou vivaces, caractérisées par des feuilles imparipennées et stipulées. Leurs fleurs présentent un calice à 5 dents subégales et des pétales onguiculés avec 10 étamines diadelphes et des filets plus ou moins dilatés vers le haut, tandis que l'ovaire est pluriovulé. Les gousses sont cylindriques, peu comprimées, arquées ou droites, se divisant en articles oblongs. Les graines sont nombreuses (Talavera & Salgueiro, 1980).

- *Securigera*

Securigera est un genre de plantes de la famille des Fabaceae, comprenant plusieurs espèces herbacées à feuilles composées et fleurs papilionacées. Les plantes de ce genre sont souvent des vivaces et sont caractérisées par des inflorescences en grappes de fleurs papilionacées typiques des Fabaceae. Les feuilles sont généralement composées, alternes, et peuvent présenter des stipules. Les fleurs ont un calice à cinq dents, cinq pétales dont un grand (étendard), deux petits (ailes) et deux fusionnés pour former la carène. Les étamines sont diadelphes (neuf étamines soudées en un seul groupe et une seule libre) et l'ovaire est supère. Les fruits sont souvent des gousses renfermant plusieurs graines.

Parmi les espèces de *Coronilla* transférées dans *Securigera*, on trouve : *Securigera Coronilla varia* devenue *Securigera varia* et *Coronilla atlantica* devenue *Coronilla atlantica*.

1.3 Description botanique des espèces utilisées

1.3.1 *Coronilla valentina*

Cet arbuste, mesurant de 50 à 150 cm de hauteur, se caractérise par une tige dressée, très ramifiée, verte, glabre et ligneuse dans sa partie inférieure. Ses feuilles sont composées de 3 à 4 paires de folioles glauques, obovées, cunéiformes souvent tronquées, mucronulées, et obtuses, émarginées au sommet, mesurant de 8 à 12 mm de long sur 5 à 7 mm de large (Figure 7). Les folioles inférieures de chaque feuille ne sont pas disposées contre la tige à la base de leur pétiole commun ; plutôt, à la naissance de chaque pétiole, surtout dans la jeunesse de la plante, on trouve 2 stipules opposées, arrondies, terminées en pointe, très différentes des folioles des feuilles. Les stipules sont réniformes, très amples, caduques, insérées sur la tige, et bien plus larges que les folioles. Les fleurs, d'un beau jaune, sont odorantes pendant la nuit, mesurant

de 7 à 10 mm, et disposées en ombelles de 6 à 12 fleurs ; le pédoncule dépasse la feuille correspondante, et le pédicelle égale deux fois le calice. Le calice est bilabié, avec des dents courtes. Les gousses sont pendantes, à 4-7 articles fusiformes. Cette plante fleurit de mars à avril. (Lamarck et Decandolle ,1805 ; Battandier et Trabut , 1888 ; Quézel et Santa ,1962).



Figure 7 : Coronilla valentina dans son milieu nature (Driant, FloreAlpes.com, 2024)

1.3.2 *Coronilla juncea*

Ces arbrisseaux vivaces, variant de 40 cm à 2 mètres de hauteur selon les espèces, possèdent des tiges frutescentes très ramifiées, avec de longs rameaux jonciformes, très verts, striés, peu feuillés, et une écorce fongueuse qui se laisse écraser sous la pression du doigt (Blanca, 2009).



Figure 8 : Coronilla juncea dans ce milieu naturel (Driant 2024)

Les pétioles supportent des folioles linéaires ou oblongues, glauques et légèrement charnues. Les feuilles inférieures ont 5 folioles opposées par paire, tandis que celles du sommet sont insérées au même point que la paire supérieure ; les feuilles supérieures n'ont que 3 folioles, insérées au sommet du pétiole. Les stipules sont petites, membraneuses, libres, lancéolées, marcescentes et caduques (Decandolle, 1805).

Le calice est rougeâtre, avec 5 dents obtuses un peu plus courtes que les onglets. Les pédoncules sont nettement plus longs que les feuilles, portant de 7 à 8 fleurs jaunes assez petites, disposées en couronne. Les gousses, pendantes, mesurent de 15 à 25 millimètres, avec 4-9 articles de 5 millimètres, légèrement comprimées (Battandier & Trabut, 1888). Cette plante fleurit de mars à mai (Quézel & Santa, 1962).

1.3.3 *Coronilla vaginalis*

Connue également sous le nom de coronille vaginale, est une plante herbacée appartenant à la famille des Fabaceae, originaire du bassin méditerranéen. Cette vivace se développe principalement dans des sols secs et sablonneux. Ses tiges ramifiées peuvent s'élever jusqu'à 30 centimètres de hauteur. Ses feuilles se composent de trois folioles elliptiques, avec une foliole terminale plus grande. Les fleurs, d'un jaune vif, s'organisent en grappes terminales et dégagent un parfum agréable. Sa floraison intervient



Figure 9 : *Coronilla vaginales* dans son milieu nature (Driant, 2024)

généralement au printemps et en été. Appréciée pour sa capacité à résister à la Sécheresse et pour son attrait envers les pollinisateurs tels que les abeilles et les papillons (Figure 9), la coronille vaginale est fréquemment utilisée dans les jardins secs et les plates-bandes (Valdés, 2007).

1.3.4 *Coronilla minima*

Les sous-arbrisseaux non junciformes de *Coronilla minima* ne dépassent pas 30 cm de hauteur. Leur tige est ligneuse, frutescente et rabougrie, souvent couchée à la base. Les rameaux, nombreux et ascendants, sont glabres et prostrés, formant une touffe étalée. Les

stipules sont assez petites, fusionnées en une seule pièce bifurquée, et opposées à la feuille. Cette dernière est ailée, composée de 3 à 4 paires de folioles très petites (4-5 x 2-3 mm), ovales, avec une pointe acuminée, glauques, légèrement charnues et transparentes sur le bord. Les deux folioles inférieures sont insérées près de la tige à la base du pétiole. Les fleurs jaunes sont disposées en couronne au sommet du pédoncule, petites (5-7 mm de diamètre), avec un pédoncule



Figure 10 : *Coronilla minima* dans son milieu naturel. (Driant, 2024)

3 à 4 fois plus long que la feuille correspondante. L'étendard dépasse légèrement le calice (Figure 10). Les gousses, de 12 à 18 mm de longueur, sont droites, pendantes, anguleuses, noueuses, et composées de 2 à 4 article. (Lamarck et Decandolle ,1805 ; Battandier et Trabut ,1888 ; Quézel et Santa , 1962).

1.3.5 *Coronilla coronata*

Coronilla coronata, également connue sous le nom de « couronne d'épines » ou « trèfle couronne », est une plante vivace de la famille des légumineuses, originaire du bassin méditerranéen. Il se caractérise par une croissance lente, mesurant généralement entre 20 et 40 cm de hauteur, et ses feuilles sont composées de trois folioles ovales, vert vif et brillantes. Ses fleurs, rassemblées en grappes



Figure 11 : *Coronilla coronata* dans son milieu naturel (BONNIER, 1990)

denses sur de longues tiges, sont jaune vif avec une base rougeâtre et attirent les pollinisateurs comme les abeilles et les papillons. La floraison a généralement lieu au printemps et se poursuit jusqu'en été, ajoutant une touche de couleur et de vie aux jardins méditerranéens (Figure 11) (Blamey, 2003 ; Stace, 2019 ; Davis, 1973 ; Tutin, 1964).

1.3.6 *Coronilla scorpioides*

Les herbes annuelles, mesurant de 1 à 3 décimètres de hauteur, présentent des caractéristiques distinctes. Leurs feuilles supérieures se composent généralement de plus de trois folioles, dont une grande foliole terminale de forme elliptique ou ovale, notablement plus grande que la paire de folioles latérales, qui sont généralement ovales-orbiculaires et

stipuliformes. Les stipules, petites et soudées, sont disposées de manière opposée. Les fleurs, de couleur jaune, se regroupent en capitules de 2 à 4 flores sur un pédoncule généralement aussi long, voire un peu plus long, que la feuille correspondante. Les gousses, fortement incurvées, mesurant de 4 à 6 centimètres, comportent de 6 à 11



Figure 12 : *Coronilla scorpiodes* dans son milieu naturel (W.D.J.Koch, 2024)

articles, sont arquées-uncinées et se redressent légèrement à maturité, avec des cloisons saillantes (Figure 12) Cette plante fleurit de mars à juin (Battandier et Trabut, 1888 ; Quézel et Santa, 1962).

1.3.6 *Coronilla repanda*

Plantes annuelles avec des feuilles supérieures à 7-9 folioles très inégales, la terminale tout au plus 2 fois plus grande que les autres, toutes ovales, sauf les basales qui sont plus ou moins arrondies orbiculaires et le rachis foliaire est dilaté. Les fleurs sont jaune, un peu plus grandes à un Pédoncule un peu plus long que la feuille correspondante (Figure 13) le fruit est plus arqué (Battandier et Trabut, 1888 ; Quézel et Santa, 1962).



Figure 13 : *Coronilla repanda* dans son milieu naturel (Tutin, 1964)

1.3.7 *Coronilla viminalis*

Coronilla viminalis, communément appelée coronille viminale, est un arbuste à feuilles persistantes ou caduques originaire des îles Canaries et du Maroc, appartenant à la famille des Fabaceae. Ce buisson peut atteindre une hauteur variant de 1 à 3 mètres et se distingue par ses feuilles composées de 9 à 21 folioles vert glauque,



Figure 14 : *Coronilla viminalis* dans son milieu naturel. Plant biodiversity of south-western morocco (February 12, 2024)

disposées de manière imparipennée. Ses fleurs, jaunes ou orange, s'agencent en ombelles axillaires de 6 à 10 fleurs, typiques de la famille des Fabaceae, tandis que ses fruits prennent la forme de gousses allongées renfermant plusieurs graines. On retrouve cet arbuste dans divers habitats, tels que les forêts ouvertes, les broussailles et les garrigues, principalement dans des régions au climat subtropical. *Coronilla viminalis* est prisée à la fois comme plante ornementale (Figure 14), fourragère et médicinale, en raison de sa tolérance à la sécheresse et de sa capacité à prospérer dans des sols pauvres. (Dobignard A. &, 2012).

1.3.8 *Securigera orientalis*

Securigera orientalis (Mill.)

Lassen. Cette espèce peut mesurer de 30 à 100 cm de hauteur. Les feuilles du Sainfoin d'Orient sont composées de 7 à 15 folioles elliptiques ou oblongues, présentant une couleur verte foncée sur la face supérieure et des nuances plus claires en dessous. Les fleurs du Sainfoin d'Orient sont disposées en ombelles terminales, regroupant généralement de 5 à 10 fleurs. Elles arborent des teintes roses ou roses pâles,



Figure 15 : : *Securigera orientalis* dans son milieu naturel (Lassen P. , 1989)

avec une marque jaune au centre. Les fruits du Sainfoin d'Orient prennent la forme de gousses allongées et aplaties, renfermant habituellement de 4 à 6 graines (Figure 15) (Lassen P. , 1989).

1.3.9 *Securigera parviflora*

Cette espèce présente une taille variant généralement de 10 à 40 cm de hauteur. Les feuilles du Couronnevetch à petites fleurs sont composées de 7 à 15 folioles elliptiques ou oblongues, arborant une couleur vert foncé sur la face supérieure et des tons plus clairs en dessous. Les fleurs du Couronnevetch à petites fleurs sont disposées en ombelles



Figure 16 : *Securigera parviflora* dans son milieu naturel 29 mars 2015- genadi - rhodes

terminales, généralement de 5 à 10 fleurs par ombelle. Elles se distinguent par leurs teintes roses ou roses pâles, souvent avec une tache jaune au centre. Les fruits du Couronnevetch à

petites fleurs prennent la forme de gousses allongées et aplaties, contenant habituellement de 4 à 6 graines 5 (Figure 16) (Lassen P. , 1986).

1.3.10 *Securigera securidaca*

Securigera securidaca, est une plante vivace de la famille des Fabaceae, originaire d'Europe du Sud et d'Asie occidentale. Elle mesure généralement entre 30 et 100 cm de haut et se trouve dans les prairies sèches, les garrigues et les broussailles, préférant les sols calcaires et bien drainés. Les feuilles du Sainfoin d'Orient sont composées de 7 à 15 folioles elliptiques ou oblongues, avec une couleur verte foncée sur le dessus et plus claire en dessous. Ses fleurs, regroupées en ombelles terminales de 5 à 10 fleurs, sont roses ou roses pâles, avec une tache jaune au centre. Les fruits sont des gousses allongées et aplaties, contenant habituellement de 4 à 6 graines. Cette plante est appréciée des abeilles pour son nectar et est utilisée comme plante fourragère, ornementale et parfois comme couvre-sol pour prévenir l'érosion du sol (Figure 17). Ses graines ont été utilisées en médecine traditionnelle pour traiter divers maux, et des études scientifiques ont montré leurs propriétés antidiabétiques, antihypertensives et anti-inflammatoires. Cependant, des recherches supplémentaires sont nécessaires pour confirmer leur efficacité et leur sécurité chez l'homme. (Blanca, G. 2009).



Figure17 : *Securigera securidaca* dans son milieu naturel Willdenowia, 19(2), 59-72.

1.3.11 *Securigera somalensis*

Securigera somalensis est une plante annuelle appartenant à la famille des Fabacées. Elle atteint généralement une hauteur comprise entre 10 et 30 cm. Les feuilles du Sainfoin de Somalie sont composées de 7 à 13 folioles elliptiques ou

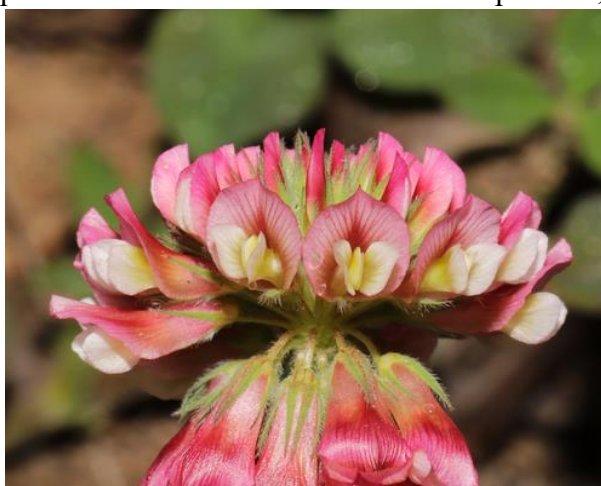


Figure 18 : *Securigera somalensis* dans son milieu naturel (INaturaliste United Kingdom)

oblongues, affichant une teinte vert foncé sur la face supérieure et des nuances plus claires en dessous. Les fleurs du Sainfoin de Somalie sont regroupées en ombelles terminales,

généralement composées de 5 à 10 fleurs. Elles sont de couleur rose pâle, avec une tache jaune au centre. Les fruits de cette plante prennent la forme de gousses allongées et aplaties, contenant habituellement de 4 à 6 graines. *Securigera somalensis* (Figure 18) est originaire du nord de la Somalie et se trouve dans les prairies sèches, les garrigues et les broussailles, préférant les sols calcaires et bien drainés. (Thulin, 1993).

1.3.12 *Securigera varia*

Securigera varia, également connue sous le nom de *Coronilla varia*, est une plante herbacée vivace originaire d'Europe et d'Asie. Elle se caractérise par des tiges grêles et ramifiées, pouvant atteindre une hauteur de 30 à 120 cm, émergeant d'un caudex court et ramifié. Ses feuilles sont composées de 6 à 12 paires de folioles oblongues-elliptiques, mucronées, présentant une couleur verte foncée sur la face supérieure et plus claire en dessous. Les fleurs de *Securigera varia* sont parfumées et regroupées en ombelles terminales, comptant de 5 à 20 fleurs. Sa corolle présente un motif



Figure 19 : "*Securigera varia*", *The Plant List*, retrieved 2014-10-27

panaché, avec un étendard rose, des ailes blanches et une carène blanche terminée par une pointe pourpre. Les fruits de cette plante sont des gousses étroites et linéaires, dressées, présentant peu d'articles marqués. *Securigera varia* (Figure 19) prospère dans des environnements secs et ensoleillés, tels que les prairies, les pentes et les bords de route. Elle montre une tolérance à différents types de sols, y compris les sols calcaires et argileux. Bien que son aire de répartition naturelle englobe l'Europe et l'Asie, cette espèce a été introduite dans de nombreuses autres régions du monde, notamment en Amérique du Nord, en Amérique du Sud et en Australie. (Lassen P. , 1989).

1.4 Les nombres chromosomiques

Le genre *Coronilla* peut avoir plusieurs nombres chromosomiques de base $x = 9, 7, 6, 5$, avec $x = 6$ le plus majoritaire. (Schmidt, 1979).

Securigera varia est une espèce tétraploïde comptant 24 chromosomes ($2n = 4x = 24$) (Schmidt, 1979).

1.5 La biogéographie de genre *Coronilla* et *Securigera*

Les genres *Coronilla* et *Securigera*, de la famille des Fabaceae, présentent une répartition géographique fascinante à travers le monde, concentrée principalement dans les régions tempérées de l'hémisphère nord.

1.5.1 Répartition mondiale

- *Coronilla* :

Principalement présent en Europe, en particulier dans les régions méditerranéennes comme l'Espagne, l'Italie, la Grèce et les Balkans. On le retrouve également en Europe centrale et orientale (Figure 20), s'étendant jusqu'en Asie centrale (Turquie, Iran, Caucase) En Afrique du Nord, on le rencontre dans des pays comme le Maroc, l'Algérie, la Tunisie et la



Figure 20 : Distribution mondiale de *Coronilla*

Libye, Principalement dans les zones arides et semi-arides

- *Securigera* :

Largement distribué en Europe centrale et méridionale (Figure 21), avec une concentration particulière dans les pays méditerranéens. Également présent en Europe occidentale, orientale et septentrionale. On le retrouve également en Asie occidentale (Turquie, Iran, , Moyen-Orient). (Hedge, 1974)

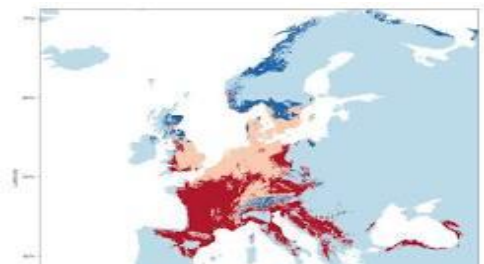


Figure 21 : Distribution mondiale de *Securigera* (<https://www.gbif.org>) (Turquie, Iran, , Moyen-Orient).

1.5.2 Focus sur l'Algérie

- *Coronilla* :

Présent dans plusieurs régions d'Algérie, en particulier les Aurès, le Tell et la Kabylie. Les espèces les plus communes incluent *Coronilla juncea*, *Coronilla repanda* et *Coronilla scorpioides*. *Coronilla*



Figure 22 : Carte de la Petite Kabylie (Hamza Zeghlache, 2004)

valentina, on le retrouve généralement dans les habitats Rocheux, calcaires et herbeux.

- *Securigera* :

Moins répandu que *Coronilla* en Algérie, *Securigera* est néanmoins présent dans certaines régions du Tell (Figure 23) et de la Kabylie. L'espèce la plus commune inclut *Coronilla atlantica* = *Securigera atlantica*. On le retrouve généralement dans les prairies et les régions Montagneuses. (Quézel, 1962).

1.6 Histoire taxonomique des genres *Coronilla* et *Securigera*

- *Coronilla*

L'histoire taxonomique du genre *Coronilla* illustre une progression méthodique à travers plusieurs révisions et classifications au fil des décennies :

Initialement, des tentatives de classification ont été entreprises par différents taxonomistes, notamment George Bentham qui a proposé des classifications basées sur la morphologie et la distribution géographique, réorganisant le genre en sections et sous-genres. (Bentham, (1832-36, 1848, 1876).

Jean Briquet a ensuite révisé la classification sous-générique de *Coronilla*, en structurant les espèces selon des critères morphologiques et géographiques plus précis. (Briquet, 1897).

Des révisions ultérieures, influencées par des études morphologiques approfondies et des analyses phylogénétiques modernes, ont remis en question certaines classifications traditionnelles (Oxelman et al., 1997 ; Burleigh et Holtsford ; 2003 ; Talavera, 1979 ; Atzadadeh, 2014).

- *Securigera*

Figure 23 : Carte géographique du relief de l'Afrique du Nord (27 juin 2006)



Pour le genre *Securigera*, son histoire taxonomique a également été marquée par des classifications initiales suivies de révisions basées sur des études morphologiques et phylogénétiques :

Les premières classifications, établies par des botanistes comme George Bentham et Jean Briquet, ont introduit des sections et sous-genres basés sur la morphologie et la répartition géographique (Bentham, (1832-36, 1848, 1876).

Les études d'I.C. Hedge ont enrichi la compréhension du genre *Securigera* en identifiant des groupes d'espèces selon la morphologie de l'étamine et la distribution géographique.

Les études moléculaires modernes ont joué un rôle crucial en remettant en question et en révisant certaines classifications traditionnelles dans le genre *Securigera*.

1.7 Relations évolutives et changements entre les genres *Coronilla* et *Securigera*

Les genres *Coronilla* et *Securigera*, ont une histoire évolutive fascinante et complexe. Des analyses phylogénétiques utilisant des séquences d'ADN (Acide Désoxyribonucléique) ont révélé que ces genres ont divergé il y a environ 15 à 20 millions d'années, au cours du Miocène, probablement en raison de changements environnementaux et d'adaptations à des niches écologiques distinctes. Les études phylogénétiques ont montré que *Securigera* est étroitement lié à *Coronilla*, souvent considéré comme un groupe frère. Les analyses moléculaires utilisant des marqueurs génétiques comme ITS (Internal Transcribed Spacer), *matK*, *rbcL* et *trnL-trnF* ont mis en évidence des clades distincts mais apparentés, indiquant une séparation claire entre les deux genres tout en soulignant leurs relations étroites. Bien que distincts, ils conservent des liens étroits, certaines espèces de *Securigera*, comme *Securigera mollis*, montrant des caractéristiques morphologiques et génétiques proches de certaines espèces de *Coronilla*, suggérant des événements d'hybridation ou de transfert de gènes. Les espèces de *Coronilla* se distinguent par des inflorescences en ombelles, des fruits en forme de gousse et des graines réniformes, tandis que celles de *Securigera* présentent souvent des inflorescences en grappes, des fruits en forme de sabre et des graines en forme de rein. Occupant des habitats variés, allant des prairies et zones rocheuses aux forêts et zones humides, ces genres ont subi des adaptations évolutives importantes. Les changements climatiques et perturbations anthropiques ont également influencé leur évolution et répartition, favorisant la distribution des espèces et

modifiant les interactions écologiques. La recherche continue, utilisant des approches phylogénétiques et écologiques modernes, est cruciale pour approfondir notre compréhension de ces genres et pour la conservation de la biodiversité (Atzadadeh, 2014; Tozlu, 2021).

1.8 Phylogénétique des genres *Coronilla* et *Securigera*

Les genres *Coronilla* et *Securigera* ont longtemps captivé les botanistes par leurs relations complexes. Grâce aux progrès de la phylogénie moléculaire, nous pouvons désormais explorer leur histoire évolutive et démêler les liens qui les unissent. Les arbres phylogénétiques révèlent les relations évolutives, où les branches principales symbolisent les sections du genre, et les ramifications secondaires représentent des groupes d'espèces partageant des caractéristiques communes. Par exemple, dans *Coronilla*, les sections comme *EuCoronilla* comprennent des espèces telles que *Coronilla coronata* et *Coronilla varia*, tandis que *Securigera* inclut des sections comme *Physocaulis* avec des espèces comme *Securigera mollis*.

Les études phylogénétiques des genres *Coronilla* et *Securigera* ont utilisé divers marqueurs moléculaires pour élucider leurs relations évolutives. Parmi ces marqueurs, les séquences de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) ribosomique interne transcrit (ITS (Internal Transcribed Spacer)) et les régions chloroplastiques comme le gène *rbcL* ont été particulièrement utiles. Les études de (Talavera, 1979) et (Atzadadeh, 2014) ont permis de distinguer les différentes sections et espèces au sein des genres, révélant des patrons de divergence génétique qui correspondent souvent aux classifications morphologiques traditionnelles.

Les études moléculaires ont montré que *Coronilla* est un genre hautement diversifié, structuré en plusieurs clades principaux. Ces clades correspondent généralement aux sections morphologiques décrites par (Talavera, 1979). Par exemple, le clade *EuCoronilla* regroupe des espèces comme *Coronilla coronata* et *Coronilla varia*, qui partagent des traits morphologiques distinctifs tels que des feuilles composées et des inflorescences en ombelles.

De même, *Securigera* est structuré en plusieurs clades, dont certains correspondent à des sections morphologiques. Les analyses de (Holtsford, 2003) ont montré que des espèces comme *Securigera securidaca* et *Securigera hispanica* forment des clades distincts, soutenant l'idée que *Securigera* est un groupe monophylétique séparé de *Coronilla*.

Les genres *Coronilla* et *Securigera* montrent des adaptations écologiques variées qui reflètent leur diversification évolutive. Les espèces de *Coronilla* sont souvent trouvées dans des habitats méditerranéens et montrent des adaptations à des conditions de sécheresse et de sols calcaires. Par exemple, *Coronilla glauca* est bien adaptée aux sols pierreux et pauvres en nutriments.

Securigera, de son côté, présente des adaptations similaires mais se distingue par des adaptations spécifiques aux habitats perturbés et aux sols riches en azote, comme l'illustrent des espèces comme *Securigera varia*. Ces adaptations écologiques sont souvent corrélées avec les patrons phylogénétiques observés, suggérant une évolution convergente et des réponses adaptatives aux pressions environnementales.

Les progrès récents en phylogénétique moléculaire ont considérablement enrichi notre compréhension des relations évolutives entre les genres *Coronilla* et *Securigera*. Les analyses basées sur des séquences moléculaires ont non seulement clarifié les limites taxonomiques entre ces genres, mais ont également fourni des insights précieux sur leur diversification et leur histoire évolutive. Des études futures utilisant des approches de séquençage à haut débit et des analyses génomiques complètes promettent de fournir encore plus de détails sur l'évolution de ces genres fascinants.

CHAPITRE II :

MATERIEL

ET

METHODES

L'objet de cette étude est d'analyser les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera* en se basant sur les espèces présentes en Algérie et dans le monde, en utilisant différentes méthodes d'analyse phylogénétique.

2.1 Recherche de données

Pour la recherche des données moléculaires, nous avons utilisé la base de données GenBank. Les séquences d'ADN (Acide Désoxyribonucléique) ont été récupérées à l'aide de l'outil BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) pour identifier et extraire les séquences pertinentes des gènes ribosomiques ITS (Internal Transcribed Spacer).

2.2 Traitement des séquences

Les séquences récupérées ont été vérifiées et nettoyées pour éliminer les régions de faible qualité à l'aide du logiciel Clustal. Les séquences de chaque espèce ont été alignées et les régions ambiguës ou mal alignées ont été soigneusement corrigées ou supprimées pour garantir une analyse précise.

2.3 Reconstruction des arbres phylogénétiques

Pour la reconstruction des arbres phylogénétiques, nous avons utilisé plusieurs méthodes. L'analyse par Maximum de Vraisemblance (Maximum Likelihood) a été réalisée à l'aide du logiciel RAxML, tandis que l'analyse bayésienne a été effectuée en utilisant MrBayes. Les deux méthodes ont permis de générer des arbres phylogénétiques robustes, soutenus par des valeurs de bootstrap et des valeurs de probabilité a posteriori élevées, respectivement.

Les arbres obtenus ont été comparés et combinés pour obtenir une représentation consensuelle des relations évolutives entre les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera*. Les résultats ont été interprétés en fonction des données morphologiques et écologiques disponibles pour chaque espèce, fournissant une vue d'ensemble complète de leur histoire évolutive.

2.4 Choix des taxons à analyser

Pour réaliser notre analyse phylogénétique, nous avons choisi 30 espèces des genres *Coronilla* et *Securigera*, réparties à travers l'Algérie et le reste du monde. Deux séquences des

espèces *Medicago sativa* et *Medicago marina* ont été choisies comme groupes externes. Ces dernières vont nous servir à l'enracinement de nos arbres phylogénétiques. La liste complète des espèces est présentée dans le Tableau.

2.5 Choix des marqueurs

Les données moléculaires des espèces que nous avons utilisées sont les ITS (Internal Transcribed Spacer) (internal transcribed spacer) 1 et 2.

Tableaux 3 : code des séquences utiliser

Genres	Codes des séquences
<i>Coronilla</i>	<i>Valentina</i> HQ 665020.1
	<i>Valentina</i> DQ 641999.1
	<i>Valentina</i> HQ 665019.1
	<i>Valentina</i> HQ 665018
	<i>Juncea</i> DQ 641993.1
	<i>Juncea</i> HQ 665021
	<i>Juncea</i> HQ 665022
	<i>Minima</i> HQ 665024.1
	<i>Minima</i> HQ 665025.1
	<i>Minima</i> HQ 665026.1
	<i>Minima</i> DQ 246138.1
	<i>Minima</i> AF 450232.1
	<i>Vaginalis</i> DQ 641998.1
	<i>Coronata</i> GQ 246135
	<i>Coronata</i> GQ 246136
	<i>Coronata</i> AY 325281.1
	<i>Coronata</i> DQ 641992.1
	<i>Scorpioides</i> AY 325280.1
	<i>Scorpioides</i> PP 320504.1
	<i>Scorpioides</i> AF 218529.1
	<i>Repanda</i> DQ 641994.1
	<i>Viminalis</i> DQ 166213.1
	<i>Orientalis</i> PP 232147.1
	<i>Parviflora</i> DQ 641995.1

<i>Securigera</i>	<i>Securidaca</i> DQ 641996.1 <i>Somalenisis</i> DQ 641997.1 <i>Varia</i> OR 835646.1 <i>Varia</i> MN 601839 <i>Varia</i> AF 450229.1
<i>Medicago</i> (outgroup)	<i>Sativa</i> MW 241750.1 <i>Marina</i> GQ 246118.1

2.5 Phylogeny.fr

Est un site web spécialisé dans la phylogénie (Figure 24), discipline biologique étudiant les relations évolutives entre les organismes. Il met à disposition une gamme variée d'outils et de ressources dédiés à l'analyse phylogénétique, tels que des logiciels et des tutoriels et des bases de données. (Gascuel, 2020).

Ce site fonctionne par des programmes qui sont (Figure 25) :

Figure 24 : Capture d'écran de l'interface de site phylogenie.fr



- Le programme PhyML pour faire la phylogénie.
- Le programme TreeDyn pour faire l'arbre phylogénétique.
- Le programme MUSCLE pour faire l'alignement multiple.
- Le programme Gblocks pour faire la Curation (élimination des Gabs).

Pour utiliser le site Phylogeny.fr, accédez au site et cliquez sur "Advanced". Sélectionnez ensuite "all at once", configurez les paramètres nécessaires, puis cliquez sur "Create workflow" pour lancer l'analyse complète.

Workflow Settings

Name of the analysis Name length is limited to 20 characters (optional):

Choose processing steps to run:

- ☒ Multiple Alignment: **MUSCLE**
- ☒ Alignment curation: **Gblocks**
- ☒ Construction of phylogenetic tree: **PhyML**
- ☒ Visualisation of phylogenetic tree: **TreeDyn**

Run workflow:

- ☒ all at once Set the parameters before, and run the whole process.
- ☐ step by step Control/validate the results of each program before going through the next step.

[Create workflow](#)



Figure 25 : Capture d'écran de l'interface des paramètres site phylogeny.fr.

Après avoir accédé au site Phylogeny.fr et configuré les paramètres initiaux, nous avons sélectionné le fichier "Coronilla ITS (Internal Transcribed Spacer)" et ajusté les réglages nécessaires (Figure 26) Pour le programme PhyML, nous avons coché l'option "Approximate Likelihood-Ratio Test (aLRT)" et sélectionné "SH-like = 100". Dans la section "Substitution Model", nous avons coché la case "GTR (DNA/RNA)" (Figure 27).

!!

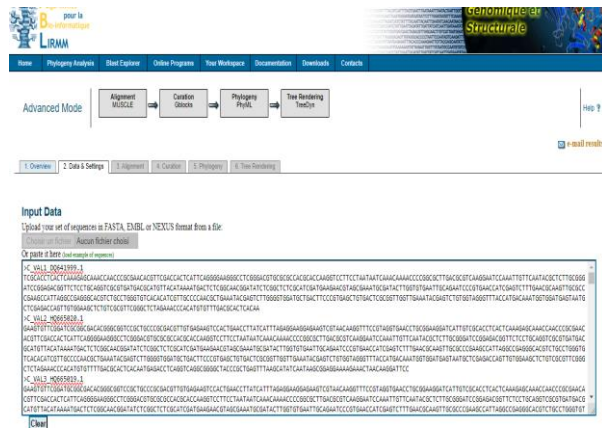


Figure 26 : Capture d'écran de l'interface de sélection de la séquence de Coronilla ITS sur le site phylogeny.fr

Alignment: **MUSCLE**
[Advanced Settings...](#)

Curation: **Gblocks**
Settings

- For a less stringent selection:
- ☐ Allow smaller final blocks
 - ☐ Allow gap positions within the final blocks
 - ☐ Allow less strict flanking positions
- For a more stringent selection:
- ☐ Do not allow many contiguous nonconserved positions

Phylogeny: **PhyML**
Settings

- Statistical tests for branch support:
- ☒ Approximate Likelihood-Ratio Test (aLRT): **SH-like**
 - ☐ Bootstrapping procedure: Number of bootstraps: **100**
- Substitution model: **GTR (DNA/RNA)**

Figure 27 : Capture d'écran de l'interface des réglages nécessaires pour le site phylogeny.fr

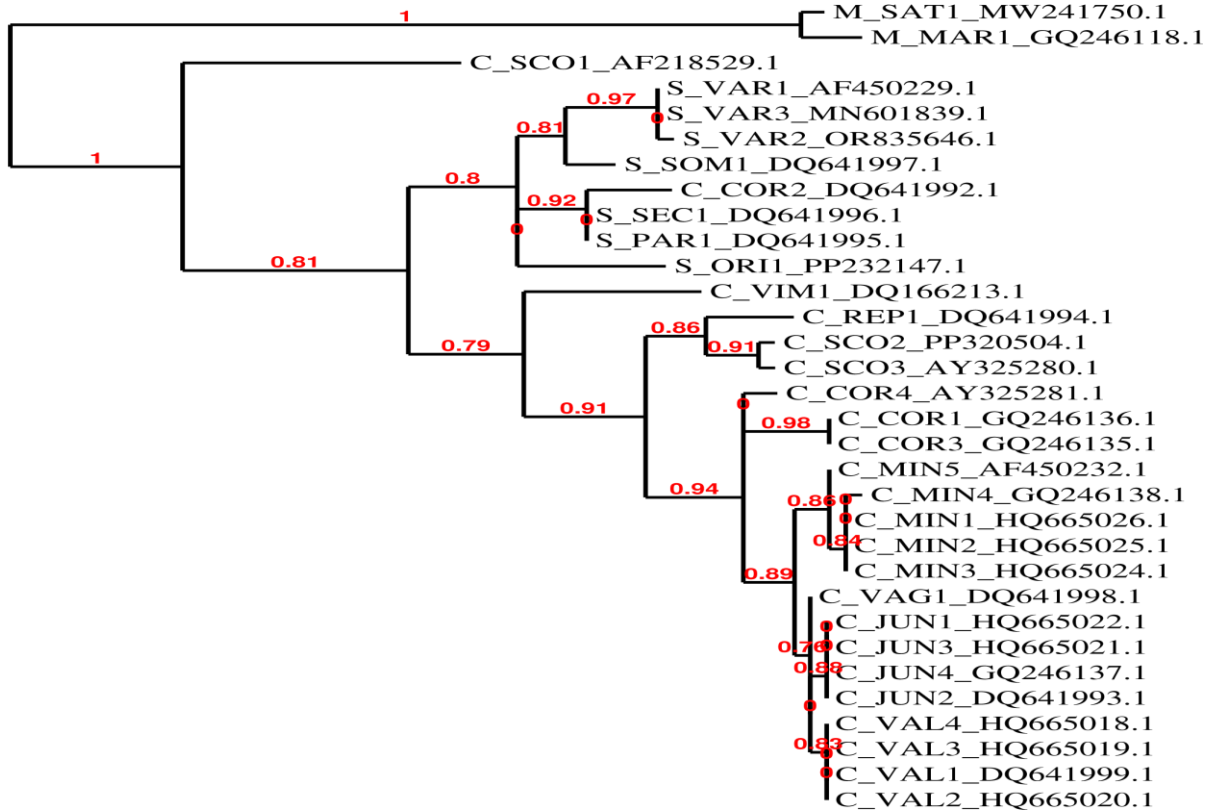


Figure 28 : Capture d'écran de l'arbre phylogénétique qu'on a obtenu avec le site phylogeny ;fr

Ensuite, nous cliquons sur génère l'arbre phylogénétique que nous recevons en sortie (Figure 28).

Par la suite, nous convertissons cet arbre phylogénétique au format Newick pour obtenir ses séquences (Figure 29) et les utiliser dans le programme TreeView

```
((((((((((((C_VAL2_HQ665020.1:0,(C_VAL1_DQ641999.1:0,C_VAL3_HQ665019.1:0):0):0),
C_VAL4_HQ665018.1:0):0.0089,((C_JUN2_DQ641993.1:0,(C_JUN4_GQ246137.1:0,
(C_JUN3_HQ665021.1:0,C_JUN1_HQ665022.1:0):0):0):0.97:0.00966,
C_VAG1_DQ641998.1:0.00772):0:0.00035):0.96:0.00999,(((C_MIN3_HQ665024.1:0,
C_MIN2_HQ665025.1:0):0.8:0.00185,(C_MIN1_HQ665026.1:0,C_MIN4_GQ246138.1:0.00372)
:0):0.78:0.00185,C_MIN5_AF450232.1:0.00193):0.87:0.00579):0.99:0.01764,
(C_COR3_GQ246135.1:0,C_COR1_GQ246136.1:0):1:0.01905):0:0,C_COR4_AY325281.1:0.03025)
:0.98:0.02286,(((C_SCO3_AY325280.1:0.02653,C_SCO2_PP320504.1:0.02312):0.96:0.01599,
C_REP1_DQ641994.1:0.02357):0.96:0.01818):0.9:0.02565,C_VIM1_DQ166213.1:0.1088)
:0.8:0.02736,(((S_VAR2_OR835646.1:0.00193,S_VAR1_AF450229.1:0):0:0,
S_VAR3_MN601839.1:0):0.99:0.03228,S_SOM1_DQ641997.1:0.021):0.87:0.01205,
((C_COR2_DQ641992.1:0.01967,(S_SEC1_DQ641996.1:0,S_PAR1_DQ641995.1:0.01958)
:0:0.0014):0.92:0.02008,S_ORI1_PP232147.1:0.0472):0:0.00016):0.98:0.05703)
:0.95:0.09018,C_SCO1_AF218529.1:0.1334):1:0.03515,(M_MAR1_GQ246118.1:0.0169,
M_SAT1_MW241750.1:0.00945):1:0.2445);
```

Figure 29 : Capture d'écran de la séquence de phylogenié.fr en format newick

Une fois le programme TreeView installé, nous cliquons sur "Edit" pour y coller les séquences obtenues. Ensuite, en cliquant sur "Paste", nous pouvons visualiser ces arbres sous différentes formes, y compris sous forme de cladogramme comme illustré dans la Figure ci-dessous. (Figure 30).

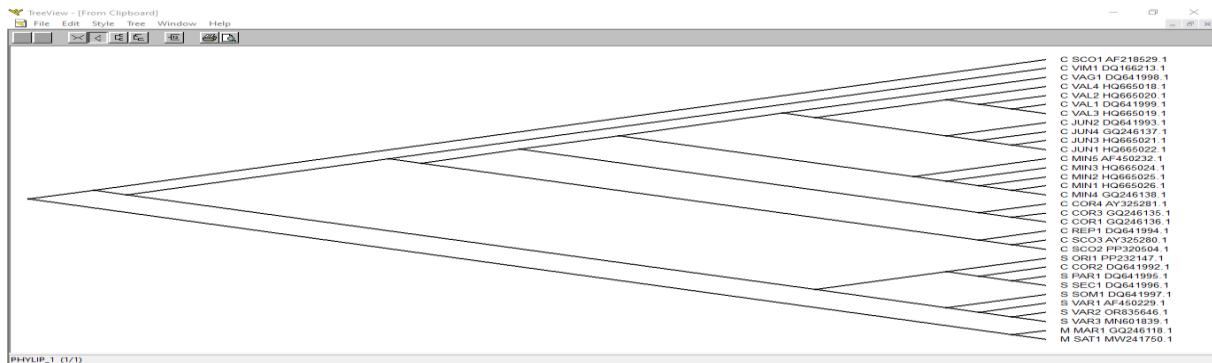


Figure 30 : Capture d'écran de l'arbre phylogénétique qu'on a obtenu avec le site phylogénie.fr en format cladogramme

Pour visualiser le phylogramme, une fois sur l'interface de TreeView, cliquez d'abord sur "Tree" puis sur "Show Internal Edge Labels" pour afficher les pourcentages sur l'arbre phylogénétique. Cela permet de voir les valeurs de support aux branches internes, indiquant la confiance statistique ou le support des regroupements entre les espèces ou les groupes taxonomiques (Figure 31).

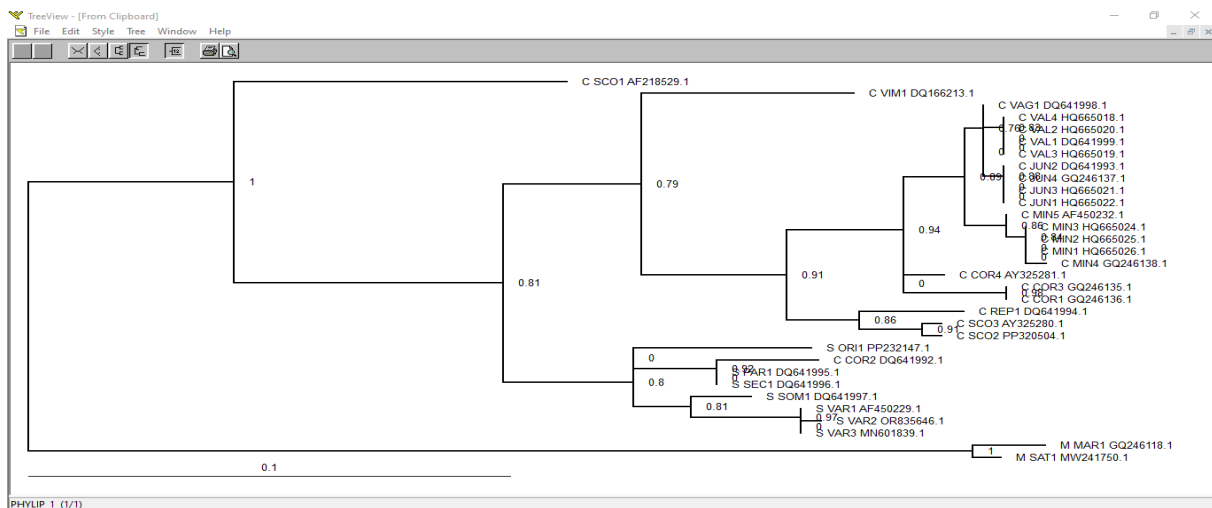


Figure 31 : Capture d'écran de l'arbre phylogénétique de site phylogénie.fr en format phylogramme

Ensuite, pour afficher l'arbre phylogénétique, cliquer sur "Print Preview". Cela permet de pré visualiser l'arbre avant de l'imprimer ou de l'enregistrer dans le format souhaité. Cette

fonctionnalité est utile pour vérifier la disposition, l'échelle et les détails de l'arbre phylogénétique avant de finaliser sa sortie (Figure 32).

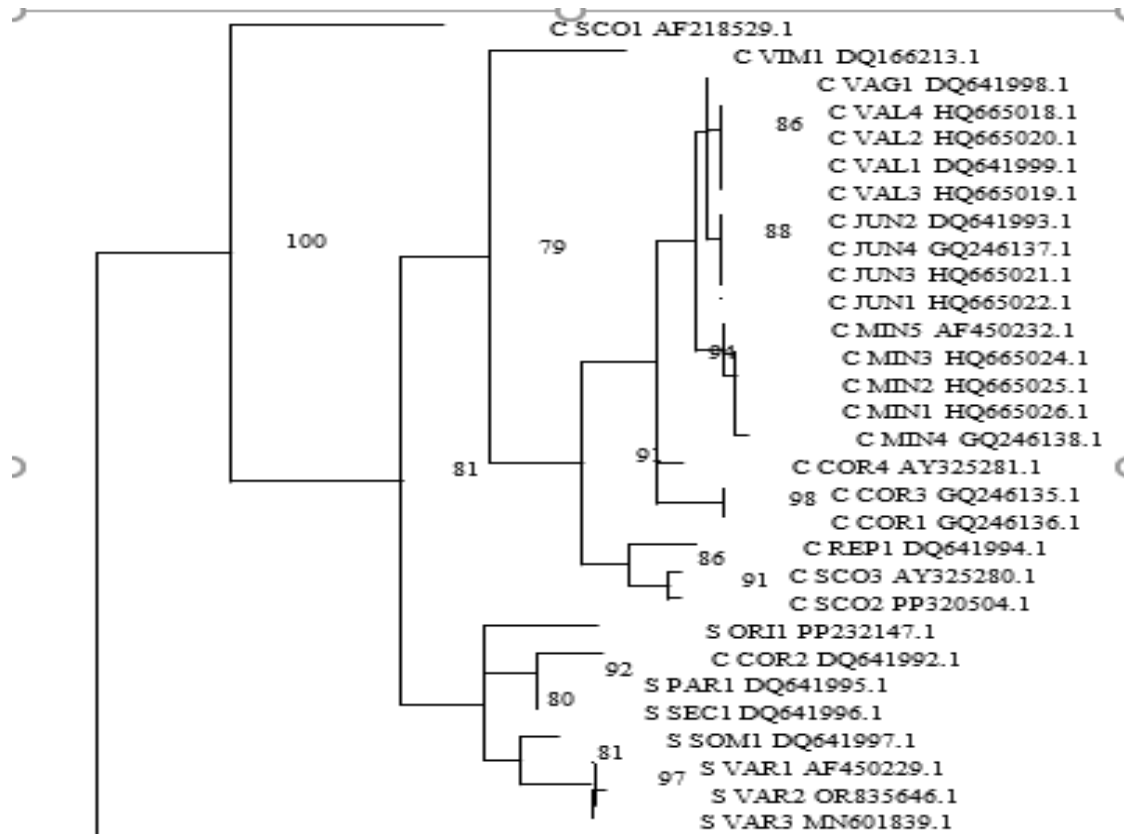


Figure 32 : Capture de l'arbre phylogénétique finale de phylogénie.fr

8.1

2.6 Programme ClustalX version 2.1

L'alignement multiple des séquences homologues des genres *Coronilla* et *Securigera* a été effectué à l'aide du logiciel ClustalX version 2.1. Une fois les séquences alignées, elles ont été sauvegardées aux formats Fasta et PHYLIP pour une utilisation ultérieure dans les logiciels Mega et les programmes PHYLIP, afin de construire les arbres phylogénétiques. Pour garantir la qualité de l'alignement, toutes les lacunes (gaps) et les données manquantes ont été supprimées manuellement à l'aide du logiciel Mega. Cette étape est cruciale pour assurer la précision et la fiabilité des analyses phylogénétiques qui suivront.

Suite à l'analyse visuelle des arbres phylogénétiques obtenus avec TreeView, il est souvent nécessaire de réaligner les séquences afin d'optimiser la précision de l'alignement. Pour ce faire, une fois le logiciel ClustalX ouvert, nous procédons en cliquant sur "File" puis sur "Load Séquences", ce qui permet de charger les fichiers contenant les séquences déjà alignées ou à aligner. Cette étape est cruciale pour ajuster et améliorer l'alignement des séquences en fonction des informations obtenues à partir des arbres phylogénétiques précédemment générés (Figure 33).

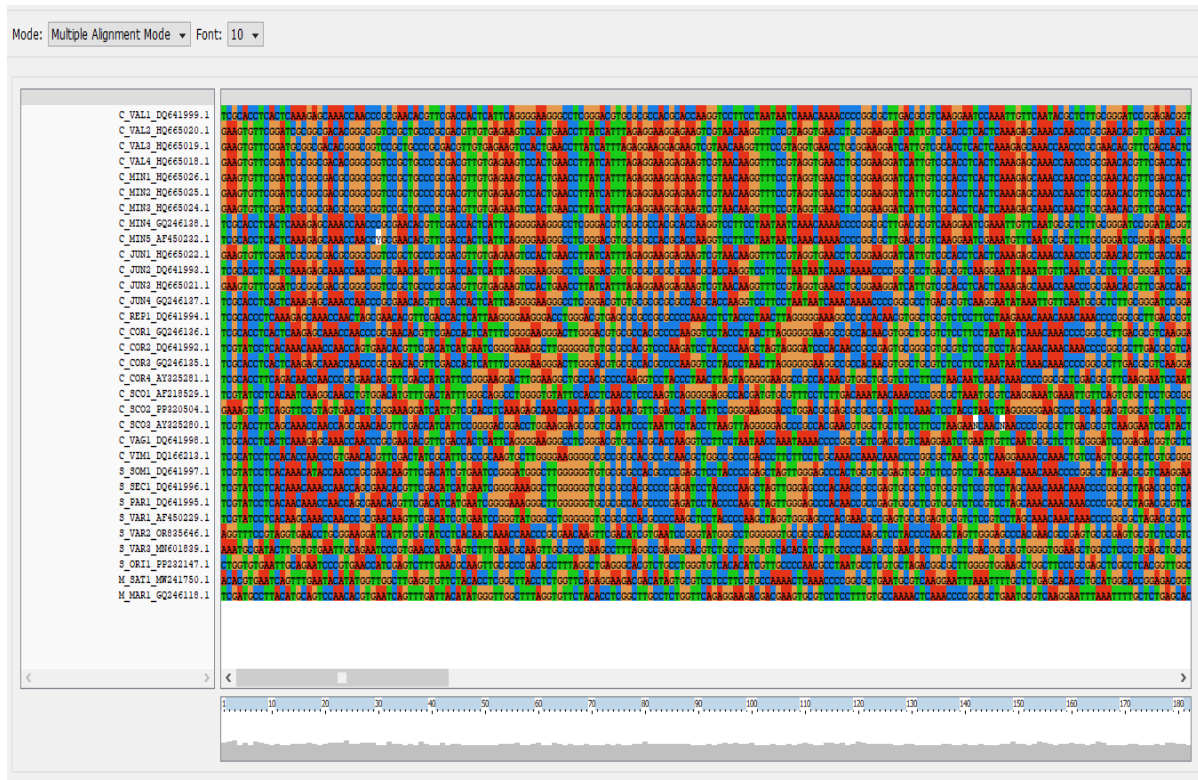


Figure 33 : Capture d'écran de l'interface du logiciel ClustalX avant l'alignement multiple de séquences des espèces *Coronilla* et *Securigera*

Pour obtenir l'alignement multiple des séquences, après avoir chargé les séquences dans ClustalX, nous cliquons sur "Alignement" puis sur "Do Alignment from Guide Tree" et enfin sur "OK". Cette procédure permet d'effectuer l'alignement en utilisant l'arbre guide préalablement généré par ClustalX. Ce processus assure que les séquences sont alignées de manière optimale, en tenant compte des informations phylogénétiques pour positionner correctement les acides aminés ou les nucléotides similaires dans chaque colonne de l'alignement (Figure 34).

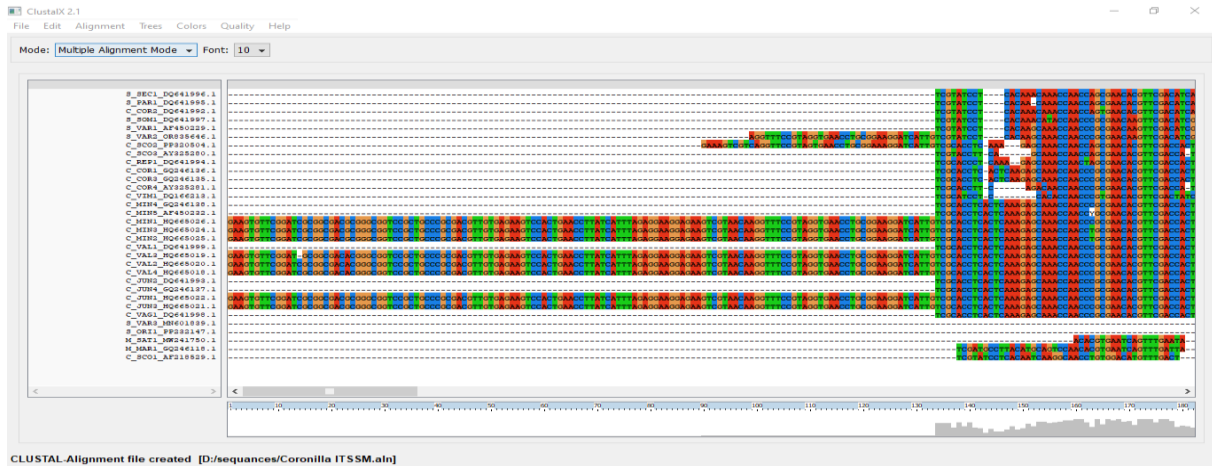


Figure 34 : Capture d'écran de l'interface du logiciel ClustalX montrant l'alignement multiple de séquences des espèces *Coronilla* et *Securigera*.

2.7 Programme MEGA

Après avoir obtenu les résultats du programme ClustalX, la prochaine étape pourrait consister à utiliser le logiciel MEGA pour effectuer une analyse phylogénétique plus approfondie ou pour construire un arbre phylogénétique à partir de l'alignement multiple des séquences.

Pour analyser la séquence ITS (Internal Transcribed Spacer) de *Coronilla* avec MEGA, commencez par ouvrir le programme et chargez le fichier contenant la séquence. Ensuite, sélectionnez l'option pour analyser les séquences nucléotidiques et cliquez sur "OK" (Figure 35). pour lancer l'analyse. MEGA utilisera les paramètres que vous avez spécifiés pour générer des résultats détaillés, facilitant ainsi l'étude phylogénétique et l'analyse comparative des données génétiques de *Coronilla*. Cette approche permet une exploration approfondie de l'évolution et des relations phylogénétiques au sein de ce genre botanique.

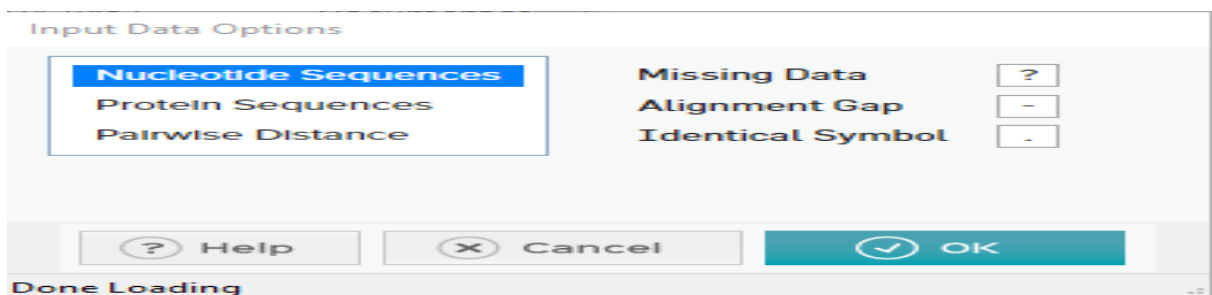


Figure 35 : Options d'Entrée de Données pour les Séquences de Nucléotides

Il faut d'abord confirmer que la séquence est bien des données nucléotidiques non codantes . Ensuite, dans MEGA, cliquez sur "MODELS", puis sur "Find Best DNA/protein Models ML". Assurez-vous d'utiliser les données activées actuellement et confirmez l'analyse pour sélectionner le modèle phylogénétique optimal basé sur les données analysées (Figure 36) Ce processus garantit une modélisation précise des changements évolutifs et une interprétation robuste des relations phylogénétiques entre les séquences de *Coronilla*.

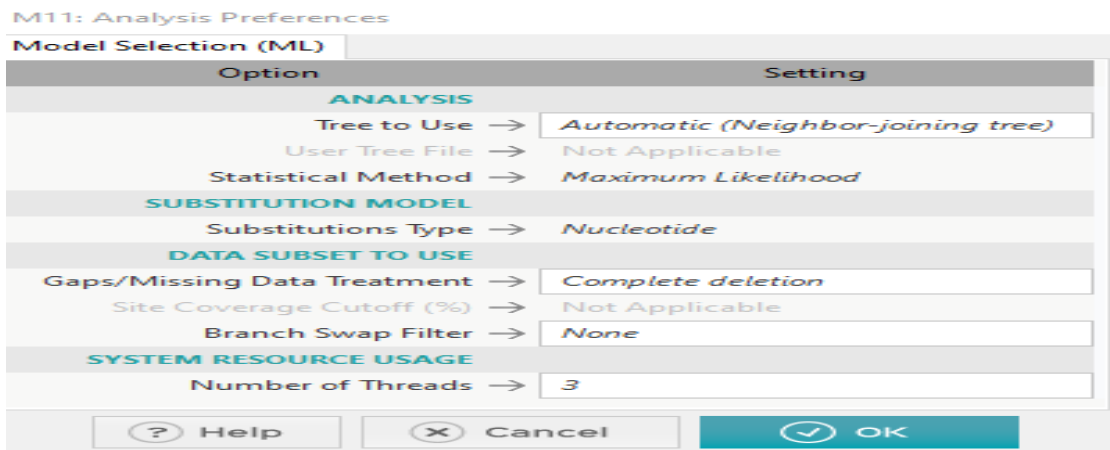


Figure 36 : capture d'écran des donnée d'analyse dans logiciel MEGA

Ensuite, le programme MEGA lance le processus, souvent indiqué par "progress", qui informe généralement les utilisateurs sur l'état d'avancement des tâches et des analyses en cours. Cela inclut l'affichage des barres de progression, les rapports d'état, et les évaluations de la convergence des résultats. À la suite de cette analyse, un Tableau des résultats est généré (Figure 37), présentant les modèles phylogénétiques optimaux ainsi que d'autres mesures pertinentes pour interpréter les relations évolutives entre les séquences de *Coronilla*.

NOTE: Models with the lowest BIC scores (Bayesian Information Criterion) are considered to describe the substitution pattern the best. For each model, AICc value (Akaïke)																
A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q
13 HKY+G+	67	9542.232741	9010.035062	-4437.799721	0.305251249	1.374204323	1.38341964	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.05	0.06	0.16		
14 TN93+	67	9542.787977	9010.591098	-4438.077339	0.441022077	n/a	1.32192304	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.05	0.06	0.11		
15 GTR+	70	9546.698148	8990.691743	-4425.107799	0.432090498	n/a	1.33625573	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.07	0.07	0.11		
16 HKY+	66	9552.950978	9028.690994	-4448.133715	0.449947301	n/a	1.33641028	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.05	0.06	0.16		
17 JC+G	62	9611.482607	9118.972129	-4497.299032	n/a	0.533784092	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.08	0.08	0.08		
18 JC+G+	63	9618.623334	9118.175191	-4495.89452	0.316129316	1.536885039	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.08	0.08	0.08		
19 JC+	62	9626.831258	9134.32078	-4504.973357	0.449338581	n/a	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.08	0.08	0.08		
20 K2	62	9738.024467	9245.513989	-4560.569951	n/a	n/a	1.22352462	0.25	0.25	0.25	0.25	0.08	0.08	0.14		
21 GTR	69	9744.778184	9196.708094	-4529.122652	n/a	n/a	1.22642942	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.08	0.07	0.11		
22 T92	63	9748.189942	9247.741798	-4560.677823	n/a	n/a	1.22447474	0.229811735	0.229811735	0.270188265	0.270188265	0.05	0.06	0.15		
23 TN93	66	9750.909717	9226.649733	-4547.113085	n/a	n/a	1.22716759	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.05	0.06	0.11		
24 HKY	65	9777.787766	9261.464969	-4565.526985	n/a	n/a	1.22566533	0.240108945	0.219514526	0.263857034	0.276519495	0.05	0.06	0.15		
25 JC	61	9842.462132	9357.889512	-4617.763669	n/a	n/a	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.08	0.08	0.08		
NOTE: Models with the lowest BIC scores (Bayesian Information Criterion) are considered to describe the substitution pattern the best. For each model, AICc value (Akaïke Information Criterion, corrected), Maximum Likelihood v																
Abbreviations: TR: General Time Reversible; HKY: Hasegawa-Kishino-Yano; TN93: Tamura-Nei; T92: Tamura 3-parameter; K2: Kimura 2-parameter; JC: Jukes-Cantor; div>																
30 1. Nei M. and Kumar S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York.																
31 2. Tamura K., Stecher G., and Kumar S. (2011). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution https://doi.org/10.1093/molbev/msab120 .																
32 Disclaimer: Although utmost care has been taken to ensure the correctness of the caption, the caption text is provided "as is" without any warranty of any kind. Authors advise the user to carefully check the caption prior to its use																
33																
34																
35																
36																
37																

Figure 37 : Capture d'écran de l'interface du fichier Excel montrant les 25 modèles d'évolution obtenu par le logiciel MEGA pour l'alignement multiple des ITS des espèces de *coronilla* et *securigera* et l'Outgroup

Ensuite, dans le programme MEGA, après avoir sélectionné "phylogénie", nous choisissons l'option « Construct/Test Maximum Likelihood Tree » et nous confirmons l'utilisation des données (Figure 38). Une fois le Tableau d'analyse obtenu, nous ajustons le nombre de réplicas bootstrap et sélectionnons

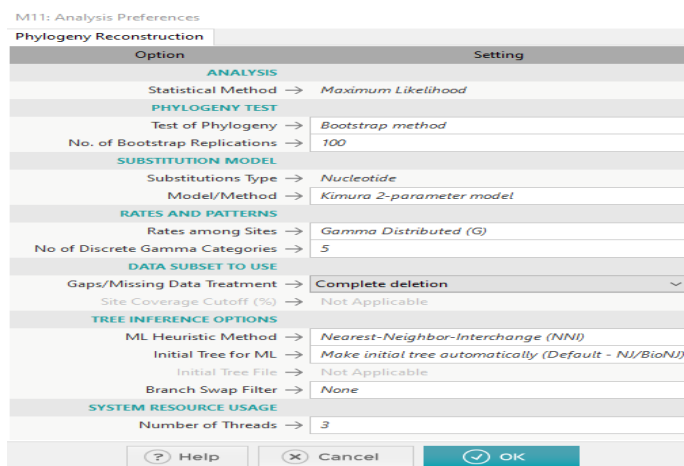


Figure 38 : capture d'écran des données d'analyse dans logiciel MEGA

Le modèle

De substitution Kimura 2. Ensuite, pour que le programme progresse, il lance le calcul nécessaire pour construire l'arbre phylogénétique basé sur ces paramètres (Figure 39).

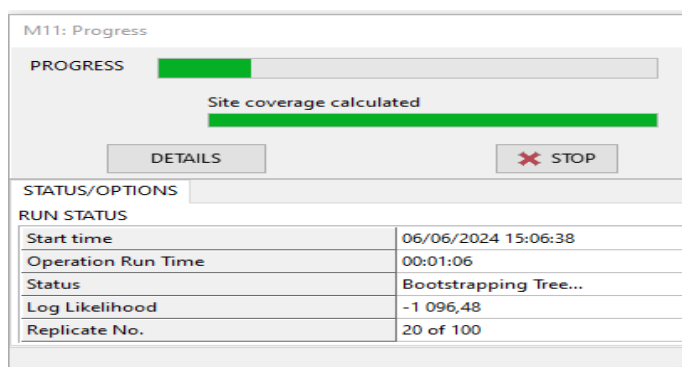


Figure 39 : Progression du Bootstrapping de l'Arbre Phylogénétique avec Log Likelihood et Détails de l'Opération

Une fois les calculs terminés, on obtient cet arbre phylogénétique (Figure 40).

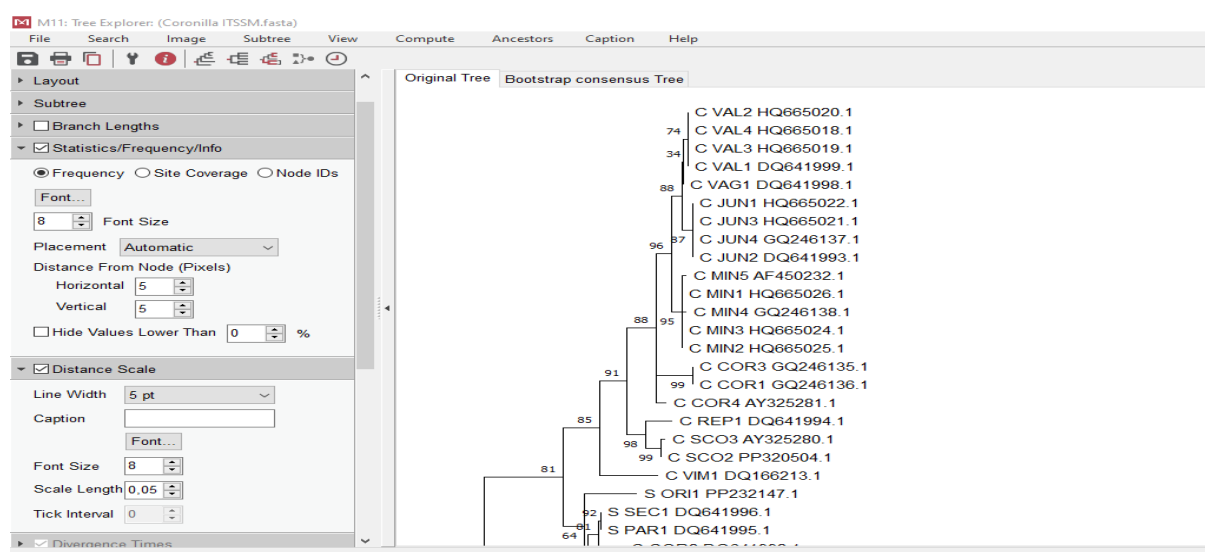


Figure 40 : capture d'écran de l'arbre phylogénétique basé sur ces paramètres de programme MEGA

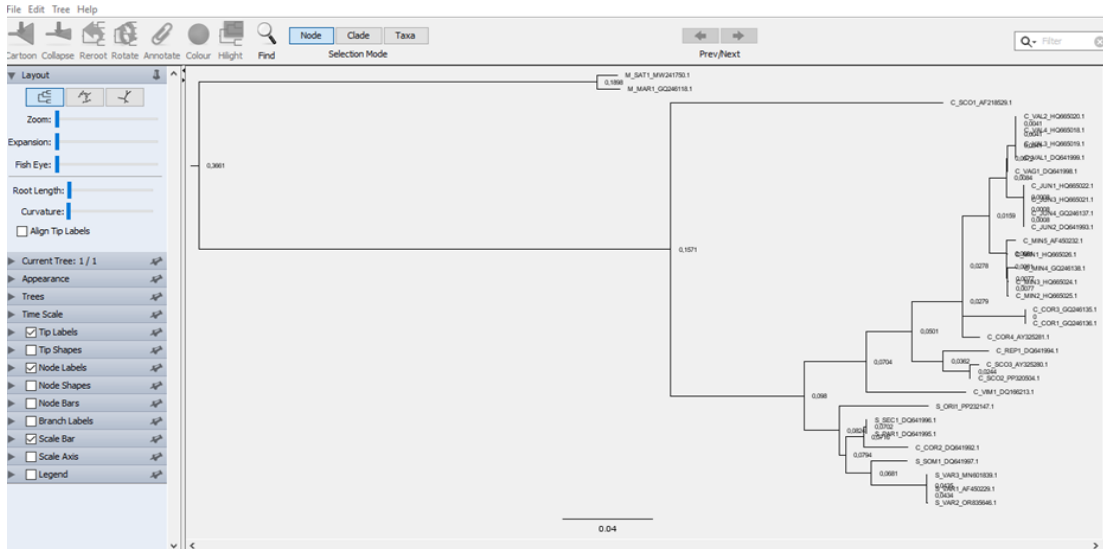


Figure 43 : Capture d'écran d'un arbre phylogénétique dans FigTree

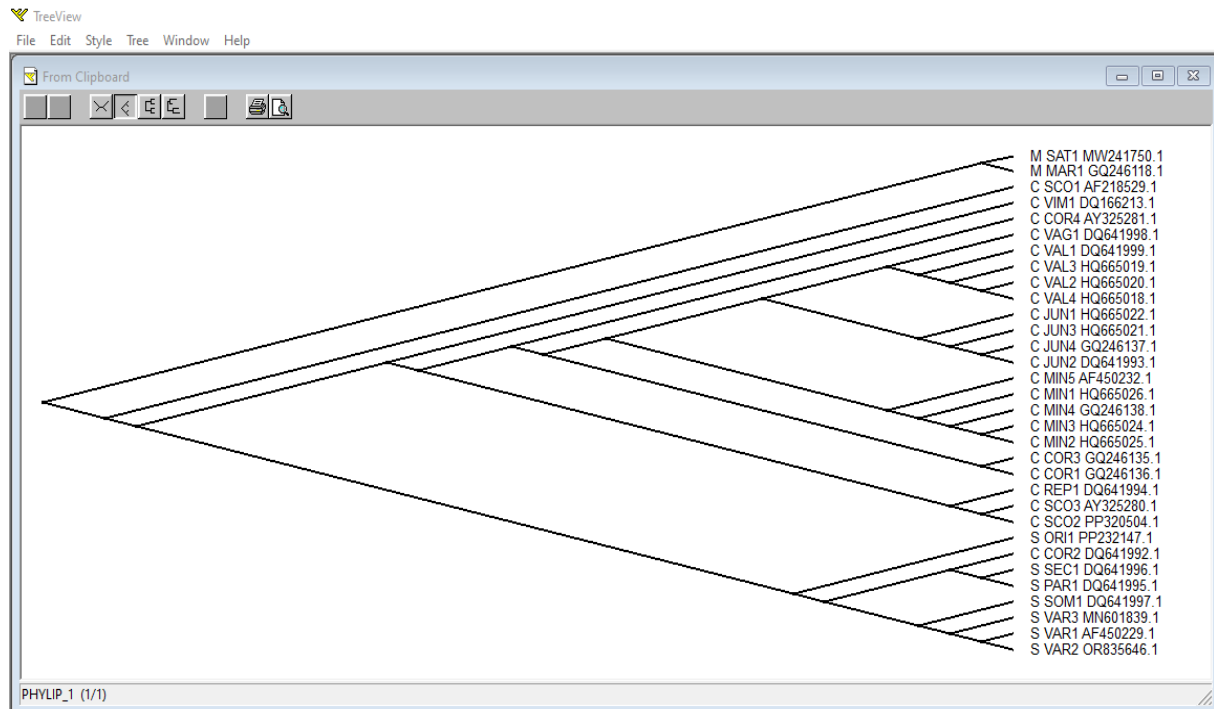


Figure 44 : Capture d'écran de l'arbre MEGA dans le programme TreeView en forme cladogramme

Forme phylogramme (Figure 45).

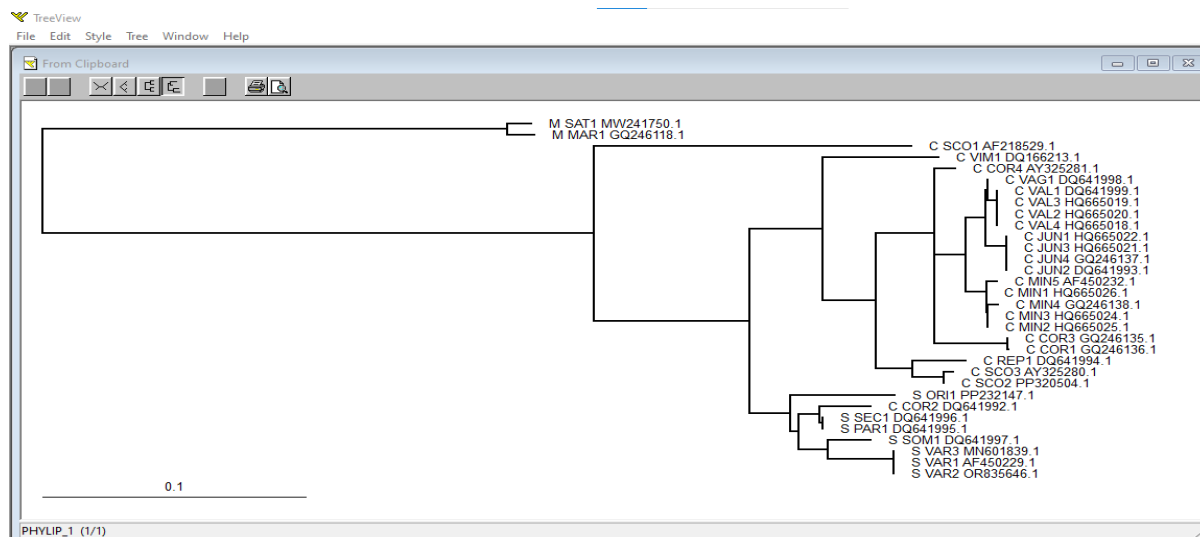


Figure 45 : Capture d'écran de l'arbore MEGA dans le programme Treeview en forme

Pour définir l'groupes externes, nous cliquons d'abord sur "Tree", puis sur "Define Outgroup". Nous sélectionnons les deux espèces *Medicago sativa* et *Medicago marina* comme groupes externes (Figure 46). Ensuite, nous cliquons sur "Tree" à nouveau et choisissons "Root with Outgroup". En utilisant FigTree, nous effectuons des rotations pour optimiser l'affichage De l'arbre phylogénétique (Figure 47).

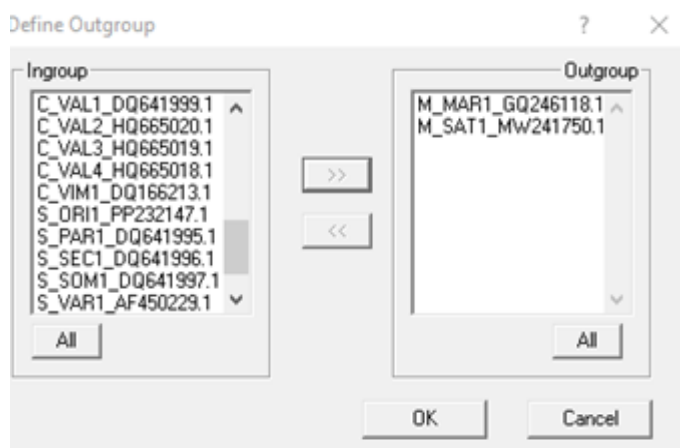


Figure 46 : capture d'écran de l'identification de l'outgroupe

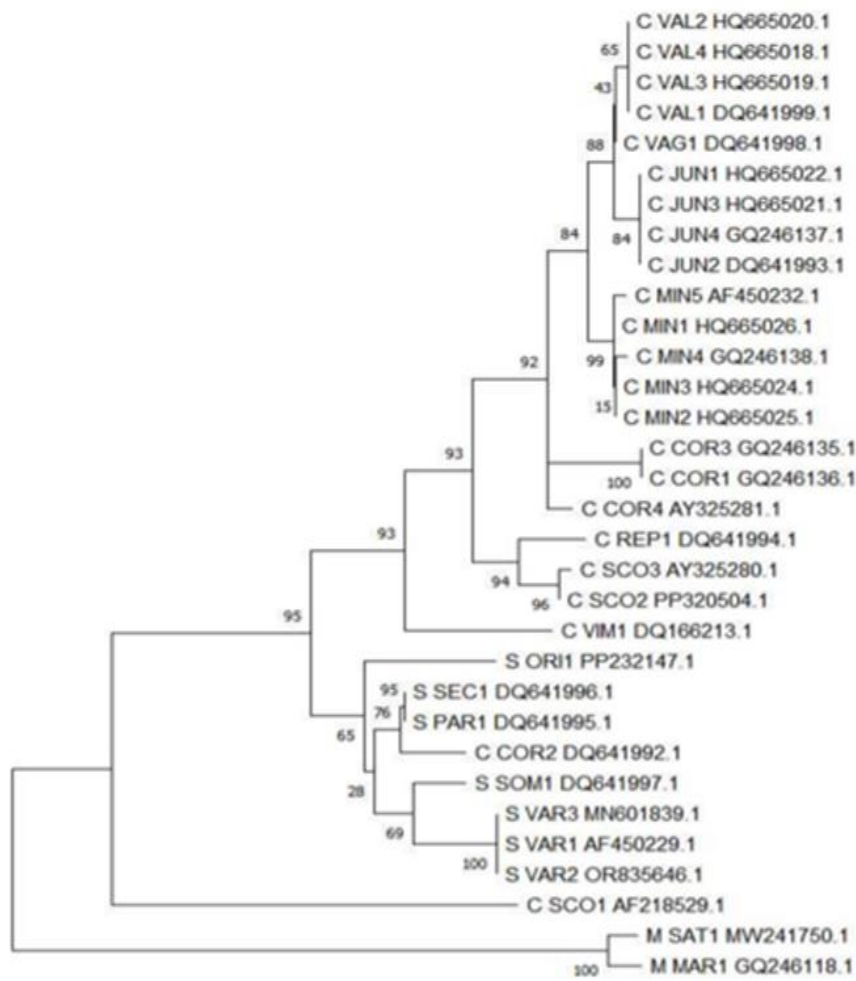


Figure 47 : arbre phylogénétique finale de programme MEGA.

2.8 Programme Phylip3.698

On lance le programme PHYLIP 3.698 en utilisant toujours la méthode du maximum de vraisemblance. On clique sur seqboot pour générer des répliquats bootstrap (100) et on renomme le fichier outfile en infile. Ensuite, on lance dnaml pour utiliser ces répliquats pour estimer la topologie de l'arbre qui a la plus haute

Vraisemblance donnée les

données de séquences (Figure 48).

Figure 48 : capture d'écran de l'interface de

On clique sur exe dans dnaml, renommez le fichier outtree en intree. Ensuite, lancez consensus pour combiner ces arbres en un arbre consensuel, en spécifiant le fichier outfile produit précédemment par dnaml. Appuyez sur R pour indiquer

Figure 49 : capture d'écran de consense

Une analyse de consensus, puis sur Y pour continuer et lancer le processus (Figure 49).

Après avoir sélectionné outtree, le programme affiche la séquence de l'arbre généré par dnaml (Figure 50). Vous complétez cet arbre avec les valeurs de bootstrap pour obtenir un arbre phylogénétique complet. Ensuite, renommez outtree en "arbre ML avec bootstrap" pour une meilleure compréhension. Ensuite, ouvrez Le

Figure 50 : capture d'écran de la séquence de l'arbre généré par dnaml

programme TreeView et collez la séquence de l'arbre générée précédemment. TreeView affichera l'arbre. Pour afficher les valeurs de bootstrap sur les branches, cliquez sur "Show Edge Labels" car la méthode avec

les bootstrap n'inclut pas les longueurs de branche par défaut, on définir les groupe externee après on Root with groupe externee, voici l'arbre ml bootstrap (Figure 51).

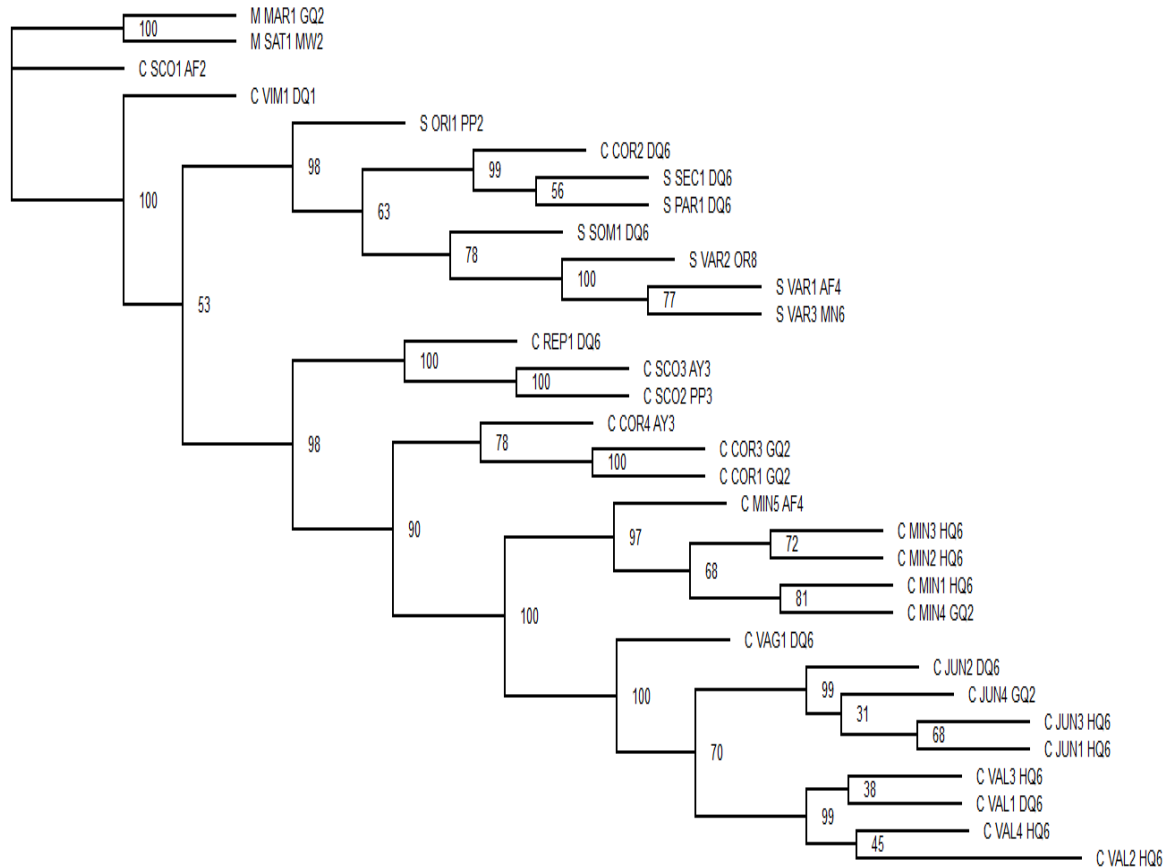


Figure 51 : capture d'écran de l'arbre ml bootstrap de programme phylip 3.698

Après, nous sélectionnons la séquence de *Coronilla* ITSM et relançons l'analyse avec Philip, en utilisant toujours les mêmes données mais cette fois avec une seule arborescence comme référence. Nous utilisons les valeurs de bootstrap (mlbs) comme référence pour estimer les longueurs de branches et obtenir l'arbre phylogénétique final. Pour ce faire, nous lançons dnaml en spécifiant le fichier de séquence *CoronillaITSM.phy* pour cette analyse spécifique. Ensuite, nous visualisons l'arbre dans le programme TreeView, qui affiche les longueurs de branches. Nous racinons l'arbre en utilisant les groupe externee pour une meilleure interprétation. Ensuite, nous ouvrons le programme FigTree et collons l'arbre pour le raciner en utilisant l'option "midpoint Root". Nous exportons l'arbre au format Newick. Ensuite, nous retournons à TreeView, collons la séquence et affichons l'arbre final. Nous ajoutons les valeurs

de bootstrap et complétons les références nécessaires pour une interprétation précise. Voici l'arbres phylogénétiques de programme PHYLIP 3.698 (Figure 52).

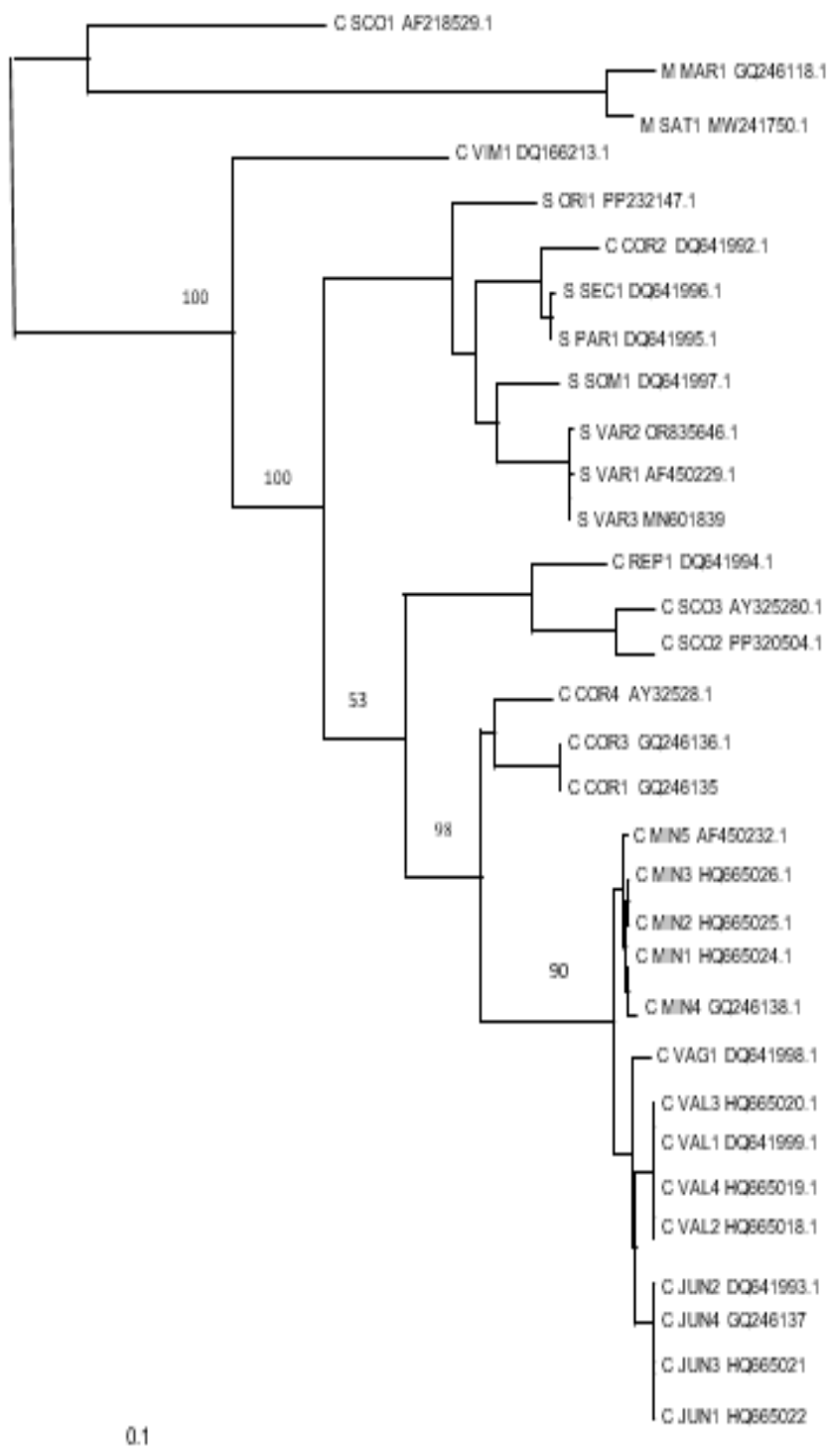


Figure 52 : capture d'écran de l'arbre phylogénétique final de programme Phylip 3.698

2.9 Programme Mr Bayes 3.2.7

Un logiciel avancé pour l'inférence bayésienne en phylogénie, utilisé pour reconstruire les relations évolutives entre espèces à partir de données moléculaires et morphologiques, applique des méthodes bayésiennes pour estimer les arbres phylogénétiques, intégrant la variabilité et les incertitudes des données. Le programme modélise l'évolution des séquences avec précision grâce à divers modèles substitutionnels. Les utilisateurs peuvent définir des priors informatifs et utiliser des méthodes MCMC (Markov Chain Monte Carlo) pour échantillonner les distributions postérieures des arbres et des paramètres de substitution. Cela permet d'obtenir une vision exhaustive et statistiquement robuste des relations phylogénétiques. Les valeurs de bootstrap obtenues par cette méthode représentent des probabilités, offrant ainsi une mesure directe de la confiance dans les branches des arbres phylogénétiques.

Après avoir installé le programme Mr Bayes 3.2.7 pour Windows 64 bits, notre séquence a été alignée à l'aide du programme ClustalX et enregistrée au format Nexus sous le nom "CoronillaITSM.nex". Ce fichier a ensuite été importé dans Mr Bayes en suivant les étapes décrites dans le manuel (v3.2, page 8). Mr Bayes a été lancé et les données ont été chargées avec la commande exécute CoronillaITSM.nex, acceptée sans erreur. Le modèle utilisé est celui de Kimura avec une distribution gamma (K2+G), qui comporte deux paramètres, et la commande lset nst=2 rates=gamma a été utilisée.

L'analyse MCMC a été paramétrée avec les options suivantes : mcmc ngen=50000 samplefreq=100 printfreq=100 diangfreq=1000. Cela signifie que 50 000 générations ont été demandées à Mr Bayes, avec un échantillonnage toutes les 100 générations, des résultats imprimés toutes les 100 générations, et des diagnostics vérifiés toutes les 1 000 générations. Cette analyse a été répétée trois fois, chaque fois avec 50 000 générations (Figure 53).

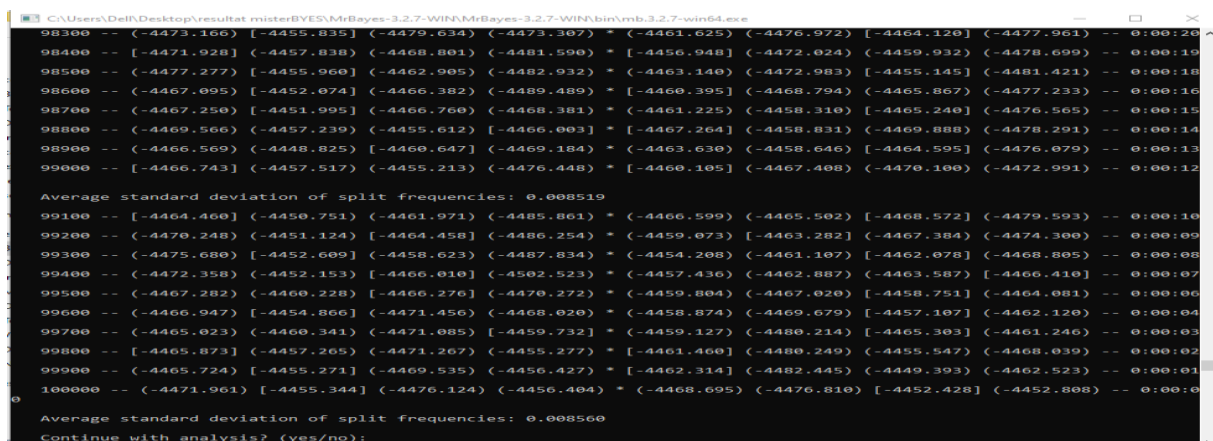


Figure 53 : capture d'écran de l'analyse des deux paramètres dans le programme MrBayes.

À la fin de l'analyse, le Tableau des résultats a été examiné. Pour que l'analyse soit valide, les valeurs moyennes de ESS (Effective Sample Size) devaient être supérieures à 100, et les valeurs de PSRF (Potentiel Scale Réduction Factor) devaient être proches de 1 (Figure 54).

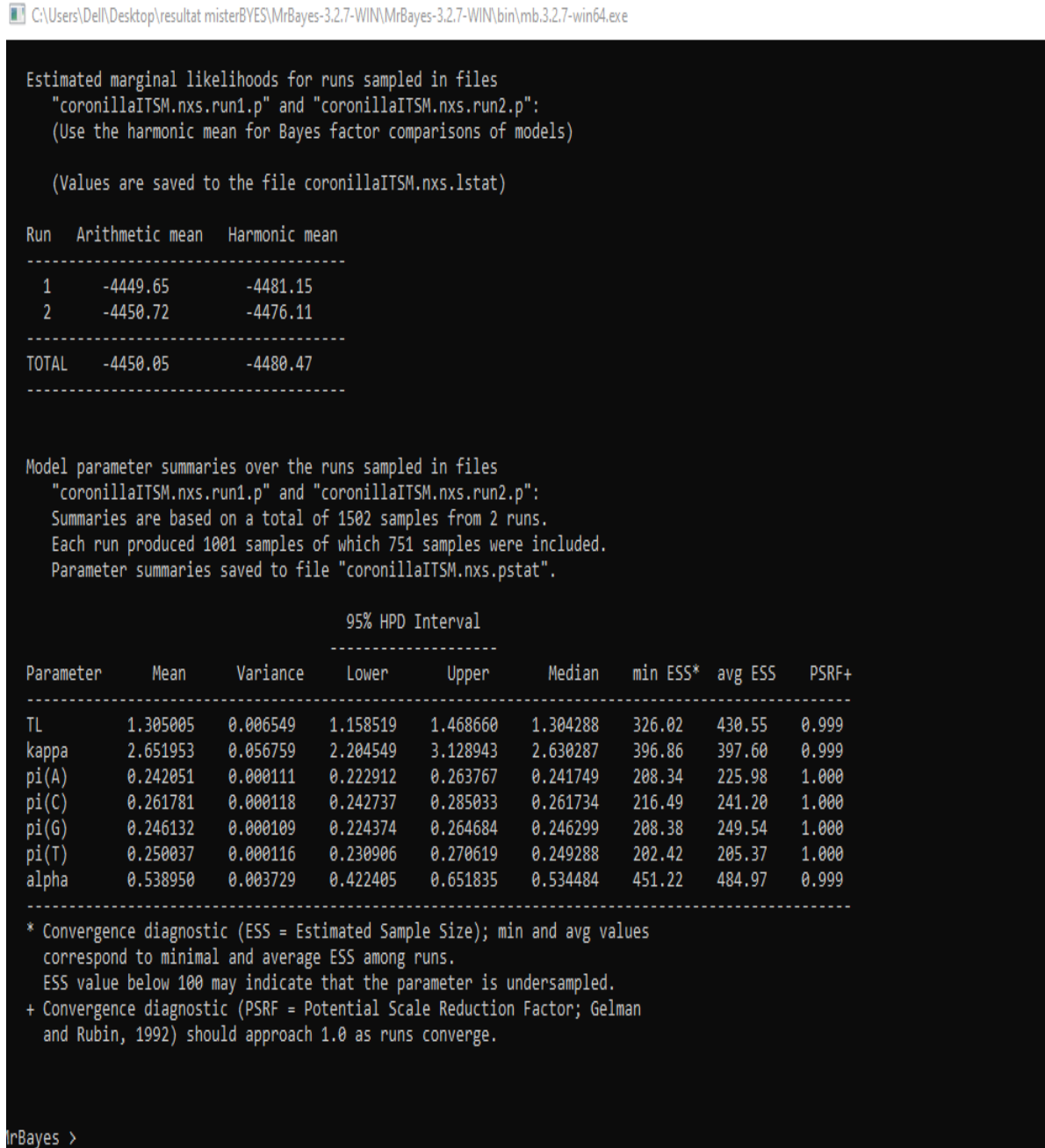


Figure 54 : Capture d'écran de tableau des résultat d'analyse de programme MrBayes.

L'arbre phylogénétique avec les valeurs de probabilité a posteriori (équivalentes aux valeurs de bootstrap en termes d'interprétation) a ensuite été généré (Figure 55).

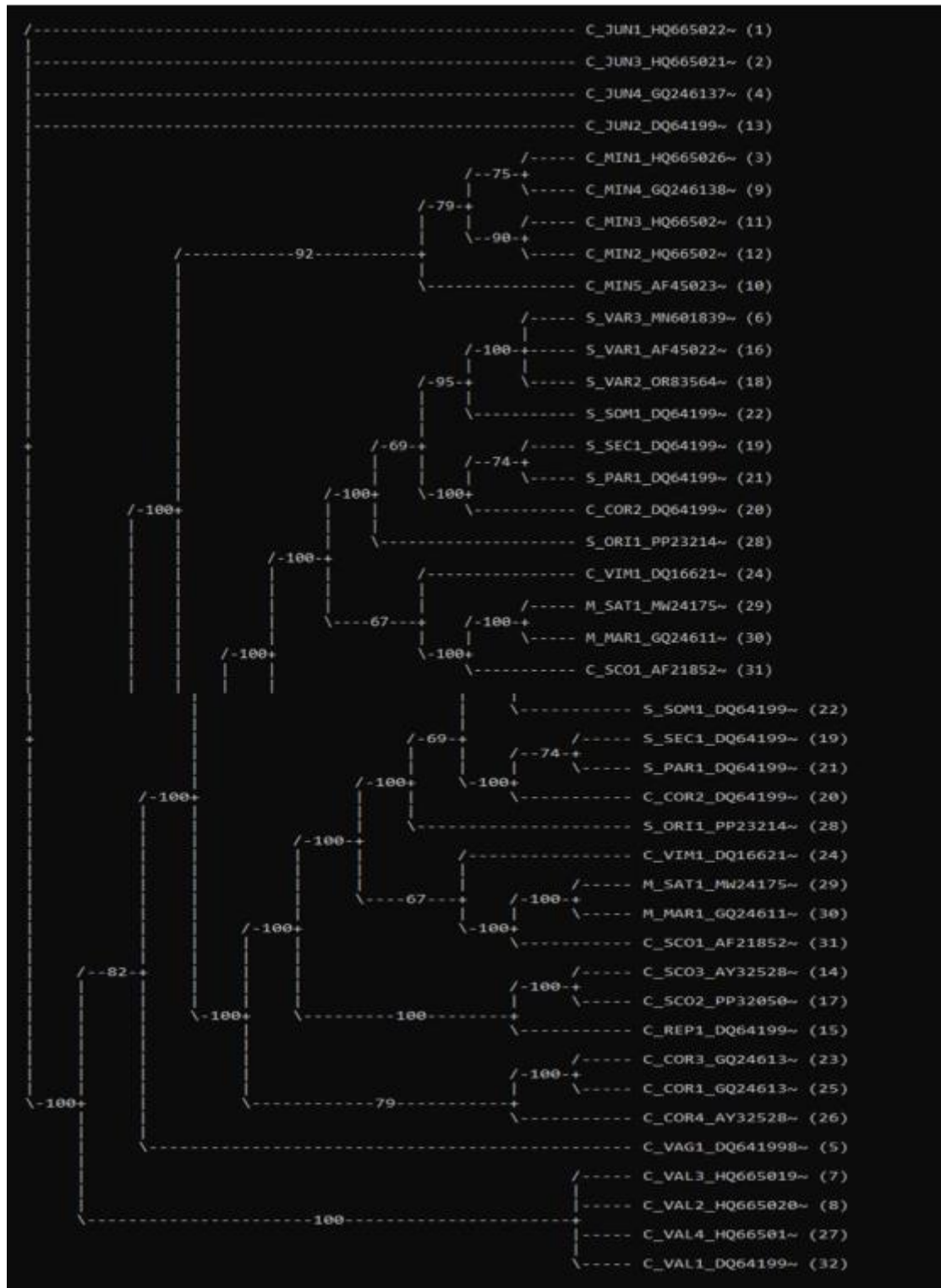


Figure 55 : Capture d'écran de L'arbre phylogénétique avec les probabilités postérieures (équivalentes aux valeurs de bootstrap en termes d'interprétation) de programme MrBayes.

CHAPITRE III :
RESULTATS
ET
DISCUSSIONS

3.1 RESULTATS

3.1.1 Le résultats phylogeny.fr

Les résultats obtenus par le logiciel phylogeny.fr concernant les espèces de genre *Coronilla* et *Securigera* présentes en Algérie et leurs degrés de rapprochement sont comme suit ;

L'arbre phylogénétique montre des groupes distincts pour les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera* présentes en Algérie. Les espèces de *Coronilla* sont indiquées par la lettre "C" et celles de *Securigera* par la lettre "S".

Pour les groupes monophylétiques, plusieurs observations peuvent être faites. En utilisant la méthode de reconstruction phylogénétique par maximum de vraisemblance, C SCO1 forme une branche distincte avec un support bootstrap de 100%, indiquant une divergence évolutive claire par rapport aux autres espèces. Un groupe majeur de *Coronilla* comprend les espèces telles que C VAL, C JUN, C MIN, et C COR3, avec des valeurs de support bootstrap élevées, ce qui montre une forte confiance dans ces relations évolutives. C REP1 est proche des espèces C SCO3 et C SCO2, avec un support bootstrap de 86%, suggérant une relation évolutive commune. C ORI1 est distinct mais proche des espèces telles que C COR2 et C PAR1.

En ce qui concerne *Securigera*, S ORI1 forme une branche distincte avec un support bootstrap de 92%, indiquant une divergence claire mais proche de C COR2. S PART et S SEC1 forment un groupe distinct avec un support bootstrap de 80%. S SOM1 est proche de S VAR1 et S VAR2, avec un support bootstrap de 97%.

Les espèces de *Coronilla* et *Securigera* montrent une divergence évolutive significative. Cependant, il existe des clades où elles sont relativement proches, indiquant des relations évolutives partagées plus anciennes. Par exemple, S ORI1 est relativement proche de certaines espèces de *Coronilla* comme C COR2.

Les valeurs de support bootstrap indiquent la confiance dans les regroupements évolutifs. Voici quelques pourcentages clés : 100% pour le clade contenant C SCO1, montrant une forte confiance dans cette séparation ; 79% pour le clade contenant C VM1 ; 88% pour le clade contenant plusieurs espèces de C JUN ; 94% pour le clade contenant C MIN et C COR4 ; 86% pour le clade contenant C REP1 et C SCO3 ; 92% pour le clade contenant S ORI1 ; 80% pour le clade contenant S PART et S SEC1 ; et 97% pour le clade contenant S SOM1 et S VAR1

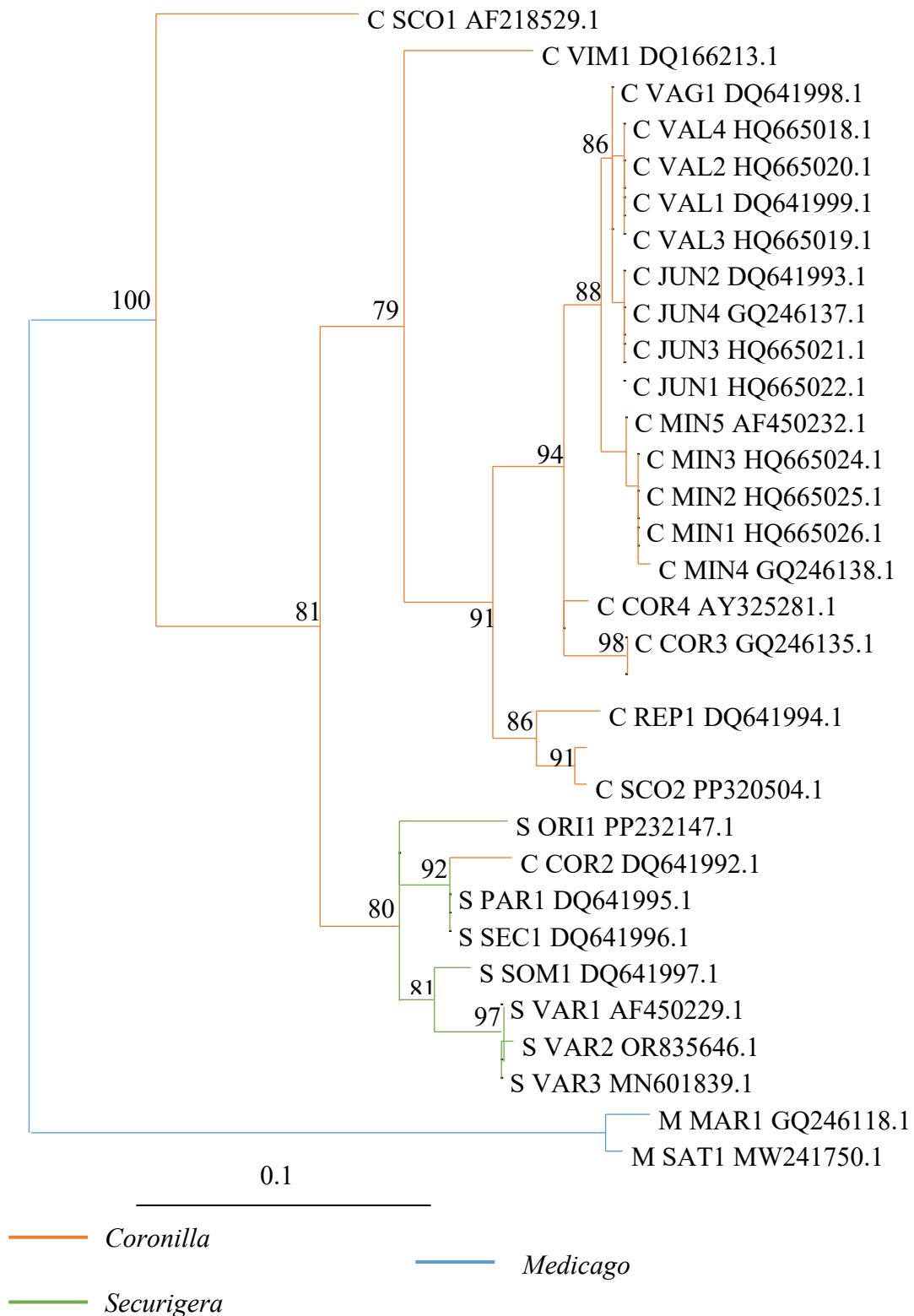


Figure 56 : Arbre de phylogénie.fr final des espèces de *Coronilla* et *Securigera* en utilisant *Medicago* comme groupe externe.

3.1.2 Résultat du logiciel MEGA d'après la méthode Maximum Likelihood

L'arbre phylogénétique obtenu avec le logiciel MEGA en utilisant la méthode de Maximum Likelihood montre des groupes distincts pour les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera* présentes en Algérie. Les espèces de *Coronilla* telles que C VAL et C VAG1 forment un groupe avec des valeurs de support bootstrap allant de 48% à 65%, indiquant une confiance modérée dans ces relations. Un groupe majeur de *Coronilla* comprenant les espèces C JUN, C MIN, et C COR3 a des supports bootstrap élevés, atteignant jusqu'à 99%, montrant une forte confiance dans ces regroupements. C REP1, C SCO3, et C SCO2 forment un groupe avec un support bootstrap de 95%, suggérant une relation évolutive commune claire. C ORI1 et C VM1 montrent un support de 93%, indiquant une divergence évolutive claire.

Pour *Securigera*, S ORI1 forme une branche distincte avec un support bootstrap de 93%, indiquant une divergence claire mais proche de C ORI1. S SEC1 et S PAR1 forment un groupe avec un support de 75%. S SOM1 est proche de S VAR1 et S VAR2 avec des supports bootstrap de 99%, montrant une forte confiance dans ces relations.

Les espèces de *Coronilla* et *Securigera* montrent une divergence évolutive significative. Cependant, il existe des clades où elles sont relativement proches, comme S ORI1 et C ORI1, indiquant des relations évolutives partagées plus anciennes.

Les valeurs de support bootstrap montrent la confiance dans les regroupements évolutifs. Quelques pourcentages clés incluent : 100% pour le clade contenant C COR1, montrant une forte confiance dans cette séparation ; 65% pour le groupe C VAL et C VAG1 ; 99% pour le groupe contenant plusieurs espèces de C MIN et C COR3 ; 95% pour le clade contenant C REP1, C SCO3, et C SCO2 ; 93% pour le clade contenant S ORI1 ; 75% pour le clade contenant S SEC1 et S PAR1 ; et 99% pour le clade contenant S SOM1 et S VAR1.

En conclusion, l'arbre phylogénétique obtenu avec le logiciel MEGA montre des groupes monophylétiques distincts pour les genres *Coronilla* et *Securigera*. Les valeurs de support bootstrap élevées indiquent une forte confiance dans plusieurs des relations évolutives. Les espèces de *Coronilla* montrent une diversification notable par rapport à celles de *Securigera*, mais certaines relations proches entre les deux genres suggèrent des ancêtres communs plus anciens.

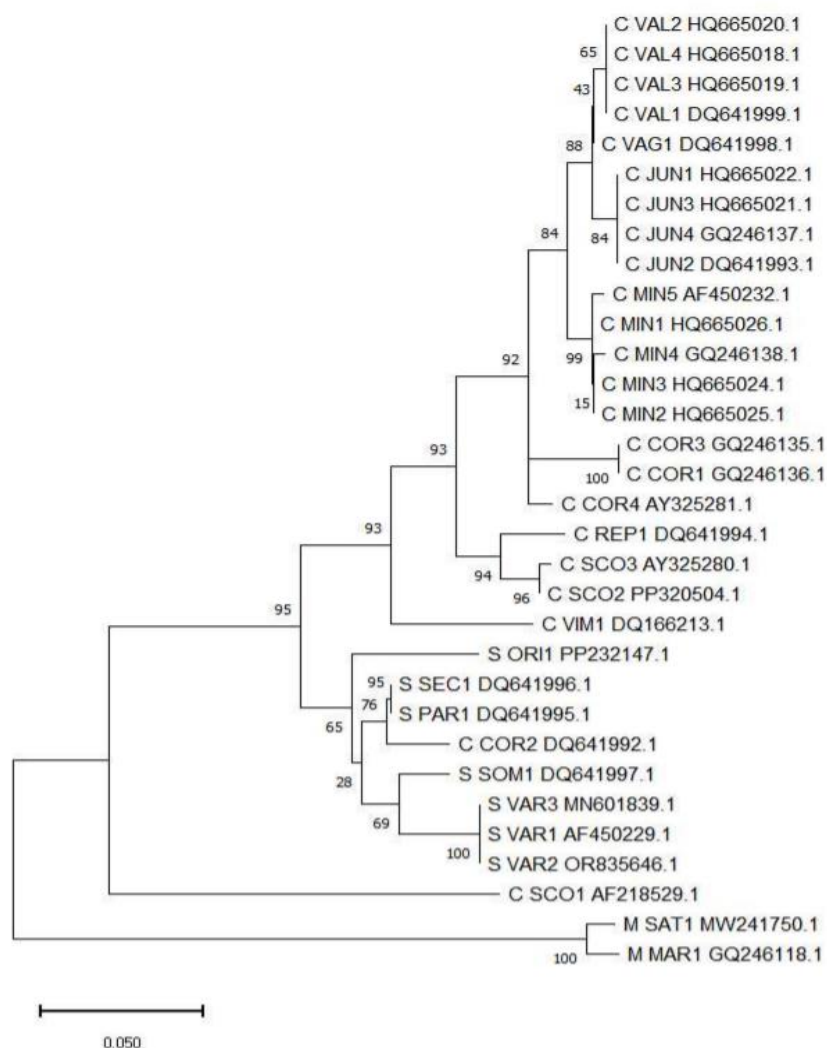


Figure 57 : Arbre phylogénétique final des espèces de *Coronilla* et *Securigera* généré avec MEGA en utilisant la méthode maximum de vrai semblance.

3.1.3 Résultat de DNAML de Phylip3.698

L'arbre phylogénétique révèle des clades distincts pour *Medicago*, *Securigera* et *Coronilla*, chacun avec des degrés de support variés. *Medicago*, utilisé comme groupes

externes, comprend deux séquences : M. MARI (GQ246181.1) et M. SAT1 (MWA17501.1). Ce clade affiche une valeur de bootstrap de 100, indiquant un support très fort et une distinction claire de ce groupe par rapport aux autres genres étudiés.

Pour *Securigera*, le clade comprend plusieurs séquences : S. ORII (PP22147.1), S. SEC1 (DQ641996.1), S. PAR1 (DQ641995.1), S. SOM1 (DQ641997.1), S. VAR2 (AF450239.1), et S. VAR3 (MN601738). Le sous-clade formé par S. SEC1, S. PAR1 et S. SOM1 présente une valeur de bootstrap de 78, ce qui indique un support modéré. Globalement, le clade de *Securigera* a un support de 63, suggérant que la monophylie de ce groupe est modérément soutenue et que des données supplémentaires pourraient être nécessaires pour renforcer ces relations.

Le clade de *Coronilla* inclut de nombreuses séquences telles que C. SCO1 (AF218529.1), C. REP1 (DQ641994.1), C. SCO3 (AY252820.1), C. COR2 (DQ641992.1), entre autres. Le sous-clade regroupant C. CORA (AY252821.1) et C. COR3 (GQ246316.1) a une valeur de bootstrap de 98, indiquant un support très fort. D'autres sous-clades, incluant des espèces comme C. JUN2 (DQ641993.1) et C. JUN3 (HQ685621), affichent également des valeurs de support élevées.

En examinant les relations entre les espèces proches, au sein de *Securigera*, les espèces les plus proches sont S. SEC1 et S. PAR1, avec une valeur de bootstrap de 78. Pour *Coronilla*, les espèces les plus proches sont C. COR3 et C. CORA, avec une valeur de bootstrap de 98. De plus, les espèces C. MIN3, C. MIN2, C. MIN1 et d'autres montrent des valeurs de bootstrap élevées (par exemple, 98), indiquant des relations étroites au sein de ce groupe.

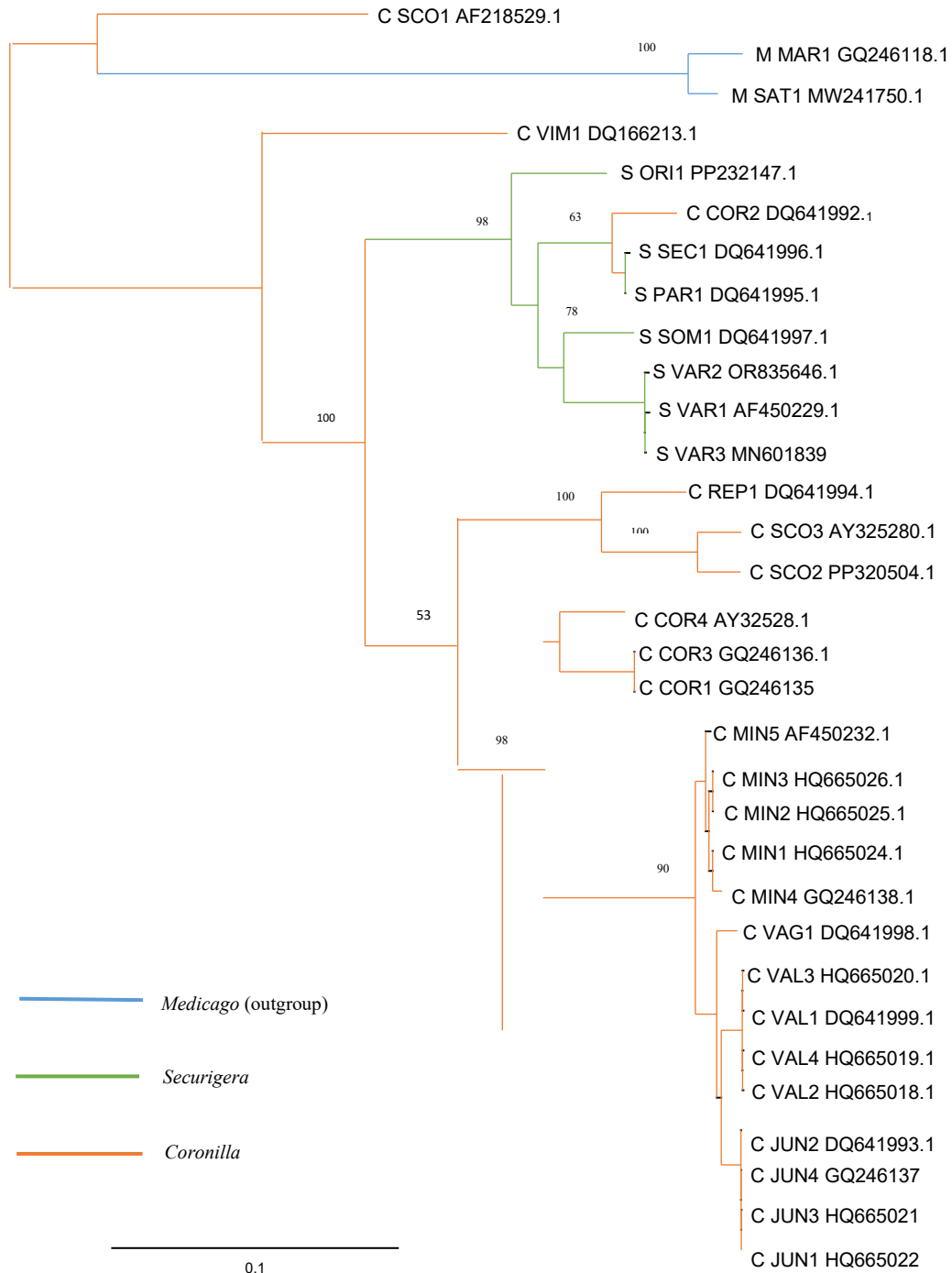


Figure 58 : Arbre phylogénétique final des espèces de *Coronilla* et *Securigera* généré avec DNAML de phylip3.698.

3.1.4 Résultat du logiciel de MrBayes

L'arbre phylogénétique généré par MrBayes montre des clades distincts pour *Medicago*, *Securigera* et *Coronilla*, chacun ayant des valeurs de support variées. *Medicago*, utilisé comme groupe externe, comprend deux séquences : M. MARI (GQ246181.1) et M. SAT1 (MWA17501.1), avec une valeur de bootstrap de 100, indiquant un fort support et une distinction nette par rapport aux autres genres étudiés.

Pour *Securigera*, le clade comprend plusieurs séquences : S. ORII (PP22147.1), S. SEC1 (DQ641996.1), S. PAR1 (DQ641995.1), S. SOM1 (DQ641997.1), S. VAR2 (AF450239.1) et S. VAR3 (MN601738). Le support global pour ce clade est modéré, avec une valeur de 67. Au sein de *Securigera*, les sous-clades montrent des valeurs de support variées : le sous-clade comprenant S. SEC1 et S. PAR1 a une valeur de bootstrap de 74, indiquant un support modéré, tandis que les séquences S. VAR2, S. VAR3 et S. VAR1 montrent une relation étroite avec un fort support (100).

Le clade de *Coronilla* inclut de nombreuses séquences : C. SCO1 (AF218529.1), C. REP1 (DQ641994.1), C. SCO3 (AY252820.1), C. COR2 (DQ641992.1), C. COR4 (AY252821.1), entre autres. Les sous-clades au sein de *Coronilla* sont bien supportés, comme celui regroupant C. CORA et C. COR3, qui a une valeur de bootstrap de 100, indiquant un fort support. D'autres sous-clades, incluant des espèces comme C. MIN3, C. MIN2, C. MIN1 et d'autres, affichent également des valeurs de support élevées (92), suggérant des relations évolutives étroites au sein de ce groupe. De même, les séquences C. VAL2, C. VAL3, C. VAL4 et autres montrent un fort support avec une valeur de bootstrap de 100.

En examinant les relations entre espèces proches, au sein de *Securigera*, les espèces les plus proches sont S. SEC1 et S. PAR1, avec une valeur de bootstrap de 74. Les espèces S. VAR2, S. VAR3 et S. VAR1 montrent une relation étroite avec une valeur de bootstrap de 100. Pour *Coronilla*, les espèces les plus proches incluent C. COR3 et C. CORA, avec une valeur de bootstrap de 100. Les espèces C. MIN3, C. MIN2, C. MIN1 et d'autres montrent des valeurs de bootstrap élevées (92), indiquant des relations étroites. De même, les espèces C. VAL2, C. VAL3, C. VAL4 et autres montrent également une forte proximité avec une valeur de bootstrap de 100.

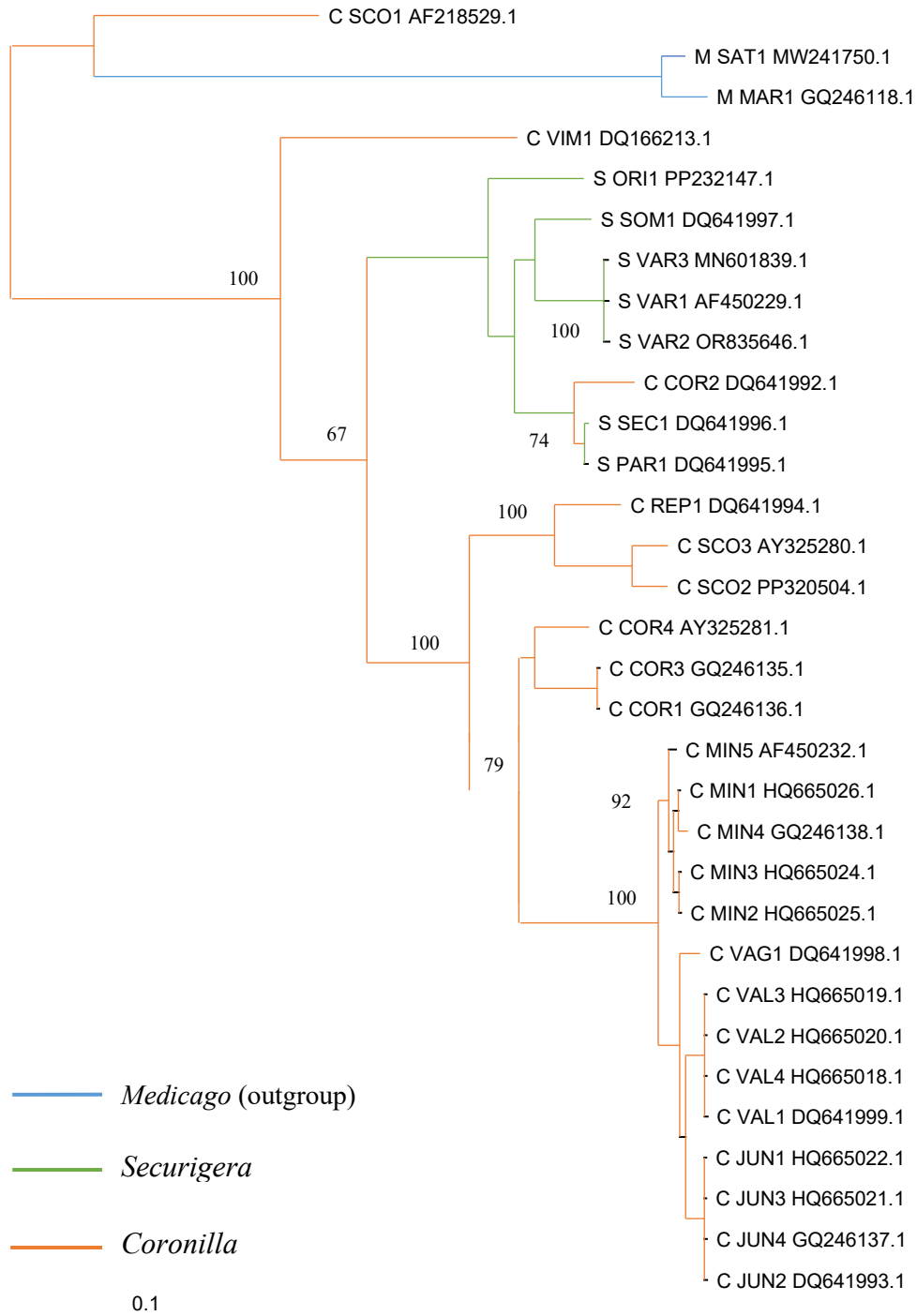


Figure 59 : Arbre phylogénétique final des espèces de *Coronilla* et *Securigera* généré avec MrBayes.

3.2 Discussion générale

Les analyses phylogénétiques des espèces des genres *Coronilla* et *Securigera*, réalisées à l'aide des logiciels phylogeny.fr, MEGA, PHYLIP 3.698, MrBayes, montrent des résultats globalement similaires. Les deux méthodes utilisées, Maximum Likelihood et Bayésienne, ont permis de dégager des clades monophylétiques bien définis pour *Coronilla* et *Securigera*. Tous les logiciels ont révélé des supports bootstrap élevés pour des groupes spécifiques, indiquant une forte confiance dans les relations évolutives. Par exemple, les espèces C. SCO1, C. JUN, C. MIN, et C. COR3 forment des groupes distincts avec des valeurs de support élevées dans toutes les analyses. *Securigera* montre également des clades bien supportés, avec des valeurs de bootstrap élevées pour les groupes incluant S. ORI1, S. PART, S. SEC1, S. SOM1, S. VAR1, et S. VAR2. Bien que les valeurs de support varient légèrement entre les méthodes et les logiciels, la structure générale des arbres phylogénétiques reste cohérente, indiquant des relations évolutives proches entre certaines espèces et des divergences claires entre d'autres. Les différences mineures observées concernent principalement les degrés de proximité entre certaines espèces spécifiques, mais l'ensemble des résultats confirme la robustesse des relations évolutives identifiées, suggérant des ancêtres communs et des divergences évolutives bien définies pour les genres *Coronilla* et *Securigera*.

Ces deux arbre phylogénétique, généré à l'aide des logiciels Mr Bayes 3.2.7 et PHYLIP 3.698 montrent deux séquences méritant une attention particulière. La séquence C VIM1 DQ166213.1 forme un groupe distinct tout seul, ce qui suggère qu'elle pourrait représenter une lignée évolutive unique ou possiblement une espèce non encore correctement classifiée au sein du genre *Coronilla*. De plus, la séquence C SCO1 AF218529.1 se place en dehors du clade principal de *Coronilla* et se regroupe avec le groupe externe *Medicago*. Cela pourrait indiquer une relation évolutive plus ancienne ou un positionnement taxonomique incorrect, voire une divergence génétique significative au sein du genre *Coronilla*.

Pour déterminer à quel genre appartiennent ces deux séquences, nous utiliserons le site BLAST pour effectuer ces analyses. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) permet de comparer les séquences d'ADN (Acide Désoxyribonucléique) ou de protéines contre une base de données de séquences existantes afin d'identifier des similarités significatives. En soumettant les séquences C VIM1 DQ166213.1 et C SCO1 AF218529.1 à BLAST, nous pourrions trouver des correspondances proches et potentiellement déterminer leur appartenance

génétique précise. Cette analyse nous aidera à confirmer si ces séquences sont correctement classifiées ou si elles doivent être reconsidérées dans un autre contexte taxonomique.

D'abord, on a téléchargé la séquence de C VIM1 DQ166213.1 dans le site NCBI se forme Fasta (Figure 60).

Coronilla viminalis isolate 401Cor_vim internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

GenBank: DQ166213.1

[GenBank](#) [Graphics](#) [PopSet](#)

```
>DQ166213.1 Coronilla viminalis isolate 401Cor_vim internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGCATCCTCCACACCAACCCGTGAACACGTTGACTATCGCATTGCGCGCAAGTGCTTGGGGAAGGGGG
CGCCGCGCACGCGCAACGCTGGCCGCCGACCCCTTCTTCTCGCAAACCAAACAAACCCGCGCTAAC
GCGTCAAGGAAAACCAACTGTCCAGTGCGCGCTCTGCGGGCTCCGGAGACGGCGCCGCGCATGCCGC
GTCACGACACATACCACATAAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAAGT
AGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGC
CCGAAGCCATTAGGCGGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACACATCGTTGCCCAACGCCAACGCCTTT
TGGGGTGGATGCTGGCTTCCCGTGAGACACGACTCGCGGTTGGTCAAAAATCGAGTCCGTGGTAGGG
TTTACCATGACGCACGGTGGCTGAGTAATGCTCGAGACAGTTGTGGCAAACCTATCGCGTTCGGGCTC
CTGAGACCCCATGTGTTATAACCACTCTCACAA
```

Figure 60 : Capture d'écran de l'interface de la séquence de *Coronilla viminalis* au format Fasta.

Ensuite, nous collerons la séquence dans le site BLAST (Figure 61).

Figure 61 : Capture d'écran de l'interface de site BLAST.

On clique sur le bouton "BLAST", et l'analyse s'affichera (Figure 61).

	Description	Scientific Name	Common Name	Taxid	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☐	Coronilla viminalis isolate 401Cor_vim internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Coronilla viminalis	NA	347984	1096	1096	100%	0.0	100.00%	593	DQ166213.1
☐	Securigera somalensis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Securigera somalensis	NA	390706	556	556	81%	2e-153	87.45%	633	DQ641997.1
☐	Coronilla juncea voucher MUB 111378 18S ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Coronilla juncea	NA	390703	551	551	77%	1e-151	88.44%	796	HQ665023.1
☐	Coronilla juncea voucher MUB 111154 18S ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Coronilla juncea	NA	390703	551	551	77%	1e-151	88.44%	798	HQ665021.1
☐	Coronilla juncea internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Coronilla juncea	NA	390703	551	551	77%	1e-151	88.44%	585	GQ246137.1
☐	Coronilla juncea internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Coronilla juncea	NA	390703	551	551	77%	1e-151	88.44%	585	DQ641993.1
☐	Coronilla valentina subsp. glauca voucher MUB 111375 18S ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Coronilla valentina subsp. glauca	NA	118894	549	549	79%	4e-151	87.87%	792	HQ665018.1
☐	Coronilla valentina subsp. glauca voucher MUB 111376 18S ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Coronilla valentina subsp. glauca	NA	118894	549	549	79%	4e-151	87.87%	791	HQ665019.1
☐	Coronilla valentina internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Coronilla valentina	NA	118893	547	547	79%	1e-150	87.87%	578	DQ641999.1
☐	Securigera elegans isolate 41 internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Securigera elegans	NA	181251	545	545	82%	5e-150	86.96%	637	AF450231.1
☐	Securigera varia isolate BH1987cv from USA internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Securigera varia	NA	53861	545	545	81%	5e-150	87.10%	641	AF218537.1
☐	Securigera varia isolate S_varia small subunit ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Securigera varia	NA	53861	542	542	81%	6e-149	86.90%	728	OR428741.1
☐	Coronilla vaginalis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Coronilla vaginalis	NA	390707	542	542	77%	6e-149	88.06%	577	DQ641998.1
☐	Magnoliophyta environmental sample clone N01_061617_1A ITS small subunit ribosomal RNA gene partial sequence	Magnoliophyta	NA	202726	540	540	81%	2e-148	86.90%	712	MN273365.1
☐	Magnoliophyta environmental sample clone B21_062416_B4 ITS small subunit ribosomal RNA gene partial sequence	Magnoliophyta	NA	202726	540	540	81%	2e-148	86.90%	723	MN273356.1
☐	Securigera varia isolate S_varia_L121_1 small subunit ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Securigera varia	NA	53861	540	540	81%	2e-148	86.90%	727	OR835646.1
☐	Coronilla sp. JFJ-2011 voucher MUB 111166 18S ribosomal RNA gene partial sequence internal transcribed spacer 1	Coronilla sp.	NA	980896	536	536	77%	3e-147	87.96%	787	HQ665027.1
☐	Securigera varia internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1	Securigera varia	NA	53861	536	536	81%	3e-147	86.71%	641	AF450229.1

Figure 62 : Capture d'écran de l'analyse de site BLAST pour *Coronilla viminalis* .

Ces résultats suggèrent que la séquence de *Coronilla viminalis* est unique et bien représentée dans la base de données BLAST. La correspondance à 100 % indique que la séquence est identique à celle déjà enregistrée pour *Coronilla viminalis*. La similarité de 87.45 % avec *Securigera somalensis* indique qu'il existe une certaine relation évolutive entre ces deux espèces, bien que distinctes. Cela pourrait refléter une divergence génétique entre les genres *Coronilla* et *Securigera*.

La deuxième séquence c'est la séquence de *Coronilla scorpioides* donc on va suivre les mêmes étapes qu'on a fait avec *Coronilla viminalis* on va télécharger la séquence de C SCO1 AF218529.1 dans le site NCBI au format Fasta (Figure 62).

Figure 63 : capture d'écran de l'interface de la séquence de *Coronilla Scorpioides* se forme Fasta.

Ensuite, nous collerons la séquence dans le site BLAST (Figure 63).

Figure 63 : Capture d'écran de l'interface de site BLAST. On clique sur le bouton "BLAST", et l'analyse s'affichera (Figure 64).

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy					
Sequences producing significant alignments								
Download Select columns Show 100								
select all 100 sequences selected								
GenBank Graphics Distance tree of results MSA Viewer								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Coronilla scorpioides internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . c...	Coronilla scorpioi...	1120	1120	100%	0.0	100.00%	606	AF218529.1
Hosackia rosea internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . compl...	Hosackia rosea	1103	1103	100%	0.0	99.50%	606	DQ642005.1
Hosackia stipularis var. ottleyi isolate CBP115 18S ribosomal RNA gene . partial sequence . internal transcribed sp...	Hosackia stipular...	1086	1086	100%	0.0	99.01%	691	MF963891.1
Lotus crassifolius var. crassifolius internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribe...	Lotus crassifolius...	1070	1070	100%	0.0	98.51%	606	AF218523.1
Lotus oblongifolius internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . co...	Lotus oblongifolius	893	893	100%	0.0	93.25%	606	AF218525.1
Lotus oblongifolius internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . co...	Lotus oblongifolius	889	889	100%	0.0	93.08%	606	AF450170.1
Hosackia pinnata internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . com...	Hosackia pinnata	876	876	100%	0.0	92.66%	613	DQ642004.1
Lotus chihuahuensis internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . c...	Lotus chihuahuah...	830	830	100%	0.0	90.62%	606	AF450159.1
Lotus formosissimus internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . c...	Lotus formosissi...	811	811	100%	0.0	91.21%	596	AF218524.1
Acmispon grandiflorus internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 ...	Acmispon grandifi...	776	776	100%	0.0	89.76%	612	AF218508.1
Coronilla valentina subsp. glauca internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribe...	Coronilla valentin...	776	776	100%	0.0	89.74%	612	AF218530.1
Acmispon wrangelianus internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer ...	Acmispon wrang...	771	771	100%	0.0	89.58%	612	AF218514.1
Lotus oroboides internal transcribed spacer 1 . 5.8S ribosomal RNA gene . and internal transcribed spacer 2 . compl...	Lotus oroboides	771	771	100%	0.0	89.58%	612	AF218510.1

Figure 64: Capture d'écran de résultat de l'analyse de site BLAST pour *Coronilla scorpioides*

Les résultats montrent que BLAST a trouvé sa propre séquence avec correspondance de 100 %. Ensuite, la séquence la plus proche est celle de celle Hosackia avec une similarité de 99.50 % et celle de Lotus avec une similarité de 98.51 % aussi.

Ces résultats indiquent que les séquences de *Coronilla scorpioides* et *Lotus* sont identiques dans les régions comparées. Cela peut suggérer que ces séquences partagent une région hautement conservée de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique), ce qui est fréquent dans les régions codantes ou les gènes conservés. Une autre possibilité est qu'il y ait eu une erreur dans l'annotation ou le dépôt des séquences dans la base de données.

Remarque

Nous avons effectué une recherche sur les séquences des genres *Coronilla* et *Securigera* dans le site NCBI. Nous avons éliminé une séquence de *Coronilla valentina* (AF218530.1) car elle appartient à l'groupes externes. Voici la séquence (Figure 65).

Coronilla valentina subsp. glauca internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

GenBank: AF218530.1

[GenBank](#) [Graphics](#) [PopSet](#)

```
>AF218530.1 Coronilla valentina subsp. glauca internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGTATCCTTACAATCAAACCAACGTGTGAACCTGTTGACTATTTGGGTGGGCTTTGGGGTGATTCCA
CCTCAACCTCCCAAGTCAGGAGTGGGACACAACGCGTTTGTTCTCTCTTGATAAATAACAAACCCC
GACGCTAGATGCGTCAAGGAATTGAAATTGTTCAGTGTGCTCTGCCGGCACCAGGGACGGTGATCGTGC
AGGTCGTGCAACAACACATTTTACACATAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGA
AGAAGCTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAA
GTTGCGCCCGATGCCATTAGGTTGAGGGCACGCTGCTGGGTGTACACATCGTTGCCCAACACCAAAA
CGCTTTGTGCTTGGTGGAAATGTGGGGTGAATGTTGGCTTCCCGTGAAGTGTGTCTACGGTTGGTTGAAA
TCTGAGTCCATGGTAGTGTGACCATGATGGATGGTGGTTGAGTACTGCTCGAAAAACCAATCATGGGAAA
CTCTATTCTTCTTGGGCTCTAGTAACCCATGTGCGTTTAAGTACGCTCACAA
```

Figure 65 : Capture d'écran de l'interface de la sequences de *Coronilla valentina* af 218530 BLAST

Est principalement utilisé pour l'analyse de séquences d'ADN (Acide Désoxyribonucléique) ou de protéines dans le cadre de la bioinformatique. Il n'est pas conçu pour générer des expressions à partir de phrases. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) est utilisé pour comparer une séquence donnée avec une base de données pour trouver des séquences similaires (Figure 66). (Altschul, 1990) Lors de l'utilisation de BLAST pour rechercher la séquence spécifique, le résultat initial a indiqué une similarité avec *Coronilla valentina*. Cependant, des vérifications ultérieures ont révélé que la séquence correspondait en fait à celle de *Lotus*, ce qui suggère une divergence ou une confusion dans les données.

Sequences producing significant alignments			Download	Select columns	Show	100			
☒ select all	100 sequences selected		GenBank	Graphics	Distance tree of results	MSA Viewer			
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Acc. Len	Accession
☒	Coronilla valentina subsp. glauca internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Coronilla valentina	1104	1104	100%	0.0	100.00%	612	AF218530.1
☒	Lotus oroboides internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus oroboides	1100	1100	100%	0.0	99.84%	612	AF218510.1
☒	Lotus strigosus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus strigosus	1064	1064	100%	0.0	98.53%	612	AF218513.1
☒	Acmispon wrangelianus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Acmispon wrang...	1059	1059	100%	0.0	98.37%	612	AF218514.1
☒	Lotus cedrosensis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus cedrosensis	1055	1055	100%	0.0	98.20%	612	AF218507.1
☒	Lotus cedrosensis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus cedrosensis	1052	1052	100%	0.0	98.04%	612	AF450173.1
☒	Ottleya utahensis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Acmispon utahen...	1048	1048	100%	0.0	98.04%	611	DQ642006.1
☒	Acmispon rigidus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Acmispon rigidus	1044	1044	100%	0.0	97.88%	613	AF218511.1
☒	Acmispon grandiflorus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Acmispon grandif...	1028	1028	100%	0.0	97.22%	612	AF218508.1
☒	Lotus benthamii internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus benthamii	1001	1001	100%	0.0	96.24%	612	AF450203.1
☒	Lotus heermanni internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus heermanni	1001	1001	100%	0.0	96.24%	612	AF218519.1
☒	Acmispon dendroideus var. dendroideus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal tra	Acmispon dendr...	996	996	100%	0.0	96.08%	612	AF218518.1
☒	Acmispon argophyllus var. adsurgens internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal tra	Acmispon argop...	996	996	100%	0.0	96.08%	612	AF218515.1
☒	Acmispon argophyllus var. niveus isolate CDA-0054053 small subunit ribosomal RNA gene partial sequence inte	Acmispon argop...	992	992	100%	0.0	95.92%	675	OK161285.1
☒	Lotus nuttallianus internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus nuttallianus	992	992	100%	0.0	95.92%	612	AF218520.1
☒	Lotus nevadensis internal transcribed spacer 1 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2	Lotus nevadensis	992	992	100%	0.0	95.92%	612	AF218509.1

htc.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Get&ADV_VIEW=yes&ADV_VIEW=on&ALIGNMENTS=100&ALIGNMENT_VIEW=Pairwise&CONFIG_DESCR=ClustMemNbrClustCommDnScMsTcTvCovEvalIdentAccLenAcc&DATABASE_SORT=0&DB=

Figure 67 : Capture d'écran de résultat de l'analyse de BLAST

Cela montre qu'elle a trouvé sa propre séquence à 100% après on va voir directement la séquence de *Lotus* à 99,84% donc on conclut d'après une recherche BLAST qu'il ne s'agit pas de coronilles il s'agit des *Lotus*.

CONCLUSION

Dans cette étude, nous avons privilégié la méthode du maximum de vraisemblance et la méthode bayésienne pour analyser les séquences d'ADN (Acide Désoxyribonucléique) et comprendre les relations phylogénétiques entre les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera*. Bien que ces deux méthodes offrent des résultats plus précis que les méthodes de distances et de parcimonie, elles exigent un temps de calcul plus élevé (Smith, 2018; Brown, 2016).

Les quatre programmes utilisés ont généré des phylogénies globalement très similaires.

La présente analyse phylogénétique des genres *Coronilla* et *Securigera* a révélé des clades distincts avec des degrés de support variés. Pour *Coronilla*, les sous-clades sont bien supportés, indiquant des relations évolutives étroites entre les espèces. Pour *Securigera*, le clade présente un support global modéré, certaines espèces montrant des relations plus proches.

Les résultats montrent que les espèces des genres *Coronilla* et *Securigera* sont globalement monophylétiques excepté pour une séquence de *C. coronata*, qui se classe dans le clade de *Securigera*, une séquence de *C. scorpioïdes* partie avec les groupes externes, dû probablement à des erreurs d'identification.

Malgré les progrès technologiques récents et la disponibilité croissante des séquences dans les bases de données publiques comme GenBank, une lacune notable persiste dans les données génétiques des espèces algériennes. Cela souligne l'importance de réaliser des séquençages supplémentaires sur un plus grand nombre d'espèces pour améliorer notre compréhension des relations phylogénétiques au sein de ces genres.

Pour les futures études, il est crucial de combler ces lacunes en réalisant des séquençages étendus des espèces algériennes, afin de fournir une image plus complète et précise de leur phylogénie. Cette perspective de recherche est essentielle pour approfondir notre compréhension de la diversité génétique et des relations évolutives des genres *Coronilla* et *Securigera* en Algérie tout en améliorant nos compétences sur la reconstruction phylogénétique.

REFERENCES

BIBLIOGRAPHIQUES

- <https://evolution.genetics.washington.edu/>.
- "Atlas-Mountains-Labeled-2 » 27 juin 2006.
- NCBI. (s.d.). National Center for Biotechnology Information. Récupéré de .
- Encyclopédie berbère. (2004). Encyclopédie berbère (Volume 26). Aix-en-Provence : Edisud.
- Adjrad S. (2005). Les méthodes de reconstruction phylogénétique : Modelés, Algorithmes, Exploitation des logiciels et Applications à *Vicia* L. (Fabaceae), *Hyoseris* L. (Asteraceae) et *Medicago* L. (Fabaceae). Mémoire Magistère, U. Bejaia.
- Aït-Hamza, M. L. (2021). Floristic diversity of Mediterranean coastal habitats in Algeria. Diversity, 13(1), Article 34. <https://doi.org/10.3390/d13010034>
- Al-Shehbaz, I. A.-S. (2006). A phylogenetic analysis of the Papilionoideae (Leguminosae): Evidence from nuclear ITS and plastid trnL–F sequences. Systematic Botany, 31(4), 699–711.
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. Journal of Molecular Biology, 215(3), 403–410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- AquaPortail. (2007, 20 octobre; mis à jour le 11 octobre 2023). *Monophylétique* [Définition]. Dictionnaire en ligne AquaPortail. Consulté le 12 4 2024 sur <https://www.aquaportail.com/dictionnaire/definition/1487/monophyletique>
- Battandier, J.-A., & Trabut, L. (1888–1890). Flore de l’Algérie: Dicotylédones (Vol. 1, [I]–XI, [1]–825, [I]–XXIX p.). Alger : Typographie Adolphe Jourdan ; Paris : Librairie F. Savy.
- Bena, G. (2001). Molecular phylogeny supports the morphologically based taxonomic transfer of the “medicagoid” *Trigonella* species to the genus *Medicago* L. Plant Systematics and Evolution, 229(3–4), 217–236. <https://doi.org/10.1007/s00606-017-0012-y>
- Bentham, G. (1832–1836). Labiatarum genera et species: or, a description of the genera and species of plants of the order Labiatae, with their general history, characters, affinities, and geographical distribution (8 fascicules, pp. i–lxviii + 783). London : James Ridgway & Sons, Piccadilly. repository.naturalis.nl
- Bigo, T. (2013). Les Plantes Méditerranéennes : Diversité et Écologie. Éditions Botaniques. pp. 45-67.

- Blamey, M., & Grey-Wilson, C. (2004). *Wild Flowers of the Mediterranean: A complete guide to the islands and coastal regions* (2^e éd.). Domino Guides (A & C Black), London. 560 p. ISBN 9780713670158
- Blanca, G., Cabezudo, B., Cueto, M., Fernández-López, C., & Morales Torres, C. (Eds.). (2009). *Flora Vascular de Andalucía Oriental* (4 vol., 1 412 p.). Sevilla : Consejería de Medio Ambiente, Junta de Andalucía. ISBN 978-84-92807-12-3
- Briquet, J. (1895–1897). Labiatae. In A. Engler & K. A. Prantl (Eds.), *Die Natürlichen Pflanzenfamilien nebst ihren Gattungen und wichtigeren Arten*, Teil 4, Abteilung 3a (pp. 183–375). Leipzig : W. Engelmann.
- Brooker, M. I. (1988). ["*Coronilla varia* as a natural insecticide." *Journal of Economic Entomology*, 81(3), 671-673.].
- Brown, T. &. (2016). *Phylogenetic Analysis Using DNA Sequences*. Molecular Biology Reports.
- Burleigh, J. G., & Holtsford, T. P. (2003). [Titre de l'article]. *Systematic Botany*, 28(1), 95-105.
- Corpet, F. (1988). Multiple sequence alignment with hierarchical clustering. *Nucleic Acids Research*, 16(22), 10881–10890. <https://doi.org/10.1093/nar/16.22.10881>
- Corrce, E. (2013). *Phylogenetic Methods in Plant Systematics*. Cham : Springer. ISBN 978-94-007-6452-0 (à vérifier).
- Felsenstein, J. (2004). *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates,
- Cosentino, P. (2022). Construire un arbre (phénogramme) à l’aide de Génieen2. *Sciences de la Vie et de la Terre — Académie de Nice*. Article en ligne. Consulté le 25 4 2024, sur <https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/?p=3494>
- Cullen, J., Knees, S. G., & Cubey, H. S. (Eds.). (2011). *The European Garden Flora: Flowering plants – a manual for the identification of plants cultivated in Europe, both out-of-doors and under glass* (Vol. 4). Cambridge; New York: Cambridge University Press. ISBN 978-0-521-76160-4
- Darlu, P., & Tassy, P. (1993). *La reconstruction phylogénétique : concepts et méthodes*. Paris : Presses de l’Université Paris 1 Panthéon-Sorbonne.
- Darlu, P., & Tassy, P. (1993). *Phylogénie : la reconstruction de l’histoire évolutive*. Palaiseau : Éditions de l’École Polytechnique.

- Davis, P. H. (1973). Principes d'illustration et de détermination des plantes vasculaires. Oxford : Oxford University Press.
- de Candolle, A. P. (1805). Flore française (3^e éd.). Paris : H. Agasse.
- Degen, A., & Degen, T. (1897). Die endemischen Arten und die Arten der Balkanhalbinsel der Gattung *Coronilla* L. Österreichische Botanische Zeitschrift, 47(3), xxx–xxx.
- Dobignard, A., & Chatelain, C. (2012). Index synonymique de la flore d'Afrique du Nord. Genève : Éditions des Conservatoire et Jardin Botaniques.
- Donohue, M. J. (2015). Consilience in phylogenetics, biogeography, and comparative biology: a case study using the Celastraceae. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 370(1672), 20140306. <https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0306>
- Doolittle, W. F. (2019). Penser à l'évolution des trois domaines du vivant [Thinking about the evolution of the three domains of life]. Genesis, 57(1), 1–15.
- Doyle, J. (1997). Molecular phylogeny of the Apiaceae: nuclear DNA ITS (Internal Transcribed Spacer) sequences. American Journal of Botany, 84(12), 212–222. <https://doi.org/10.2307/2446550>
- Efron, B., & Tibshirani, R. J. (1993). An Introduction to the Bootstrap (Monographs on Statistics and Applied Probability, vol. 57). New York, NY : Chapman & Hall/CRC. xvi + 436 pp. ISBN 978-0412042317. DOI : 10.1007/978-1-4899-4541-9
- Encyclopædia Britannica, Inc. (2010). Encyclopædia Britannica (15^e éd.) [32 vol.]. Chicago, IL : Encyclopædia Britannica, Inc. isbn 1-59339-292-3
- Fennane, M. (1999). Flore pratique du Maroc : manuel de détermination des plantes vasculaires (Vol. 1). Rabat : Institut scientifique, Université Mohammed V. Série Botanique no 36. ISBN 978-9954014561
- Felsenstein, J. (1989). PHYLIP (Phylogeny Inference Package), version 3.2. Cladistics, 5(2), 164–166. <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.1989.tb00562.x>
- Fournier, J. (2009). Titre indéterminé concernant *Plebejus argyrognomon* et l'utilisation des coronilles comme plante hôte. [Journal ou ouvrage non précisé], pages xx–yy.

- Delsuc, F., Philippe, H.-P.-K.-L., & Lartillot, N. (2018). A phylogenomic framework and timescale for comparative studies of tunicates. *BMC Biology*, 16, 39. <https://doi.org/10.1186/s12915-018-0501-8>
- Gascuel, O. G. (2020). *phylogénie. Concepts, méthodes et outils* (Vol. 54). Quae.
- Grieve, M. (1984). *A Modern Herbal: The medicinal, culinary, cosmetic and economic properties, cultivation and folklore of herbs, grasses, fungi, shrubs & trees with all their modern scientific uses*. Hove, UK : Savvas Publishing. ISBN 978-1904779018.
- Guindon, S., & Gascuel, O. (2003). A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by Maximum Likelihood. *Systematic Biology*, 52(5), 696–704. <https://doi.org/10.1080/10635150390235520>
- Guindon, S. (2003). Phylogenetic evaluation and alignment. *Bioinformatics*, 19(11), 919–924. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg102>
- Hall, B. G., Knees, S. G., & Cubey, H. S. (2011). *Phylogenetic Trees Made Easy: A How-To Manual* (4^e éd.). Sunderland, MA : Sinauer Associates. ISBN 978-0878936069
- Hedge, I. (1974). A global survey of the biogeography of the Labiatae. In V. H. Heywood (Ed.), *Flowering Plants of the World*. Oxford: Oxford University Press.
- Hedge, I. C. (1974). Notes on the genus *Securigera* in the Mediterranean region. *Kew Bulletin*, 29(1), 53–67.
- Hedges, S. B. (2015). The molecular evolution of birds. In *Avian Genomics* (pp. xxx–xxx). Academic Press.
- Hennig, W. (1966). *Systématique phylogénétique*. Urbana, IL : Presses de l'Université de l'Illinois.
- Hennig, W. (1966). Phylogenetic systematics and phylogenetic inference. In D. M. Hillis, C. Moritz & B. K. Mable (Eds.), *Molecular Systematics* (pp. xxx–xxx). Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Judd, K. M. (2002). *Systems of Life*. Saville Row, London.
- Lamarck, J. P., & de Candolle, A. P. (1805). *Flore française ou descriptions succinctes de toutes les plantes qui croissent naturellement en France...* (Tome 4, 3^e éd., 2^e partie). Paris : H. Agasse & Imprimerie de Stoupe.

- Langellier, M. (2010). Informations sur la famille des Légumineuses. [Document interne ou rapport technique – lieu et éditeur à préciser].
- Lassen, P. (1986). A revision of the genus *Onobrychis* in Turkey and the East Aegean Islands. *Opera Botanica*, 86, 1–29.
- Lassen, P. (1989). A new delimitation of the genera *Coronilla*, *Hippocrepis*, and *Securigera* (Fabaceae). *Willdenowia*, 19(1), 57–78. doi:10.3372/wi.19.19106
- Lavin, M. P. (2005). Molecular phylogeny and biogeography of the tribe Mimoseae (Leguminosae): Evidence from trnL-F and ITS sequences. *Systematic Botany*, 30(3), 599–614. doi:10.1600/0363644054784415
- Lewis, G., Schrire, B., Mackinder, B., & Lock, M. (2005). *Legumes of the World*. Richmond, UK: Royal Botanic Gardens, Kew. ISBN 978-1842462360.
- Le Driant, F. (2009). Flore Alpes. Consulté sur <http://www.florealpes.com/resultat.php?chaine=Coronilla> (page sur *Coronilla*) le [15 5 2024].
- Le Houérou, H. N. (1999). *Utilization of Fodder Trees and Shrubs in the Mediterranean Region*. Mabberley, D. J. (2008). *The Plant Book*. Cambridge : Cambridge University Press.
- Mabberley, D. J. (2008). *The Plant Book*. Cambridge : Cambridge University Press.
- Maire, R. (1963). *Flore de l'Afrique du Nord (Maroc, Algérie, Tunisie, Tripolitaine, Cyrénaïque et Sahara) (Vol. 10)*. Paris : Lechevalier.
- Moerman, D. E. (1998). *Native American Ethnobotany: A guide to the uses of plants by indigenous peoples of North America*. Portland, OR : Timber Press. ISBN 978-0881924534
- Nybom, H., & Bartish, I. V. (2000). Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD and AFLP markers in plants. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 3(2), 93–106. <https://doi.org/10.1078/1433-8319-00006> Plants of the World Online. (n.d.). *Coronilla viminalis* (L.) All. Royal Botanic Gardens, Kew. Consulté à l'adresse : [org: names:485594-1](http://org:names:485594-1).
- Perrière, G., & Andrade-Navarro, M. A. (2010). Phylogénie moléculaire : méthodes et applications. *Briefings in Bioinformatics*, 11(4), 375–453. <https://doi.org/10.1093/bib/bbq003>

- Quézel, P., & Santa, S. (1962). Nouvelle flore de l'Algérie et des régions désertiques méridionales (Vol. 1). Paris : CNRS.
- Rameau, J.-C. M. (2008). Flore forestière française : guide écologique illustré. Volume 3 : Région méditerranéenne. Institut pour le Développement Forestier.
- Richard, R.N. (2014). Flore et végétation de la région méditerranéenne : biodiversité, écologie et conservation. Paris : Éditions de l'IRD.
- Robles, A. B., Allegretti, L. I., & Passera, C. B. (2002). *Coronilla juncea* is both a nutritive fodder shrub and useful in the rehabilitation of abandoned Mediterranean marginal farmland. *Journal of Arid Environments*, 50(3), 381–392. <https://doi.org/10.1006/jare.2001.0913>
- Ronquist, F., & Huelsenbeck, J. P. (2003, 12 août). MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12), 1572–1574. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>
- Saitou, N. & (1987). The neighbor-joining method. A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4).
- Schmidt, G. (1979). Chromosomenzahlen der Gattungen *Coronilla* und *Securigera*. *Plant Systematics and Evolution*, 131(3), 277–284. <https://doi.org/10.1007/BF00984712> ✓
- Smith, J. (2018). Reconstruction phylogénétique : méthodes et applications. Paris : Éditions Universitaires. ISBN à vérifier.
- Sneath, P. H. A., & Sokal, R. R. (1973). Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. San Francisco, CA : W.H. Freeman and Company. ISBN 978-0716708381
- Sokal, R. R. (1958). A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin*, 38, 1409–1438.
- Soltis, D. E., Folk, R. A., Soltis, P. S., Guralnick, R. P., & Brown, J. W. (2010). Phylogenetic context and the tempo and mode of flower diversity. *Evolution*, 64(12), 3276–3286. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2010.01041.x>
- Stace, C. (2019). New Flora of the British Isles (4^e éd.). Cambridge, UK : Cambridge University Press. ISBN 978-1-108-42106-1
- Stefanović, S., & Olmstead, R. G. (2004). Phylogenetic relationships of the Old World papilionoid genera *Coronilla*, *Securigera*, and their allies inferred from nrDNA ITS sequence data.

- Molecular Phylogenetics and Evolution, 31(2), 402–416.
<https://doi.org/10.1016/j.ympev.2003.09.008>
- Stevens, P. F. (2001). Leguminosae. In K. Kubitzki (Ed.), *The Families and Genera of Vascular Plants Vol. V: Eudicots* (pp. 300–305). Berlin, Germany : Springer. ISBN 978-3-642-00607-3
- Strimmer, K., & von Haeseler, A. (1997). Likelihood-mapping: a simple method to visualize phylogenetic content of a sequence alignment. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 94(13), 6815–6819. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.13.6815>
- Swofford, D. L. (2003). *PAUP: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and other methods)*. Version 4.0b10. Sunderland, MA : Sinauer Associates.
- Talavera, S. (1979). Revision of the genus *Coronilla* L. (Leguminosae). *Boletín de la Sociedad Española de Historia Natural*, 77, 175–203.
- Talavera, S., & Salgueiro, F. J. (1980). Taxonomic revision of the genus *Coronilla* L. (Leguminosae). *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 37(1), 129–162.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., & Kumar, S. (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24(8), 1596–1599. <https://doi.org/10.1093/molbev/msm092>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Thomas, F., & Lambert, T. (2016). *Biologie évolutive* (2^e éd.). Bruxelles : De Boeck Supérieur. ISBN 9782807307771.
- Thomas, D. T., Erdman, K. A., & Burke, L. M. (2016). Nutrition and athletic performance. *Medicine and Science in Sports and Exercise*, 48(3), 543–568. <https://doi.org/10.1249/MSS.0000000000000852>
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673–4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>

- Thulin, M. (1993). Fabaceae (Leguminosae) of Somalia. *Opera Botanica*, 121, 1–79. Copenhagen: Nordic Journal of Botany.
- Tozlu, G. C. (2021). A comprehensive phylogenetic study of *Securigera* and *Coronilla* genera (Fabaceae) in Turkey. *Turkish Journal of Botany*, 45(2), 105–114. <https://doi.org/10.3906/bot-2009-32>
- Valdés, B., & Pérez, P. V. (2007). *Flora vascular de Andalucía Oriental*. Editorial Universidad de Granada.
- Tutin, T. G. (1964). *Flora Europaea*. Volume 2. Cambridge University Press.
- Université Laval (2004). Schéma de différents types de dendrogrammes. Centre de recherche en bioinformatique ABI-1001. Université Laval. URL à préciser – document interne/affiche.
- van Nieukerken, E. J. (2007). Review of the subgenus *Trifurcula* (Levarchama), with two new species (Lepidoptera: Nepticulidae). *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 53(Suppl. 1), 101–140
- Wendel, J. F.-B. (2015). Evolution in action : Pollination ecology and speciation in *Mimulus*&. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*.
- Wilson, E. O. (1992). *The Diversity of Life*. Cambridge, MA : Belknap Press of Harvard University Press. ISBN 0674212983
- Woese, C. R., Kandler, O., & Wheelis, M. L. (1990). Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 87(12), 4576–4579. <https://doi.org/10.1073/pnas.87.12.4576>
- Woese, C. R. (1990). Towards a complete bacterial phylogeny. *Journal of Bacteriology*, 172(2), 506–516. <https://doi.org/10.1128/jb.172.2.506-516.1990>
- Wojciechowski, M. F. (2004). A phylogeny of legumes (Leguminosae) based on analysis of the plastid *matK* gene resolves many well-supported subclades within the family. *American Journal of Botany*, 91(11), 1846–1862. <https://doi.org/10.3732/ajb.91.11.1846>
- Wojciechowski, M. F. (2004). Molecular phylogeny of the genus *Coronilla* L. (Fabaceae) and ITS (Internal Transcribed Spacer) implications for classification. *Plant Systematics and Evolution*, 249(2–4), 165–177. <https://doi.org/10.1007/s00606-004-0267-4>

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Zeghlache, H. P.-K.-L. & Hamza, N. A. (2004). Carte de la Petite Kabylie. [Institut/éditeur non précisé].

ANNEXES

Annexe 1: Exemple d'une séquence nucléotidique au Format GenBank

Annexe 2 : Exemple d'une séquence nucléotidique au format FASTA

FASTA ▼

Send to: ▼

Coronilla minima voucher MUB 111379 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: HQ665025.1

[GenBank](#) [Graphics](#) [PopSet](#)

>HQ665025.1 Coronilla minima voucher MUB 111379 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

```
GAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGCGGGCGGTCCGCTGCCCCGCGACGTTGTGAGAAGTCCACTGAACCTTA
TCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGCACC
TCACTCAAAGAGCAAACCAACCTGCGAACACGTTGACCACTCATTAGGGGAAGGGCTCGGGACGTGC
GCGCCACGCACCAAGGTCCTTCTAATAATCAAAACAAACCCGGCGCTTGACGCGTCAAGGAATCGAAA
TTGTTCAATGCGCTCTTGCGGGATCCGGAGACGGTGCTCCTGCAGGTCGCGTGATGACACATGTTACATA
AAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGT
GTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGG
GCACGTCTGCCTGGGTGTACACATCGTTGCCCAACGCCGAATGCCTTGCTGTATGCGGCTCTTGGGGT
GGATGCTGACTTCCCGCGAGCTATGACTCGCGGTTGGTTGAAATAAGAGTCTGTGGTAGGGTTTACCATG
ACAAATGGTGGATGAGTAATGCTCGAGACCAAGTTGTGTAAGCTCTGTTGCGTTCGGGCTCTAGAAACCC
ACATGTGTTTTGATGCACTACAATGAGACCTCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATATC
AATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTCC
```

Initiation à la phylogénie : Cas des genres *Coronilla* et *Securigera* (Fabaceae)

Résumé : Cette étude est consacrée à l'initiation à la phylogénie en utilisant les séquences ITS1 et ITS2 des espèces des genres *Coronilla* et *Securigera* (*Medicago* utilisé comme groupes externes) obtenues de Genbank via la plateforme NCBI. En tout ; 31 séquences ont été utilisées. Quatre programmes ont été utilisés pour produire les phylogénies : PhyML (via la plateforme Phylogeny.fr), MEGA11, DNAML de PHYLIP 3.698 (tous 3 utilisant la méthode de Maximum Likelihood et MrBayes (Méthode bayésienne). Les 4 méthodes ont généré des phylogénies globalement très similaires. Les deux genres se sont révélés globalement monophylétiques pour les données analysées si ce n'est pour une séquence de *C. coronata* partie avec le clade de *Securigera* et une autre de *C. scorpioides* partie avec l'groupes externes, de même qu'une séquence de *C. valentina*. La recherche BLAST en utilisant ces séquences mal classées suggèrent des erreurs d'identification des espèces.

Mots-clés : *Coronilla*, *Securigera*, ITS (Internal Transcribed Spacer), phylogénie, maximum de vraisemblance, méthode bayésienne.

Introduction to phylogeny: Case of the genera *Coronilla* and *Securigera* (Fabaceae)

Summary: This study is devoted to the initiation to phylogeny using the ITS1 and ITS2 sequences of species of the genera *Coronilla* and *Securigera* (and *Medicago* used as groupes externes) obtained from Genbank via the NCBI platform. Altogether, 31 sequences were used. Four programs were used to produce the phylogenies: PhyML (via the Phylogeny.fr platform), MEGA11, DNAML of PHYLIP 3.698 (all 3 using the Maximum Likelihood method and MrBayes (Bayesian method). The 4 methods generated overall very similar phylogenies. The two genera were found to be generally monophyletic for the data analyzed except for a sequence of *C. coronata* gone with the *Securigera* clade and another of *C. scorpioides* gone with outgroup, as well as one of *C. valentina* BLAST search using these misclassified sequences suggests species misidentification.

Keywords: *Coronilla*, *Securigera*, ITS (Internal Transcribed Spacer), phylogeny, maximum likelihood, Bayesian method.

Coronilla و *Securigera* مقدمة في علم السلالات : حالة الأجناس

يستخدم *Coronilla* و *Securigera* لأنواع أجناس ITS1 و ITS2 هذه الدراسة مخصصة لبدء السلالة باستخدام تسلسل في الكل؛ تم استخدام 31 تسلسل NCBI عبر منصة Genbank كمجموعة خارجية تم الحصول عليها من *Medicago* من Phylogeny.fr، MEGA11، DNAML عبر منصة PhyML: تم استخدام أربعة برامج لإنتاج السلالات طريقة بايز. أنتجت الطرق MrBayes جميع البرامج الثلاثة باستخدام طريقة الحد الأقصى للاحتمالية و PHYLIP 3.698 الأربعة سلالات بشكل عام. تم العثور على أنها أحادية النمط الخلوي عمومًا بالنسبة للبيانات التي تم تحليلها باستثناء تسلسل مع المجموعة الخارجية، بالإضافة إلى *C. scorpioides* و جزء آخر من *Securigera* مع فرع *C. Coronata* جزء من المجموعة الخارجية. تسلسل فالنتينا يشير البحث عن الانفجار باستخدام هذه التسلسلات المصنفة *C. scorpioides* جزء بشكل خاطئ إلى وجود أخطاء في تحديد الأنواع

، السلالة، الاحتمال الأقصى، ITS (Internal Transcribed Spacer)، الكلمات المفتاحية: كورونيللا، سيكيوريجيرا، طريقة بايزي