

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère De L'enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

UNIVERSITE DE - TLEMCCEN

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie et des Sciences de la Terre et de l'Univers

Département d'Écologie et Environnement

Laboratoire d'Écologie et Gestion des Écosystèmes Naturels



THESE



Présentée par

M^{me} BOUTEMEDJET Fatima Zahra Née Chemouri

En vue de l'obtention du diplôme de

Doctorat LMD

En Écologie et Environnement

Thème

**Étude écologique et phylogénique de quelques formations
végétales des Monts de Tlemcen (Ouest Algérien)**

Soutenue le .. / .. / 2017 devant un jury composé de :

Président	BENABADJI Noury	Professeur	Université de Tlemcen
Directeur de Thèse	GHEZLAOUI Baha-Eddine	M.C.A	Université de Tlemcen
Examineurs	MERZOUK Abdessamad	Professeur	Université de Tlemcen
	BELLEHCEN Miloud	Professeur	Université d'Ain Temouchent
	LARID Mohammed	M.C.A	Université de Mostaganem
Invité	AMRANI Sidi Mohammed	Professeur	Université de Tlemcen

Année universitaire : 2016/2017

DEDICACES

*À mon très cher Père **Tayeb***

*Aucune dédicace ne saurait exprimer l'amour,
l'estime, le dévouement et le respect que j'ai toujours eue pour vous.
Rien au monde ne vaut les efforts fournis jour et
nuit pour mon éducation et mon bien être.
Ce travail est le fruit des sacrifices que vous avez
consentis pour mon éducation et ma formation*

*A ma très chère mère **Zoubida***

*Affable, honorable, aimable : Tu représentes pour moi le
symbole de la bonté par excellence, la source de tendresse et
l'exemple du dévouement qui n'a pas cessé de m'encourager et
de prier pour moi.
Ta prière et ta bénédiction m'ont été d'un grand secours
pour mener à bien mes études.*

*A mon très cher mari **Adil***

*Quand je t'ai connu, j'ai trouvé l'homme de ma vie, mon âme
sœur et la lumière de mon chemin.
Ma vie à tes côtés est remplie de belles surprises.
Tes sacrifices, ton soutien moral et matériel, ta gentillesse sans
égal, ton profond attachement m'ont permis de réussir mes études.
Sans ton aide, tes conseils et tes encouragements ce travail
n'aurait vu le jour.
Que Dieu réunisse nos chemins pour un long commun serein
et que ce travail soit témoignage de ma reconnaissance et de
mon amour sincère et fidèle.*

*A ma chère belle mère **Ainouna***

*Vous m'avez accueilli à bras ouverts dans votre famille.
En témoignage de l'attachement, de l'amour et de
l'affection que je porte pour vous.
Je vous dédie ce travail avec tous mes vœux de bonheur,
Et de santé.*

*A mes enfants adores **Farah** et **Mohammed Al Mostapha**
Je leur dis que sur la terre, ils sont mon paradis.*

A mes frères,

*A mes sœurs surtout **Asma** que j'aime très fort,
Aux familles **Chemouri**, **Boutemedjets** sans exception*

Fatima Zahra

REMERCIEMENTS

En tout premier lieu, je remercie le bon Dieu, tout puissant, de m'avoir donné la force pour survivre, ainsi que l'audace pour dépasser toutes les difficultés.

Expression personnelle d'interactions nombreuses, un manuscrit de thèse est classiquement précédé de remerciements adressés aux personnes qui ont participé à sa réalisation.

Je ne dérogerais donc pas à la règle. Cependant, au-delà du simple usage, il m'est sincèrement agréable de dire un grand merci à tous ceux qui n'ont pas compté leurs heures, que ce soit pour venir sur le terrain, pour m'aider au laboratoire, pour relire et critiquer mon travail, pour discuter, pour m'écouter, pour grimper ou simplement pour être là. Merci donc.

Merci en tout premier, parce qu'il faut un premier, et parce que lui a été ce premier si important dans mon parcours, mon promoteur, Monsieur Ghezlaoui Baha-Eddine maître de conférences à l'université de Tlemcen, pour avoir accepté de m'encadrer et aussi pour avoir cru en mes capacités jusqu'au bout. Merci de ne pas m'avoir laissée décrocher pendant mes moments de doutes. Merci de m'avoir interdit le renoncement. Merci de m'avoir supportée.

Merci à Monsieur Benabadji Noury, professeur à l'université de Tlemcen pour m'avoir fait l'honneur d'accepter de présider le jury de ma soutenance.

Merci aux membres du jury d'avoir accepté d'évaluer mon travail :

Monsieur Merzouk Abdessamad, professeur à l'université de Tlemcen.

Monsieur BELLEHCEN Miloud, professeur à l'université de Ain Temouchent.

Monsieur LARID Mohammed, M.C.A à l'université de Mostaganem.

Monsieur AMRANI Sidi Mohammed, professeur à l'université de Tlemcen. Votre présence parmi les membres de jury nous fait un grand honneur.

Je tiens aussi à exprimer toute ma reconnaissance à tous les enseignants avec qui j'ai travaillé depuis ma première année universitaire et qui m'ont transmis leur savoir et leur passion de l'écologie.

Merci à Mlle Bekkouche Assia, Maitres de conférence centre universitaire Salhi Ahmed de Naama, qui m'a apporté un soutien moral qui m'a permis de traverser les moments de doute et de progresser dans la réalisation de ma thèse et pour ses conseils, ses encouragements et ses précieuses informations.

Merci à Mlle Barka Fatiha, Maitres de conférence à l'Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen ; pour leurs encouragements, trouvez ici l'expression de ma reconnaissance.

Merci à Mlle ASMA CHEMOURI, ma sœur, pour son aide et ses encouragements au cours de toutes ces années de recherche et tout le reste du personnel ayant contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail.

Résumés

دراسة بيئة و phylogénétique لبعض التجمعات النباتية لجبال تلمسان

(غرب الجزائر).

الملخص: يهدف هذا العمل الى دراسة بيئة و phylogénétique لبعض التجمعات النباتية لجبال تلمسان (غرب الجزائر). ولهذا السبب قمنا جديا باجراء دراسات نباتية , دراسة التربة و دراسة phylogénétique على 6 محطات والتي تتميز بخصائص جغرافية ومناخية مختلفة.

اتبنت الدراسات النباتية وجود تنوع نباتي كبير, حيث تم احصاء 349 نوع. كما سلطنا الضوء على تفسير هيكل الغطاء النباتي عن طريق تحليل عوامل المراسلات (AFC). واخيرا قمنا بدراسة phylogénétique لمختلف التجمعات النباتية الموجودة حاليا بالمنطقة (جبال تلمسان) وهذا باستخدام طريقة Neighbor-Joining وبرنامج R .

في الختام خلصت الدراسة التي قمنا بها الى معرفة اهمية الغطاء النباتي و التنوع البيوجيوغرافي وكذلك نوعية التربة في ظل كل المتغيرات المناخية و تأثير الانسان والحيوان والذي يؤدي الى تدهور الغطاء النباتي في هذه المنطقة و يجب وضع استراتيجية للمحافظة على الثروة الغابية.

الكلمات المفتاحية: جبال تلمسان (غرب الجزائر), phylogénétique, التجمعات النباتية, AFC, تأثير الانسان و الحيوان.

Étude écologique et phylogénétique de quelques formations végétales des Monts de Tlemcen (Ouest Algérien)

Résumé : Ce travail est consacré à l'étude écologique et phylogénétique de quelques formations végétales des Monts de Tlemcen (Ouest Algérien). Nous avons mené de front une étude floristique, pédologique et phylogénétique sur 6 stations présentant des caractéristiques géographiques et climatiques différentes. L'étude de la végétation a été réalisée par une démarche typiquement phyto-écologique dont les formations végétales rencontrées offraient une grande diversité : 349 espèces ont été identifiées. L'interprétation de la structure du tapis végétal est mise en évidence par une analyse factorielle des correspondances(AFC). Enfin, nous avons réalisé une étude phylogénétique des différentes formations végétales existant actuellement dans notre zone d'étude, et ce à l'aide de la méthode du Neighbor-Joining et du logiciel R. En conclusion, l'étude souligne l'intérêt remarquable que présente la végétation des Monts de Tlemcen du point de vue de leurs significations écologiques, biogéographiques et évolutives ainsi qu'en matière de potentialités édaphiques. Vu l'importance de la dégradation dans cette zone qui est d'origine humaine et climatique, il est nécessaire de mettre en place une politique de conservation de ce patrimoine forestier.

Mots clés :Monts de Tlemcen (Ouest Algerien) - phylogénétique – AFC - formations végétales – Impact anthropozoogene.

Ecological study and phylogenetic analysis of a few plant formations of the Monts de Tlemcen (West Algeria)

Summary: This work is devoted to ecological and phylogenetic study of some plant formations of the Monts de Tlemcen (West Algeria). We spearheaded a flora, soil and phylogenetic study of 8 stations with different geographical and climatic characteristics. The vegetation's survey has been carried-out by a typical phyto-ecological approach which encountered vegetation provided a great diversity: 349 species have been identified. The interpretation of the structure of the vegetation is highlighted by a correspondence analysis (AFC). In the end, we conducted a phylogenetic study of different existing vegetation present in our study area, and this, using the Neighbor-Joining method and the software R. In conclusion, the study highlights the remarkable interest of the vegetation of the mountains of Tlemcen, from the viewpoint of their ecological, biogeographic and evolutionary meanings as in edaphic material potentialities. Given the importance of degradation in that area which is of human origin and climate, it is necessary to master in place a policy of conservation of this forest heritage.

Key words: Monts de Tlemcen (West Algerian) - phylogenetic - AFC - vegetation - anthropozoogene Impact.

Publication

Floral Diversity of the Tlemcen Mountains (Western Algeria)

Fatima Zahra Chemouri, Baha-Eddine Ghezlaoui-Bendi-Djelloul,
Noury Benabadj*

Laboratory of Ecology and Management of Natural Ecosystems,
Faculty of Science of Nature and Life and the Earth and the Universe,
Aboubakr Belkaid University, Tlemcen, ALGERIA

*Corresponding author: ecologie2012@live.fr

Abstract Mountains of Tlemcen offer a very interesting model for studying the evolution of the flora in the region, since their landscapes variety remains very remarkable and the vegetation distribution is conditioned by a significant number of ecological factors. Although there were registered many fires in the area during the 1990s, the coexistence of some species, such as *Quercus faginea* subsp. *tlemcenensis* (DC.) M., *Pinus halepensis* Miller., *Calicotome intermedia* (Salzm.) C. Presl., *Lonicera implexa* L., *Ruscus aculeatus* L., indicates a dominant ecological atmosphere of the forest. In this study, a phytocoological and syntaxonomical analysis was made. More than 300 species were identified and indexed, belonging to more than 50 families, which shows the importance of the phytodiversity of the studied area. Based on the analysis of the phytocoological parameters, we could note a decline of the ground vegetation in its diversity.

Key words: biodiversity, floristic inventory, phytocoology, Tlemcen Mts.

Introduction

In the Mediterranean regions, evolved a portion of forest area estimated at 2,145,000 ha. The latter has suffered in his life cycle of very difficult times: a forest in perfect balance toward a forest very degraded; there is sometimes a matorralisation of this portion, such as the Algerian forest.

Because of its geographical position, Algeria has a great diversity of biotopes occupied by important floristic richness. Its forest ecosystems are characterized by a noteworthy flora; some represent regions of global interest. According to DAHMANI (1997, Algeria, pers. com.) the knowledge of the biological and ecological characteristics of the species, just as the identification of the historical and current factors at the origin of

the fluctuations of the flora are essential to any action of the biodiversity conservation.

The contemporary forests of the mountains of Tlemcen are result from the interaction of much diversified factors, concerning in particular topography, geology, climatology and especially by a long and deep anthropogenic action. Under this permanent pressure, the forests tend to be transformed into matorral. Sparse are destroyed consequently and their place is taken by thorny species and thermophytes (QUEZEL, 2000).

This vegetation is subsequently a favorable environment to fires very often volunteers.

In addition, the drought that has known in the region of Tlemcen, has disrupted deeply

the nature resulting in plants of important phenomena of water stress and adaptation.

This introduction is quite dark, but agrees to this sad reality. That is what thus remains at the level of these forest ecosystems mediterranean. A presentation of the current stage of forests of the mountains of Tlemcen of point of view of the species that constitute will allow us to be located along a path ecological. Also this will help us to better carry out an action conservatoire (GHEZLAOUI *et al.*, 2011). The studies of the flora and its diversity in Western Algeria interested a certain number of researchers (BENABADJI *et al.*, 2010; QUÉZEL, 1956, 1957, 2000; KADI-HANIFI, 2003; GHEZLAOUI *et al.*, 2011; MESLI *et al.*, 2008; LEIREUCH-BELAROUJI *et al.*, 2009; MELJAHDI *et al.*, 2009; BOUAZZA & BENABADJI, 1998).

Materials and Methods

Study area. The Tlemcen Mts. are located in the Western part of Algeria, between the latitudes north of 34°30' and 35° and western longitudes of 0°30' and 2°. It is a mountain range which appears starting from 600 m and which culminates at certain points with more than 1800 m. It is connected to the Tellian Atlas (Fig. 1).

The forests of Tlemcen Mts. stand on a mountainous mass dating from the upper Jurassic made up mainly of sequanian sandstone and quaternary alluvia. The soils are in general more or less deep and of brown forest type. The herbaceous layer is rather rich, leading to the existence of a strong biological activity. The texture is clay-limestone and silt-clay with some concretions on the horizon A1. The humus is quite abundant and the organic matters are important. The brown fersialitic soils also are very developed (GAOUAR, 1980).

From the bioclimatic point of view, the recent period (1980-2013) varies clearly compared to the old one (1913-1938), with a reduction in precipitations and an increase in the temperatures.

Tlemcen Mts. are characterized with semi-arid and sub-wet Mediterranean climate characterized by two seasons: a short and cold winter and a long and dry

summer. The maximum average temperature of the hottest month is of 32.67°C, which of the minimum of the coldest month is of 3.22 °C.

The pluviometric index of Emberger is of 42.10, which confirms an upper semi-arid climate with temperate variant. Current precipitations vary between 350 mm and 485 mm, (Fig. 2) which explains the rusticity of the plant species: *Pinus halepensis* Miller, *Olea europaea* L. subsp. *europaea*, *Ziziphus lotus* (L.) Desf., *Juniperus oxycedrus* subsp. *rufescens* L. of the area. The forests of the mountain appear among the habitats indexed like key issues (Hotspots) in the Mediterranean basin, where the vegetation east persists on the level of ecosystems refuges (MÉDAIL & DIADÉMA, 2009) (Fig. 3).

Sampling procedures. The choice of the samples is based on a selection which takes account of the structure of the vegetation where the floristic and ecological criterion of homogeneity was privileged. We used the surface sampling method (minimal surface) which consists in choosing sites as typical as possible by noting down the environmental conditions (GOUNOU, 1969). Each floristic surface sample was elaborated according to the BRAUN-BLANQUET (1951) method.

The main literature used for the identification of the collected species in the field is starting from the studies carried out by BATHANIER & TRABUI (1888-1889); QUÉZEL & SANIA (1962-1963); MAIRE (1952-1987); VALDÉS *et al.* (2002); DOBIGNARD & CHATELAIN (2010-2012); BLANCA *et al.* (2009).

Taxonomy. The taxonomy of the species follows "Index synonymique et bibliographique de la flore d'Afrique du Nord" (DOBIGNARD & CHATELAIN, 2010-2012) and the synonymes are given after "Nouvelle flore d'Algérie et des Régions désertiques méridionales" (QUÉZEL & SANIA, 1962-1963).

Results and Discussion

Physiognomic description of the forests

As a whole, the forests of Tlemcen Mts. depend on the soil and climate conditions and the anthropogenic pressure. The various forests which the mountains constitute offer a great floristic diversity; it is interesting to tackle their description.

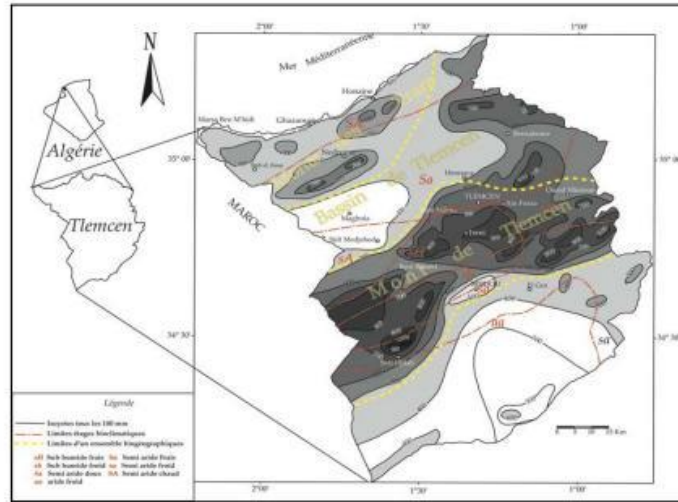


Fig. 1. Map of the study area.

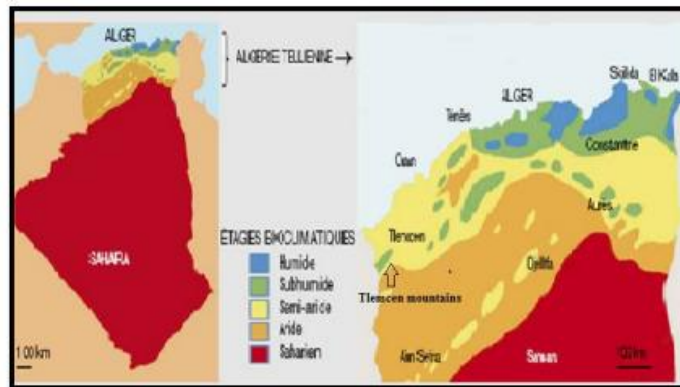


Fig. 2. Bioclimatic stage of Tlemcen Mts.



Fig. 3. Hotspots in the Mediterranean basin.

The forest of Hafir

It is a mature forest of Cork oak. This forest, formerly, produced the best cork of Algeria (BOUDY, 1955). It covers a surface of 9870 ha. The shrubby layer is composed primarily of: *Juniperus oxycedrus* subsp. *rufescens* L., *Quercus ilex* subsp. *ballota* (Desf.) Samp., *Quercus suber* L. and the oak Zeen (*Quercus faginea* Lamk). The last one is an oak with deciduous leaves of types meso- and supra-Mediterranean (QUÉZEL & MEDAIL, 2003; MISSAOUDINE *et al.*, 2008) endemic of the Western Mediterranean (Iberian peninsula, Morocco, Algeria and Tunisia) (ZINE EL ABIDINE, 1988). It would be represented in the Tlemcen Mts. by a subspecies: *Quercus faginea* subsp. *tlemcenensis* (CD.) M (Fig.4).



Fig. 4. Locality of cork oak (the forest of Hafir). Photo: F.Z. Chemouri, January 2015.

The matorral of Zarifet

On a surface of 944 ha, it is based mainly on the old settlements of Cork oak and Holm oak. Their growth is generally less strong after a fire. These species are typical of low intensity fires but common in the study zone (PROIXON *et al.*, 1984; SCHAH-HAUSER *et al.*, 2012). The vegetation associated with these oaks cork is: *Genista tricuspidata* subsp. *duriae* (Spach.) Beats., *Ampelodesmos mauritanicus* (Poiret) Dur. & Schinz., *Daphne gnidium* L., *Cistus salvifolius* L., *Cistus villosus* L., *Asparagus acutifolius* L., *Asphodelus microcarpus* Sal. & Viv., *Arbutus unedo* L., *Cytisus villosus* Pour. (Fig. 5). These plants prefer siliceous substrates.



Fig. 5. The matorral of Zarifet. Photo: F.Z. Chemouri, January 2015.

The forest of Beni Boussaid

It covers a surface of 11.350 ha, it acts of a vegetal formation in mixture with Holm Oak, Thuya and of Juniper, often of the matorrals containing *Quercus ilex* subsp. *ballota* (Desf.) Samp. Al one or mixed with *Tetraclinis articulata* (Vahl) Link. Endemic in North Africa (HADJADJ-AOUL *et al.*, 2009), it colonizes the zones with weak pluviometry (from 300 to 500 mm) (QUÉZEL, 2000) and of *Juniperus oxycedrus* subsp. *rufescens* L (Fig. 6). On the whole, it represents a rather advanced stage of degradation of a climactic forest of oak cork and of holm oak. The coppice of intensely exploited holm oak is able to be maintained while being regenerated remarkably and easily in spite of the strong anthropogenic pressure.



Fig. 6. The coppice of intensely exploited holm oak (the forest of Beni Boussaid). Photo: F.Z. Chemouri, January 2015.

The forest of El Khemis

Always in the series of the holm oak (11.655 ha), but in the presence of climatic and soil conditions and of the different human activities and especially less favorable than the preceding ones, this forest offers thanks to its old coppice of holm oak accompanied by *Juniperus ocycedrus* subsp. *rufescens* L., *Pinus halepensis* Miller, *Pinus pinea* L., *Cedrus atlantica* (Endl.) Carrer and *Cupressus sempervirens* L. Some of the species are in the ultimate stages of degradation (Fig. 7).



Fig. 7. The forest of El Khemis (Pine of Alep, Thuja, Genevrie). Photo: F.Z. Chemouri, December. 2014.

The forest of Azails

It consists of high matorral and of clear forest of Pin d'Alep and average matorral of Holm oak and prickly juniper. It is distributed on approximately 7.990 hectares and is dominated by the annual species (thermophytes) caused by the high anthropogenic pressure and an additional degradation (fires). This forest is characterized by its weakness since even *Pinus halepensis* Miller., *Juniperus ocycedrus* subsp. *rufescens* L., *Stipa tenacissima* L., which entirely invaded the underwood (Fig. 8). The holm oak is the dominant species and testifies to its adaptation to the ecological and anthropic conditions most difficult.

List of the species indexed by family in the mountains of Tlemcen.

The list includes 340 species belonging to 57 families, dominating by Asteraceae, Fabaceae, Lamiaceae, and Cistaceae.



Fig. 8. The forest of Azail (average matorral of Holm oak). Photo: F.Z. Chemouri, January 2015.

ANACARDIACEAE

Pistacia atlantica Desf.

Pistacia lentiscus L.

Pistacia terebinthus L.

APIACEAE

Ammoides pusilla (Brot.) Breistr.

Ammoides verticillata (Desf.) Briq.

Balansae glaberrimae (Desf.) Lange

Bunium alpinum W. & Kit.

Bupleurum balansae var. *balansae* B. & R.

Bupleurum rigidum L.

Daucus carota L.

Daucus muricatus Lamk.

Eryngium campestre L.

Eryngium maritimum L.

Eryngium tricuspdatum L.

Ferula communis L.

Foeniculum vulgare (Millet.) Gaertn.

Thapsia garganica L.

ARACEAE

Arisarum vulgare Targ. Tozz.

ARALIACEAE

Hedera helix L.

ARISTOLOCHIACEAE

Aristolochia longa L.

Lamium amplexicaule L.

ASTERACEAE

Anthemis punctata Vahl.

Artemisia alba ESA.

Asteriscus maritimus (L.) Less.

Asteriscus pygmaeus Coss & Kral.

Asterolinum linum-stellatum (L.) Doby.

Atractylis cancellata L.

Atractylis humilis L.

Floral Diversity of the Tlemcen Mountains (Western Algeria)

- Bellis annua* L.
Bellis silverstris L.
Calendula arvensis L.
Carduus pycnocephalus L.
Carlina lanata L.
Carthamus caeruleus L.
Carthamus lanatus L.
Carthamus pectinatus Desf.
Catananche caerulea L.
Catananche lutea L.
Centaurea acaulis L.
Centaurea incana Desf. non Lag. nec Ten.
Centaurea involucrata Desf.
Centaurea paviflora Desf.
Centaurea pullata L.
Centaurea solstitialis L.
Centaurea tenuifolia Duf.
Chrysanthemum coronarium L.
Chrysanthemum grandiflorum (L.) Beatis
Chrysanthemum paludosum Poiret.
Cichorium intybus L.
Cirsium vulgare Ten.
Globe-thistle spinosus L.
Elichrysum stoechas (L.) DC.
Evax argentea Pomel.
Hypochoeris achyrophorus L.
Hypochoeris radicata L.
Inula montana L.
Leontodon hispidulus Poiret.
Leuzea conifer (L.) DC.
Micropus bombycinus Lag.
Pallenis spinosa (L.) Case.
Phagnalon saxatile (L.) Case.
Pulicaria odora (L.) Rehb.
Reichardia picroides (L.) Roth.
Scolymus grandiflorus Desf.
Scolymus hispanicus L.
Scolymus maculatus L.
Scorzonera undulata Beatis. non Vahl.
Senecio vulgaris L.
Xanthium spinosum L.
Xeranthemum inapertum (L.) Miffet
 BORRAGINACEAE
Echium parviflorum Moench.
Echium flavum Desf.
Echium parviflorum Moench.
Echium vulgare L.
Lithospermum apulum (L.) Vahl.
Lithospermum arvensis L.
 BRASSICACEAE
Alyssum campestre L.
Alyssum granatense (B. & R)
Alyssum serpyllifolium Desf.
Alyssum spinosum L.
Arabis alpina L.
Arabis auriculata Lamk.
Arabis verna (L.) R. Br.
Biscutella didyma L.
Brassica nigra (L.) Koch.
Maximum Briza L.
Lobularia maritima (L.) Desv.
Raphanus raphanistrum L.
Sinapis alba L.
Sinapis arvensis L.
Thlapsi perfoliatum L.
Vella annua L.
 CAMPANULACEAE
Campanula dichotoma L.
 CAPRIFOLIACEAE
Lonicera etrusca Santi.
Lonicera implexa L.
Virburnum tinus L.
 CARYOPHYLLACEAE
Arenaria aggregata Laws.
Arenaria grandiflora L.
Arenaria serpyllifolia L.
Cerastium pentandrum L.
Dianthus caryophyllus L.
Herniaria hirsuta L.
Gay Herniaria fontanesii J.
Minuartia campestris L.
Paronychia argentea (Pourr.) Lamk.
Silene tridentata Desf.
Vaccaria pyramidata Medik
 CHENOPODIACEAE
Atriplex halimus L.
 CISTACEAE
Cistus albidus L.
Cistus creticus L.
Cistus ladaniferus Lada.
Cistus monspeliensis L.
Cistus salvifolius L.
Cistus villosus L.
Fumana fontanesii Pomel.
Fumana thymifolia (L.) Verlot.
Halimium halimifolium (L.) Willk.
Helianthemum cinereum (Cav.) Sea-green.
Helianthemum cinereum subsp. *rubellum* (Presl.)
Helianthemum croceum (Desf.) Sea-green.
Helianthemum helinthemoides (Desf.) Grosser.
Helianthemum hirtum E. and M.
Helianthemum origanifolium (Lamk.) Sea-green.
Helianthemum pilosum (L.) Sea-green.
Helianthemum virgatum (Desf.) Sea-green.
Helianthemum racemosum (L.) Pau.
Triticum sativum B. Attic
Tuberaria guttata (L.) Sleeve
Tuberaria vulgaris Willk.
 CONVULVULACEAE
Convolvulus althaeoides L.
 CRASSULACEAE
Sedum acre L.
Sedum sediforme (Jacq.) Pau.
Sideritis montana L.

- CUPRESSACEAE
Callitris articulata (Vahl.) Link.
Cupressus sempervirens L.
Juniperus oxycedrus L. subsp. *rufescens*
- CYPERACEAE
Carex halleriana ESA.
- DIOSCORACEAE
Cephalaria leucantha (L.) Schard.
- DIPSACACEAE
Scabiosa stellata L.
- EPIEDRACEAE
Ephedra fragilis Desf.
- ERICACEAE
Arbutus unedo L.
Erica arborea L.
- EUPHORBIACEAE
Euphorbia exigua L.
Euphorbia falcata L.
Euphorbia nicaeensis Aff.
Euphorbia sulcata de Lens.
- FABACEAE
Adenocarpus decorticans Wood.
Adenocarpus bacqueti (B. & T.)
Anagyris foetida L.
Anthyllis Montana L.
Anthyllis tetraphylla L.
Anthyllis vulneraria L.
Astragalus armatus Willd.
Astragalus incanus L.
Calicotome intermedia (Salzm.) C. Presl =
Calicotome villosa subsp. *intermedia* (Salzm.) Mr.
Capsella bursa-pastoris L.
Ceratonie siliqua L.
Cerintho major L.
Colutea arborescens L.
Coronilla juncea L.
Coronilla minimum L.
Coronilla scorpiodes Koch.
Cynoglossum cheirifolium L.
Cytisus villosus Pourret. = *Cytisus triflorus* Herit.
Erinacea anthyllis Link.
Genista erioclada subsp. *atlantica* (Spach.) Mr.
Genista ramosissima (Desf.) Poiret. = *Genista*
cinerea subsp. *ramosissima*
Genista erioclada Spach.
Genista spartioides Spach.
Genista tricuspidata subsp. *duriae* (Spach.) Beats.
Hedysarum coronarium L.
Hedysarum flexuosum L.
Hippocrepis multisiliquosa L.
Hippocrepis multisiliquosa subsp. *ciliata* (Willd.)
Hornungia petraea (L.) R.Br.
Lagurus ovatus L.
Lathyrus sphaericus Retz.
Lotus edulis L.
Medicago minima Grubb.
Medicago rugosa Desr.
Melilotus sulcata Desf.
Odontites purpurea Gift.
Onobrychis alba (W. et K.) Desv.
Ononis natrix L.
Scorpiurus muricatus L.
Solenanthes lanatus cd.
Tetragonolobus purpureus Moench.
Trifolium angustifolium L.
Trifolium campestre Schrad.
Trifolium scabrum L.
Trifolium stellatum L.
Trifolium tomentosum L.
Stauracanthus boivinii (Webb) Samp = *Ulex boivinii*
Webb var. *webbianus* (Cosson) Mayor
Vicia sativa L.
- FAGACEAE
Quercus coccifera L. subsp. *coccifera*
Quercus faginea subsp. *hemcensis* (cd.) Mr. =
Quercus faginea subsp. *broteroi* (Coutinho) A.
Cornus
Quercus ilex subsp. *ballota* (Desf.) A. cd.
Quercus suber L.
- FUMARIACEAE
Fumaria capreolata L.
- GERANIACEAE
Erodium guttatum (Desf.) Willd.
Erodium moschatum (Burm.) Herit.
Geranium molle L.
Geranium robertianum L.
- GLOBULARIACEAE
Globularia alypum L.
- IRIDACEAE
Iris tingitana (B. & R.) B. & T.
- LAMIACEAE
Ajuga chamaepitys (L.) Schreber. = *Ajuga*
chamaepitys Schreb.
Ajuga iva subsp. *iva* (L.) Schreber.
Ballota hirsuta Benth.
Lavandula dentata L.
Lavandula multifida L.
Lavandula stoechas L.
Marrubium vulgare L.
Micromeria inodora Benth.
Nepeta multiflora Desf.
Origanum glandulosum Desf.
Origanum hirtum Beats. non Link.
Phlomis herba venti L.
Prasium majus L.
Rosmarinus officinalis L.
Rosmarinus tournfortii de Noé.
Salvia officinalis L.
Salvia verbenaca Beats.
Satureja graeca L.
Satureja rotundifolia (Near.) Briq.
Satureja vulgaris (L.) Fritsch.
Teucrium fruticans L.
Teucrium polium L.

Floral Diversity of the Tlemcen Mountains (Western Algeria)

- Teucrium pseudochamephitys* L.
Thymus ciliatus Desf.
Thymus munbyanus subsp. *coloratus* (Wood. & Reuter) Greuter & Bordet = *Thymus ciliatus* subsp. *coloratus* (B. & R.) Beats.
- LILIACEAE
Allium nigrum L. = *Allium roseum* L.
Allium roseum subsp. *have-roseum* Windt
Allium senecens L.
Allium triquetrum L.
Aphyllantes monspeliensis L.
Asparagus acutifolius L.
Asparagus albus L.
Asparagus stipularis Forsk.
Asphodelus microcarpus Salzm. & Viv.
Gagea arvensis (Pers.) Dum.
Gallium aparine L.
Gallium parisiense L.
Gallium rotundifolium L.
Minuartia montana L.
Muscari comosum (L.) Millet.
Ornithogallum umbellatum L.
Ruscus aculeatus L.
Ruscus hypophyllum L.
Smilax aspera L.
Drimys maritima (L.) Speta = *Urginea maritima* var. *pancratium* (Stein.) Baker.
- LINACEAE
Linum corymbiferum Desf.
Linum strictum L.
Linum suffruticosum L.
- MALVACEAE
Lavatera maritima Gouan.
Malva sylvestris L.
- MYRTACEAE
Muscari neglectum Guss.
- OLEACEAE
Fraxinus angustifolia Vahl.
Jasminum fruticans L.
Olea europaea L. subsp. *europaea* = *Olea europaea* var. *oleaster*
Phillyrea angustifolia L.
Phillyrea latifolia L. = *Phillyrea angustifolia* subsp. *latifolia* (L.) Mr.
- ORCIDIACEAE
Gennaria diphylla (Link.) Parl.
- OROBANCHACEAE
Broomrape alba Steph.
- PALMACEAE
Chamaerops humilis subsp. *argentea* Andre.
- PAPAVERACEAE
Papaver hybridum L.
Papaver rhoeas L.
- PINACEAE
Cedrus atlantica (Endl.) Career = *Cedrus libanotica* Link.
Pinus halepensis Miller.
- Pinus pinea* L.
- PLANTAGINACEAE
Plantago albicans L.
Plantago lagopus L.
Plantago ovata Foresk.
Plantago psyllium L.
Plantago serraria L.
- POACEAE
Aegilops triuncialis L.
Aegilops ventricosa Tausch
Aira cupaniana Guss.
Aira cupaniana subsp. *genuina* Briq.
Ampelodesmos mauritanicus (Poir.) Dur. & Sch. = *Ampelodesma mauritanica* (Poir.) Dur. & Sch.
Avena sterilis L.
Brachypodium distachyon (L.) P. B.
Bromus madritensis L.
Anisantha rubens (L.) Nevski = *Bromus rubens* L.
Bromus squarrosus L.
Bromus tectorum L.
Cynosurus elegans Desf.
Dactylis glomerata L.
Echinaria capitata (L.) Desf.
Festuca atlantica Dur. & Sch.
Festuca scaberrimae Lange.
Festuca caerulea Desf.
Festuca triflora Desf.
Hordeum murinum L.
Koeleria vallesiana (Honk.) Bert.
Lamarckia aurea (L.) Moench.
Melica minuta subsp. *major* (Parl.) Trab.
Scandix pecten-veneris L.
Schismus barbatus (L.) Tef.
Macrochloa tenacissima (L.) Kunth = *Stipa tenacissima* L.
Vulpia geniculata (L.) Link.
- PRIMULACEAE
Anagallis arvensis subsp. *latifolia* (L.) Br. & Mr.
Anagallis arvensis subsp. *phoenicea* (Gouan) Vollst
Maximum androsace L.
- RANUNCULACEAE
Adonis annua L.
Adonis dentata LED.
Clematis cirrhosa L.
Clematis flammula L.
Delphinium peregrinum L.
Nigella damascena L.
Ranunculus bulbosus L.
Ranunculus gramineus L.
Ranunculus spicatus Desf.
- RESEDACEAE
Reseda alba L.
Reseda luteola L.
Reseda phyteuma subsp. *phyteuma* Mr.
- RHAMNACEAE
Rhamnus alternus L. subsp. *alternus*
Rhamnus lycioides subsp. *oleoides* (L.) Jahn & M.

Ziziphus lotus (L.) Desf
ROSACEAE
Crataegus oxyacantha L.
Rosa sempervirens L.
Rubus ulmifolius Schott.
Sanguisorba minor Scop.
RUBIACEAE
Asperula arvensis L.
Asperula hirsute L.
Rubia laevis Poiret.
Rubia peregrina L.
RUTACEAE
Ruta chalepensis L.
SANTALACEAE
Osyris alba L.
SCROPIFULARIACEAE
Anarrhinum fruticosum Desf.
Anarrhinum pedatum Desf.
Linaria gharbensis Beats. & Piterd.
Linaria heterophylla Desf.
Linaria reflexa Desf.
SOLANACEAE
Veronica arvensis L.
THYMELAEACEAE
Daphne gnidium L.
Thymelea nitida Desf
Thymelea virgata Desf
ULMACEAE
Celtis australis L.
VALERIANACEAE
Fedia cornucopiae (L.) Gaerth.
VIOLACEAE
Viola silvestris Lamk.
ZYGOPHYLLACEAE
Fagonia cretica L.

Conclusions

The degradation of the forest of Tlemcen Mts. is the result of the interference of several natural factors, anthropogenic, historical and of forest management. The capacities of resistance of the forest decreased much and the signs of its degradation are very apparent. Repeated fires combined with human action in this forest type cause changes to two different types of vegetation.

In more high altitudes the forest is replaced by groupings with thorny xerophytes similar to those which one finds above the limit altitudinal trees: they cover 60 to 100% of the ground in mixture with the xerophytes thorn-bush: *Genista tricuspidata* subsp. *duriaei* (Spach.) Beats,

Ziziphus lotus L. A lower altitude the sequence understands the following stages:

- Forest of oaks (Holm oak, oak Zen and oak cork) imbricating some relics of cedar *Cedrus atlantica* (Endl.) Carrière.

- Maquis with holm oak and juniper oxycedre.

- The forests of Zeen oak can also be described as pyrolabile; they occupy the zones with rainfall raised in North Africa, in Portugal and in Spain. The rainfall is always higher than 800 mm and often than 1000 mm.

- Lawns with thyme: *Thymus ciliatus* Desf. and *Thymus munbyanus* subsp. *coloratus* (Boiss. & Reuter) Greuter & Burdet.

The deterioration of the forest structure and the absence of regeneration are as many manifestations of the state of destruction of the strength and the integrity of the forest which constitutes a central axis for any initiative of the development of the zone. The population actuality and the mistakes of alternative solutions, has drawn and draws even the forest resources (aromatic plants: *Rosmarinus officinalis* L., medicinal: *Ammoides pusilla* (Brot.) Breistr., and others). This situation will certainly lead towards an irreversible degradation of the plant cover even to turning into a desert of the environment. This requires the immediate execution of an inclusive and sustainable development strategy based on the conservation and the rehabilitation of these forests, on the one hand, and the improvement of the standard of living of the local population, on the other hand.

References

- BATTANDIER A., L. TRABUT. 1888-1890. *Flore d'Algérie (Dicotylédones)*. 860 p.
BENABAJI N., B-E. GHEZLAOUI, M. BOUAZZA, N. BENDIMERRAD. 2010. *Phytocologie et composés secondaires d'un peuplement végétal steppique: Cas de Pseudocytisus integrifolius (Salisb.) rehder dans le Chott El-Gharbi (Oranie-Algérie)*. - *Mediterranea*, 21: 43-78.
BLANCA G., B. CABEZUDO, M. CURIO, C. FERNANDEZ LOPEZ, C. MORALES

Floral Diversity of the Tlemcen Mountains (Western Algeria)

- TORRIS. 2009. *Flora Vasculaire de Andalucía Oriental*, Consejería de Medio Ambiente, Sevilla.
- BOUAZZA M., N. BENABADJI. 1998. Composition floristique et pression anthropozoiique au Sud-Ouest de Tlemcen. - *Revue Sciences et Technologies*, 10: 93-97.
- BOUDY P. 1955. *Description forestière de l'Algérie et de la Tunisie*. Ed Larose, Paris, 483 p.
- BRAUN-BLANQUET J. 1951. *Pflanzen-soziologie. Grundzüge der vegetations Kunde*. Ed. 2. Springer. Vienne. Autriche, 631 p.
- DOBIGNARD A., C. CHATELAIN. 2010-2012. *Index synonymique et bibliographique de la flore d'Afrique du Nord*. Vol. 1-4, C. J. B. G., Genève.
- GAOUAR A. 1980. Hypothèse et réflexion sur la dégradation des écosystèmes forestiers dans la région de Tlemcen. - *Revue Forêt Méditerranéenne*, 2: 131-146.
- GHEZLAOUI B-A., N. BENABADJI, D. BENMANSOUR, A. MERZOUK. 2011. Analyse des peuplements végétaux halophytes dans le Chott El-Gharbi (Oranie-Algérie). - *Acta Botanica Malacitana*, 36: 113-124.
- GOUNCI M. 1969. *Méthodes d'études quantitatives de la végétation*, vol. 1, Ed. Mass. Paris, 314 p.
- HADJADI-AOUL S., M. CHOUIEB, R. LOISEL. 2009. Effet des facteurs environnementaux sur les premiers stades de la régénération naturelle de *Tetraclinis articulata* en Oranie. - *Ecologia Mediterranea*, 35: 19-30.
- KADI-HANINI H. 2003. Diversité biologique et phytogéographique des formations à *Stipa tenacissima* L. de l'Algérie. - *Science et changements planétaires / Sécheresse*, 14(3): 169-179.
- LEITREUCH-BELAROUCI A., B. MEDJAHDI, N. LEITREUCH-BELAROUCI, KH. BENABDELI. 2009. Diversité floristique des subéraies du parc national de Tlemcen. - *Acta Botanica Malacitana*, 34: 77-89.
- MAIRE R. (Ed.) 1952-1987. *Flore de l'Afrique du Nord (Maroc, Algérie, Tunisie, Tripolitaine, Cyrénaïque et Sahara)*. Le Chevalier, Paris. Vol. 1-16.
- MEDAIL F., K. DIADEMA. 2009. Glacial refugia influence plant diversity patterns in the Mediterranean Basin. - *Journal of Biogeography*, 36(7): 1333-1345 DOI:10.1111/j.1365-2699.2008.02051.x
- MEDJAHDI B., M. IBN TATIQU, D. BARKAI, KH. BENABDELI. 2009. La flore vasculaire des monts des Traras. - *Acta Botanica Malacitana*, 34: 57-75.
- MISLI K., M. BOUAZZA, M. GODRON. 2008. Ecological characterization of the vegetable groupings of the Mounts of Tlemcen and their facies of degradation (west-Algeria). - *Environmental Research Journal*, 2(5): 271-277.
- MISSAOUDENE M., M. TAFER, A. LOUKKAS, R. MARCHAL. 2008. Propriétés physiques du bois de chêne zéen de la forêt des Aït Ghobri (Algérie). - *Bois et Forêts des Tropiques*, 298: 37-48.
- PRODON R., R. FONS, A. PÉTER. 1984. L'impact du feu sur la végétation, les oiseaux et les micromammifères dans diverses formations méditerranéennes des Pyrénées Orientales: Premiers résultats. - *Revue d'écologie, Terre et Vie*, 39: 128-158.
- QUEZEL P. 1956. *Contribution à l'étude des forêts de chênes à feuilles caduques d'Algérie*. Mém. Soc. Nat. Afrique du Nord, Alger, annuelle série, 1, 57 p.
- QUEZEL P. 1957. *Peuplement végétal des hautes montagnes de l'Afrique du Nord*. Paris, Ed. Lechevalier, Paris, 464 p.
- QUEZEL P. 2000. *Réflexions sur l'évolution de la flore et de la végétation au Maghreb méditerranéen*. Ibis Press. Paris. 117 p.
- QUEZEL P., S. SANIA. 1962-1963. *Nouvelle flore d'Algérie et des régions désertiques méridionales*. CRNS, Paris (FR), Tome 1: 1-565, Tome 11: 566-1170.
- QUEZEL P., F. MEDAIL. 2003. *Ecologie et biogéographie des forêts du bassin méditerranéen*. Elsevier, Paris, 592 p.
- SCHAPPHAUSSER A., T. CURI, E. VELA, T. TATONI. 2012. Feux récurrents et facteurs environnementaux façonnent la végétation dans les boisements à *Quercus suber* L. Et les maquis. - *Comptes Rendus Biologies*, 335: 424-434. DOI:10.1016/j.crv.2012.04.006.

- VALDES B., M. REJDALI, A. KADMIRI, S. JURY, J. MONISERRAT. 2002. *Catalogue des plantes vasculaires du Nord du Maroc incluant des clés d'identification*. Consejo Superior d'Investigaciones Cientificas, Biblioteca de ciencias, Madrid, Vol. 1 and II, 1007.
- ZINE EL ABIDINE A. 1988. Analyse de la diversité phyto-écologique des forêts du chêne zeen (*Quercus faginea* Lamk.)

Au Maroc. - *Bulletin Institut Scientifique de Rabat*, 12: 69-77.

Received: 01.04.2015

Accepted: 14.09.2015

Communications

- *Communications internationales : 5 affichées*
- *Communication nationale : 1 affichée*
- *Journées scientifiques : 2 orales/affichées*

TABLE DES MATIERES

Résumés

Publication

Communications

Introduction Générale

Partie I

Analyse Bibliographique

Aperçu Bibliographique

Généralités :	3
Végétation Méditerranéenne :	4
En Afrique du Nord	7
En Algérie	9
La région de Tlemcen	10

Chapitre I

Étude du Milieu Physique

I. Situation géographique :	13
II. Géomorphologie :	14
III. Géologie :	15
III.1 - Les grès de Boumédiene (Oxfordien supérieur – Kimmeridgien supérieur) :	16
III.2 - Les calcaires de Zarifet (Kimmeridgien supérieur) :	16
III.3 - Les Dolomies de Tlemcen (Kimmeridgien terminal) :	16
III.4 - Les Marno-Calcaires de Raouarî (Tithonien basal) :	16
III.5 - Les Calcaires de Lato	16
III.6 - Les Dolomies de Terny (Tithonien inférieur)	17
III.7 - Les Marno-Calcaires de Hariga (Tithonien supérieur)	19
III.8 - Les Grès de Merchich	19
IV. Réseau hydrographique :	19
IV.1 - Oueds à écoulement superficiel :	19
IV.2 - Les ressources souterraines :	20
V. Pédologie, description sommaire	21
V.1 - Sols fersialitiques rouges.....	21
V.2 - Sols bruns fersialitiques.....	21

V.3 - Sols fersialitiques bruns type Terra fusca.....	22
V.4 - Sols bruns calcaires sur travertin.....	22
V.5 - Sols bruns calcaires en alternance avec des travertins en place.....	22
V.6 - Sols fersialitiques rouges à caractère vertique.....	22
V.7 - Sols fersialitiques rouges et mosaïque dolomie/sol.....	22

Chapitre II

Le Bioclimat

Introduction	24
I. Méthodologie	25
I.1 - Choix de la période et de la durée.....	25
I.2 - Choix des données et des stations météorologiques	28
II. Les facteurs climatiques.....	28
II.1 - La pluviosité	28
II.2 - Régime saisonnier.....	30
II.3 - Températures	32
II.3.1. Les températures moyennes mensuelles	32
II.3.2. Les températures moyennes des maxima du mois le plus chaud (M).....	32
II.3.3. Les températures moyennes du mois le plus froid (m).....	33
II.3.4. Les autres facteurs climatiques	33
II.3.5. L'importance du brouillard	34
II.3.6. La neige.....	34
II.3.7. La gelée blanche	34
III. Synthèse climatique	35
III.1 - Les diagrammes ombrothermiques	35
III.2 - Indice d'aridité de De Martonne	38
III.3 - Le quotient pluviothermique d'Emberger	40
Pour l'ancienne période :	41
Pour la nouvelle période :	41
Conclusion	43

Chapitre III

Le Milieu Humain

I. Introduction.....	44
II. Formes des pressions anthropozoogenes.....	44
II.1 - Croissance démographique.....	45

II.2 - Le défrichement et le système de culture	46
II.3 - Les incendies	47
Conclusion	50

Partie II

Matériels et Méthodes

Chapitre I

Analyse Pédologique

Analyse pédologique :.....	51
I. Méthodes d'analyse.....	51
I.1 - Méthode d'étude sur le terrain	51
I.1.1. Choix de l'emplacement du profil :	51
I.1.2. Creusement du profil :	52
I.1.3. Étude du profil :	52
I.1.4. Distinction des horizons :	52
I.1.5. Prélèvement des échantillons :	52
I.1.6. Transport des échantillons :	52
I.2 - Méthode d'étude au laboratoire	52
I.2.1. Séchage :	53
I.2.2. Séparation des éléments :	53
I.2.3. Préparation des échantillons pour les analyses :	53
I.2.4. Le matériel utilisé:.....	53
I.2.5. Analyse granulométrique :	54
I.3 - Analyses chimiques :	55
I.3.1. Le pH :.....	55
I.3.2. Le dosage du calcaire total :	55
I.3.3. La conductivité électrique :	56
I.3.4. Dosage du carbone organique :	57
I.3.5. La couleur Munsel :	58

Chapitre II

Phytodiversité

I. Échantillonnage stratifié, choix des stations.....	59
II. Méthode de réalisation des relevés floristiques.....	63
II.1 - 1. Collecte des données	63

II.2 - Collectes des variables environnementales	63
II.3 - Identification des espèces	64
II.4 - Traitement des données floristiques	65
II.4.1. Codage des données	65
II.4.2. Traitement statistique multivarié	65

Chapitre III

Synthèse Phylogénétique

I. Phylogénie	68
I.1 - Historique.....	68
I.2 - Phylogénie et taxonomie.....	71
I.3 - La phylogénie moléculaire.....	73
I.3.1. Historique	73
I.3.2. Définition	73
II. Méthodes phylogénétiques.....	76
II.1 - Les banques de données et la récupération des séquences	76
II.2 - Le format FASTA.....	77
II.3 - logiciel statistique R	77
II.4 - Méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques	77
II.4.1. Méthodes de distance	78
II.4.2. Méthode du maximum de vraisemblance ou « Maximum Likelihood-ML».....	78
II.4.3. Méthodes de maximum de parcimonie	79

Partie III

Résultats et Discussions

Chapitre I

Édaphologie

Introduction:	80
I. Interprétation des résultats.....	80
Conclusion	83

Chapitre II

Analyse des Données Floristiques

Introduction :	84
I. Composition de la flore.....	85

II. Spectre biologique	87
II.1 - Indice de perturbation.....	90
III. Caractéristiques biogéographiques	90
IV. Inventaire exhaustif du tapis végétal des Monts de Tlemcen:	93
V. Analyse factorielle des correspondances :	111

Chapitre III

Synthèse Phylogénétique

Interprétation de l'arbre phylogénétique :	117
V.1 - Interprétation des clades :.....	117

Conclusion générale et perspectives

Bibliographie

Annexes

Liste des figures

Fig. 1 : Exemple de coupe de la végétation sur le revers septentrional des Babors.....	6
Fig. 2 : Dynamique de végétation au Maghreb. [1 : Quézel P. (2000) ; 2 : Bouazza et Benabadji (2010) modif.]	9
Fig. 3 : Colonne stratigraphique des Monts de Tlemcen jusqu'aux hautes plaines [Benest, 1985].....	18
Fig. 4 : Variations saisonnières des précipitations	31
Fig. 5 : Diagrammes ombrothermiques pour l'ancienne période.....	36
Fig. 6 : Diagrammes ombrothermiques pour la nouvelle période.....	37
Fig. 7 : Indice d'aridité de De Martonne	39
Fig. 8 : Climagramme pluviothermique d'Emberger	42
Fig. 9 : Évolution et répartition du cheptel dans la région d'étude	46
Fig. 10 : Incendie (Zarifet) (photo : Chemouri F.Z. 2015).....	47
Fig. 11 : Régénération après feu (Zarifet), le chêne kermès (<i>Quercus coccifera</i>). (photo : Chemouri F. Z. 2015)	48
Fig.12 : Échelle de salure en fonction de la conductivité de l'extrait aqueux (Aubert, 1978).....	57
Fig. 13 : Description des stations	62
Fig. 14 : la filiation des animaux selon Lamarck (1809.vol.2,PP 463).....	69
Fig. 15 : le premier arbre phylogénétique selon Darwin, 1859.....	70
Fig. 16 : Enracinement d'un arbre à 4 taxons. Deux types d'enracinement sont possibles. Sur une branche externe (1) ou sur la branche interne (2).	75
Fig. 17 : Monophylie et Paraphylie. Le groupe (B, C, D) est monophylétique : tous les descendants de leur ancêtre commun sont compris dans ce groupe. Le groupe (F, G, H) est paraphylétique : Leur ancêtre commun n'a pas tous ses descendants dans le groupe, il manque E.	75
Fig. 18 : Triangle textural.....	81
Fig. 19 : Composition de la flore par famille	86
Fig. 20 : Classification des types biologiques de Raunkiaer, (1934).	88
Fig. 21: Types biologiques	89
Fig. 22 : Types biogéographiques	92
Fig. 23 : Dendrogramme.....	111
Fig. 24 : AXE 2 ET AXE 1	114
Fig.25: l'arbre phylogénétique issu de logiciel R selon La méthode de <i>Neighbor-Joining</i> (NJ).....	207

Liste des tableaux

Tableau 1 : Données relatives aux moyennes mensuelles et annuelles des précipitations et des températures pour l'ancienne période (1913-1938).....	26
Tableau 2 : Données relatives aux moyennes mensuelles et annuelles des précipitations et des températures pour la nouvelle période	27
Tableau N° 3 : Données géographiques des stations météorologiques	28
Tableau 4 : Coefficient relatif saisonnier de Musset.....	30
Tableau 5 : Températures moyennes des maxima des mois les plus chauds (M°c)	33
Tableau 6 : Températures moyennes des minima du mois le plus froid(°c)	33
Tableau 7 : Indice d'aridité de De Martonne	38
Tableau 8 : Le quotient pluviothermique d'Emberger	40
Tableau 9 : Évolution de la population (D.S.A, 2012).....	45
Tableau 10 : Répartition mensuelle du nombre de foyers (2011-2015).....	49
Tableau 11 : Échelle d'interprétation de carbonates	56
Tableau 12 : Estimation de la quantité de matière organique et d'humus présents dans un échantillon du sol.....	58
Tableau 13 : Description des stations étudiées.....	61
Tableau 14 : Les caractéristiques physico-chimiques des sols des stations d'études.	82
Tableau 15 : Indice de perturbation.....	90
Tableau 16 : Pourcentage des endémismes dans la région des Monts de Tlemcen	91
Tableau 17 : Spectre biologique de la végétation des Monts de Tlemcen	94
Tableau 18 : Taux d'inertie et les valeurs propres des trois premiers axes.....	111
Tableau 19 : Liste des espèces qui n'ont pas une FASTA sur le GENBANK.....	144
Tableau 20 : Contribution des taxons des trois premiers axes de l'AFC	196

Liste des cartes

Carte 1 : Carte de situation de la zone d'étude.....	13
Carte 2 : Carte altimétrique	14
Carte 3 : Carte des pentes	15
Carte 4 : Réseau hydrographique	21
Carte 5 : Carte lithologique	23
Carte 6 : Carte pluviométrique des Monts de Tlemcen.....	29
Carte 7 : Les étages bioclimatiques des Monts de Tlemcen.....	40

Introduction Générale

La région méditerranéenne est l'une des plus anciennement touchées par les activités humaines. Guerres et paix, défrichements, agricultures puis déprises...surpâturages, incendies et coupes de bois...la forêt méditerranéenne a subit de plein fouet toutes les folies, les sagesses... et les sauts d'humeurs de l'homme méditerranéen.

A bout de souffle, la végétation n'a pas pu suivre le rythme imposé par l'accélération de la voracité humaine. Malgré sa grande « résilience » face aux agressions humaines, elle a fini par lâcher prise. Catastrophe après catastrophe, la forêt n'a pas perdu espoir qu'il viendra le jour où les hommes comprendront ses messages. Enfin ils ,ont senti les souffrances de cette belle nature et n'ont pas cessé depuis à chercher de la réconcilier et de l'apaiser.

L'ensemble du bassin méditerranéen est aujourd'hui au cœur des préoccupations mondiales en termes de biologie de la conservation. Sachant qu'à l'instar des autres écosystèmes mondiaux, les écosystèmes méditerranéens sont les plus vulnérables (**KADIK, 2005**). Cette zone est d'ailleurs considérée actuellement comme un des 34 points chauds de la planète (**MYERS et COWLING, 1999 ; MEDAIL et MYERS, 2004**). Ces hotspots sont caractérisés par leur richesse spécifique et leur taux d'endémisme (**MYERS, 1988 ; 1990**) et par les menaces anthropiques grandissantes (**MYERS et al.,2000**).

La région de Tlemcen (Algérie occidentale) n'échappe pas de ces fléaux (défrichements, surexploitations des ressources, feux...) et des péjorations climatiques ont entraîné une perturbation des équilibres écologiques. Cette zone offre un paysage botanique excentrique et très diversifié, l'étude de leur diversité floristique et sa dynamique a été entamée par plusieurs auteurs nous citons les plus récentes : **BENABADJI et BOUAZZA (2000, 2001) ; KADIHANIFI (2003) ; BOUAZZA et al., (2004) ; MEDJAHDI et al.,2009 ; HACHEMI (2011) ; BABALI (2014) et GHAZLAOUI et al., (2015)**.

L'étude de la flore et de la végétation des Monts de Tlemcen m'a été proposée par mon directeur de thèse, afin de compléter certaines données sur l'écologie végétale au sens large de la région de Tlemcen. Il a été nécessaire d'aborder la dynamique, et la taxonomie végétale, mais aussi mettre en relief la place importante de l'impact de l'homme sur cette région. L'objectif de notre travail est de représenter l'arbre phylogénétique des grandes formations végétales qu'intègre l'état des facteurs du milieu et les principales formations végétales.

Pour parvenir à notre objectif, il nous à été utile de réunir le maximum de données sur la végétation existante. Trois approches analytiques et synthétiques successives et complémentaires ont été utilisées, l'une basée sur des statistiques multi-variées, analyse phylogénétique et l'autre

floristique et structurelle des groupements végétaux présents. Ce travail est articulé en trois parties : La première partie est consacrée au milieu physique de la zone d'étude ; associée à une approche bioclimatique, suivie par le milieu humain.

La deuxième partie est axée sur : la méthodologie et le matériel envisagé pour le recueil des données floristiques, pédologiques et phylogénétiques.

Enfin, La troisième et dernière partie a débouché sur les résultats et discussions.

Partie I

Analyse Bibliographique

Aperçu Bibliographique

Généralités :

Le monde méditerranéen représente un véritable puzzle, tant par son modelé fragmenté et hétérogène à l'extrême que par sa géologie, qui est certainement l'une des plus complexes du monde. **QUEZEL et MEDAIL (2003)**.

La plupart des forêts méditerranéennes représente des systèmes non équilibrés, en général bien adaptés dans l'espace et dans le temps à diverses contraintes, et donc aux modifications de dynamique ou de structure et d'architecture des peuplements qu'ils peuvent engendrer (**BARBERO et QUEZEL, 1989**).

Quoique dans tous les systèmes biologiques les processus de germination, croissance et développement sont dynamiques naturellement, certains facteurs de perturbation principalement les incendies induisent des changements dans le sens régressif et progressif (régénération naturelle).

Le rythme actuel d'extinction des espèces serait 100 à 1000 fois supérieur aux rythmes déduits de données paléontologiques (**MAY et al., 1995**). Les extinctions d'espèces ne sont pas aléatoirement distribuées entre les familles et les genres d'êtres vivants (**PURVIS et al., 2000**). Certains taxons sont majoritairement composés d'espèces menacées d'extinction : 75% dans la famille des Taxacées, 83% dans l'ordre des Cycadopsidées. La perte causée en termes d'histoire phylogénétique pourrait donc être démesurément grande en comparaison d'une distribution au hasard des extinctions entre unités taxinomiques (**NEE et MAY, 1997**).

Cette science de crise s'appuie sur un large champ disciplinaire, des sciences humaines et sociales à la biogéographie, l'écologie, la biologie et la génétique des populations. L'enjeu est généralement d'identifier les espèces menacées d'extinction, de déterminer les menaces s'exerçant sur ces espèces, et enfin d'établir des stratégies de conservation pour assurer leur survie à long terme.

La majorité de ces travaux sont peu heuristiques car ils reposent sur l'étude d'un faible échantillon d'espèces rares ou en danger, rarement en comparaison avec une espèce le plus commune. De plus, ces études s'appuient généralement sur un petit nombre de disciplines (démographie, génétique), et demeurent souvent sans lien les unes avec les autres (**BEVILL et LOUDA, 1999**).

On peut faire remarquer, en complément de la carte du nombre d'espèces menacées à l'échelle mondiale, que dans les pays du Maghreb (Tunisie, Algérie, Maroc) et plus encore au

Proche-Orient (Syrie, Liban, Jordanie ...etc.), les bilans sont sous- estimés par manque de prospections et de travaux récents en botanique systématique (VELA, 2002).

Végétation Méditerranéenne :

L'histoire de la forêt méditerranéenne est actuellement assez bien connue et les phytogéographes sont tout à fait capables de définir, sur le pourtour méditerranéen, l'extension potentielle des essences majeures (QUEZEL et al.,1991).

L'un des caractères majeurs des forêts méditerranéennes, vis-à-vis des forêts européennes, réside dans leur richesse en espèces arborescentes, constitutives ou associées.

Le bilan effectué récemment (QUEZEL et al.,1999 ; BARBERO et al., 2001) aboutit à une richesse en ligneux péri-méditerranéens égale à 247 taxons, soit deux fois plus d'espèces par rapport aux estimations de LATHAM et RICKLEKS (1993) qui indiquent 124 espèces d'arbres au sein des forêts tempérées d'Europe et Méditerranée. (QUEZEL et MEDAIL, 2003)

Selon STERRY (2001), paysages et végétation ont également subi des influences plus subtiles : en effet, des arbres et d'autre végétaux considérés comme typiquement méditerranéens tels que l'olivier (*Olea europea*), le figuier (*Ficus carica*), le caroubier (*Ceratonia siliqua*) et la vigne (*Vitis venifera*).

Alors, toutes ces forêts méditerranéennes ont pour caractéristique d'évoluer vers des groupements climatiques où participent de nombreuses espèces sylvatiques : *Carex distachya*, *Viola dehnharrdii*, *Epipactis microphylla*, *Oryzopsi sparadoxa* et *Carex albiensis*.

Les forêts méditerranéennes ont été réduites en superficie et se sont appauvries en biomasse et en biodiversité.

La région circum-méditerranéenne apparaît donc sur le plan mondial comme un centre majeur de différenciation des espèces végétales (QUEZEL et al., 1995). L'un des premiers soucis des géobotanistes est de connaître la diversité floristique et la répartition des espèces et des unités supérieures du point de vue biogéographique (QUEZEL, 1978-1985 ; QUEZEL et al., 1980),

Malgré sa richesse floristique globale remarquable, la région circum- méditerranéenne présente une hétérogénéité considérable tant au niveau du nombre des espèces méditerranéennes que celui des endémiques, en fonction des zones géographiques qui la constituent (QUEZEL et MEDAIL, 1995).

DICASTRI (1981) et **QUEZEL (1989)** montrent que l'intense action anthropique (déboisement, incendie, pâturage, culture et délits variés) entraîne une diminution des surfaces forestières, chiffrée entre 1 et 3 % par an (**QUEZEL et al., 1990**), formées surtout par des espèces pré forestières, chamaephytiques et nano-phanérophytiques, ce qui explique la disparition totale des forêts d'arbres sempervirents de la région méditerranéenne et leur remplacement par des milieux assez ouverts, qui occupent la quasi-totalité de la forêt.

Les modifications climatiques possibles dans le cadre de phénomène des changements globaux ne devraient pas, a priori, entraîner des raréfactions voire des disparitions notables chez les phanérophytes méditerranéennes. Les espèces les plus menacées sont beaucoup plus sensibles à l'effet des impacts humains que sous les changements climatiques.

Les régions méditerranéennes d'Europe et d'Afrique du Nord sont particulièrement concernées par les changements climatiques : à long terme, elles prédisent une évolution plus rapide et plus importante du tapis végétal que dans d'autres parties du monde (**HESSELBJERG-CHRISTIANSEN et al., 2007**). D'autre part, les changements attendus vont dans le sens d'une réduction de la disponibilité en eau durant la saison de végétation (**VENNETIER et al., 2010**).

L'ensemble des forêts soumises au bioclimat méditerranéen est subdivisé en plusieurs ensembles bioclimatiques en fonction : de la valeur des précipitations annuelles, du coefficient pluviothermique d'**EMBERGER (1930-B, 1955)** et la durée de la sécheresse estivale (**DAGET, 1977**) qui représente un phénomène régulier (stress climatique) mais variable selon ces types bioclimatiques et les étages de végétation (**QUEZEL, 1974-1981**).

En conséquence, on distingue dans les montagnes méditerranéennes une succession d'étages de végétation définis pour les types climatiques dont les limites varient avec la latitude et qui sont dénommés infra-méditerranéen, thermoméditerranéen, eu-méditerranéen, supra-méditerranéen, montagnard-méditerranéen et oro-méditerranéen (**QUEZEL, 1976**).

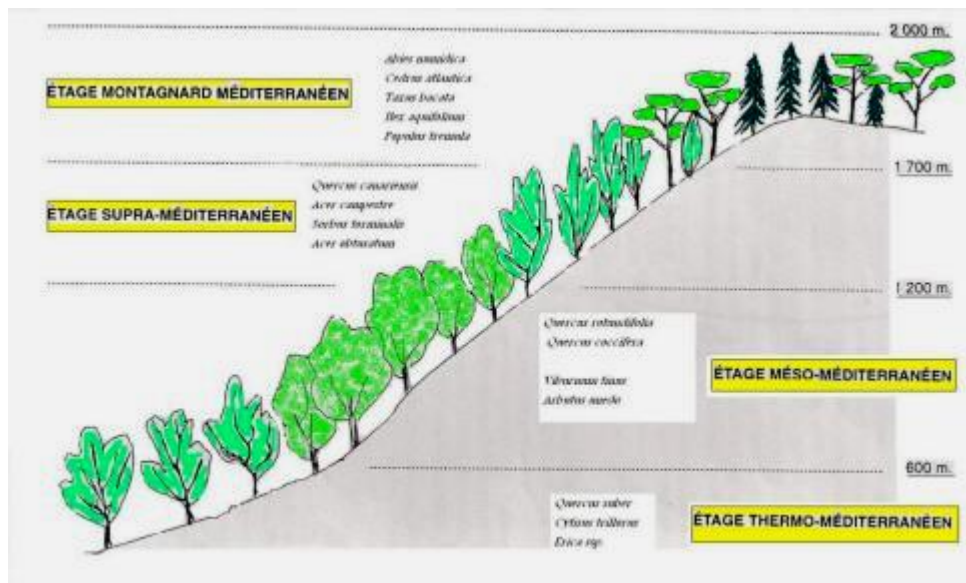


Fig. 1 : Exemple de coupe de la végétation sur le revers septentrional des Babors.

Les écosystèmes forestiers sont répartis (QUEZEL, 1976) comme suit : (Figure. 1)

- La brousse thermophile à *Olea europaea* et *Pistacia lentiscus* ;
- Les forêts de conifères méditerranéens de *Pinus halepensis*, *Pinus pinaster*, *Pinus pinea*, *Tetraclinis articulata* et *Juniperus oxycedrus* ;
- Les forêts sclérophylles de chênes à feuilles persistantes *Quercus ilex*, *Quercus suber*, *Quercus coccifera* ;
- Les forêts caducifoliées à *Quercus faginea*, de *Quercus afres*, de *Quercus libani* et rarement de *Fagus sylvatica*;
- Les forêts de montagne ou de haute altitude de *Cedrus atlantica*, *Pinus nigra*, *Abies nordmanniana*;
- Les peuplements arborés de l'étage oro-méditerranéen à *Juniperus oxycedrus* et des xérophytes épineux.

Les paysages qui caractérisent les écosystèmes arides (circum-méditerranéen) sont :

- Forêts ou brousse à *Argania spinosa* ;
- Brousse à *Pistacia atlantica* et *Ziziphus lotus* ;
- Brousse à *Acacia dealbata* ;
- Steppes à Poacées (*Stipa tenacissima*), à Astéracées (*Artemisia herba-alba*)

La dégradation de la forêt méditerranéenne a fait et continue de faire l'objet d'intérêt de plusieurs auteurs, nous citons : **BENABID (1985)**, **LE HOUEROU(1988)**, **NAHAL (1984)**, **MARCHAND et al., (1990)**, **M'HIRIT** et **MAGHNONJ (1994)**.

En Afrique du Nord

Des endroits importants du territoire restent encore pratiquement inexplorés.

En **1985**, **KOENIGUEUR** a établi une synthèse des résultats connus, essentiellement à partir de bois fossiles en Afrique du Nord jusqu'à l'Oligocène ; la flore reste essentiellement tropicale voire équatoriale.

KOENIGUEUR (1974) laisse supposer la coexistence de paysages forestiers savane sans grande affinité. Les rares macro-restes se rattachant au Pléistocène en Afrique du Nord continentale appartiennent à peu près exclusivement à des taxons xérophiles : Tamarix, Acacia, Olea...

QUEZEL (2000) souligne que « L'Afrique du Nord qui ne constitue qu'une partie du monde méditerranéen (environ 15 %) ne possède pas, actuellement, de bilan précis relatif au nombre des espèces végétales existantes de 5000 à 5300.

Un aspect particulier de l'analyse du capital floristique de l'Afrique du Nord est celui de l'introduction d'espèces allochtones. Ce capital, qui est souvent délicat à définir, est cependant non négligeable.

MEDAIL et al., (1997), ont toutefois recensé environ 3800 espèces au Maroc méditerranéen, 3150 en Algérie méditerranéenne et 1600 en Tunisie méditerranéenne; le nombre approximatif des endémiques étant respectivement de 900, 320 et 39.

Dans le Maghreb (**QUEZEL, 1978**), pour les 148 familles présentes, seules deux possèdent plus de 100 genres, il s'agit des Poacées et Astéracées, viennent ensuite les Brassicacées et Apiacées avec 50 genres et enfin les Fabacées, Caryophyllacées, Borraginacées et Liliacées avec seulement 20 genres.

Au niveau des espèces, huit familles en contiennent plus de 100 : Astéracées (563), Fabacées (432), Poacées (338), Caryophyllacées (227), Lamiacées (222), Brassicacées (215), Scrofulariacées (145) et Liliacées (113) et dix familles en renferment chacune entre 50 et 100.

FENNANE (1987-1988) présente une étude exhaustive sur la syntaxonomie des Tétraclineaies marocaines (**Quercetea ilicis** et **Rosmarinetea officinalis**).

Les formations forestières nord-africaines peuvent prendre l'aspect de belles futaies régulières quand elles sont en bon état. Elles se présentent souvent, hélas, sous l'aspect de broussailles, de maquis et garrigue qui en dérivent par dégradation.

Une ambiance continentale donne avec une vaste ceinture de végétation de type pré-forestier qui, lorsqu'elle n'a pas été détruite par l'homme, se situe entre les formations pré-steppiques et les vraies forêts sclérophylles (**KADIK, 1983 ; FENNANE, 1987 et QUEZEL, 1999**).

Actuellement, dans de nombreuses régions en Afrique du Nord, les prélèvements volontaires s'opèrent dans des matorrals forestiers par dessouchage et une végétation arbustive nouvelle s'installe. Ce processus de remplacement de matorrals primaires en matorrals secondaires déjà envisagé aboutit ultérieurement à une dématorralisation totale qui est particulièrement évidente dans le Maghreb semi-aride où elle conduit une extension des formations de pelouses annuelles (**BENABADJI et BOUAZZA , 2000**).

Les perturbations sont nombreuses et correspondent à deux niveaux de plus en plus sévères allant de la matorralisation jusqu'à la désertification et désertisation passant par la steppisation et la thérophytisation (**BARBERO et al., 1990 et BOUAZZA et BENABADJI, 2010**).

QUEZEL (2000), dans son livre de réflexions sur l'évolution de la flore et la végétation au Maghreb méditerranéen, a schématisé et décrit ce processus de désertification :

Principales modalités de déclenchement des processus de désertification : (Figure. 2)

Sur le plan dynamique, les processus de désertification répondent en Afrique du Nord, au déclenchement de divers phénomènes qui sont pratiquement régressifs.

- Embroussaillement (matorralisation) des ensembles forestiers :
- Débroussaillement (dématorralisation) des ensembles pré-forestiers :
- Envahissement par la steppe (steppisation) :
- Envahissement par les espèces annuelles (thérophytisation) :
- Les effets de la désertisation :

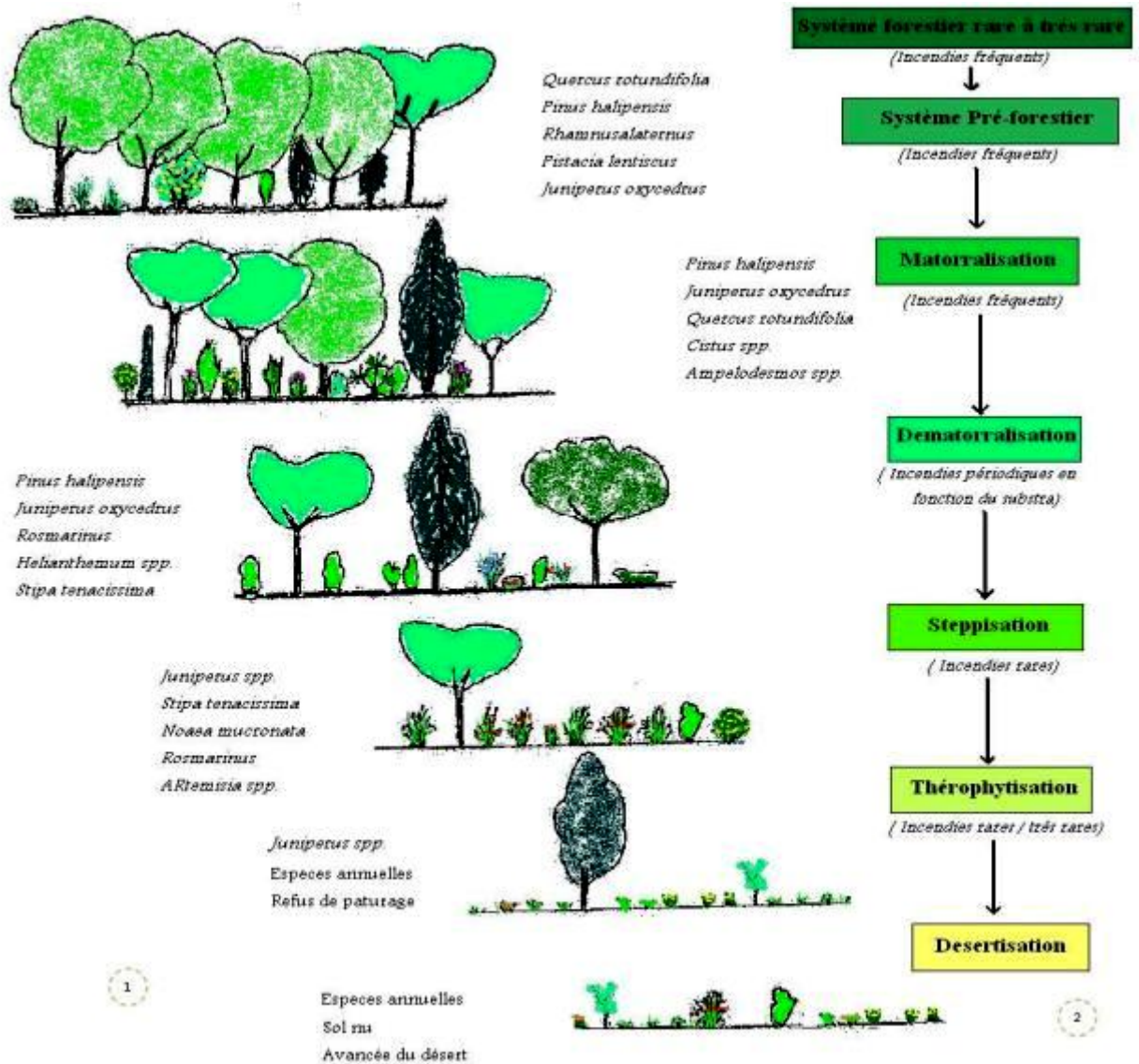


Fig. 2 : Dynamique de végétation au Maghreb.

[1 : Quézel P. (2000) ; 2 : Bouazza et Benabadji (2010) modif.]

En Algérie

La végétation a fait l'objet de plusieurs études, parmi lesquelles nous pouvons citer celles de TRADESCANT (1620) in ALCARAZ (1976), COSSON (1853), BATTANDIER et TRABUT (1888-1889), FLAHAUT (1906) qui commence les premiers essais d'étude phytogéographique et MAIRE (1926).

« L'Algérie, comme tous les pays méditerranéens est concernée et menacée par la régression des ressources pastorales et forestières » (BESTAOU, 2001).

Des indications sommaires sur la répartition des principales essences forestières algériennes ainsi que sur les formations végétales auxquelles elles participent sont fournies par la carte phytogéographie de l'Algérie et de la Tunisie et la notice qui l'accompagne de **MAIRE (1926)**.

Les recherches botaniques forestières ont débuté avec la venue en Algérie, en **1838** du fondateur du Service Forestier Renon. Son travail, inachevé, sur les espèces ligneuses de l'Algérie fut repris par **LAPIE** et **MAIGE (1914)** qui publient une flore forestière dans laquelle est indiquée la répartition des principales essences. En allant du Nord de l'Algérie vers le Sud, on traverse différents paysages en passant des forêts aux matorrals ouverts vers les steppes semi-arides et arides puis vers les écosystèmes désertiques.

Les forêts algériennes couvrent 3,7 millions d'hectares dont 61,5 % se situent au Nord et 36,5 % occupent quelques massifs des hautes plaines. Le Sud algérien ne recèle que 2 % environ de formations forestières.

En **1962**, **QUEZEL** et **SANTA** ont estimé la flore algérienne à 3139 espèces dont 700 sont endémiques. Les arbres les plus spectaculaires du Sahara sont le Cyprés de Deprez (*Cupressus dupreziana*) qu'on trouve en particulier dans la vallée de Tamrirt et le Pistachier de l'Atlas (*Pistacia atlantica*) dont il reste quelques éléments au Hoggar. Il faut noter également l'Arganier dans la région de Tindouf et l'Olivier de Laperrine (*Olea laperrini*) fréquent au Tassili.

Intéressantes et multiples sont les exploitations botaniques sur l'Oranie, les premières sont dues à **COSSON (1853)** puis **TRABUT (1887)** et **FLAHAULT (1906)** suivies de celles de **MAIRE (1926)** et **BOUDY (1950)**.

Les études géobotaniques du Tell oranais ont commencé avec **ALCARAZ (1969,1982 et 1991)**, **ZERAÏA (1981)**, **DAHMANI-MEGREROUCHE (1989)**, **BOUAZZA (1991 et 1995)** et **BENABADJI (1991 et 1995)**.

La région de Tlemcen

La région de Tlemcen fait partie du paysage d'Afrique du Nord où la notion « climax » est plutôt théorique (**DAHMANI-MEGREROUCHE, 1997**) vu l'état instable dans lequel se trouvent les stations d'études.

Les forêts des Monts de Tlemcen ont connu une dégradation continue : le surpâturage, les incendies et les défrichements qui ont créé une dynamique régressive de cette végétation (**BESTAOUI, 2007**).

Les forêts des Monts de Tlemcen, offrent un paysage botanique excentrique et très diversifié, lié aux circonstances du climat, du sol et du relief depuis le littoral jusqu'à la steppe. Elles sont caractérisées par les groupements mixtes à Chêne vert et Chêne Zéen dans la forêt de Hafir et Zarifet. Ailleurs, ce sont des groupements dégradés (**DAHMANI- MEGREROUCHE, 1997**).

La comparaison des spectres biologiques dans la région de Tlemcen montre l'importance des Thérophytes qui confirment sans doute la thérophytisation annoncées par plusieurs auteurs (**BARBERO et al.,1995**).

Dans la région sud-ouest de Tlemcen, **BENABADJI (1991,1995)** et **BOUAZZA(1991,1995)** ont étudié les groupements à *Artemisia herba-alba* et les groupements à *Stipa tenacissima* respectivement, il ressort de ces travaux que ces groupements évoluent vers le Nord.

Tlemcen est l'une des régions les plus riches en biodiversité végétale combinée à un endémisme élevé. Mais cette région a subi une action anthropique très importante et relativement récente (**BOUAZZA et BENABADJI, 2010**).

L'accroissement progressif de la population et de son cheptel a créé un besoin qui a augmenté la destruction du couvert végétal, conduisant impérativement à la constitution de pelouses éphémères où dominent les espèces toxiques et/ou épineuses non palatables telle que (*Centaurea parviflora, Calycotome spinosa, Urginea maritima, Ulex boivinii, Asphodelus microcarpus, Echium vulgare et Atractylis humilis*) (**BOUAZZA et al., 2000, 2010**).

Malgré la forte pression anthropozoogène, la région reste forestière par excellence même si la végétation se présente sous forme de matorrals à différentes étapes de la dégradation (**LETREUCH-BELAROUSSI,2002**).

Parmi les travaux les plus récents sur la végétation de Tlemcen, nous avons ceux de **BOUAZZA (1991-1995)** ; **HASNAOUI (1998)** ; **BOUAZZA et BENABADJI (2000)**, **BESTAOUI (2001)** ; **STAMBOULI(2010)** ; **BOUAZZA et BENABADJI (2010)** ...

Un bilan a été proposé par **BOUAZZA et al. (2000)** concernant les espèces les plus vulnérables de la région de Tlemcen ; il constitue un passage obligé avant de proposer un

programme visant à la protection des taxons menacés afin de préserver le patrimoine phyto-génétique de la région de Tlemcen :

« Conserver la biodiversité végétale dans cette région, dans l'état actuel des choses, pose donc un sérieux défi aux gestionnaires des milieux naturels ».

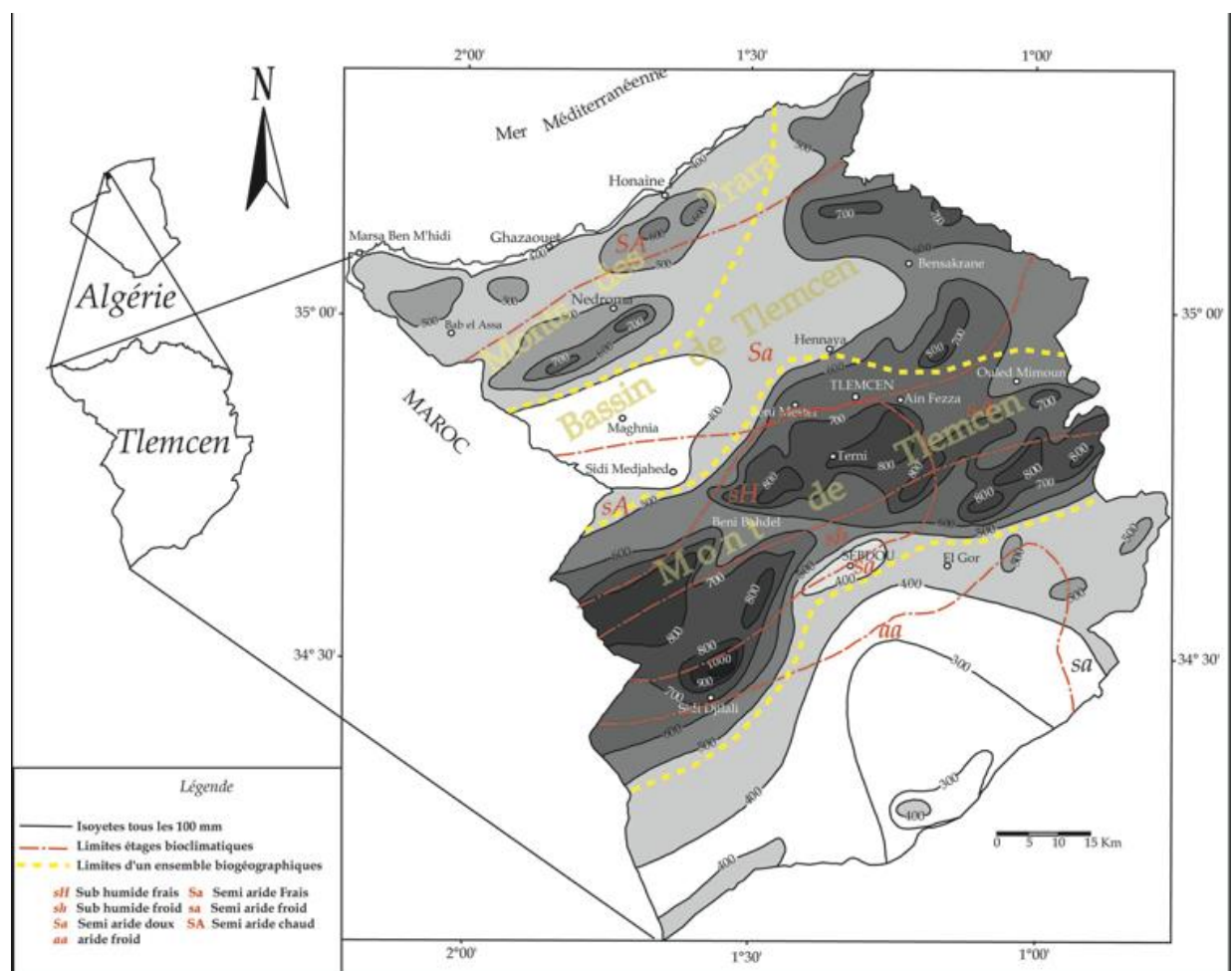
Chapitre I

Étude du Milieu

Physique

I. Situation géographique :

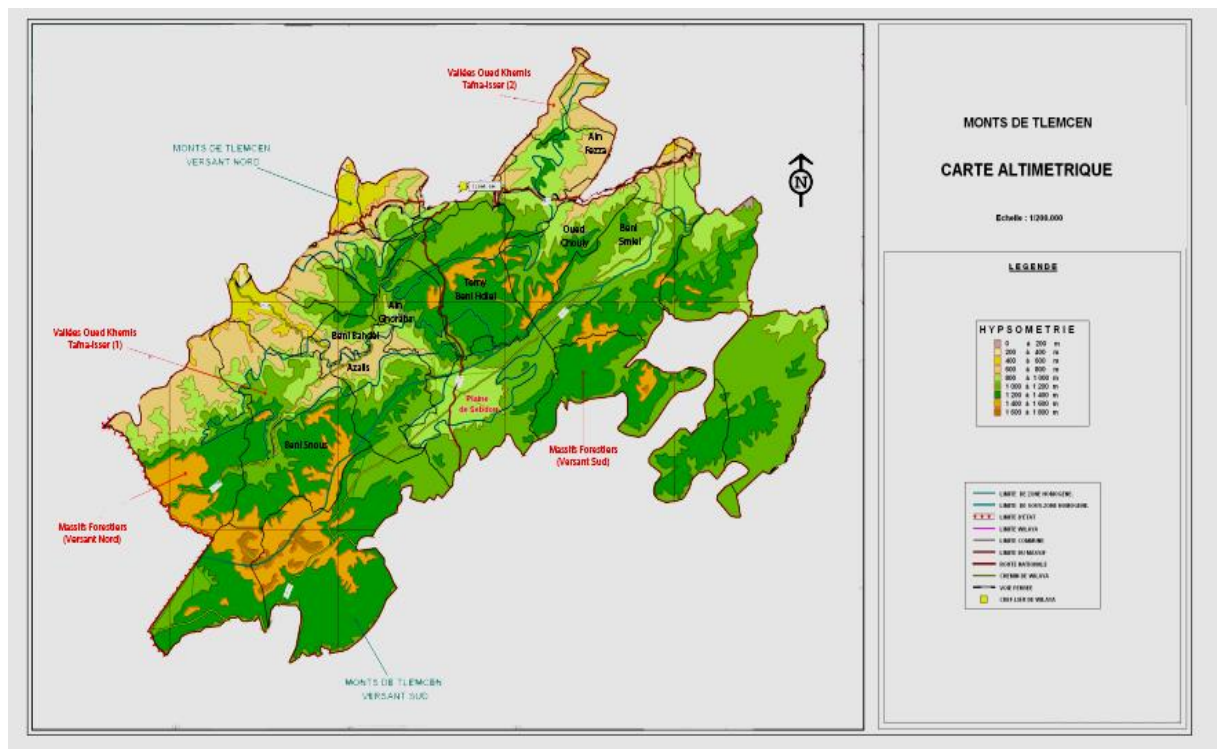
Les Monts de Tlemcen qui appartiennent administrativement à la Wilaya de Tlemcen sont situés dans l'extrémité occidentale de l'Algérie, entre les latitudes nord de 34°30' et 35° et les longitudes ouest de 0°30' et 2°. C'est une chaîne qui apparaît à partir de 600m et qui culmine à certains points à plus de 1800m. Elle lie son appartenance à l'Atlas Tellien. Les Monts de Tlemcen s'étendent sur une superficie de 178.000 ha englobant 8 communes entières : Beni Snous, Boulou, Beni Bahdel, Azails, Sidi Medjahed, Ain Ghoraba, Sebdou, Beni Smiel et 2 communes en partie : Ain Tellout qui est représentée par la région de Tadjemout et Beni Boussaid par celle de Ras Asfour. D'une disposition générale sud-ouest et nord-est, les Monts de Tlemcen sont limités à l'ouest par la frontière algéro-marocaine, à l'est, par l'Oued Mekerra, au nord, par la Plaine de Maghnia.



Carte 1 : Carte de situation de la zone d'étude

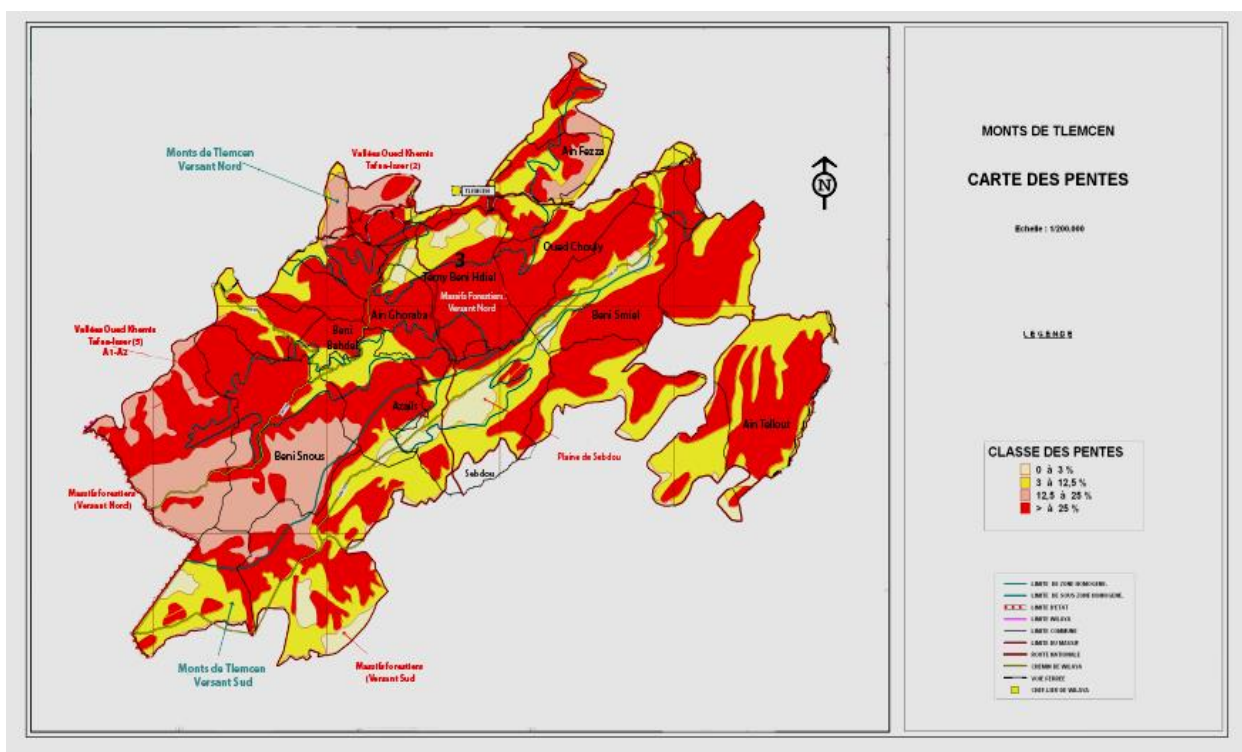
II. Géomorphologie :

Les Monts de Tlemcen se présentent comme une contrée tabulaire formée de calcaires dolomitiques à reliefs karstiques. Ils sont divisés en trois ensembles, le versant nord est une zone montagneuse occupée par des vallées, par l'Oued El Khemis et l'Oued Tafna ainsi qu'une série de plateaux karstiques formant 65% de l'ensemble de la superficie allant de 800 à 1400 m, ce qui reste s'élève de 400 à 1700 m. Le versant sud des Monts de Tlemcen est une succession de plateaux s'élevant en escalier jusqu'à des altitudes de 1800 m. Le dernier ensemble est représenté par les hautes plaines steppiques formant un plateau dont l'altitude oscille entre 1000 et 1200 m.



Carte 2 : Carte altimétrique

Les Monts de Tlemcen sont formés de reliefs accidentés et ils sont garnis par un tapis végétal plus au moins dense qui les protège. Ils sont caractérisés par une érosion plus ou moins intense à l'exception de quelques îlots tels que la zone d'El-Khemis où la roche-mère affleure. Ce sont des formations argilo-marneuses avec des pentes de plus de 20 % (TRICART, 1996).



Carte 3 : Carte des pentes

La variabilité des expositions a entraîné une répartition de la végétation ; au niveau du versant Nord, la place est cédée généralement aux pré-forêts renfermant principalement les espèces qui préfèrent et profitent de l'écoulement (la compensation hydrique), telles que : *Quercus Ilex* subsp. *Ballota* (Desf.) Samp., *Quercus faginea* subsp. *broteroi* (Coutinho) A. Camus (= *Quercus faginea* subsp. *tlemcenensis* (DC.)M.), *Viburnum tinus* subsp. *tinus* L., *Lonicera implexa* L., *Pistacia terebinthus* L., *Ruscus aculeatus* L., *Cytisus villosus* Pourret, *Phillyrea latifolia* L...

Le versant Sud est occupé par des matorrals bas composés d'une végétation typiquement thermophile, dominée par les taxons suivants : *Quercus coccifera* subsp. *coccifera* L., *Quercus suber* L., *Pistacia lentiscus* L., *Juniperus oxycedrus* subsp. *rufescens* (Link) Deb., *Tetraclinis articulata* (Vahl) Masters, *Chamaerops humilis* subsp. *argentea*, *Stipa tenacissima* ...

III. Géologie :

Ces montagnes sont constituées de terrains qui relèvent du Jurassique supérieur et du Crétacé inférieur principalement formés de carbonates. Les formations présentes sont des calcaires, des grès, des roches marno-calcaires et du schiste. Cet ensemble constitue la bordure méridionale des Monts de Tlemcen.

Les différentes unités stratigraphiques peuvent être observées depuis la localité de Mansourah jusqu'à Ghar Boumaza ; elles constituent latéralement la structure synclinale de Terny. Les différentes formations ont été largement décrites par Benest.

III.1 - Les grès de Boumédiene (Oxfordien supérieur – Kimmeridgien supérieur) :

Il s'agit d'une formation argilo-gréseuse (alternance d'argiles rouges ou vertes et de grès). Ces grès reposent sur les argiles de Saida (formation argileuse contenant des grès et des calcaires à ammonites). Cette formation affleure au niveau du sanctuaire de Sidi Boumédiene. Ces grès ferrugineux à éléments fins et à ciment calcaire sont particulièrement développés dans la forêt de Zarifet, au sud-ouest de Terny, au niveau des cascades d'El Ourit et vers l'est de la région d'Oum El Allou (**DELFAUD, 1974 in BENEST1985**).

III.2 - Les calcaires de Zarifet (Kimmeridgien supérieur) :

Les calcaires de Zarifet correspondent aux calcaires bleus à « géodes » formant la partie basale des Dolomies de Tlemcen, d'une épaisseur de 100 mètres au col de Zarifet. Il s'agit de bancs calcaires de position intermédiaire entre les Grès de Boumédiene et les dolomies qui forment les falaises des environs de Tlemcen.

III.3 - Les Dolomies de Tlemcen (Kimmeridgien terminal) :

Elles désignent les grands escarpements dolomitiques dominant Tlemcen avec un type morphologique pittoresque intensément karstifié ; leur épaisseur est d'environ 200 mètres. Dans leur partie sommitale s'y différencient les calcaires de Stah.

III.4 - Les Marno-Calcaires de Raourâ (Tithonien basal) :

C'est un ensemble de marnes de couleur gris verdâtre ou blanchâtre à intercalation de calcaire en bancs épais. **BENEST (1972 in BENEST1985)** les désigne sous le nom de Marno-Calcaire de Raourâ car elles sont bien exposées au Djebel Raourâ où leur épaisseur est d'environ 400 mètres (100 mètres environ auprès de Terny). En outre, il leur attribue un âge Tithonien, alors que **DOUMERGUE (1910)** les avait placées dans le Kimmeridgien moyen.

III.5 - Les Calcaires de Lato

Ce sont des calcaires micritiques (50 m en moyenne), parfois dolomitiques riches en Favreina et dasycladacées.

III.6 - Les Dolomies de Terny (Tithonien inférieur)

Il s'agit de Dolomies massives (50 mètres environ), bien représentées sur le plateau de Terny (**DOUMERGUE, 1910**) où elles peuvent former l'entablement terminal des plus hauts reliefs (Djebel Nador, 1579 m). La limite supérieure se place à l'apparition du premier banc micritique à oncolites : secteur de Ouled Mimoun et Djebel Ouargla.

Ces trois formations (les dolomies de Terny, les calcaires de Lato et les marno-calcaires de Raou-Rai) précédentes sont attribuées au **Tithonique inférieur** (figure. 3).

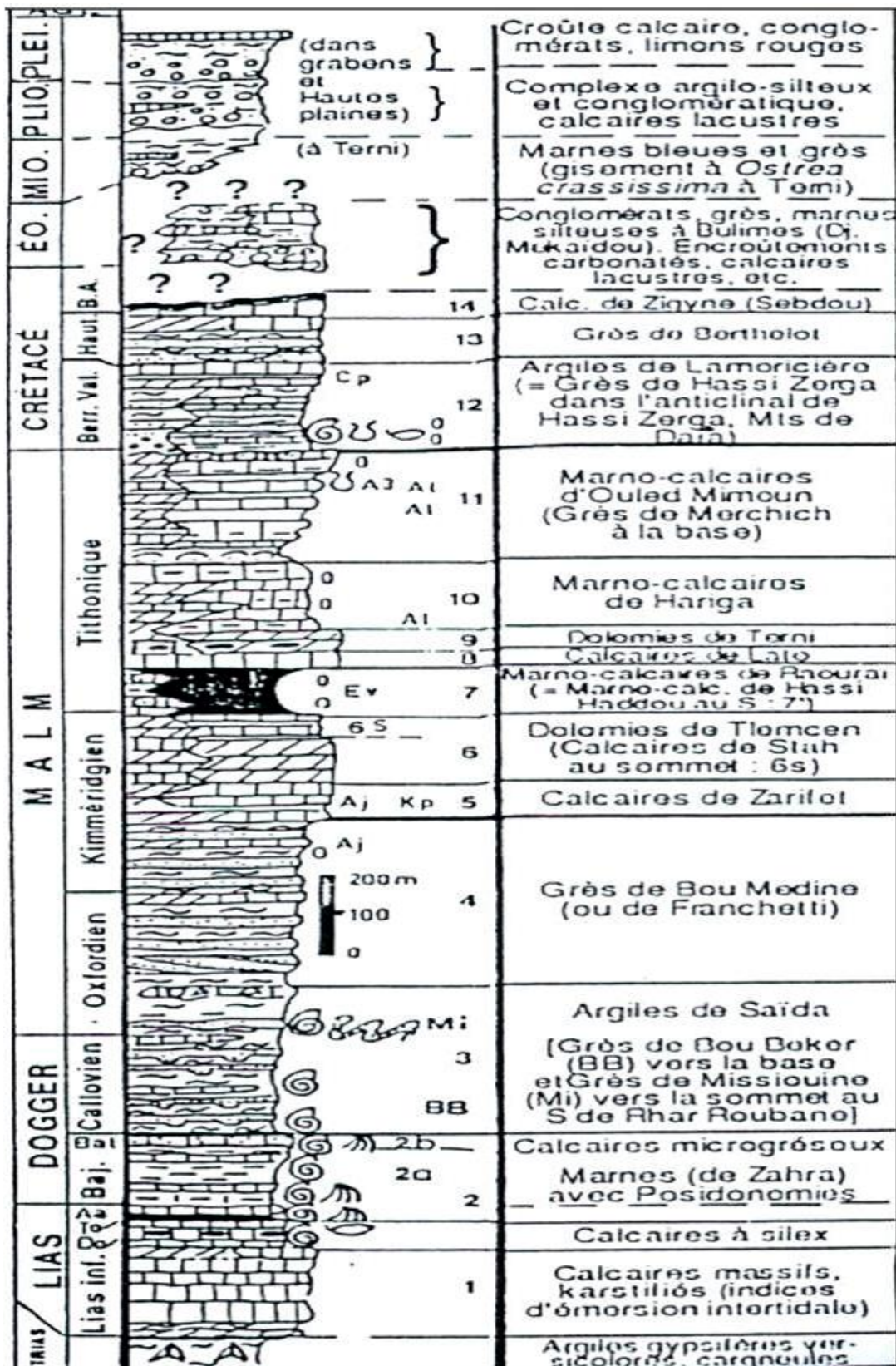


Fig. 3 : Colonne stratigraphique des Monts de Tlemcen jusqu'aux hautes plaines

[Benest, 1985]

III.7 - Les Marno-Calcaires de Hariga (Tithonien supérieur)

C'est une alternance de calcaires, de micrites et de marnes à 165 mètres de Hariga et d'El Gor. La limite inférieure des Marno-Calcaires de Hariga se place au mur d'un niveau repère à oncolites surmontant les Dolomies de Terny. Toutefois, dans les Dolomies de Terny, on n'observe jamais les intercalations marneuses et les bioturbations intenses qui caractérisent la formation de Hariga (BENEST, 1985).

III.8 - Les Grès de Merchich

I.1.1.1. Ils sont composés d'une alternance d'argiles rouges, de grès fins, de calcaires avec des manchettes d'huîtres. En effet, le faciès de Grès de Merchich où la distribution est presque constante peut être comparé, dans certains cas, à celui des niveaux transgressifs des Argiles de Ouled Mimoun.

IV. Réseau hydrographique :

Vu la nature topographique du relief montagneux, la zone d'étude est marquée par un réseau hydrographique important qui est composé lui-même d'oueds principaux et secondaires. Ces derniers sont alimentés par plusieurs affluents et chaabats (carte.4) dont on peut citer :

IV.1 - Oueds à écoulement superficiel :

En 1970, ELMI a décrit le réseau hydrographique de Tlemcen, il a distingué :

-Oued Tafna :

Oued Tafna, est le plus important dans la Wilaya de Tlemcen, long de 170 km, il prend source à Ghar Boumaaza, aux environs de Sebdou dans les Monts de Tlemcen, principale source d'alimentation du barrage Beni-Bahdel et ses deux affluents : Oued Sebdou qui prend sa source à l'ouest du centre urbain et se dirige d'ouest en est, et Oued Tebouda. La Tafna traverse les Monts de Tlemcen jusqu'au niveau de Maghnia avec une orientation sud-est, nord-ouest.

Il coule principalement vers le Nord pour se jeter dans la méditerranée à la plage de Rachgoun.

Durant son parcours, la Tafna reçoit de nombreux petits Oueds, et avant sa confluence avec Oued Isser, il y a jonction de Oued Khemis, O/ Oucif et aussi O/ Zitoune et O/Atchane qui le rejoignent un peu plus au Nord, alors que O/ Kseb le rejoint au sud de Sabra. O/Barbata prend naissance au niveau des Monts de Beni-Snous et, alimenté par des sources, traverse les plateaux pour rejoindre la Tafna.

- Oued Isser :

C'est le second en taille, d'une longueur de 140 km environ, il naît au niveau de la source Ain Isser dans la gouttière synclinale de Meurbah qui se situe dans la vallée de Beni Smiel et rejoint la Tafna au nord de Remchi. Il débouche sur le barrage de Sidi Abdelli avant de continuer pour rejoindre la Tafna.

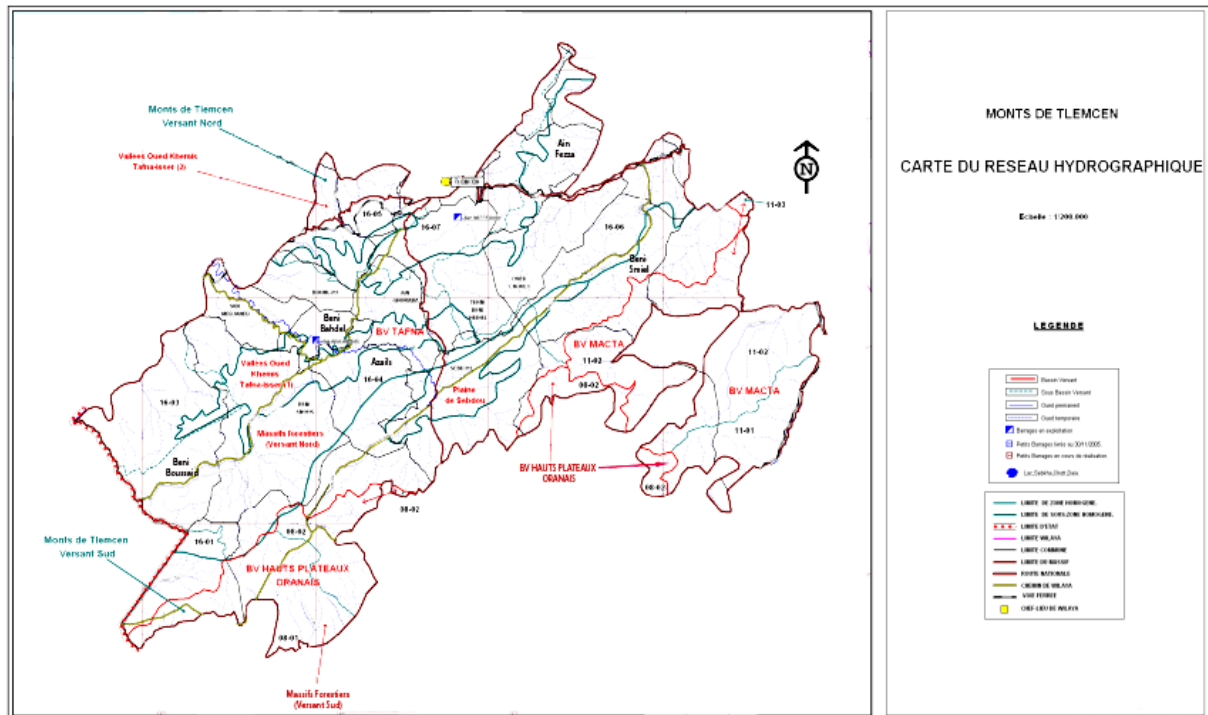
IV.2 - Les ressources souterraines :

Les Monts de Tlemcen correspondent à une vaste superficie de 317 600 ha, ou affleurent des roches carbonatées jurassiques très karstifiées (80%) (COLLIGNON, 1986). Ils sont assez bien arrosés (500 à 700 mm/an) et s'y infiltrent (200 à 400 Mm³ / an).

Ces eaux souterraines constituent le principal réservoir de l'Ouest Algérien, mais les précipitations varient très fortement d'une année à une autre, ce qui complique par la suite la gestion de cette ressource. Les aquifères karstiques des Monts de Tlemcen ont leur potentiel total de l'ordre d'un Milliard de m³ (1 M m³), mais difficilement mobilisable.

Les Monts de Tlemcen contiennent principalement des formations à fort potentiel aquifère, constituant un grand intérêt hydrogéologique, appartiennent essentiellement à la zone karstique en position dominante ; y sont présentes des diaclases et une karstification intenses permettant à des sources très importantes d'émerger.

Les impluvions sont très perméables et ces régions sont les mieux arrosées de la Wilaya, mais la grande profondeur des niveaux statiques, les difficultés d'accès et la dispersion des utilisateurs limitent les possibilités de mise en valeur, d'où un coût de production élevé



Carte 4 : Réseau hydrographique

V. Pédologie, description sommaire

Les sols formés sous climat méditerranéen présentent tous un caractère commun fondamental qui les oppose aux sols des climats tempérés.

D'après l'étude pédologique établie par **GAOUAR (1980)**, les types de sols rencontrés dans la région de Tlemcen peuvent se résumer de la manière suivante :

V.1 - Sols fersialitiques rouges

Ce sont des sols lourds très pauvres en réserves d'eau, riches en bases, notamment en calcium, magnésium et potassium, existant sous une végétation climatique (Chêne vert, Pin d'Alep) avec un sous-bois dense.

Ce type de sol se rencontre à Zarifet, Ain Fezza, El Eubbad et El Mefrouche. On y distingue le type lessivé et le type non lessivé avec une variante pseudogley (carte.5).

V.2 - Sols bruns fersialitiques

Ces sols prennent naissance sur roche mère calcaire, sous l'influence d'un climat froid à saison sèche moins marquée. Ces sols ont les mêmes caractéristiques d'ensemble que les sols

fersialitiques rouges, mais plus humides et plus poreux. On les trouve essentiellement au niveau de Zarifet et de Hafir.

V.3 - Sols fersialitiques bruns type Terra fusca

Ces sols représentent un matériau ancien (paléosol) de couleur brun foncé. Ils sont composés d'argile de décarbonatation et sont plus ou moins lourds, riches en magnésium et en calcium. Ces sols se seraient formés sous l'influence d'un climat plus humide et moins chaud. On peut les rencontrer sur les côtés Est et Sud du barrage El Meffrouch.

V.4 - Sols bruns calcaires sur travertin

Ce sont des sols apparentés aux sols brunifiés par leur morphologie, la différence fondamentale réside dans la présence de carbonates de calcium actif dans tout le profil.

La rubéfaction n'est pas complète dans ce type de sol, la teneur en potassium est faible. Ce type de sol est localisé au niveau de la forêt d'Ifri (contour d'El Ourit).

V.5 - Sols bruns calcaires en alternance avec des travertins en place

Ce type de sol présente les mêmes caractéristiques que le sol brun calcaire sur travertin, mais il est moins profond, ainsi, les travertins apparaissent de temps à autre. Ce type se localise dans la forêt d'Ifri.

V.6 - Sols fersialitiques rouges à caractère vertique

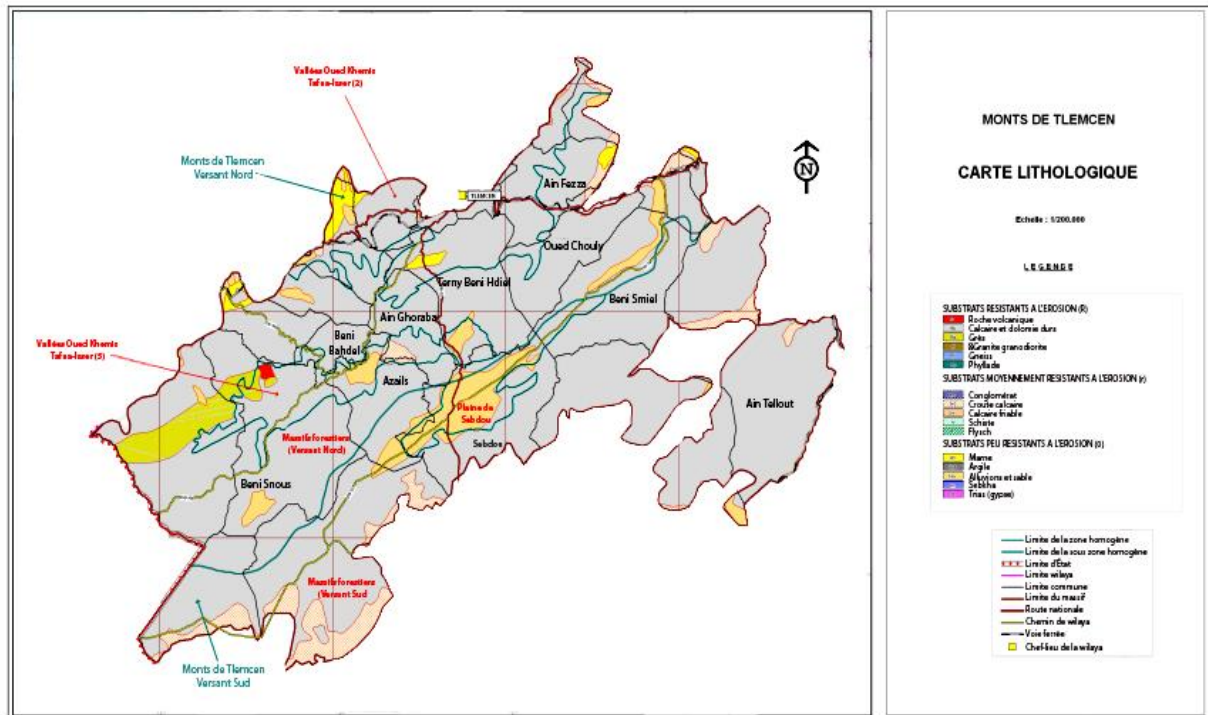
C'est un sol qui, pendant une certaine période, surtout les années sèches présente dans les 50 premiers centimètres de l'horizon B des fentes larges de 1cm ou plus.

Ce sol est plus lourd (riche en argiles gonflantes) que le sol fersialitique rouge et possède une très bonne teneur en eau. Il est difficile à mettre en culture et il prend naissance sur des roches mères calcaires (karst). On peut le trouver à Mansourah et sur le plateau de Lalla Setti.

V.7 - Sols fersialitiques rouges et mosaïque dolomie/sol

La mosaïque reflète le déséquilibre des sols qui sont le plus souvent peu profonds et où affleure de temps à autre la roche dolomitique et par conséquent un tapis végétal très hétérogène.

Cette catégorie domine surtout à El Meffrouch, Djebel Tichtiouine, Djebel Dokara, au sud-ouest de Zarifet et à l'est de Hafir.



Carte 5 : Carte lithologique

Chapitre II

Le Bioclimat

Introduction

Le climat est un ensemble de phénomènes météorologiques (température, précipitations, pression atmosphérique et les vents) qui caractérisent l'état moyen de l'atmosphère et son évolution en un lieu donné. Le climat est un élément principal pour toute étude sur l'environnement.

Le climat méditerranéen est caractérisé par un climat sec et long (≈ 7 mois), il est défini comme un climat extratropical à photopériodisme saisonnier et quotidien, à pluviosité concentrée durant les saisons froides et relativement froides, l'été, saison plus chaude, étant sec (**EMBERGER, 1954**).

Dans le pourtour méditerranéen, (**BARBERO et QUEZEL, 1982-1995**) ont caractérisé la végétation forestière qui subit des modifications par les phénomènes anthropiques et de changement climatique. Ils abordent la notion d'étage de végétation en tenant compte des facteurs climatiques majeurs et en particulier la température moyenne annuelle qui permet de traduire, par ses variations, les successions globales altitudinales de la végétation.

L'ensemble des forêts soumises au bioclimat méditerranéen est subdivisé en plusieurs ensembles bioclimatiques en fonction : de la valeur des précipitations annuelles, du coefficient pluviothermique d'**EMBERGER (1930-A, 1955, 1971)** et la durée de la sécheresse estivale (**DAGET, 1977**) qui représente un phénomène régulier (stress climatique) mais variable selon ces types bioclimatiques et les étages de végétation (**QUEZEL, 1974, 1981**).

Le climat en Algérie tend vers une aridité de plus en plus accentuée, elle est concrétisée non seulement par le régime pluviométrique mais aussi par les fortes températures estivales entraînant une intense évaporation.

La région de l'Ouest algérien se caractérise par de faibles précipitations avec une grande variabilité inter-mensuelle et interannuelle (**BOUAZZA et BENABADJI, 2010**). Le climat de la région de Tlemcen est du type méditerranéen influencé par une sécheresse estivale marquée et une période hivernale pluvieuse.

De nombreux travaux ont été réalisés sur l'Algérie en général et sur la région de Tlemcen, nous citons à titre d'exemple : **MACGARTHY (1853), SAINTHILLIER et QABAUD (1861), ANGOT (1881), THINTOIN (1910), EMBERGER (1930-A), CONRAD (1943), SELTZER (1946), BAGNOULS et GAUSSEN (1953), SAUVAGE (1961), BORTELI et al (1969), LEHOUEIROU (1975), MEDAIL et QUEZEL (1996), BENABADJI et BOUAZZA (2000), BESTAOUI (2001), HASNAOUI (2008) et MEZIANE (2011)**.

Notre travail porte sur une étude comparative des données anciennes de **SELTZER (1913-1936)** et des données plus récentes (**1980-2010**), (**1980-2013**) et (**1986-2011**) afin d'observer l'évolution du climat de la région et ses effets sur la végétation des Monts de Tlemcen.

I. Méthodologie

I.1 - Choix de la période et de la durée

En Afrique du Nord et en particulier en Oranie où les précipitations sont particulièrement irrégulières d'une année à l'autre, il fallait une durée d'observation minimale d'environ 20 ans pour avoir des résultats fiables ; cela nous permettra de comparer les résultats de la nouvelle période (**1980-2010**, **1986-2011**, **1980-2013** : source **O.N.M., 2013**) avec l'ancienne période (**1913-1938** : source **SELTZER, 1946**) qui porte également sur 25 ans (Tableaux 1 et 2).

Tableau 1 : Données relatives aux moyennes mensuelles et annuelles des précipitations et des températures pour l'ancienne période (1913-1938)

Stations	Moyennes mensuelles des précipitations et des températures													Régimes saisonniers				Type	Préc. annuelles (mm)
		J	F	M	A	M	J	Jt	At	S	O	N	D	H	P	E	A		T° Annuelles (°c)
Hafir	P	101	106	105	66	63	20	4	4	29	52	96	100	307	234	28	177	HPAE	746
	T	5,6	6,65	8,25	10,6	14,2	18,4	23,8	24,2	19,75	14,95	9,5	6,4						13,53
Saf-Saf	P	70	72	72	61	48	16	2	3	15	40	70	76	218	181	21	125	HPAE	545
	T	9	9,55	11,6	14,25	16,8	21,4	24,8	26	22,3	17,95	13,1	10						16,38
Maghnia	P	60	52	49	41	37	10	1	4	22	35	49	58	170	127	15	106	HPAE	418
	T	9	10,2	10,2	14,65	18,1	21,7	25,9	26,4	22,91	18,11	12,9	9,8						16,66
Sebdou	P	43	41	37	25	34	15	5	7	19	23	35	42	126	96	27	77	HPAE	326
	T	7,5	9,95	8,57	12,25	12,1	21	30,6	23	23,25	18,8	14,5	19,2						16,72
Ouled Mimoun	P	71	75	59	48	43	21	3	2	15	54	69	68	214	150	26	138	HPAE	528
	T	8,9	9,8	11,3	14	16,6	20,8	24,4	25,5	21,5	17,2	12,5	9,5						16,00

Tableau 2 : Données relatives aux moyennes mensuelles et annuelles des précipitations et des températures pour la nouvelle période

Stations	Moyennes mensuelles des précipitations et des températures													Régimes saisonniers				Type	Préc. annuelles (mm)
		J	F	M	A	M	J	Jt	At	S	O	N	D	H	P	E	A		T° Annuelles (°c)
Hafir (1990-2010)	P	66,96	76	62,07	53,45	40,14	8,65	7,21	9,52	19,52	25,94	53,84	60,68	203,6	155,7	25,38	99,3	HPAE	483,98
	T	8,28	8,79	10,66	12,69	16,08	20,19	24,95	24,44	23	16,83	11,72	9,68					15,61	
Saf-Saf (1986-2011)	P	41,9	47,1	50,1	35,1	29	6,3	1,2	3,8	14,8	25,5	49	40,9	129,9	114,2	11,3	89,3	HPAE	344,7
	T	9,1	10,1	12	14,1	16,8	19,2	22,1	22,2	19,7	17,2	13,5	9,73					15,48	
Maghnia (1980-2013)	P	31,83	30,97	32,89	28,03	24,73	4,08	1,73	4,48	14,98	21,51	41,32	27,92	90,72	85,65	10,29	77,81	HPAE	264,47
	T	9,91	11,08	13,43	15,44	18,93	23,52	27,08	27,51	23,8	19,48	14,5	11,09					17,98	
Sebdou (1986-2011)	P	48,59	49,35	43,86	32,29	33,13	10,72	4,79	7,7	19,38	29,62	45,02	44,81	142,8	109,3	23,21	94,02	HPAE	369,26
	T	6,48	7,92	9,33	11,71	14,97	23,74	27,2	28,24	23,82	18,95	14,81	9,76					16,41	
Ouled Mimoun (1986-2011)	P	40,4	45,3	48,3	33,8	27,9	6,1	1,2	3,7	14,3	24,6	47,6	39,4	125,1	110	11	86,5	HPAE	332,6
	T	9,7	10,8	12,9	15,1	18,2	20,9	24,1	24,1	21,5	18,6	14,6	10,4					16,74	

I.2 - Choix des données et des stations météorologiques

Il est bien connu que la première difficulté ne réside ni dans le calcul, ni dans l'interprétation mais bien dans la récolte des données et leur vérification (tableau. 3).

Le choix de deux séries séparées par un intervalle important (1913-1938), (1980-2010), (1986-2011), et (1980-2013) est lié premièrement à un souci de comparaison de séries relativement différentes par le taux de précipitations et par la moyenne des températures entre ces deux périodes. Il est aussi connu que les données du début du siècle jusqu'à nos jours sont souvent absentes pour l'une ou l'autre des deux stations, interrompues pendant des années pour d'autres. Dans le cas où ces données existent, elles ne sont pas mises à la disposition des chercheurs.

Tableau 3 : Données géographiques des stations météorologiques

Stations	Latitude	Longitude	Altitude
Hafir	34°47' N	01°26' O	1270 m
Saf saf	34°52' N	01°17' O	592 m
Maghnia	34°81' N	01°78' O	428 m
Sebdou	34°42' N	01°18' O	1100 m
Ouled Mimoun	34°50' N	01°03' O	700 m

¹Source : O.N.M.

II. Les facteurs climatiques

La température et la pluviosité sont les deux éléments principaux du climat. Les climogrammes et les diagrammes ombrothermiques sont quelques outils de la bioclimatologie qui permettent d'élaborer des modèles de représentation et de comparer les climats entre eux.

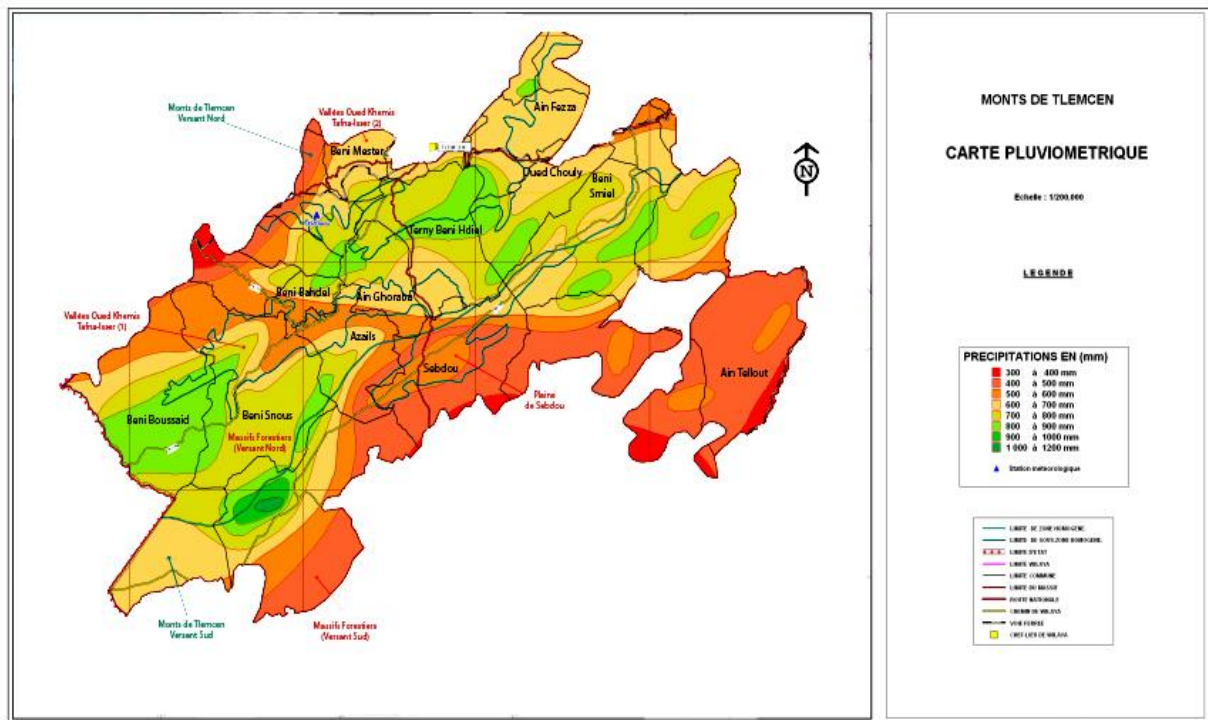
II.1 - La pluviosité

La pluviosité est le facteur primordial qui permet de déterminer le type de climat. En effet, cette dernière conditionne le maintien et la répartition du tapis végétal (DJEBAÏLI, 1978).

¹ O.N.M. Office National de la Météorologie

L'altitude, la longitude et la latitude sont les principaux gradients définissant la variation de la pluviosité. En effet, la quantité de pluie diminue du Nord au Sud, de l'Est à l'Ouest et devient importante au niveau des montagnes (**CHAABANE, 1993**).

Les zones recevant plus de 400 mm sont considérées comme semi-arides, subhumides ou humides (**EMBERGER, 1930**) selon l'importance des précipitations (Carte 6).



Carte 6 : Carte pluviométrique des Monts de Tlemcen

Les précipitations exercent une action prépondérante pour la définition de la sécheresse globale du climat (**LE HOUEROU et al., 1977**).

Il convient de signaler que l'origine des pluies en Algérie est orographique. Cependant, la tranche pluviométrique à l'ouest est moindre par rapport à celle de l'est du pays et ceci à cause de l'existence d'obstacles topographiques tels que la Sierra Nevada espagnole et l'Atlas marocain.

L'analyse des tableaux (1 et 2) met en évidence l'irrégularité de la répartition des précipitations au niveau des 5 stations.

Ce qu'on peut dire d'abord, c'est la relative abondance des précipitations durant l'ancienne période ; la quantité des pluies reçue oscille entre 326 mm à Sebdou et 746 mm à Hafir, alors que pour la nouvelle période, les précipitations varient entre 296 mm à Maghnia et 484 mm à Hafir.

Nous remarquons une nette diminution des précipitations moyennes : 121 à 262 mm, sauf à Sebdoù où elles augmentent légèrement avec 43 mm. La saison la moins arrosée s'étale de juin à août pour l'ensemble des stations (≤ 10 mm).

II.2 - Régime saisonnier

Pour faciliter le traitement des données climatiques, un découpage en saisons de la pluviosité annuelle est indispensable.

C'est Musset (in **CHAABANE, 1993**) qui est le premier à avoir défini cette notion. Elle consiste à calculer la somme des précipitations par saison et à effectuer les classements des stations par ordre de pluviosité décroissante en désignant chaque saison par l'initiale P, H, E et A, désignant respectivement le printemps, l'hiver, l'été et l'automne.

Où

$$Crs = \frac{(Ps \times 4)}{Pa}$$

Ps : précipitations saisonnières

Pa : précipitations annuelles

Crs : coefficient relatif saisonnier de Musset

Les résultats sont dans le tableau suivant et figure 4

Tableau 4 : Coefficient relatif saisonnier de Musset

Stations		Saisons (mm)								Pa	Régime Saisonnier
		Hiver (H)		Printemps (P)		Été (E)		Automne (A)			
		Ps (mm)	Crs	Ps (mm)	Crs	Ps (mm)	Crs	Ps (mm)	Crs		
Hafir	AP	307	1,64	234	1,25	28	0,15	177	0,94	764	HPAE
	NP	203,64	1,68	155,66	1,29	25,38	0,21	99,3	0,82	483,98	HPAE
Saf Saf	AP	218	1,58	181	1,31	27	0,20	125	0,91	551	HPAE
	NP	129,98	1,51	114,2	1,32	11,3	0,13	89,3	1,04	344,78	HPAE
Sebdoù	AP	126	1,55	96	1,18	27	0,33	77	0,94	326	HPAE
	NP	142,75	1,48	125,5	1,30	23,21	0,24	94,02	0,98	385,48	HPAE
Maghnia	AP	170	1,63	127	1,22	15	0,14	106	1,01	418	HPAE
	NP	90,63	1,37	85,64	1,30	10,29	0,16	77,81	1,18	264,37	HPAE
Ouled Mimoun	AP	214	1,62	150	1,14	26	0,20	138	1,05	528	HPAE
	NP	125,1	1,50	110	1,32	11	0,13	86,5	1,04	332,6	HPAE

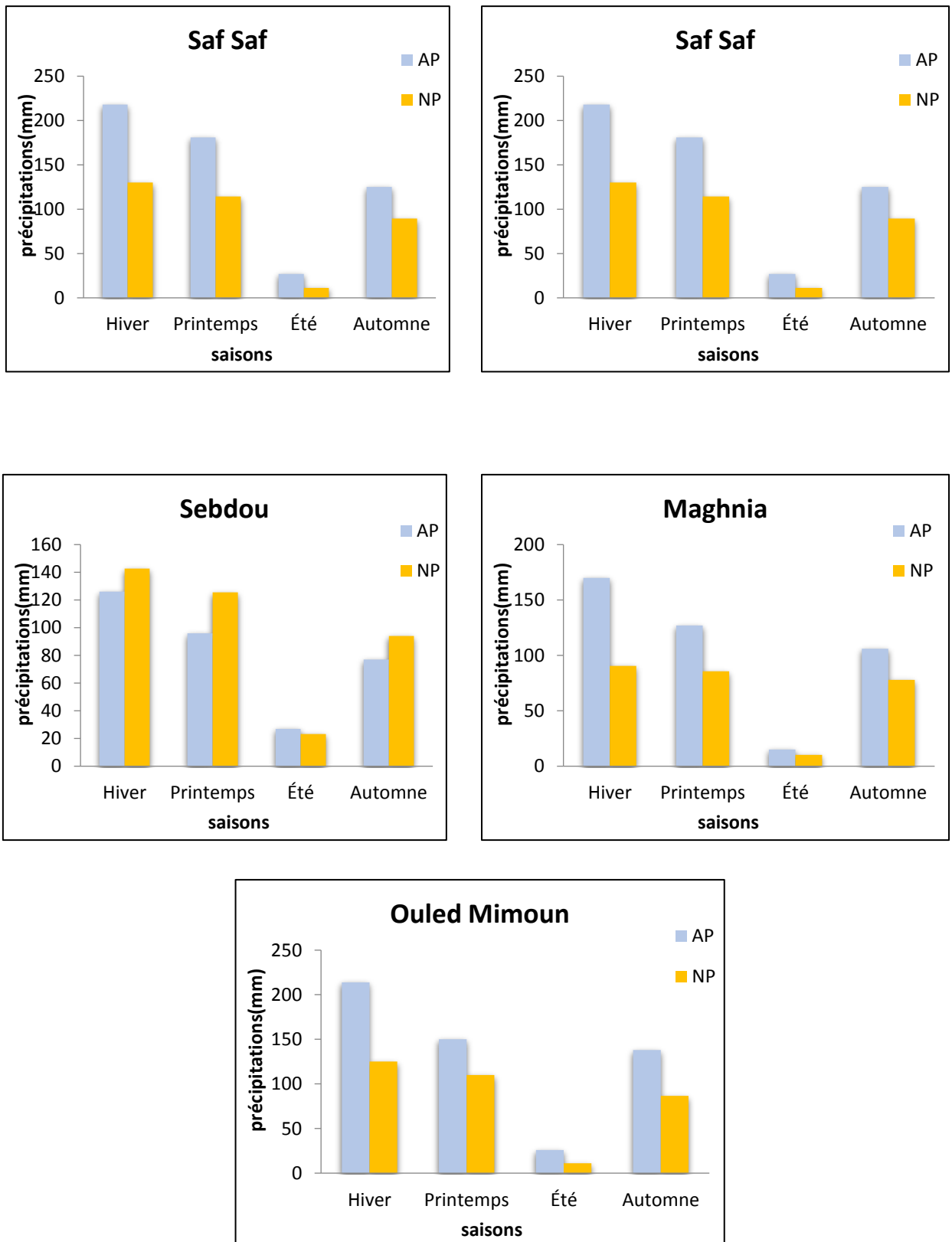


Fig. 4 : Variations saisonnières des précipitations

II.3 - Températures

La température est un facteur écologique fondamental et un élément vital pour les formations végétales, le facteur climatique défini par (PEGUY, 1970) comme une qualité de l'atmosphère et non une grandeur physique mesurable.

L'une de nos préoccupations est de montrer l'importance des fluctuations thermiques dans l'installation et l'adaptation des espèces dans la région.

La caractérisation de la température en un lieu donné se fait généralement à partir de la connaissance des variables suivantes :

- Température moyenne mensuelle « T »
- Température maximale « M »
- Température minimale « m »

II.3.1. Les températures moyennes mensuelles

Les moyennes mensuelles ou trimestrielles sont fréquemment utilisées par les climatologues et fournissent des résultats plus significatifs (QUEZEL et MEDAIL, 2003). Les moyennes mensuelles des températures confirment que janvier est le mois le plus froid pour les deux périodes. Elles varient entre 5.30°C à Hafir et 9°C à Maghnia pour l'ancienne période et avec 9.9°C à Maghnia et 6.4°C à Sebdou pour la nouvelle période.

Pour les températures moyennes les plus élevées, elles se situent au mois d'août, sauf à Sebdou. Elles sont entre 24.20°C à Hafir et Ouled Mimoun et 30.55°C à Sebdou.

II.3.2. Les températures moyennes des maxima du mois le plus chaud (M)

Selon le tableau suivant, la température du mois le plus chaud varie dans l'ancienne période entre 30.93°C à Saf Saf, 33.88°C à Ouled Mimoun, 31°C à Saf Saf et 35.25°C à Maghnia pour la nouvelle période.

Nous remarquons ainsi une diminution de « M » dans toutes les stations pour la nouvelle période (Tableau. 5).

Tableau 5 : Températures moyennes des maxima des mois les plus chauds (M°c)

Station	Altitude (m)	M (°c)		Mois	
		AP	NP	AP	NP
Hafir	1270	33,1	32,35	Août	Juillet
Saf Saf	592	30,93	31,2	Août	Juillet
Maghnia	428	32,7	35,25	Juillet	Août
Sebdou	1100	32,8	32,35	Août	Août
Ouled Mimoun	700	33,88	32,2	Août	Juillet

II.3.3. Les températures moyennes du mois le plus froid (m)

Dans la classification du climat, Emberger, on utilise la moyenne du mois le plus froid « m » qui exprime le degré et la durée de la période critique des gelées.

L'analyse du tableau 6 montre que le mois le plus rigoureux est celui de janvier avec une valeur « m » qui varie entre 1.3°c à Ouled Mimoun et 4.4°c à Saf Saf pour l'ancienne période et entre 2.9°c à Saf Saf et 3.5°c à Ouled Mimoun (Tableau. 6).

Tableau 6 : Températures moyennes des minima du mois le plus froid°c

Station	Altitude (m)	m(°c)		Mois	
		AP	NP	AP	NP
Hafir	1270	1,8	3,20	Janvier	Janvier
Saf Saf	592	4,4	2,9	Janvier	Janvier
Maghnia	428	3,41	3,3	Janvier	Janvier
Sebdou	1100	5,2	3,2	Janvier	Janvier
Ouled Mimoun	700	1,3	3,5	Janvier	Janvier

II.3.4. Les autres facteurs climatiques

Très souvent, l'étude du climat se limite aux deux éléments mesurables qui sont les précipitations et la température. Pour les autres éléments : évaporation, vents, lumière, les données recueillies sont différents :

II.3.4.1. Le vent

Le vent est l'un des principaux facteurs régissant le façonnement des dunes et la répartition du couvert végétal en déracinant les plantes annuelles, modifiant la morphologie des végétaux et en influant sur la répartition des graines lors de leur dissémination.

Les vents d'ouest et nord-ouest sont chargés de pluie et sont les plus fréquents durant toute l'année sauf en été où ils sont substitués par les vents desséchants ou Sirocco du sud et même du sud-ouest. Le taux de fréquence global varie de 57% à 68% pour Tlemcen.

Le vent chaud et sec Sirocco est aussi défavorable à la végétation de la région d'étude (ANONYME, 1988). Il est plus fréquent à l'est (30 J/an qu'à l'ouest (15 j/an) de notre région. Lorsqu'il souffle au moment où la végétation est en pleine activité, il cause des dégâts plus ou moins importants, notamment sur les plantes jeunes (échaudage).

II.3.5. L'importance du brouillard

Le bioclimat subhumide caractérise le paysage des Monts de Tlemcen. L'orographie de la région est très caractéristique avec un allongement parallèle aux Monts des Traras et l'influence maritime par les trajets des masses d'air venant de la mer d'une part et comme barrière écologique par ces principaux reliefs au bioclimat saharien d'autre part, donnant naissance à des conditions topographiques très favorables pour capter l'humidité atmosphérique. Les reliefs des Monts de Tlemcen jouent un rôle important pour l'installation des forêts ou pré-forêts riches arrosées par le brouillard en absence des pluies.

II.3.6. La neige

Selon SELTZER (1946), il existe une tache d'enneigement importante près de Tlemcen, le maximum d'enneigement coïncidant avec le maximum de pluviosité à la station de Hafir où la moyenne annuelle est de 24,7 jours d'enneigement.

Actuellement, dans la région d'étude, il neige rarement en formant une couche de neige qui peut atteindre les 25 cm environ et pour 1-2 jours sur les versants (ANONYME, 1988).

II.3.7. La gelée blanche

Le risque de gelée commence lorsque le minimum de la température tombe au-dessous de 10°C et il dure tant que ce minimum reste inférieur à cette valeur. Il peut durer 30 jours par an dans les hautes plaines, voire 50 j/an dans l'Atlas Saharien.

Pour la végétation, le risque de gelées persiste pendant toute la moitié de l'année, en général de novembre à la fin avril (SELTZER, 1946).

D'après nos observations sur le terrain, la durée de la gelée blanche dans les Monts de Tlemcen, va du mois de novembre où la température diminue jusqu'au mois d'avril et rarement jusqu'au mois de mai.

Elle provoque des dégâts sur la végétation au niveau du feuillage, surtout les sempervirentes telles que : *Pistacia lentiscus L.*, *Nerium oleander L.*, *Viburnum tinus L.* ...etc et au niveau des fleurs et fruits comme l'*Amygdalusn communis L.*

Par contre, il aide à la défragmentation des sols et à la germination de quelques graines.

III. Synthèse climatique

La synthèse bioclimatique met en évidence les différentes caractéristiques du climat qui permettent de délimiter les étages de végétation (**RIVAS-MARTINEZ, 1981** et **DAHMANI-MEGREROUCHE, 1997**).

Ces étages peuvent aussi être classés en fonction des précipitations ou de la température.

III.1 - Les diagrammes ombrothermiques

Ces diagrammes représentent sur un même graphique les courbes de pluies et de températures qui permettent de délimiter la durée de la période sèche où :

$$P \leq 2 T$$

P : Précipitations moyennes mensuelles
T : Températures moyennes mensuelles

Le climat est sec lorsque la courbe des températures est au-dessus de celle des précipitations et humide dans le cas contraire. Celle-ci dure entre 4 et 6 mois coïncidant avec la période estivale, englobant parfois une partie du printemps et une partie de l'automne (Figure.5 et 6).

La durée de la saison sèche subit fortement l'influence de l'altitude (**BAGNOULS** et **GAUSSEN, 1953**). En d'autres termes, en montagne, les températures s'élèvent plus tardivement et diminuent plus tôt qu'en bord de mer (littoral).

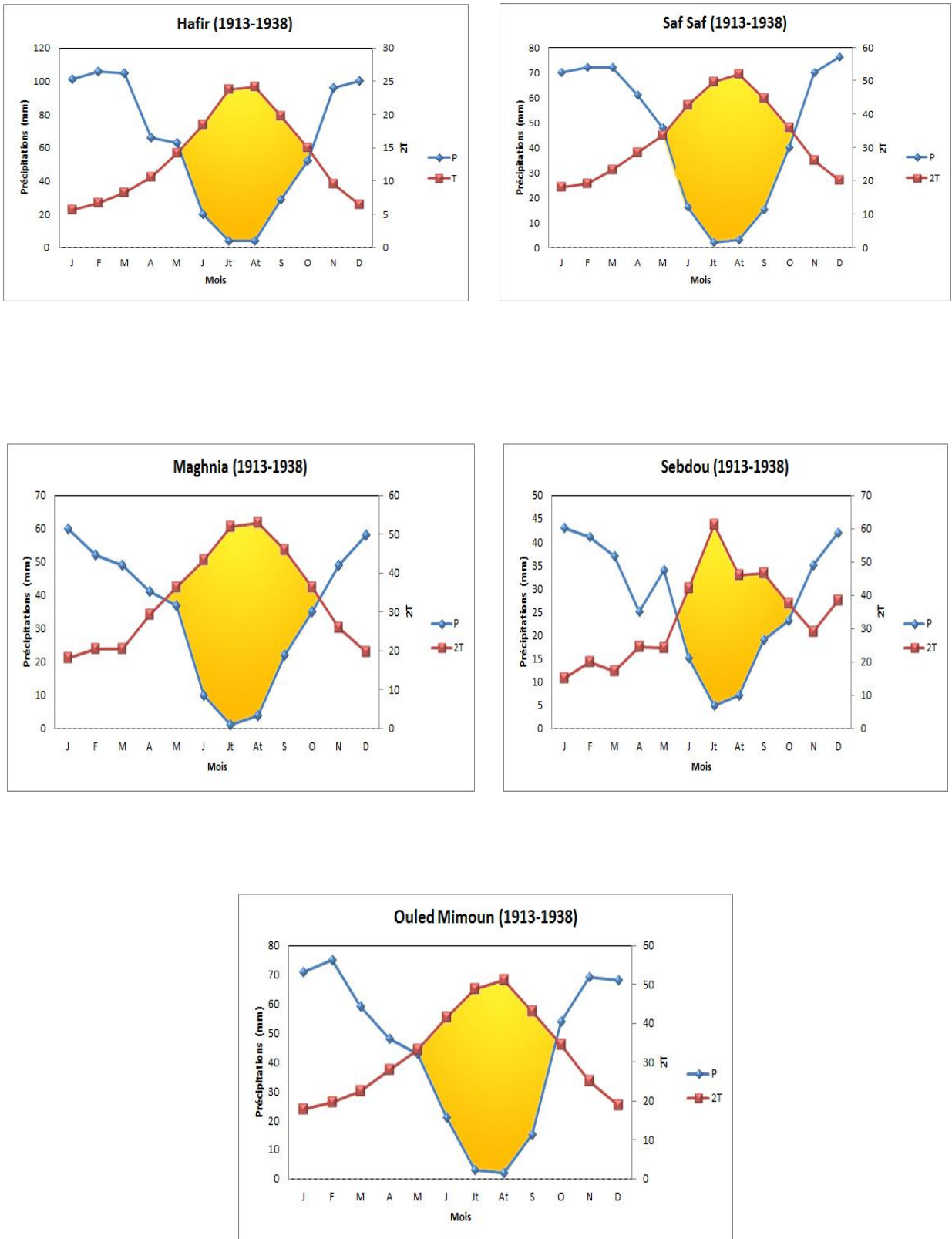


Fig. 5 : Diagrammes ombrothermiques pour l'ancienne période

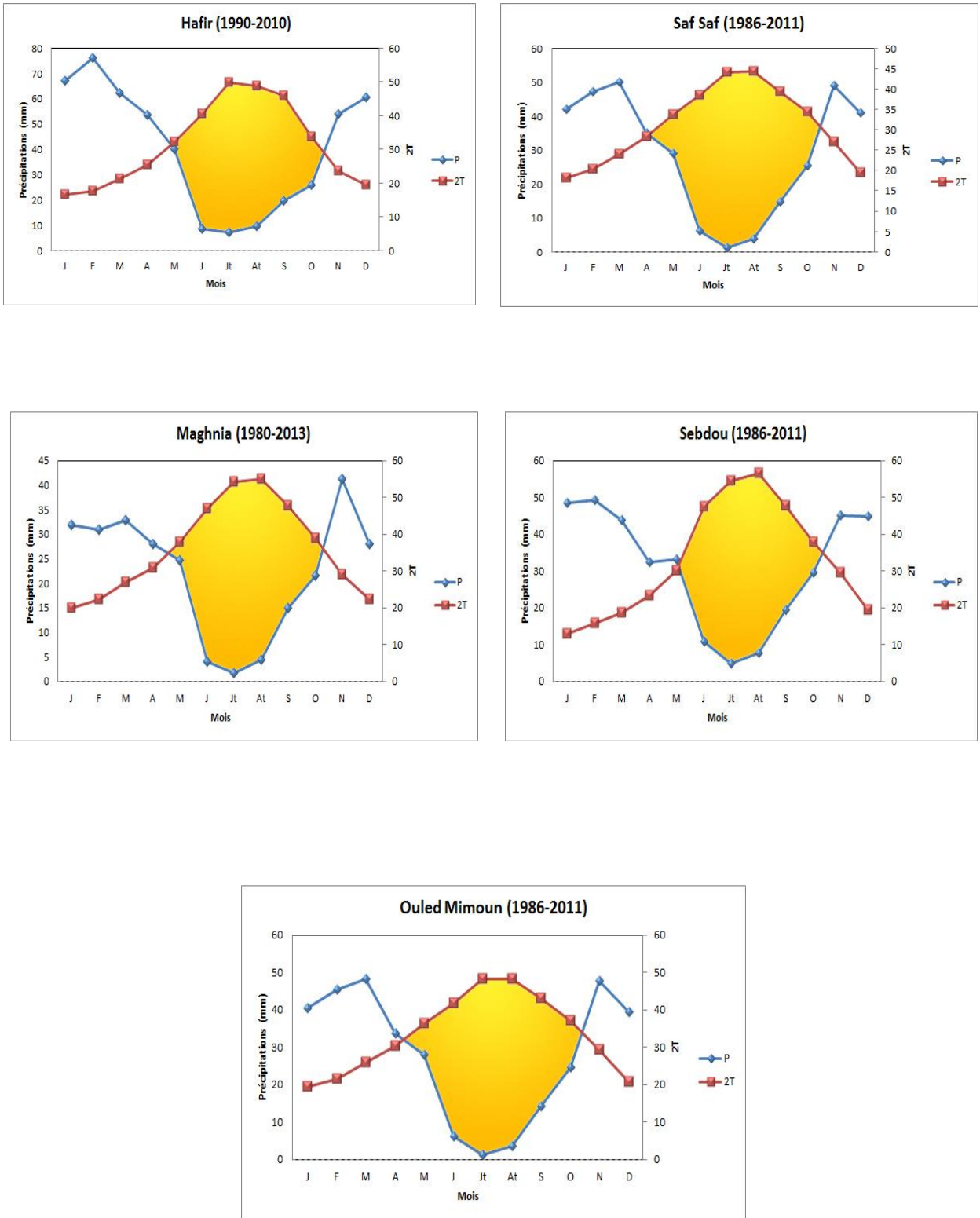


Fig. 6 : Diagrammes ombrothermiques pour la nouvelle période

III.2 - Indice d'aridité de De Martonne

DE MARTONNE (1926) a défini un indice d'aridité utile pour évaluer l'intensité de la sécheresse exprimé par la relation suivante :

$$I = \frac{P}{T + 10}$$

P : précipitations moyennes annuelles (mm)
 T : température moyenne annuelle (°c)
 I : Indice d'aridité

Ce dernier permet d'étudier spécialement les rapports du climat avec la végétation et de positionner la station d'étude.

I < 5 : Climat hyper aride

5 < I < 10 : Climat désertique

10 < I < 20 : Climat semi-aride

I > 20 : Climat humide

Le Tableau 7 nous montre les différents types de climat des stations selon leur indice de De Martonne.

Tableau 7 : Indice d'aridité de De Martonne

Stations	Période	I (mm / °c)	Type de climat
Hafir	AP	31,71	Humide
	NP	18,90	Semi-aride
Saf Saf	AP	20,66	Humide
	NP	13,53	Semi-aride
Maghnia	AP	15,68	Semi-aride
	NP	9,45	Désertique
Sebdou	AP	12,20	Semi-aride
	NP	13,98	Semi-aride
Ouled Mimoun	AP	20,31	Semi-aride
	NP	12,44	Semi-aride

Nous remarquons que deux stations (Hafir et Saf Saf) ont subi une forte diminution de leur indice (changement d'un climat humide vers un climat semi-aride), les autres stations restent dans le climat semi-aride.

Cette diminution est montrée dans la figure 7.

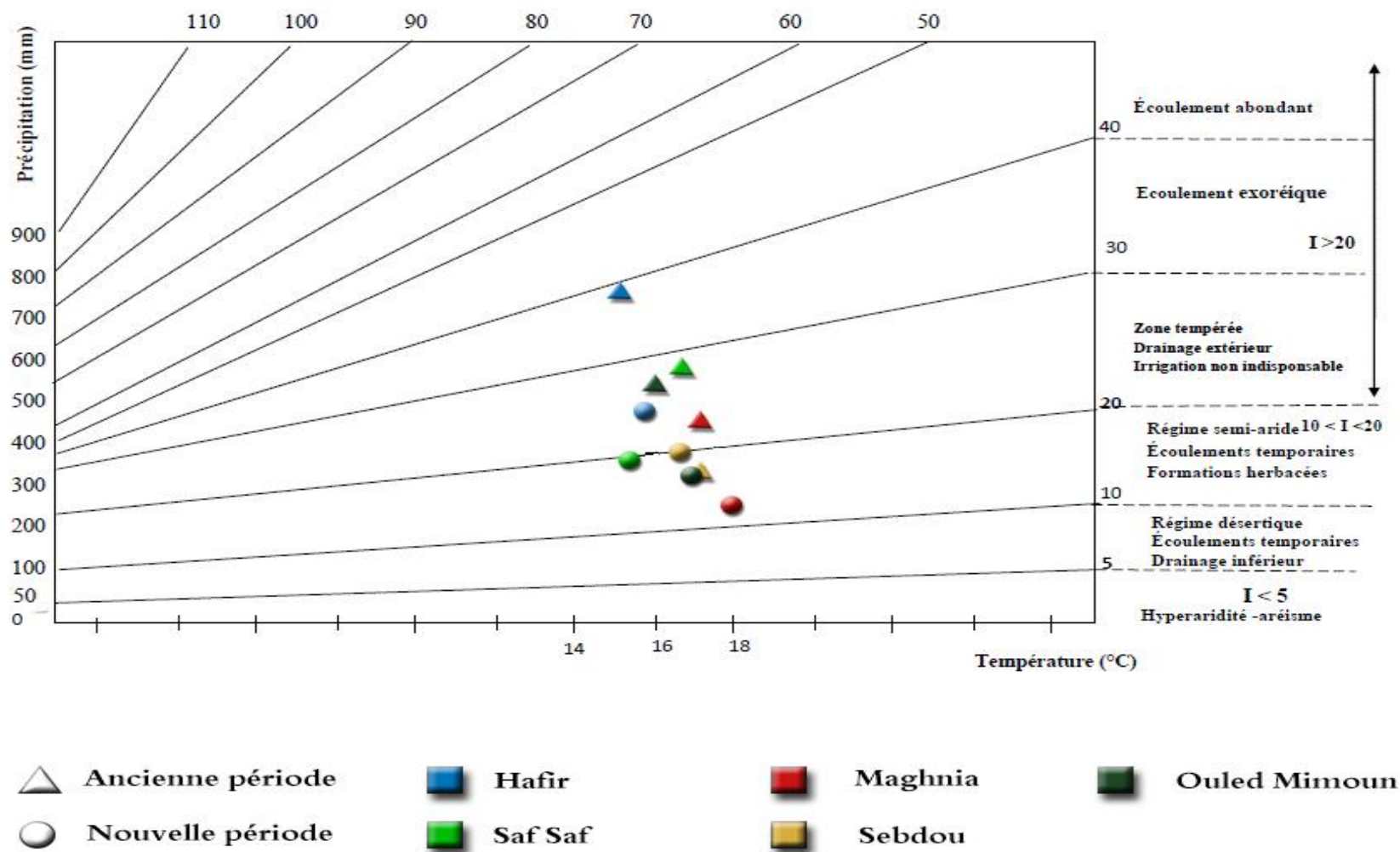


Fig. 7 : Indice d'aridité de De Martonne

III.3 - Le quotient pluviothermique d’Emberger

Le quotient pluviothermique (Q2) d’EMBERGER (1952) a été établi pour la région méditerranéenne et il est défini par la formule suivante :

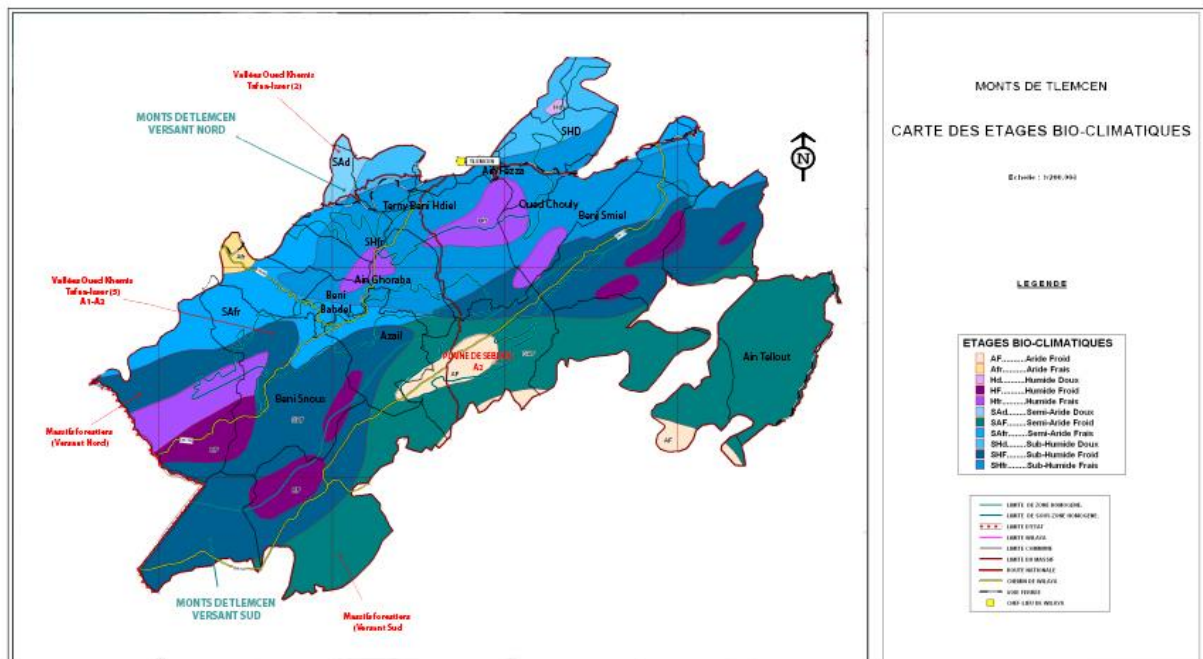
$$Q_2 = \frac{2000 P}{M^2 - m^2}$$

P : pluviosité moyenne annuelle
 M : moyenne des maxima du mois le plus chaud (T + 273° K)
 m : moyenne des minima du mois le plus froid (T + 273° K)

Ce quotient permet de localiser les stations d’étude parmi les étages de la végétation tracés sur un climagramme pluviothermique (Figure.8).

Tableau 8 : Le quotient pluviothermique d’Emberger

Stations	Période	Q2	Etage bioclimatique
Hafir	AP	82,06	Subhumide à hiver tempéré
	NP	57,10	Subhumide à hiver tempéré
Saf Saf	AP	70,68	Subhumide à hiver tempéré
	NP	41,77	Semi-aride à hiver frais
Maghnia	AP	48,82	Semi-aride à hiver tempéré
	NP	28,38	Aride à hiver tempéré
Sebdou	AP	34,43	Semi-aride à hiver tempéré
	NP	43,45	Semi-aride à hiver tempéré
Ouled Mimoun	AP	65,52	Subhumide à hiver frais
	NP	39,84	Semi-aride à hiver tempéré



Carte 7 : Les étages bioclimatiques des Monts de Tlemcen

D'après l'analyse de nos résultats, nos stations se positionnent de la manière suivante (tableau 8 et carte 7) :

Pour l'ancienne période :

Les stations de Saf Saf, Hafir et Ouled Mimoun sont situées dans l'étage subhumide à hiver tempéré et/ou frais, alors que les stations de Maghnia et de Sebdou sont situées dans l'étage semi-aride à hiver tempéré.

Pour la nouvelle période :

La station de Hafir se trouve encore actuellement dans l'étage subhumide à hiver tempéré. Les autres stations, Maghnia, Sebdou et Saf Saf sont situées dans l'étage semi-aride à hiver tempéré et/ou frais. L'étage semi-aride domine actuellement la zone d'étude en général et au niveau des Monts de Tlemcen en particulier.

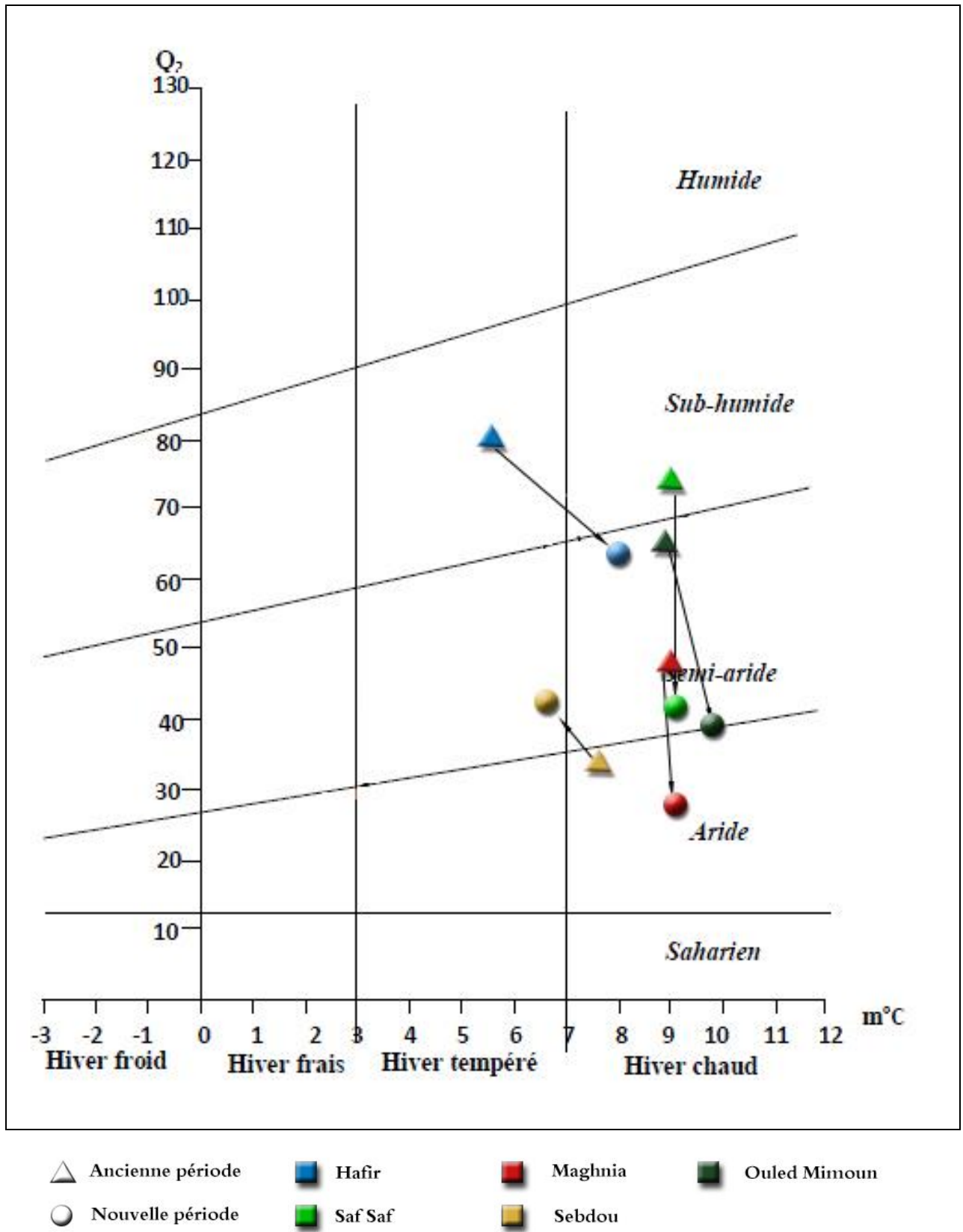


Fig. 8 : Climagramme pluviothermique d'Emberger

Conclusion

Cette étude bioclimatique nous a permis d'observer une évolution du climat vers une aridification pratiquement pour toutes les stations. Nous avons pu tirer les conclusions suivantes :

Le climat des Monts de Tlemcen est de type méditerranéen, avec deux étages bioclimatiques bien distincts et qui sont : le semi-aride et le subhumide caractérisés par deux saisons :

- **Saison hivernale** : courte et froide, elle s'étale de novembre à mars, et caractérisée par l'irrégularité pluviométrique.
- **Saison estivale** : longue et sèche, elle est caractérisée par la moyenne des précipitations et de fortes chaleurs et s'étale sur 6 mois.

La zone d'étude est caractérisée par un régime saisonnier : HPAE et une nette diminution des précipitations qui varie entre 264,37 et 369,26 mm.

L'étude comparative pour les deux périodes des stations de référence montre un décrochement vertical et horizontal des positions de chaque station en relation directe avec le Q2 qui actuellement se situe sous climat semi-aride.

Chapitre III

Le Milieu Humain

I. Introduction

L'influence de l'homme sur le paysage date depuis longtemps et ses actions sont de plus en plus néfastes. L'impact de l'homme, qui est très difficile à mesurer, car non quantifiable, ressort dans toutes les études phytodynamiques (**AIDOUD, 1983**). Les écosystèmes arides d'Afrique du Nord sont marqués par l'impact drastique et croissant des activités humaines signalent **LE FLOC'H (1995)** et **QUEZEL (2000)**. Dans les pays du Maghreb, l'accroissement des populations, mais aussi le maintien d'un mode de vie traditionnel, entraîne dans les zones littorales bien arrosées des dégâts considérables. En effets, ces zones, souvent montagneuses, correspondent à peu près toujours à des régions à très forte densité de population rurale, population par ailleurs en pleine expansion. Or, ces mêmes zones constituent, théoriquement au moins, des zones à haute potentialité forestière où se développent les seules essences nobles d'Afrique du Nord (**QUEZEL, 2000**). Les perturbations d'origine anthropique sont pour une très large part responsables de l'état actuel des structures de végétation au Maghreb (**QUEZEL et BARBERO, 1990**). En Algérie, les effets des perturbations anthropozoogènes sur la végétation de la région de Tlemcen ont fait l'objet de plusieurs travaux de recherche, nous citons : **QUEZEL (1964)** ; **AIDOUD (1983)** ; **BARBERO et al. (1990)** ; **BENABADJI et al. (1996, 2004)** ; **BOUAZZA et al. (2001, 2004)** ; **BOUAZZA et BENABADJI (1998)** ; **BENABADJI et BOUAZZA (2001, 2002)** ; **MEDJAHDI (2001)** ; **BESTAOUI (2001)** ; **AYACHE (2007)** ; **HACHEMI (2011)** ; **BEKKOUCHE (2011)** ; **BELHACINI (2011)** ; **FELIDJ (2011)**. Dans ce contexte, et pour mieux comprendre l'effet de l'action de l'homme qui affecte considérablement les communes, dans lesquels s'insère la zone d'étude, nous avons jugé nécessaire l'étude plus ou moins détaillée des données socio-économiques ainsi que les impacts néfastes des activités de l'urbanisation et des infrastructures de production sur l'environnement dans le but d'évaluer l'impact de la pression de l'homme et de son troupeau sur la dynamique de la végétation des Monts de Tlemcen

II. Formes des pressions anthropozoogenes

La dégradation des milieux naturels nécessite en amont des recherches sur l'ensemble des facteurs appliqués de façon directe ou indirecte dans un processus de dégradation et, surtout, chercher à savoir comment ces facteurs se conjuguent et interagissent entre eux dans le temps et dans l'espace. Sachant que les degrés de dégradation du milieu naturel sont variés et l'importance de chaque forme de pression anthropozoogène diffère d'un domaine à un autre, l'action de l'homme et de ses troupeaux influence l'ensemble des paysages de la zone

d'étude de façon directe par l'évolution de la densité de la population, le surpâturage, le défrichement et le système de culture.

II.1 - Croissance démographique

Parmi les causes sociales évoquées pour expliquer la dégradation des milieux naturels, et de manière plus générale tous les problèmes environnementaux, la forte croissance démographique figure parmi les plus citées. Selon des données de la **D.S.A**, la population de Tlemcen était de 842053 habitants en 1998, 885314 habitants en 2002, 949132 en 2008 et 1 006 121 habitants en 2012. Les conséquences de la croissance démographique sur la dégradation des milieux naturels sont posées de manière différente pour la population urbaine et rurale (Tableau 9). En milieu urbain, la population est passée de 29,90 % de la population à 60,62 % entre 1966 et 2012. En effet, la croissance urbaine a été exacerbée par l'exode rural suite aux sécheresses. L'effet de la croissance urbaine sur la dégradation des forêts est associé à l'augmentation de la demande en bois énergie. La problématique du bois comme source d'énergie est posée ici comme cause de la dégradation des milieux naturels dans la région de Tlemcen en général et dans la zone d'étude en particulier. Toutefois, le taux de la population rurale au niveau de la zone d'étude s'oriente nettement vers la baisse (de 69,9 à 39,37 % de la population entre 1966 et 2012), ce qui traduit une urbanisation des écosystèmes forestiers et préforestiers, une régression du tapis végétal et même une consommation de l'espace agricole.

Tableau 9 : Évolution de la population (D.S.A, 2012)

Années	1966	1977	1987	1998	2008	2012
Population urbaine	123 955	194 402	353 354	493 253	572 327	609 995
Population rurale	289 992	341 405	379 508	348 795	376 805	396 129
Total	415 913	537 784	734 849	844 046	951 140	1 008 136

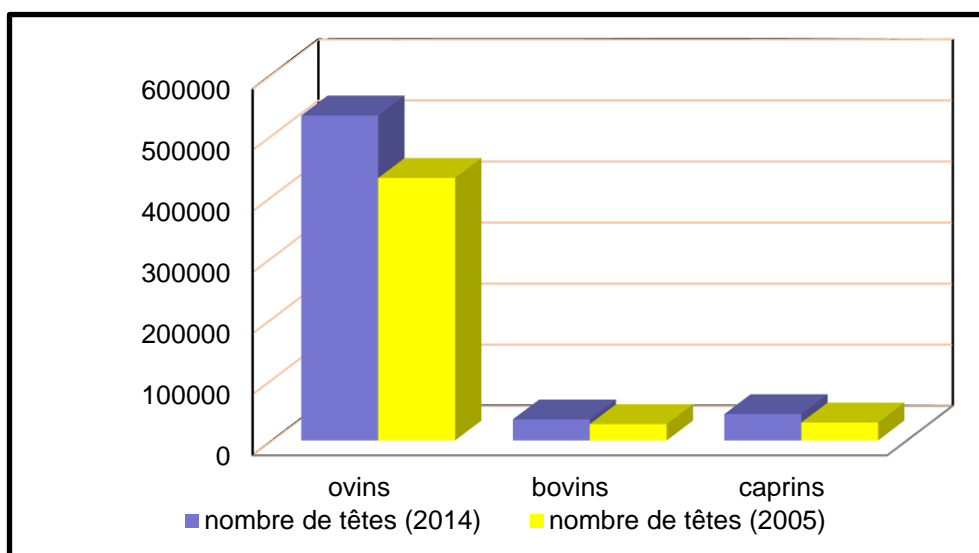
II.2. Pratiques pastorales

Au-delà des causes démographiques, les pratiques pastorales figurent en elles-mêmes parmi les causes historiquement évoquées pour expliquer la dégradation des milieux naturels en Algérie, comme dans beaucoup de pays de monde. En effet, les parcours sont soumis à un déséquilibre écologique continu résultant de la très forte charge qu'ils subissent surtout dans les zones proches du milieu urbain. Cependant, l'arrêt du pâturage peut constituer une perturbation

plus que le pâturage lui-même. L'impact de l'homme et de ses troupeaux sur le tapis végétal par l'intermédiaire du pastoralisme parfois extensif intervient d'une manière brutale dans la modification de ce patrimoine. Par conséquent, les parcours sont essentiellement constitués des matorrals dégradés et ouverts, complétés par les jachères et les chaumes de céréales.

La région de Tlemcen n'échappe pas au fléau du surpâturage. Effectivement, pour 63 404 ha de surface versée au pâturage et au pacage, si on compare l'évolution et la répartition du cheptel, (figure. 9) en 2005, nous avons 430.000 têtes d'ovins, 26.700 têtes de bovins et 29.300 têtes de caprins et en 2014 nous avons 532.300 têtes d'ovins, 34.500 têtes de bovins et 43.200 têtes de caprins conduisant ainsi à une surcharge pastorale.

Cela se traduit selon **LE HOUEROU (1980)** par une réduction du couvert végétal imposée par le piétinement de l'animal.



(source DSA, 2014).

Fig. 9 : Évolution et répartition du cheptel dans la région d'étude

II.2 - Le défrichement et le système de culture

Ce processus est défini comme une inapplication totale de la végétation d'une zone pour utiliser ses terres à d'autres intérêts comme l'agriculture, l'élevage ou l'urbanisme. La déforestation, souvent pour cause d'agriculture ou d'élevage, est source d'un appauvrissement de la biodiversité et de l'activité biologique du sol. La biodiversité diminue et cela est d'autant plus que l'agriculture moderne sévit. Que le défrichement des zones forestières, préforestières et steppiques fussent entrepris à l'aide de différents moyens tels que le feu ou autres moyens

manuels, le but ne se limite pas à l'utilisation du bois comme matière première (construction, combustible), mais, consiste à développer des actions principales telles que la mise en culture des terres conquises probablement pour l'arboriculture dans les zones de montagnes et de la céréaliculture dans les zones désertiques mettant ainsi en danger les sols. Ce phénomène se traduit sur le terrain par une érosion sous différentes formes, recul des aires végétales, disparition des espèces. Les observations faites sur le terrain montrent que les défrichements s'effectuent principalement au niveau des zones limitrophes des agglomérations et, accessibles aux alentours des forêts, et pré forêts, et, dans les zones steppiques. Citons à titre d'exemple : le défrichement aux bas de Djebel Merzouka (Ain Fezza), Djebel Ghar Boumaza (Sebdou), Djebel Boudjemil (Beni Mester). Ce grignotement des parcours, matorrals, forêts et pré forêts entraîne des espaces qui seront difficiles à reconquérir par les espèces autochtones surtout dans les conditions climatiques actuelles.

II.3 - Les incendies

Les incendies de forêt représentent une des perturbations majeures auxquelles sont soumis les écosystèmes méditerranéens. (BARBERO *et al.*, 1988) la région de Tlemcen n'a pas échappé à ce fléau.

La région des Monts de Tlemcen subit des incendies répétés dans des diverses formations forestières, surtout les formations à chêne vert. Leur impact s'est considérablement accru au cours de la dernière décennie, des hectares de taillis sont brûlés et risquent de ne pas régénérer avec ces fréquences importantes (figure. 10).



Fig. 10 : Incendie (Zarifet) (photo : Chemouri F.Z. 2015)

Généralement, la campagne de lutte contre les incendies débute en juin, mais la nature du climat de l'Ouest Algérien fait qu'un incendie peut se déclencher même au cours du mois de mai (tableau.10)

Ces feux jouent un rôle dans l'évolution régressive du tapis végétal où on peut observer actuellement l'installation des taxa chamaephytiques et thérophitiques indicatrices de passage de feu notamment les cistes (*Cistus salvifolius*, *C. villosus*, *C. ladaniferus*...), hélianthèmes, et d'autres taxons caractérisés par une stratégie adaptatif « R » (avec une production de graines importantes).

Par contre, certain taxons résistent à cette pression ; ces formations rejettent vigoureusement et limitent ou compromettent la régénération des essences en l'absence d'interventions sylvicole (AMANDIER, 2004); d'autres essences forestières régénèrent facilement et évoluent correctement après le feu. D'après nos observations sur terrain, notamment le thuya (*Tetraclinis articulata*), le chêne kermès (*Quercus coccifera*) (figure. 11) et des espèces auto-protégées par leurs organes de soutien comme le liège du chêne liège (*Quercus suber*), le stipe de palmier nain (*Chamaerops humilis*) et quelques poacées rhizomateuses.

En outre, l'incendie est l'ennemi de certaines essences citons comme exemple le chêne zeen (*Quercus fagenia subsp. tlemcenensis*) qui vit un stress permanent dans cette région.



Fig. 11 : Régénération après feu (Zarifet), le chêne kermès (*Quercus coccifera*).

(photo : Chemouri F. Z. 2015)

Tableau 10 : Répartition mensuelle du nombre de foyers (2011-2015)

Zone d'étude	Mois	Juin	Juillet	Août	Septembre	Octobre
	Années					
Monts de Tlemcen	2011	0	3	4	1	0
	2012	2	4	2	0	0
	2013	1	4	5	0	0
	2014	1	3	4	1	0
	2015	1	1	2	2	1

On constate que le nombre de foyers est concentré pendant les mois de juillet et août où les températures atteignent généralement les maximums. Durant les mois de juin et septembre, le nombre d'incendies décroît. Le mois d'octobre enregistre le plus faible nombre d'incendies.

Conclusion

L'évolution et la conservation des forêts méditerranéennes dépendent étroitement des phénomènes liés à l'écologie des perturbations pour lesquels l'homme a joué et joue un rôle primordial pendant ces dernières décennies. Cependant, les écosystèmes ont été fortement perturbés au cours des dernières décennies sous l'effet d'une longue histoire d'exploitation intensive des ressources naturelles. Ceci a conduit à la rupture parfois irréversible des équilibres écologiques.

Dans la zone d'étude, l'emprise de l'homme devient actuellement de plus en plus prégnante relativement à la croissance démographique, l'industrialisation et des développements technologiques. Que ce soit par les défrichements, coupes de bois, la mise en culture, le surpâturage. Ces actions représentent des bouleversements écologiques et une régression des écosystèmes forestiers, voire des matorrals où s'installent de nouveaux occupants arbustifs mieux adaptés à l'accentuation des contraintes liées à l'action anthropique.

De ce fait, les menaces pesant sur le capital biologique, mais surtout sur l'habitat humain s'accroissent d'année en année et il devient absolument indispensable que les mesures de prévention soient à la mesure des enjeux. En conséquence, **LE HOUEROU (1991)** affirme que si les modes d'aménagement ne sont pas adaptés, on risque dans certains cas de voir apparaître, en quelques décennies, des déserts d'origine anthropique dont l'évolution sera difficilement réversible.

Partie II

Matériels et Méthodes

Chapitre I

Analyse

Pédologique

Analyse pédologique :

Les sols sont des milieux particuliers qui permettent le développement de la végétation, mais chaque espèce a ses exigences en substances organiques, en substances minérales, en eau... etc. et n'occupe donc qu'une partie limitée d'un sol de nature déterminée.

I. Méthodes d'analyse

La méthode d'étude est subdivisée en deux étapes, la première sur le terrain, la seconde au laboratoire où les échantillons seront analysés.

I.1 - Méthode d'étude sur le terrain

L'étude sur le terrain débute par l'établissement d'un profil afin de voir les différentes parties ou les horizons d'un sol. Ces horizons sont généralement superposés et où se feront les observations, les mesures et les prélèvements d'échantillons **AUBERT (1978)**.

I.1.1. Choix de l'emplacement du profil :

Dans cette étude, le choix de l'emplacement du profil est conditionné d'une part par la composition floristique de la formation végétale, et d'autre part par la nature du substrat et/ou la nature lithologique.

Ce choix peut être guidé également par la topographie et par la présence de tranchées naturelles ou artificielles traversant les groupements végétaux qui peuvent puiser les éléments nutritifs nécessaires dans le sol par leur système racinaire très développé. De même sur des berges de cours d'eau, on peut trouver des emplacements favorables au creusement d'un profil.

À cet effet, nous avons pu choisir trois profils majeurs dans les Monts de Tlemcen ; ils sont basés surtout sur :

- Carte lithologique des monts de Tlemcen.
- Nature de la végétation, c'est-à-dire dans les trois formations à base de chênes qui sont dominantes dans cette région ; *Quercus ilex*, *Quercus suber* et le *Quercus fagenia subsp tlemcenensis*. Ainsi, ces trois profils sont situés dans les stations d'étude de la végétation qui sont ; Station N°1 (Hafir), Station N°2 (Zarifet), Station N°3 (El Azail), Station N°4 (El Khemis), Station N°5 (Ain Fezza).
- Présence des tranchées artificielles (pistes et tranchées pare-feux) et des berges de cours d'eau (Oued Tafna ou Oued El Khemis) favorables au creusement d'un profil.

I.1.2. Creusement du profil :

Grâce à des tranchants bien affûtés, une simple pelle et une bêche suffiront pour le creusement du profil ; si le terrain est caillouteux, la bêche sera remplacée par une pioche.

I.1.3. Étude du profil :

Pour l'étude du profil, il faut que l'une des faces de creusement soit verticale, plane et un profil de sol le plus net possible. En premier lieu se fera la distinction des différents horizons.

I.1.4. Distinction des horizons :

Les horizons se différencient les uns des autres par leur couleur, leur texture, leur structure et leur richesse en matière organique. Il faudra procéder à la représentation du profil par un schéma sur lequel figureront les limites des différents horizons, le système racinaire et l'emplacement des cailloux et des pierres. **AUBERT (1978)**

I.1.5. Prélèvement des échantillons :

Les cinq prélèvements de sol ont été effectués à l'aide d'une carotte au niveau de l'horizon de surface, dans chacune des stations étudiées.

I.1.6. Transport des échantillons :

Les échantillons doivent être acheminés le plus rapidement possible au laboratoire, de manière à éviter que des altérations dans des conditions isothermiques ne détruisent la structure initiale en cours de voyage.

I.2 - Méthode d'étude au laboratoire

Les échantillons sont mis dans des sachets en plastique soigneusement numérotés, avec la date et la localisation, ensuite ils sont ramenés au laboratoire de pédologie à l'université Abou Bakr Belkaïd-Tlemcen pour effectuer les analyses.

Au laboratoire, nous procédons à l'enregistrement des échantillons dans un registre sur lequel nous avons noté un maximum d'informations :

- Le lieu, coordonnées, station...
- Le peuplement végétal qui le recouvrait ; relevé floristique.
- Autres détails ; date, profondeur, couleurs ...

Chaque prélèvement est doté d'un numéro ou d'un nom abrégé pour permettre son identification dans toutes les analyses et les manipulations

I.2.1. Séchage :

Les échantillons du sol sont mis à sécher à l'air libre pendant quelques jours, et sur des feuilles de papier ou dans des cuvettes.

I.2.2. Séparation des éléments :

Une fois séchés, les échantillons sont passés au tamis à mailles de 2 mm de diamètre (AFNOR, 1987), on sépare ainsi la terre fine (< 2mm) des éléments grossiers (> 2mm). Ces éléments grossiers sont exclus de l'analyse. Seule la terre fine est analysée, car la notion de texture concerne plus particulièrement cette fraction.

I.2.3. Préparation des échantillons pour les analyses :

Les méthodes utilisées sont celles exposées par AUBERT (1978) dans son manuel d'analyse des sols d'une part, et nous avons suivi un guide académique sur les méthodes d'analyses physique et chimique du sol (Laboratoire du sol ; ANONYME, 1975) d'autre part. Ces analyses sont :

- Analyse granulométrique ;
- Analyse chimique : le pH, le dosage du calcaire total CaCO₃, la matière organique et la conductivité électrique ;
- La détermination de la couleur du sol à partir du code de « Munsell ».

I.2.4. Le matériel utilisé:

- Des tamis ;
- Produits chimiques (acide sulfurique, HCl, NaF, sel de Mohr, bichromate de potassium.) ;
- Verrerie ;
- Densimètre ;
- Thermomètre ;
- Conductiviomètre ;
- Calcimètre de Bernard ;
- PH-mètre ;
- Eau distillée.

I.2.5. Analyse granulométrique :

L'analyse granulométrique a pour but de quantifier pondéralement en pourcentage les particules du sol (sables, limons et argiles) afin de définir la texture du sol.

Les propriétés physiques d'un sol sont liées à leur texture et à leur structure, ces dernières influencent la perméabilité, le lessivage et la résistance à l'érosion.

La structure est l'arrangement spatial des particules minérales liées ensemble par des ions de fer ou d'aluminium ou par des matières organiques.

La texture est la composition granulométrique d'un sol après la destruction de tous les agrégats par des colloïdes flocculés.

La texture à elle seule n'a pas une grande signification vis-à-vis de la végétation. Son rôle varie suivant la proportion d'éléments grossiers ou l'existence de fissures dans une roche compacte (AUBERT et *al.*, 1981).

Les résultats de l'analyse granulométrique par sédimentation sont utilisés en fonction des pourcentages et des dimensions de diverses particules, et qui complète l'analyse granulométrique par tamisage échantillon du sol.

Les principales classes granulométriques d'éléments grossiers sont :

Blocs : $Q > 20\text{cm}$

Cailloux : $2 > Q > 20\text{cm}$

Graviers : $2\text{cm} > Q > 2\text{mm}$

La terre fine où les éléments fins sont inférieurs à 2mm de diamètre.

Ces particules sont groupées comme suit :

Sables grossiers (SG) : $2\text{mm} > Q > 200\mu$

Sables fins (SF) : $200\mu > Q > 50\mu$

Limons grossiers (LG) : $50\mu > Q > 20\mu$

Limons fins (LF) : $20\mu > Q > 2\mu$

Fraction argileuse (FA) : $Q < 2\mu$

La méthode utilisée est celle de **CASAGRANDE (1934)** basée sur la vitesse de sédimentation des particules dont la vitesse de chute est régie par la loi de Stokes.

L'analyse granulométrique est déterminée par densimètre. L'opération nécessite d'abord la destruction des agrégats par dispersion des colloïdes flocculés. Les ions qui maintiennent ces colloïdes sont éliminés par un traitement avec un sel neutre : l'hexamétophosphate de sodium pendant une heure. Après cette dispersion, les éléments texturaux se trouvent à l'état libre dans la solution. Les particules coïncidentes à différents temps avec des vitesses constantes d'autant plus grandes qu'elles sont plus grosses.

I.3 - Analyses chimiques :

I.3.1. Le pH :

Le but de la mesure du pH est de déterminer la basicité, l'acidité ou la neutralité d'un sol. Le pH peut être mesuré à l'aide d'un pH-mètre (appareil muni d'une électrode qu'on trempe dans la solution du sol à étudier).

Le pH varie d'un sol à un autre comme suit :

- pH >7: des sols contenant des sels alcalins.
- PH <7 : des sols contenant des sulfures.
- PH =7 : des sols neutres.

I.3.2. Le dosage du calcaire total :

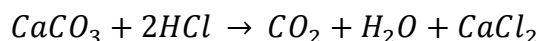
Fondé sur la réaction caractérisée du carbonate de calcium (CaCO_3) avec l'acide chlorhydrique (HCl), le dosage du calcaire total est réalisé à l'aide du Calcimètre de Bernard.

Par cette méthode on dose l'ensemble du calcaire d'un sol, c'est-à-dire la somme du calcaire inactif et du calcaire actif.

- **Le calcaire inactif** : c'est le carbonate de calcium sous forme de grains grossiers ou cristallins peu solubles dans l'eau chargée de CO_2 . Il représente une réserve évoluant lentement, par érosion, vers une forme active.
- **Le calcaire actif** : c'est la fraction fine (argileuse ou limoneuse) du carbonate de calcium facilement solubilisé dans l'eau chargée de CO_2 . Il enrichit les solutions du sol en bicarbonate soluble, qui sature progressivement le complexe absorbant.

Principe:

On compare le volume du CO₂ dégagé sous l'action de l'acide chlorhydrique par un poids donné d'échantillon du sol à analyser avec celui qu'on obtient dans les mêmes conditions de température et de pression atmosphérique avec du carbonate de calcium pur.



On calcule le pourcentage du carbonate par la formule suivante :

$$\%CaCO_3 = \frac{p \cdot V}{P \cdot v} \times 100$$

P : prise d'essai de CaCO₃ pur.

V : le volume de CO₂ dégagé par CaCO₃ pur.

p : prise d'essai de l'échantillon du sol.

v : le volume de CO₂ dégagé par l'échantillon du sol.

Les valeurs obtenues sont exprimées en pourcentages classés suivant une échelle conventionnelle. L'échelle d'interprétation des carbonates (tableau. 11) permet de déterminer la quantité du CaCO₃ comprise dans un échantillon du sol.

Tableau 11 : Échelle d'interprétation de carbonates

% de carbonates	Charge en calcaire
< 0.3	Très faible
0.3 -3.0	Faible
3.0 -25.0	Moyenne
25.0 -60.0	Forte
>60.0	Très forte

I.3.3. La conductivité électrique :

La mesure de la conductivité électromagnétique (C.E.M) des sols est une méthode qui petit à petit s'est imposée pour la mesure de la salinité des sols (DEJONC *et al.*, 1979; WILLIAMS et HOEY, 1982).

On détermine la conductivité sur une solution d'extraction aqueuse (rapport sol/eau est égal à 1/5) exprimée en millisiemens par centimètre (mS/cm) à l'aide d'un conductivimètre. « La capacité du sol à conduire le courant électrique est en fonction de la concentration en électrolytes de la solution du sol » (RIEU et CHEVEIY, 1976).

La mesure de la conductivité sert à déterminer l'homogénéité des mélanges. Plus le liquide est conducteur, plus la teneur en sels est élevée, plus la valeur de la conductivité est élevée aussi. Elle est proportionnelle à la somme des ions en solutions.

Principe:

L'appareil utilisé est le conductivimètre, on place dans un bêcher 10g de terre fine, on remplit avec 50 ml d'eau distillée. Après agitation, on effectue la lecture sur le conductivimètre.

L'estimation de la teneur globale en sels dissous a été faite à l'aide de l'échelle de salure des sols (voir Figure. 12).



Fig.12 : Échelle de salure en fonction de la conductivité de l'extrait aqueux (Aubert, 1978).

I.3.4. Dosage du carbone organique :

La matière organique joue un rôle très important dans la pédogenèse et la formation d'humus qui joue aussi un rôle important dans la stabilité des agrégats, mais aussi dans l'absorption de l'eau.

Principe :

Le dosage du carbone organique est effectué à l'aide de la méthode Tjurin : Le principe de cette méthode est le suivant :

Le carbone de la matière organique est oxydé par bichromate de potassium ($K_2Cr_2O_7$) en présence d'acide sulfurique.

En connaissant la quantité de bichromate nécessaire pour cette oxydation, on peut calculer le pourcentage de carbone organique et d'humus dans le sol. Pour ce but, on effectue le titrage direct de l'excédent de $K_2Cr_2O_7$ avec une solution de sel de Mohr ($Fe(SO_4)_2(NH_4)_2 \cdot 6H_2O$) en présence de diphenylamine.

$$\%C_{org} = \frac{c \cdot 4,0,3}{g} \times 100$$

Où c : en ml, volume de bichromate de potassium versé.

- 4 : conversion en 0,1N
- 0,3 : conversion en mg
- g : prise d'essai (mg)

En prenant le coefficient de Welte (=1,724), on peut calculer le pourcentage de l'humus dans le sol :

$$\% \text{ d'humus} = \%C_{org} \cdot 1,724$$

Pour l'estimation des résultats, on se réfère à l'échelle suivante : (Tableau 12)

Tableau 12 : Estimation de la quantité de matière organique et d'humus dans un échantillon du sol.

Taux de C organique en %	Humus en %	Quantité
<0,60	<1	Très faible
0,60 à 1,15	1 à 2	Faible
1,15 à 1,75	2 à 3	Moyenne
1,75 à 2,90	3 à 5	Forte
>2,90	>5	Très forte

I.3.5. La couleur Munsel :

La couleur des sols est le caractère morphologique le plus accessible. Pour déterminer la couleur, on utilise le code international « Munsel ».

Aussi, il est recommandé d'observer surtout la couleur de l'échantillon à l'état sec et à la lumière éclatante du jour.

Cette dernière condition est nécessaire pour distinguer plus aisément les différentes teintes.

Chapitre II

Phytodiversité

I. Échantillonnage stratifié, choix des stations

Pour aboutir au choix des stations, il est nécessaire de recourir à une approche rigoureuse tenant compte d'un échantillonnage. Ce choix a été guidé par la bonne représentation du tapis végétal dans la zone des Monts de Tlemcen.

Selon **ELLENBERG(1956)**, la station dépend impérativement de l'homogénéité de la couverture végétale dans le but d'éviter les zones de transition.

DAGNELIEP(1970) et **GUINOCHEM(1973)** définissent l'échantillonnage comme étant l'ensemble des opérations qui ont pour objet de prélever, dans une population, des individus devant constituer l'échantillon.

Un échantillonnage reste l'opération qui prélève un certain nombre d'éléments que l'on peut observer ou traiter (**DAGNELIE, 1970**). C'est la seule méthode permettant les études des phénomènes à grande étendue tels que la végétation, le sol et éventuellement leurs relations. Le relevé est l'un des outils expérimentaux de base pour l'étude de ces phénomènes.

Plusieurs techniques d'échantillonnage ont été adoptées selon **GOUNOT(1969)** puis **LONG(1974)** :

L'échantillonnage subjectif : Il permet un échantillonnage dit de prospection, ou préliminaire.

L'échantillonnage au hasard : Il aboutit selon une théorie à élaborer des tests statistiques. En pratiques, les informations recueillies sont très incomplètes.

L'échantillonnage systématique : La répétition des échantillons nécessite un inventaire de tous les éléments de la population se présentent naturellement les uns à la suite des autres, et aucun phénomène périodique n'affecte directement le caractère étudié.

L'échantillonnage stratifié : C'est une technique qui consiste à subdiviser une population hétérogène en sous-populations ou «strates» plus homogènes, mutuellement et collectivement exhaustives.

Selon **GODRON(1971)** et **FRONTIER(1983)**, l'échantillonnage stratifié semble être la méthode qui donnerait les meilleurs résultats en ce qui concerne notre étude et qui permet d'obtenir des stations susceptibles de traduire le maximum de situations écologiques.

On peut constater les conséquences de l'action anthropozoogène et comprendre la dynamique et l'évolution de la végétation qui se développe dans les stations d'études.

Compte tenu de la complexité de la formation forestière de Monts de Tlemcen, nous l'avons divisée en strates, ce qui correspond à une première analyse du système.

Ces strates correspondent aux différents caractères du milieu, climat, modèles géomorphologique et géologique etc. Ces caractères sont appelés "stratificateurs" (**FRONTIER, 1983**). Nous avons retenu :

- Stratificateur bioclimatique
- Stratificateur géologique
- Stratificateur géomorphologique
- Stratificateur physiologique

Chaque stratificateur définit une partition de strates différentes, pouvant être sous-stratifiée par un ou plusieurs autres stratificateurs.

Les stations sont représentés dans le tableau 13 et la figure 13.

Tableau 13 : Description des stations étudiées

Stations	Altitudes	Pente	Taux de Recouvrement (%)	Latitude	Longitude	Végétation caractéristique
Hafir	1350 m	10%	70%	34°46'44" N	1°21'38" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Juniperus oxycedrus</i> <i>subsp Rufescens</i> <i>Quercus fagenia subsp</i> <i>tlemcenensis</i>
Zarifet	1020 m	>25%	60%	34°50'21" N	1°22'36" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Quercus coccifera</i> <i>Cystisus triflorus</i>
Ain Fezza	1200 m	10% à 20%	65%	34°52'38" N	1°14'07" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Olea europea</i> <i>Pistacia lensiscus</i> <i>Pinus halepensis</i>
El Khemis	800 m	15%	50%	34°38'35" N	1°33'41" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Pinus halepensis</i> <i>Juniperus oxycedrus</i> <i>subsp Rufescens</i>
El Azail	734 m	>15%	40%	34°48'48" N	1°28'23" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Pinus halepensis</i> <i>Stipa tenacissima</i>
Beni Boussaid	700 m	15%	35%	34°38'53" N	1°45'11" O	<i>Quercus ilex</i> <i>Juniperus oxycedrus</i> <i>subsp Rufescens</i> <i>Tetraclinis articulata</i>



Station n° 1 : Hafir



Station n° 2 : Zarifet



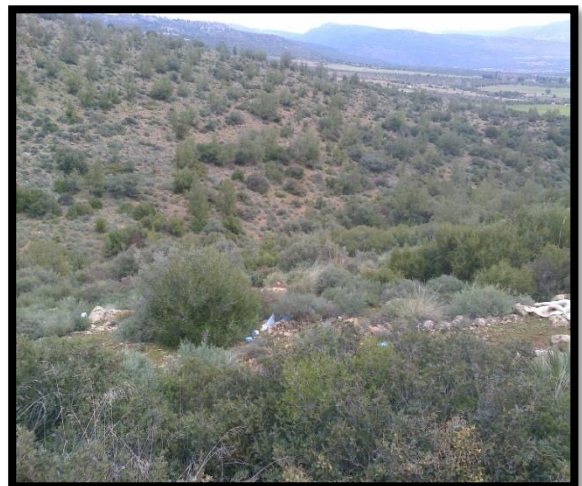
Station n° 3 : Ain Fezza



Station n° 4 : Al Khemis



Station n° 5 : Al Azail



Station n° 6 : Beni Boussaid

Fig. 13 : Description des stations

II. Méthode de réalisation des relevés floristiques

II.1 - Collecte des données

L'analyse de la structure végétale prend en compte la méthode des relevés floristiques qui se résume à une liste exhaustive de toutes les espèces végétales présentes. Cette liste floristique change d'une station à une autre, d'une année à l'autre dans une même station.

Les relevés ont été faits sur des surfaces floristiquement homogènes (**GUINOCHET, 1973**) et réalisés au printemps ; saison considérée comme optimale pour les observations.

Actuellement, la méthode des relevés s'appuie sur la méthode de **BRAUN-BLANQUET (1952)** dite Züricho-montpelliéraine, qui consiste à déterminer la plus petite surface appelée «aire minimale », établie par **BRAUN-BLANQUET, 1952** puis revue par **GOUNOT, 1969** et **GUINOCHET, 1973** qui rend compte de la nature de l'association végétale.

Par la courbe aire-espèce, on détermine l'aire minimale qu'il faudra échantillonner pour avoir une représentativité optimale.

Sur le terrain, on trace en premier lieu une surface d'un mètre carré (1 m²) pour noter les noms de toutes les espèces qui s'y trouvent. Par la suite, on double la surface (2 m²) pour identifier uniquement les espèces nouvelles qui apparaissent et ainsi de suite (4 m², 8 m², 16 m²...) jusqu'à ce qu'il n'y ait plus d'espèces nouvelles (**GOUNOT, 1969**).

Nous avons fait une synthèse de deux méthodes de travail : celle de l'aire minimale et la méthode de transect, cette fusion nous a permis d'avoir des résultats pertinents au niveau de toute la station.

II.2 - Collectes des variables environnementales

Un bon relevé doit être comme un véritable portrait du groupement (**ELLENBERG, 1956**) auquel on peut ensuite se rapporter pour le travail de synthèse qui consiste à comparer les groupements végétaux. Chaque relevé effectué comprend des caractères écologiques d'ordre stationnel, recensés ou mesurés directement sur le terrain :

- ✓ L'altitude (m), appréciée par GPS, ce paramètre définit mieux le bioclimat et l'étagement de la végétation.
- ✓ La pente, estimée visuellement par un pourcentage (%) ;
- ✓ L'exposition (°), mesurée à l'aide d'une boussole ;

- ✓ Le substrat est obtenu à partir de la carte lithologique, il a été aussi vérifié sur le terrain par nos observations visuelles.
- ✓ Le taux de recouvrement, estimé visuellement par un pourcentage (%)

Chaque espèce est affectée de deux indices :

Le coefficient d'abondance-dominance est pratiquement utilisé, c'est une échelle mixte. L'abondance correspond au nombre d'individus par unité de surface, et la dominance au recouvrement total des individus considérés (**ROYER , 2009**). Ce sont des coefficients inspirés de la méthode de (**BRAUN-BLANQUET, 1953**)(il a adapté une échelle qui varie de + à 5 selon le nombre d'individus dans le recouvrement) ; ils permettent une distinction entre les espèces abondantes ou dominantes où les individus sont dispersés ou rares dans les stations d'étude :

+ : Peu d'individus, à recouvrement très faible << 5%.

1 : Très faible recouvrement de l'espèce (abondante) inférieur à 5% de la surface totale ;

2 : Faible recouvrement de l'espèce (très abondante) compris entre 5 et 25% de la surface totale ;

3 : Recouvrement de l'espèce compris entre 25 et 50% de la surface totale ;

4 : Recouvrement de l'espèce compris entre 50 et 75% de la surface totale ;

5 : Recouvrement de l'espèce compris entre 75% et 100% ; soit 3/4 de la surface totale ;

Le second indice exprime la sociabilité ; cet indice traduit la tendance au groupement des individus d'une espèce (**GOUNOT, 1969**). **BRAUN-BLANQUET (1925)** a adopté aussi une échelle exprimée de 1 à 5:

1 : individus isolés(Solitaire) ;

2 : individus en groupe (Agrégats) ;

3 : individus en troupe ;

4 : individus en colonies ;

5 : individus peuplement dense et presque pure.

II.3 - Identification des espèces

Le recensement des espèces a été effectué au cours des années de 2012-2014. Notre liste des espèces inventoriées nous paraît donc assez exhaustive au regard de ce qui a déjà été proposé. Cela dit, toutes les espèces végétales ne sont pas identifiables sur terrain (soit on s'abstient de confondre une espèce avec une autre ou l'espèce en elle-même est tellement

originale que sa reconnaissance est impossible), alors, dans ce cas, son identification est sur la base des travaux réalisés sur cette zone achoppés par un document bien fournis :

Les flores algériennes :

- La nouvelle flore de l'Algérie de **QUEZEL** et **SANTA (1962, 1963)** ;
- Flore de l'Afrique du Nord (**MAIRE, 1952**) ;
- Flore du Sahara (**OZENDA, 1977**).

Les espèces inventoriées sont réparties en familles, types biologiques et en types biogéographiques correspondants.

II.4 - Traitement des données floristiques

Le traitement des données floristique préalablement recueilli a pour but de faire ressortir des ensembles floristiques de composition similaire et de déterminer les principaux facteurs du milieu qui régissent leur existence et leur distribution. Ce traitement passe par deux étapes à savoir ;

II.4.1. Codage des données

Une fois la liste des noms latins des espèces dressée selon la nomenclature binaire, ces dernières ont été classées par ordre alphabétique en affectant à chacun d'eux un code qui contient une lettre et un chiffre, la première désigne l'initiale du genre, le chiffre désigne le classement alphabétique de l'espèce. De même, un numéro est attribué à chacun des relevés, dans l'ordre de leur exécution. Une matrice des données brutes se compose donc de 349 espèces végétales et 120 relevés.

II.4.2. Traitement statistique multivarié

Afin d'établir une classification de nos relevés d'après leur composition floristique, nous avons regroupé dans un premier temps dans un tableau à double entrée (relevés/espèces). Il comporte la liste floristique de tous les relevés en colonne et en ligne les espèces. Dans chaque case : à l'intersection entre lignes et colonnes sont notées la présence ou l'absence de l'espèce considérée dans le relevé selon leur coefficient d'abondance-dominance de **BRAUN-BLANQUET (1952)**(voir annexe). Parmi les méthodes numériques qui ont fait leurs preuves dans le domaine d'étude de la végétation, il y a les analyses multivariées : **L'A.F.C** permet de rechercher les affinités qui existent entre les espèces et/ou les relevés.

C'est une technique mathématique admise par plusieurs informaticiens et qui est exprimé par un critère de proximité ou de distance a choisi à priori ; de façon a construire progressivement une suite de partitions emboîtées en partant de celle ou chaque individu constitue une classe.

La hiérarchisation s'arrête, dés qu'il ne reste plus qu'une seule classe.

L'utilisation de cette technique évite les erreurs dans la discrimination des ensembles des relevés.

Utilisant l'AFC nous avons pu étudier :

- Analyses des espèces à fortes contributions dans les AFC sur les facteurs écologiques de la diversité du tapis végétal (**BONIN et VEDRENNE, 1979**).
- La dynamique de végétation et la nature de leur évolution dans le milieu d'étude.
- Individualiser des ensembles de relevés qui présentent les mêmes affinités, c'est-à-dire de préciser les structures de végétation différenciées au niveau de ces peuplements.

Le traitement numérique des relevés floristiques a été abordé à l'aide de la méthode statistique : l'Analyse Factorielle des Correspondances (**AFC**) par le logiciel statistique Minitab 16.

Chapitre III

Synthèse

Phylogénétique

I. Phylogénie

I.1 - Historique

Dès l'Antiquité, les philosophes grecs cherchèrent à comprendre la nature. Malgré le fait que chaque école de pensée nourrissait des idées opposées, les plus influentes s'accordaient pour nier l'évolution. Les espèces sont fixes et permanentes. Elles existent telles qu'elles peuvent être observées depuis toujours. Les espèces sont placées dans des boîtes sans relations entre elles : par exemple les chats, les vaches... Aristote tout en souscrivant à ces idées reconnaissait néanmoins que les espèces semblent avoir plusieurs degrés de complexité. Il propose ainsi de les classer en fonction de cette complexité apparente. Au cours du Moyen-Âge, aucune nouvelle idée sur l'évolution n'apparaît. Se basant sur les différents livres religieux pour expliquer l'évolution, le créationnisme essentialiste s'installe. L'Homme est placé en haut de l'échelle de la création comme étant la créature la plus aboutie. Cette conception restera longtemps au cœur de la pensée scientifique.

La taxonomie apparaît au XVIII^e siècle. Karl Von Linné, un médecin suédois, s'attelle à mettre de l'ordre dans la compréhension de la diversité des espèces. Il pose les bases de la taxonomie, science qui consiste à référencer et classer les espèces. Il pose les bases de la nomenclature binomiale. Chaque organisme possède un nom en deux parties : son genre et son espèce. Linné obtient donc une hiérarchisation des espèces par catégories. Mais ce regroupement ne signifie aucunement une parenté entre les espèces contenues dans un même groupe. Le concept de l'espèce figée est toujours présent.

Fin du XVIII^e début du XIX^e siècle, l'étude systématique des fossiles qui sont retrouvés dans les couches géologiques permet l'émergence de la paléontologie. Cuvier en est le principal artisan. Il développe le catastrophisme qui permet d'expliquer le grand nombre de fossiles. Le catastrophisme suppose qu'il a existé dans le passé des grandes catastrophes aboutissant à la disparition d'un grand nombre d'espèces. Malgré le fait que Cuvier croyait que le nombre d'espèces était fixe, ses idées ont permis de commencer à faire évoluer la pensée scientifique de l'époque vers le concept d'apparition et de disparition d'espèces.

En **1809**, **LAMARCK** publia sa théorie de l'évolution. Il détecte une ressemblance entre les fossiles et les espèces modernes. Cette ressemblance est pour lui une preuve d'évolution des espèces. L'évolution est le résultat d'une course à la complexité et à la perfection des espèces. Les espèces développent des caractéristiques qui leur permettent de pouvoir vivre mieux dans leur milieu. Les espèces transmettent à leurs descendances les caractères qu'ils ont acquis. Cela

permet une progression graduée des caractères. Lamarck instaure l'idée que les espèces évoluent et qu'elles ne sont pas figées. Lamarck insiste aussi pour placer les espèces végétales et animales en haut de l'arbre de l'évolution, en vertu de leur « perfection » (figure. 14)

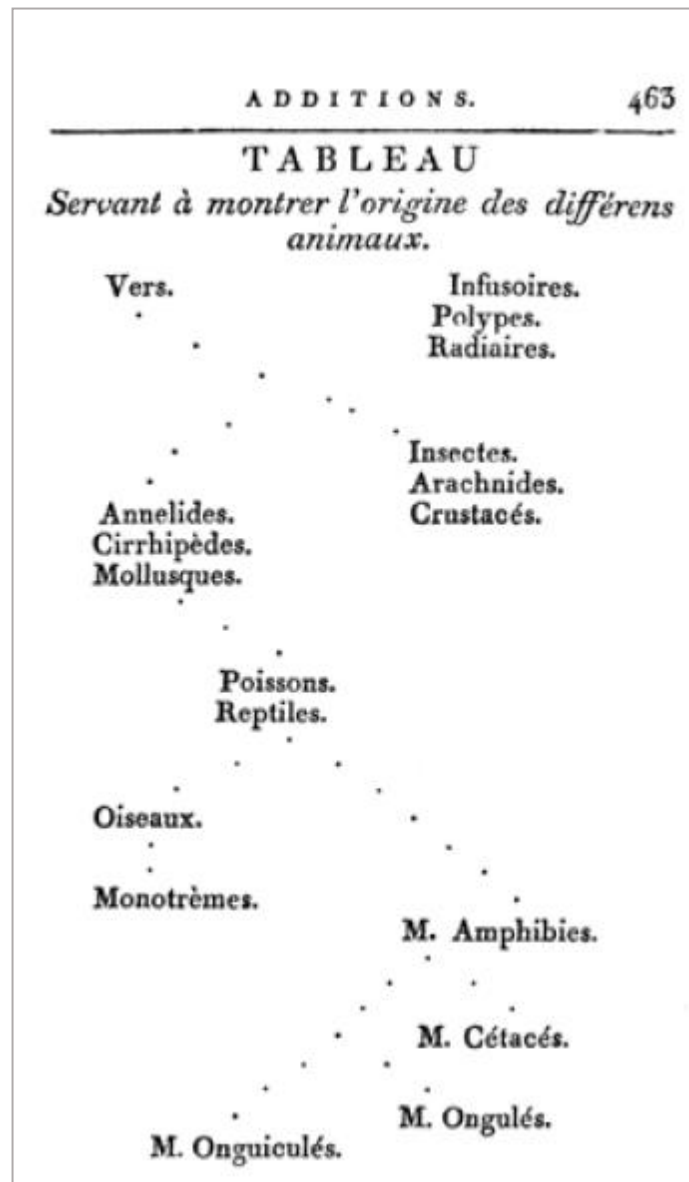


Fig. 14 : la filiation des animaux selon Lamarck (1809.vol.2,PP 463)

À la suite de **LAMARCK**, vint l'homme qui changea la vision de l'évolution des espèces : Charles Darwin. Passionné de botanique, il fut frappé, lors d'un voyage dans les îles Galápagos, par la diversité et par l'adaptation de la faune locale aux spécificités de l'environnement. Ces observations lui permirent, après de nombreuses vérifications et l'édification d'un ensemble solide de preuves à même de lever toutes objections, d'édifier sa théorie qui changea le plus

profondément la pensée évolutionniste. De la sortie de son ouvrage « l'origine des espèces » en 1859 (DARWIN, 1859), Darwin mit 10 ans pour finir de convaincre la communauté scientifique de la justesse de sa thèse. Dix ans de débats houleux sur fond religieux. En effet, le darwinisme change considérablement la notion d'espèces et comment celles-ci interagissent, et donc, la place de l'homme dans l'évolution (figure. 15).

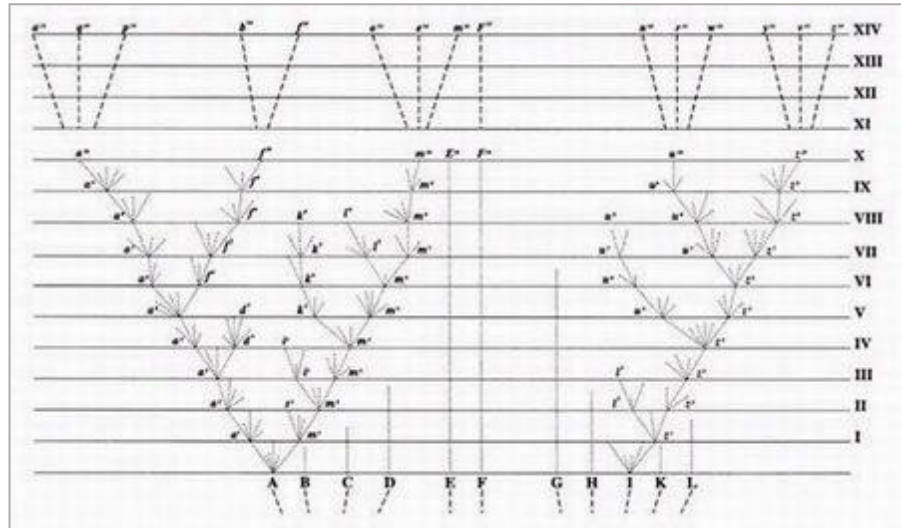


Fig. 15 : le premier arbre phylogénétique selon Darwin, 1859

– Ascendance commune. Tous les organismes proviennent d'un prototype inconnu commun, à partir duquel toutes les espèces auraient évolué. L'histoire peut être donc représentée sous la forme d'un arbre dichotomique. Chaque embranchement de l'arbre correspond à l'ancêtre commun des deux branches descendantes. Les individus placés à un même niveau dans l'arbre descendent d'un ancêtre commun. De plus, la majeure partie des branches de l'évolution auraient disparu. On retrouve le catastrophisme de Cuvier.

– Sélection naturelle et adaptation. Les conditions environnementales, naturelles ou non (actions de l'homme par exemple), conduisent à une sélection dans la population d'une espèce. À cause de cela, seule une fraction des descendants survit à chaque génération. Ces derniers, grâce aux caractères dont ils ont hérité, sont plus aptes à survivre. La population se modifie donc petit à petit. On évolue de manière progressive, même actuellement, par pression sélective.

En résumé, les organismes descendent, après de nombreuses modifications et adaptations, d'espèces ancestrales et le mécanisme d'évolution est la sélection naturelle dont l'action est continue et permanente.

Dans les années **1930-1940**, **ERNSTMAYR** apporta des précisions à la théorie de Darwin en donnant par exemple une définition rigoureuse du terme d'espèce :

« Une population qui ne se croise pas avec une autre population, même si elle se trouve en même temps au même endroit, est une espèce ».

I.2 - Phylogénie et taxonomie

La taxonomie consiste à regrouper les espèces semblables par étage successif en fonction de leurs ressemblances.

Les différents niveaux hiérarchiques que l'on obtient peuvent être nommés en fonction de la profondeur de leur rang. Par exemple, le règne animal :

Domaine

Règne

Embranchement

Classe

Ordre

Famille

Genre

Espèce

Cependant cette codification est trop rigide. Il est nécessaire d'introduire des classifications intermédiaires (super-, infra-, sous-). Par exemple, on peut avoir, entre la « classe » et « l'ordre », les rangs : sous-classe, infra-classe, superordre.

On appelle phylogénie la généalogie d'une espèce ou d'un ensemble d'espèces que l'on suppose descendre d'un ancêtre commun et qui constituent un phylum. La systématique est l'étude de la diversité biologique. Elle permet entre autres d'identifier, de décrire une espèce, mais aussi de reconstituer la phylogénie des espèces.

Afin de déterminer les relations entre les espèces, celles-ci sont comparées en fonction de différents caractères. Un caractère est un attribut de l'espèce qui est comparable et comparé. Les

espèces proches sont supposées partager des valeurs proches du caractère (la valeur nulle est acceptable).

Toute la difficulté de cette comparaison est la distinction entre analogie et homologie. La ressemblance entre des espèces attribuable à un ancêtre commun s'appelle l'homologie. Cette notion d'ancêtre commun est importante, car une ressemblance entre deux espèces n'implique pas que ces espèces soient apparentées. En effet, des espèces peuvent acquérir un trait commun par sélection naturelle. Telles espèces sont le fruit d'évolution convergente et les ressemblances, dans ce cas, sont des analogies.

Plusieurs caractères peuvent être utilisés :

– Les données morphologiques. Elles sont basées sur l'étude et l'observation des caractères physiques de l'espèce. Il peut s'agir de la présence de certains organes, la configuration des ossements, la taille moyenne de l'espèce. Il s'agit d'utiliser l'anatomie comparative. Historiquement ces données ont été les premières à être utilisées, en effet elles sont les plus faciles d'accès. Elles ont défini tous les grands groupes taxonomiques. Cette classification est encore à l'heure actuelle celle qui a le plus d'importance. Elle est utilisée par exemple par les zoologistes et les botanistes.

– La biogéographie. La distribution géographique des espèces sert à regrouper les espèces appartenant à un même milieu. L'utilisation de ces données se base sur le fait que les espèces dans la nature ne se déplacent rarement par des sauts géographiques importants. Des espèces, séparées par une grande distance, sont donc différentes. L'utilisation de la biogéographie est très discutée et est généralement utilisée comme complément à d'autres critères.

– La paléontologie. Les fossiles servent à regrouper les espèces dont un ancêtre commun peut être trouvé à travers des fouilles géologiques. Historiquement cette méthode a eu un grand poids dans la taxonomie actuelle.

– L'embryologie comparative. Dans le même esprit que l'anatomie comparative, les embryologistes ont proposé, l'ontogenèse (le développement embryonnaire d'un individu) représente une partie de l'histoire évolutive des espèces (dans ce cas des grandes espèces animales).

– Enfin la plus récente et celle qui semble la plus prometteuse à l'avenir, la biologie moléculaire. Il s'agit d'utiliser les informations contenues dans les séquences biologiques (ADN et acides aminés) afin de comparer les espèces.

I.3 - La phylogénie moléculaire

I.3.1. Historique

Les premiers pas de la phylogénie moléculaire peuvent être attribués à Nuttall qui, en 1904 (NUTTALL, 1904), utilisa pour la première fois des résultats de biologie moléculaire. L'hypothèse de base de la phylogénie moléculaire est que l'histoire du gène est la même que celle des espèces. L'utilisation de résultats de tests de précipitation permit de définir les relations à l'intérieur du phylum des grands singes. Nuttall fut un précurseur. L'essor de la phylogénie moléculaire du attendre 50 ans et les progrès technologiques de la biologie moléculaire. Une grande avancée a été le développement des techniques de séquençage des protéines (dans ce cas l'insuline) (SANGER et THOMPSON, 1952). D'autres méthodes de biologie moléculaire ont été introduites en phylogénie : électrophorèse sur gel, données immunologiques, hybridations ADN-ADN(ZUCKERKANDL et PAULING, 1965) adaptèrent les techniques de phylogénie à leurs utilisations aux macromolécules (ADN et protéine). Zuckerkandl et Pauling proposèrent que le taux d'évolution d'une protéine soit constant. Ils inventèrent l'horloge moléculaire. Les protéines, grâce à cette évolution constante et graduelle, peuvent donc être utilisées afin de dater la divergence entre les espèces.

L'amélioration des techniques de séquençage provoqua l'essor de nouvelles méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques et de méthodes d'alignement. Cependant ces méthodes demandaient beaucoup de ressources informatiques (temps de calculs et mémoire) et ce qui rendait difficile son utilisation. C'est pourquoi les méthodes d'électrophorèse et d'immunologie avaient dans les années 70 les faveurs de la communauté scientifique, même si elles étaient considérées comme moins précises. Ainsi (WOESE et FOX, 1977), utilisa l'électrophorèse sur gel de l'ARN ribosomal, coupé par une enzyme de restriction, pour établir des distances entre espèces. Ces travaux amenèrent le premier arbre universel du vivant basé sur des données moléculaires. L'avènement de puissants ordinateurs a permis de faciliter l'emploi des techniques de phylogénie basée sur la comparaison de séquences. Ainsi, les méthodes ont pu devenir de plus en plus sophistiquées.

Le grand nombre de séquences nucléiques et protéiques accessibles a aussi permis dans les années 1970 de proposer des modèles d'évolution des séquences.

I.3.2. Définition

Tout d'abord un point sur quelques définitions et sur ce qu'est un arbre phylogénétique dans la pratique.

Les relations évolutives entre les espèces peuvent être représentées sous la forme d'un arbre phylogénétique. Un arbre phylogénétique est un graphe binaire composé de nœuds et de branches qui relient deux nœuds entre eux. Chaque nœud représente un groupe ou taxon. Les nœuds terminaux ou taxons correspondent aux espèces. L'espèce constitue le taxon de base de la classification. Les nœuds internes représentent les points de divergence des espèces. Ils peuvent aussi correspondre aux séquences ancestrales, celles qui auraient évolué afin d'obtenir les séquences étudiées. L'arrangement des branches est appelé topologie. La longueur des branches est proportionnelle au nombre de changements évolutifs qui se sont produits entre deux nœuds.

L'enracinement d'un arbre est une étape indispensable pour déterminer l'orientation temporelle de l'évolution présentée par l'arbre phylogénétique (figure. 16). Il permet de polariser les caractères utilisés. Pour se faire, un groupe externe d'espèces est choisi afin de servir de racine. Le groupe externe est un ensemble de taxons que l'on sait être éloigné des espèces étudiées. La racine sert à définir la référence pour l'étude des caractères. Les caractères du groupe externe sont supposés avoir des valeurs différentes du groupe d'étude. Une fois que l'arbre est orienté par l'enracinement, on peut définir un groupe de taxons de trois manières (figure. 17).

- Monophylétisme. Un taxon est monophylétique, quand il regroupe un ancêtre et toutes les espèces descendant de cet ancêtre.
- Paraphylétique. Un taxon est paraphylétique quand il contient une espèce ancestrale et une partie seulement de ses descendants.
- Polyphylétique. Un taxon polyphylétique est un groupe qui contient un certain nombre d'espèces, mais pas leur ancêtre commun.

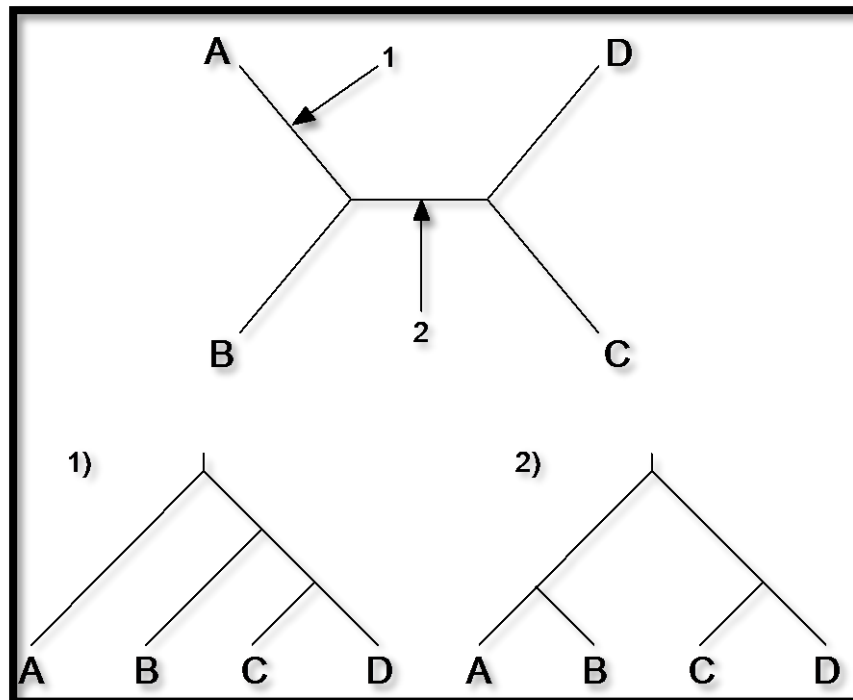


Fig. 16 : Enracinement d'un arbre à 4 taxons. Deux types d'enracinement sont possibles. Sur une branche externe (1) ou sur la branche interne (2).

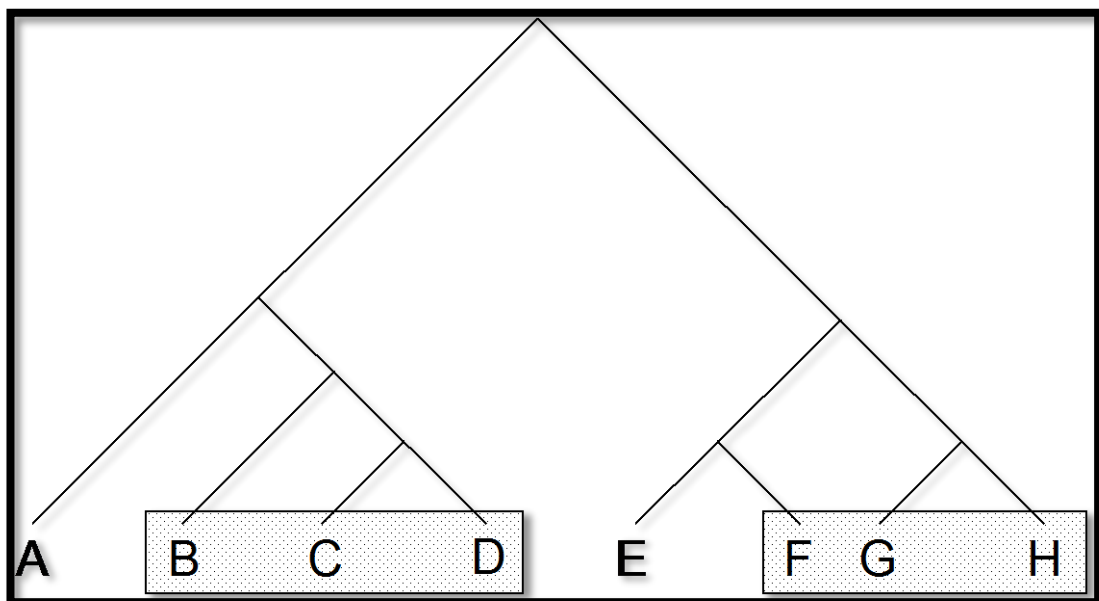


Fig. 17 : Monophylie et Paraphylie. Le groupe (B, C, D) est monophylétique : tous les descendants de leur ancêtre commun sont compris dans ce groupe. Le groupe (F, G, H) est paraphylétique : Leur ancêtre commun n'a pas tous ses descendants dans le groupe, il manque E.

Dans le cas idéal, les arbres inférés sont des arbres binaires. C'est-à-dire, chaque nœud interne est le point de rencontre de trois branches. L'arbre est alors totalement résolu. Mais, expérimentalement, un arbre peut avoir des nœuds internes qui ont plus de deux descendants immédiats. Les relations induites par ce nœud ne sont pas résolues. Dans ce cas, on parle de multifurcations et d'arbres irrésolus.

II. Méthodes phylogénétiques

II.1 - Les banques de données et la récupération des séquences

L'évolution rapide qu'ont connue les techniques de séquençage a été à l'origine de la disponibilité d'importantes quantités de données moléculaires. La gestion d'un tel volume de données rendait indispensable une approche structurée et efficace. C'est ainsi qu'au début des années 80, les premières banques de données génomiques ont fait leur apparition. Ces banques de données moléculaires ont rapidement connu une expansion fulgurante, si bien qu'elles sont devenues indispensables à la communauté scientifique.

Parmi ces banques de données, on retrouve :

– « EMBL » (European Molecular Biology Laboratory) : Elle a été créée en 1980 et était financée par l'EMBO (European Molecular Biology Organisation). Elle est aujourd'hui diffusée par l'EBI (European Bioinformatics Institute, Cambridge, UK).

– « DDBJ » (DNA Data Bank of Japan) : Elle a été créée en 1980 et est diffusée par le NIG (National Institute of Genetics, Japon).

– « GenBank » : Elle a été créée en 1982 par la société IG (IntelliGenetics) et est diffusée maintenant par le NCBI (National Center for Biotechnology Information, Los Alamos, USA).

La principale mission de ces banques de données est de rendre publiques les données de séquençage soumises par les laboratoires à travers le monde. En 1990, une convention a été conclue entre trois banques de données (« EMBL », « GenBank » et « DDBJ ») pour permettre l'échange interbancaire des séquences. Aujourd'hui, les résultats d'une requête devraient être identiques, quelle que soit la banque utilisée.

Les séquences d'ADN ont été téléchargées à partir de « GenBank » (National Center for Biotechnology Information, Bethesda, MD, USA) (BENSON *et al*, 1997). Cette base de données est accessible sur Internet à l'adresse suivante : (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

II.2 - Le format FASTA

Pour l'analyse des séquences nucléotidiques ou d'acides aminés par les différents programmes d'alignement, celles-ci doivent être écrites selon le format FASTA. Une séquence au format FASTA commence par une ligne de titre (nom, définition...), suivie par la séquence répartie sur plusieurs lignes. La ligne de titre est précédée par le symbole « > » et il est recommandé de limiter la longueur des lignes de la séquence à 80 caractères. Ci-dessous un exemple d'une séquence écrite suivant le format FASTA (voire annexe) :

```
>gi|61740466|gb|AY845058.1| Olea europaea clone SRAP-1 SRAP marker genomic
sequenceACATTGAAGTTCCCTTGTCAACTGCCACAAAGATCCAAACATATATGAATTATATAG
AAATATTTTTTGGAAATATTTTCAAGATTCTTAAACTAAGATTTTGGCCAACCTTGACAAATGC
TAAAGCACATTCAAGAGCTTGATGAAATGATGACATTAGGCTAATCTAATGTGCATATATTT
TAAATTAAGATTTATGACTAATCATTAAATAAGTTGGGCATGGAAAAAGGAATGTTGGGGGT
ATGGAGACTAATATAAAATATACAAAAGCAAATAAGTAATGGACCATCTTAAGATTGGATT
TGTAAC TAAGGATACAGTCAAAGAGG TACTCTCAA AAGTGTGTGTGTG TAAAATTATCATTTTT
AATGGAAATGATGGAATTTGATTTAATATTTGTTTGCTTCTCCTAATCTTATGGCTTTGAGCA
CATGTAATTGTTAAAATAAAATAAAAAGTGGTTGAATTTCTATTTAAAACACCTCTCTAAGA
TTTCTTTTTGACC
```

II.3 - logiciel statistique R

Dans notre étude, nous avons utilisé le logiciel de traitement statistique R qui est un programme informatique permettant de faire des analyses statistiques et de produire des graphiques. Mais R est également un langage de programmation complet, c'est cet aspect qui fait que R est différent des autres logiciels statistiques. Les informations sur R sont disponibles sur la page d'accueil du projet : <http://www.r-project.org/>.

R fonctionne avec plusieurs fenêtres sous Windows. En particulier, nous distinguons la fenêtre R console, c'est à- dire la fenêtre principale où sont réalisées par défaut les entrées de commandes et sorties de résultats en mode texte. À celle-ci peuvent s'ajouter un certain nombre de fenêtres facultatives telles que les fenêtres graphiques et les fenêtres d'informations (historique des commandes, aide, visualisation de fichiers...), toutes appelées par des commandes spécifiques via la console.

II.4 - Méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques

La phylogénie moléculaire permet de comprendre les relations de parenté, de retracer l'historique évolutif d'une espèce ou d'un groupe taxonomique supérieur des organismes. De nos

jours, l'ADN et les séquences de protéines sont largement utilisés pour déduire la phylogénie des organismes. Les arbres phylogénétiques basés sur certains gènes marqueurs permettent de schématiser et d'appréhender ces relations rapidement. Nous citons trois méthodes principales et différentes pour la reconstruction des arbres phylogénétiques :

Distance (phénétique), Maximum de parcimonie, Maximum de Vraisemblance.

II.4.1. Méthodes de distance

Ce sont des méthodes de reconstruction d'arbre phylogénétique sans racine, basées sur la recherche d'OTU (Operational Taxonomic Units, le plus souvent équivalent à une séquence).

Ces méthodes sont rapides et bien adaptées aux séquences présentant un degré de similarité élevé. Plusieurs méthodes ont été développées pour construire un arbre phylogénétique à partir d'une matrice de distance.

– UPGMA « Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean » : c'est une méthode très simple, basée sur le groupement des séquences les plus similaires, indépendamment de leur vitesse d'évolution et de leurs parentés phylogénétiques, sans déterminer d'ancêtre commun (**GOODFELLOW, 1971**). En règle générale, on lui préfère maintenant des méthodes plus avancées.

– La méthode de Neighbor-Joining (**NJ**), développée par **SAITOU** et **NEI (1987)**, est une amélioration de la précédente autorisant des différences de vitesse d'évolution entre branches. C'est actuellement la plus utilisée pour reconstruire des phylogénies par méthode de distance. Il est La méthode que nous avons utilisé dans notre étude, car cette méthode à l'avantage d'être rapide et bien adaptée aux séquences présentant un degré de similarité élevé.

II.4.2. Méthode du maximum de vraisemblance ou « Maximum Likelihood-ML»

C'est une méthode dite de caractères, méthode probabiliste, qui permet d'appliquer les différents modèles d'évolution (par exemple le modèle de Kimura qui prend en compte la différence entre transition et transversion) et d'estimer l'ordre des branchements et la longueur des branches en fonction du changement évolutif. Plusieurs modèles existent pour affiner les reconstructions phylogénétiques et tester plusieurs paramètres (**YANG, 1996**). La méthode de ML est considérée comme la plus fiable pour reconstruire l'histoire évolutive des séquences. Par contre, c'est une technique qui nécessite des temps de calcul très longs.

II.4.3. Méthodes de maximum de parcimonie

La méthode de parcimonie permet de construire des arbres de classification hiérarchique après enracinement, qui permet de refléter la structure de parenté d'un ensemble de taxons. Cette méthode utilise des algorithmes basés sur les caractères plutôt que sur les distances (**LAND** et **DOIG, 1960**). Plusieurs programmes utilisent la méthode de maximum de parcimonie pour la reconstruction d'un arbre, dont MEGA 5 (**TAMURA et al., 2011**). Cette méthode est rapide en temps de calcul, mais moins précise que la méthode.

Partie III

Résultats et Discussions

Chapitre I

Édaphologie

Introduction:

Le sol est l'élément principal de l'environnement qui règle la répartition de la végétation. Il se développe en fonction de la roche mère, la topographie et les caractéristiques du climat (OZENDA, 1954).

DUCHAUFFOUR en 1977, souligne que le sol est une réserve de substances nutritives et un milieu stable pour l'activité biologique. Le sol est en action directe avec les principaux composants de l'environnement, le climat et la végétation. Il est défini comme une couche superficielle qui couvre la roche mère.

Les conditions climatiques provoquent le plus souvent la remontée de ces sols vers la surface où ils donnent naissance à des efflorescences ; qu'elle soit d'origine hydrique ou éolienne. Dans bien des cas, l'homme est le responsable de cette érosion : par ses habitudes culturales ou pastorales et ailleurs, il l'exagère, accélérant ainsi certains phénomènes de dégradation naturelle. (AUBERT, 1951)

L'interaction sol - végétation, en Afrique du Nord a été étudiée par de nombreux auteurs, pédologues et phytoécologues (DUCHAUFFOUR, 1977) ; (POUGET, 1980) ; (MANDURI, 1980); (BOTTNER, 1982); (DIMANCHE, 1983); (SELMI, 1985) ; (MICHALET, 1991).

I. Interprétation des résultats

De couleur brune en général (Brown), le sol montre après la projection des résultats de l'analyse granulométrique sur le triangle textural (Figure.18) une texture Limono-sableux et /ou Sablo-limoneux.

La texture des différents échantillons du sol ainsi que les résultats des analyses physico-chimiques ont été résumés dans les tableaux (Tableau 14).

Cette structure est bien développée, facilite l'aération du sol et l'enracinement des végétaux, sa perméabilité est bonne (présence de sable) : le sol n'est jamais gorgé d'eau, il devient résistant aux pluies d'hiver.

La quantité de matière organique qui varie de 0,4% à 2,3 % est très faible, cela est dû à la dégradation du couvert végétal qui est de plus en plus marqué par l'action anthropozogène d'une part, et peut être due à ses localisations sur des pentes plus accentuées où l'érosion à son effet majeur sur le sol d'autre part.

Le pH est à tendance alcaline avec des pH d'ordre 7,5, le sol est non salé avec une conductivité électrique varie entre 0,10 et 0,23 mS/cm.

Le taux de calcaire est assez faible dans la majorité des stations où le pourcentage est inférieur à 2%, à l'exception de la station d'Al Azail où le taux de calcaire est moyen avec 5.25 % ; et peu être expliqué par la nature rocheuse de cette station où la roche mère surgit ou est trop proche de la surface.

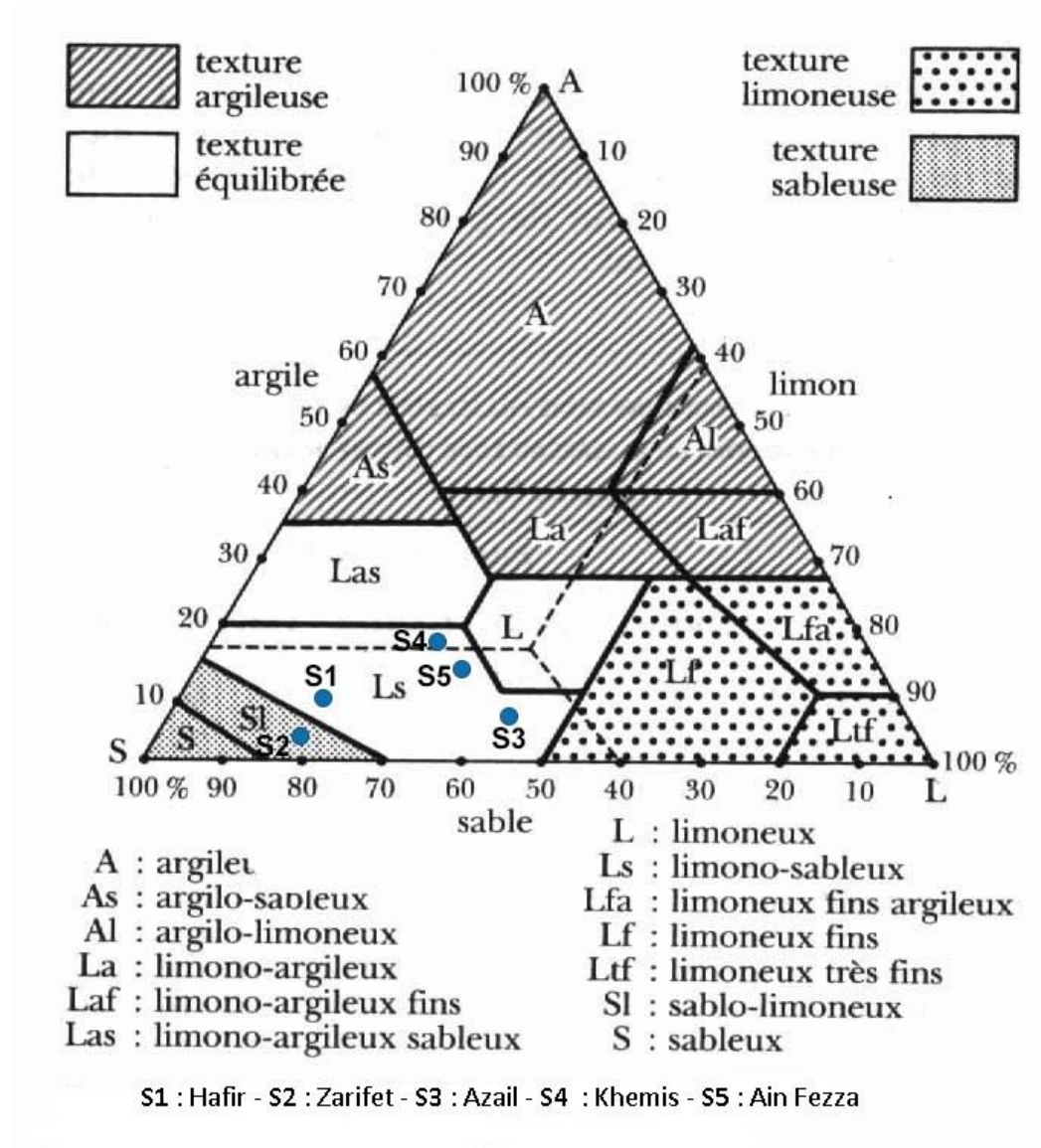


Fig. 18 : Triangle textural

Tableau 14 : Les caractéristiques physico-chimiques des sols des stations d'études.

Stations	Epaisseur en cm	Couleur	Humidité	Texture	Granulométrie (%)			Matière organique (%)	CaCo3 (%)	pH	Conductivité électrique (ms/cm)
					Argile	Limon	Sable				
Hafir (S1)	0-30	5YR 3/2	8,70	Limono-sableuse	8	23	69	2,3	0,91	7,2	0,12
Zarifet (S2)	0-30	7,5YR 3/4	8.10	Sablo-limoneuse	2	2.1	77	1.8	1.06	7.3	0.10
Azail (S3)	0-25	5YR 4/4	10.93	Limono-sableuse	5	40	55	0.6	5.25	7.6	0.23
Khemis (S4)	0-25	7,5YR 4/4	7.70	Limono-sableuse	17	36	46	0.4	2.9	7.8	0.15
Ain Fezza (S5)	0-30	7,5YR 5/2	8,91	Limono-sableuse	16	45	39	1.2	1.02	7.7	0.19

Conclusion

Les sols de la zone d'étude sont assez hétérogènes et leurs caractéristiques suivent la nature du substrat et la topographie. Les pentes agissent puissamment sur leur évolution, la raison pour laquelle ils varient très rapidement d'un point à un autre. Cela constitue une véritable chaîne de sols faisant intervenir l'érosion qui oriente elle-même la pédogenèse de façons différentes.

L'ensemble des caractères physico-chimiques des échantillons montre une texture Limono-sableuse à sablo-limoneuse; un pourcentage de calcaire qui varie de 5.25% à 0.91%, un pH alcalin, un taux de matière organique faible et une conductivité faible favorisant ainsi le développement des espèces végétales des Monts de Tlemcen.

Chapitre II

Analyse des Données

Floristiques

Introduction :

Mesurer la biodiversité, telle qu'elle a été définie à l'origine par **WILSSON, (1988)**, signifie compter l'ensemble des espèces présentes en un endroit donné. La végétation est donc utilisée comme le reflet fidèle des conditions stationnelles, elle en est l'expression synthétique selon **BEGUIN et al., (1979)** et **RAMEAU, (1987)**.

De nombreux programmes de recherche, à travers des publications internationales, ont souligné, le rôle majeur de diverses régions de Tlemcen comme réservoir essentiel de la biodiversité végétale signalent **BOUAZZA et al., (2010)**. Dans le bilan établi par **QUEZEL et al., (1999)**, la forêt méditerranéenne est composée d'environ 247 espèces ligneuses par rapport aux forêts européennes (13 espèces).

La biodiversité végétale méditerranéenne est produite, pour beaucoup, d'une utilisation traditionnelle et harmonieuse du milieu par l'homme (**QUEZEL et al., 1999**). Malgré les incessantes agressions qu'elles ont subies depuis un millénaire, les forêts méditerranéennes offrent encore par endroits, un développement appréciable.

En Afrique nord-occidentale méditerranéenne, un premier bilan a été tenté, en **1978** par **QUEZEL**, et montrait la présence, en dehors des portions sahariennes des trois pays, de 916 genres, 4034 espèces dont 1038 endémiques (**QUEZEL, 2000**).

La flore d'Algérie est caractérisée par un taux d'endémisme assez remarquable (12.6%) soit 653 espèces sur les 3139 répertoriées, on dénombre 7 espèces arborées à caractère endémique. (**QUEZEL et SANTA, 1962**). **DOBIGNARD et CHATELAIN (2010-2013)** donnent pour l'Algérie un chiffre de 904 espèces, dont 507 sont endémiques du Maghreb, 303 sont endémiques de l'Algérie et 4 espèces endémiques du Sahara occidental.

Plus des trois quarts (77,9%) des taxons endémiques stricts de l'Algérie ou subendémiques sont des plantes plus ou moins rares en Algérie, les endémiques plus ou moins communes représentent moins du quart du total (**VELA et BENHOUBOU, 2007**).

La région de Tlemcen n'échappe pas aux lois naturelles circum-méditerranéennes. Les études établies sur la végétation de Tlemcen témoignent que son patrimoine végétal est très riche et diversifié (**BENABADJI et al., 1996; BOUAZZA et al., 2001**).

Les résultats présentés sont axés sur l'endémisme, la rareté, la diversité floristique, mais aussi, et surtout sur l'analyse phytoécologique.

I. Composition de la flore

L'échantillonnage de la végétation dans les Monts de Tlemcen, effectué à partir de **120** relevés phytocéologiques, nous a permis d'inventorier une partie de la richesse floristique.

La zone d'étude compte un total de **349** taxons répartis en **56** familles.

La répartition des familles est hétérogène ; avec la dominance de trois (3) grandes familles : les Astéracées, les Fabacées et les Poacées (figure.19). Les autres familles ont un pourcentage très faible et sont généralement monogénériques et parfois même monospécifiques.

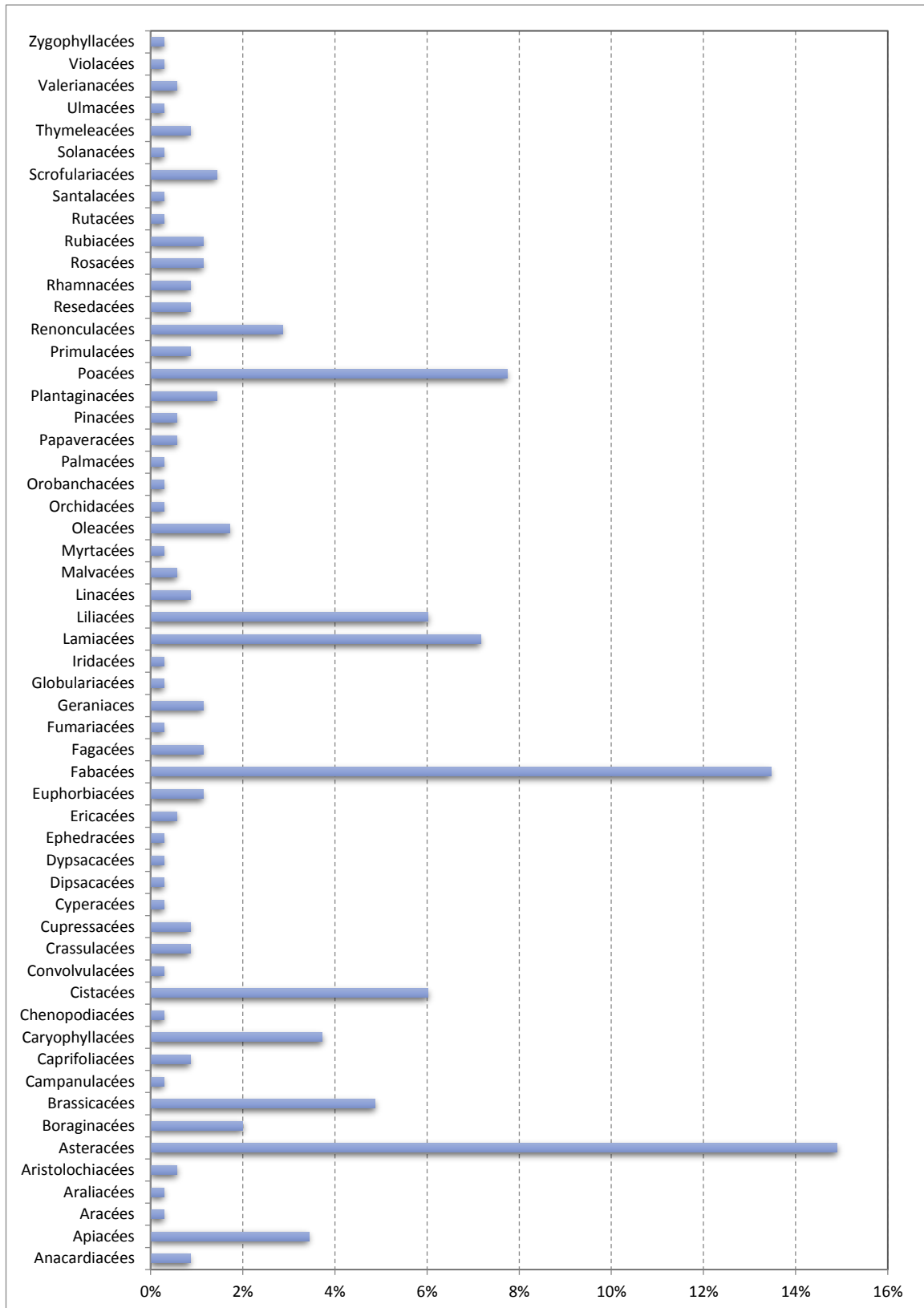


Fig. 19 : Composition de la flore par famille

II. Spectre biologique

Les formes de vie des végétaux représentent un outil privilégié pour la description de la physiologie et de la structure de la végétation. Elles sont considérées, comme une expression de la stratégie d'adaptation de la flore et de la végétation aux conditions du milieu.

Les types biologiques ou formes de vie des espèces expriment la forme présentée par les plantes dans un milieu sans tenir compte de leur appartenance systématique. Ils traduisent une biologie et une certaine adaptation au milieu selon **BARRY (1988)**.

C'est seulement en 1904 que les types biologiques ont été définis par l'écologue **RAUNKIAER, (1934)**, de la manière suivante (figure. 20):

Phanérophytes (PH): (Phanéros = visible, phyte = plante)

Plantes vivaces, principalement arbres et arbrisseaux, les bourgeons pérennes situés sur les tiges aériennes dressées et ligneuses, à une hauteur de 25 à 50 m au-dessus du sol.

Chamaephytes (CH): (Chami = à terre)

Herbes vivaces et sous-arbrisseaux, dont les bourgeons, hibernants sont à moins de 25cm du dessus du sol.

Hémicryptophytes (HE): crypto = caché)

Plantes vivaces à rosettes de feuilles étalées sur le sol, les bourgeons pérennants sont au ras du sol ou dans la couche superficielle du sol, la partie aérienne est herbacée et disparaît à la mauvaise saison.

Durée de vie :

- Bisannuelles ;
- Vivaces.

Géophytes (GE) :

Espèces pluriannuelles herbacées avec organes souterrains portant les bourgeons.

Forme de l'organe souterrain :

- Bulbes ;
- Tubercule ;
- Rhizome

Thérophytes (TH): (theros = été)

Plantes qui germent après l'hiver et font leurs graines avec un cycle de moins de 12 mois. On trouve la dominance d'un type biologique qui permet de donner le nom à la formation végétale. Celle-ci qui est donc l'expression physionomique, qui reflète les conditions d'humidité.



Fig. 20 : Classification des types biologiques de Raunkiaer, (1934).

La végétation des Monts de Tlemcen est constituée d'une formation préforestière à base des chênaies, des genévriers, des pinèdes, des thuyas de barbarie et des matorrals en mosaïque constitués de : *Cytisus subsp.*, de *Calycotome intermedia...*, dépassant rarement 1 mètre de hauteur ; associées à différentes pelouses à base de Poacées, Brassicacées, Apiacées *etc...*

La végétation étudiée est caractérisée actuellement par le type : Th > Ch > He > Ph > Gh.
(figure. 21)

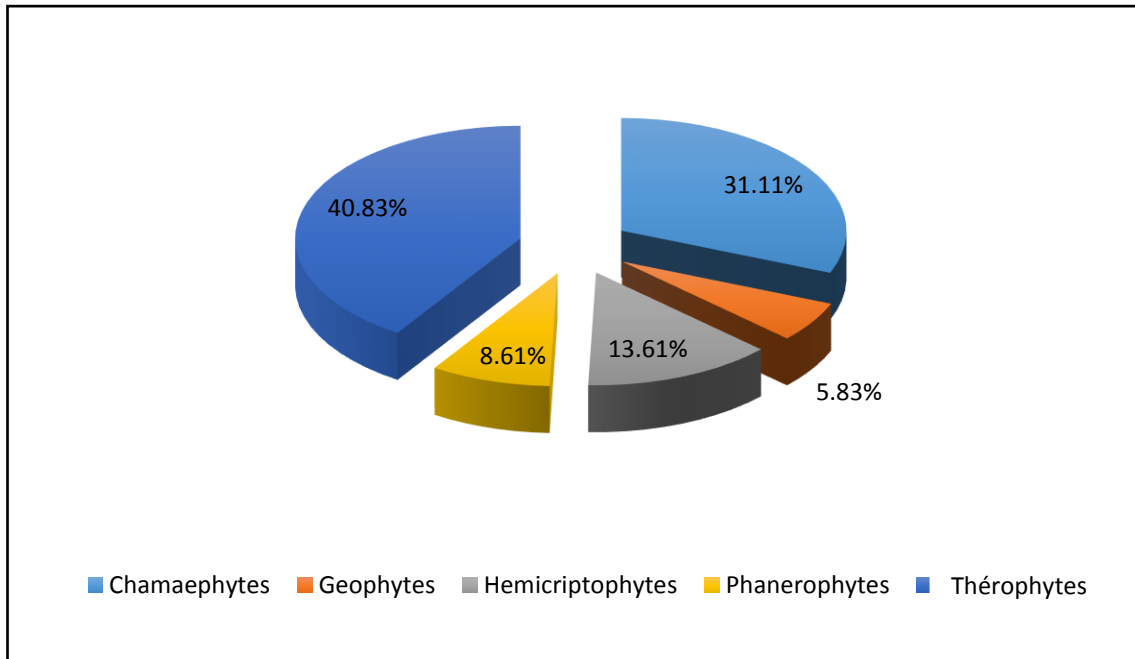


Fig. 21: Types biologiques

Les Thérophytes présentent un taux très élevé avec un pourcentage de 40,83 % et dominent toutes les stations. **DAGET (1980)** et **BARBERO et al., (1990)**, s'accordent pour présenter la théophytie comme étant une forme de résistance à la sécheresse ainsi qu'aux fortes températures des milieux arides. La signification de la thérophytie a été abondamment débattue par ces auteurs qui l'attribuent :

- Soit à l'adaptation à la contrainte du froid hivernal ou à la sécheresse estivale,
- soit aux perturbations du milieu par le pâturage, les cultures, etc.

Viennent ensuite les Chamaephytes (31,11%) qui sont généralement plus fréquentes dans les matorrals et plus spécialement, dans les matorrals alticoles, surtout sur calcaires (xéricité édaphique) et les matorrals xériques en situation méridionale, confirmé par **DAHMANI(1996)**.

Cette répartition va dans le même sens que celle que **FLORET et al., (1978)** qui ont décrit, en accord avec **RAUNKIAER (1934)** et **ORSHAN et al., (1985)**, et qui considèrent les chamaephytes comme étant mieux adaptées aux basses températures et à l'aridité.

En fait, leur proportion augmente dès qu'il y a dégradation des milieux forestiers, car ce type biologique semble être mieux adapté que les phanérophytes à la sécheresse estivale comme le soulignent **DANIN et al.,(1990)** et **BOUAZZA et al., (2002)**. Le pâturage favorise aussi de manière globale les Chamaephytes faiblement appréciées ajoutent **BENABADJI et al., (2004)**.

Les Hémicryptophytes aussi sont bien représentées (13.61%), ceci peut être expliqué par la haute altitude et la richesse du sol en matière organique (**BARBERO et al., 1989**).

Alors que les phanérophytes représentées par un taux de (8.61%), traduisent les changements d'état du milieu sous l'action de facteurs écologiques et surtout anthropozoïques. Malgré la faible présence de ces Phanérophytes, elles dominent parfois par leur phytomasse. Ce faible pourcentage des Phanérophytes nous a permis de confirmer la dégradation du tapis végétal. Ceci peut être expliqué par le défrichement et la surutilisation du bois.

Enfin, les géophytes sont faiblement représentées avec seulement (5.83%).

DAHMANI (1996), signale que les géophytes sont certes moins diversifiées en milieu dégradé, mais elles peuvent dans certains cas de représentation à tendance monospécifique (surpâturage, répétition d'incendies), s'imposer par leur recouvrement.

II.1 - Indice de perturbation

L'indice de perturbation calculé permet de quantifier la thérophytisation d'un milieu (**LOISEL et al, 1999**) qui s'exprime par la formule :

$$IP = \frac{\text{Nombre de chaméphytes} + \text{Nombre de Thérophytes} \times 100}{\text{Nombre total d'espèces}}$$

Pour notre cas, l'indice de perturbation est de l'ordre de 74,21% (Tableau 15), ce qui montre la forte dégradation des formations végétales engendrée par l'action de l'homme (défrichement, incendies, pâturage et urbanisation).

Dans ce contexte, **BARBERO et al (1990)** signalent que les perturbations causées par l'homme et ses troupeaux sont nombreuses et correspondent à deux situations de plus en plus sévères allant de la matorralisation jusqu'à la désertification passant par la steppisation.

Tableau 15 : Indice de perturbation

Zone d'étude	IP
Monts de Tlemcen	74,21%

III. Caractéristiques biogéographiques

La géobotanique a pour objet l'étude de la répartition des végétaux dans le monde. Elle est définie comme étant l'étude et la compréhension de la répartition des organismes vivants à la lumière des facteurs et processus présents et passés (**HENGVELD, 1990**).

L'étude phytogéographique constitue également un véritable modèle pour interpréter les phénomènes de régression (OLIVIER *et al.*, 1995). Pour QUEZEL (1991), une étude phytogéographique constitue une base essentielle à toute tentative de conservation de la biodiversité. L'analyse biogéographique des flores actuelles est susceptible de fournir de précieux renseignements sur les modalités de leur mise en place, en particulier à la lumière des données paléohistoriques. De nombreux travaux ont été consacrés à cette question ; signalons en particulier parmi les plus récents WALTER *et* SIRAKA (1970), AXELROD (1973), AXELROD *et* RAVEN (1978), PIGNATI (1978) *et* QUEZEL (1978, 1985, 1995).

La Figure 22 montre la prédominance des espèces de type biogéographique méditerranéen avec un pourcentage de **35,24%**. Les éléments Ouest-Méditerranéens suivent les Méditerranéens avec **10,32%** et les éléments Euro-Méditerranéens avec **8,02%**. Le reste représente une faible participation ; mais contribue à la diversité et à la richesse du potentiel phytogéographique de la région des Monts de Tlemcen. L'ensemble des endémiques (Tableau 16) constitue un faible pourcentage avec **6,01%**, ce qui montre l'importance de la phytodiversité de cette région et de la mise en défens ce qui a sauvé ces espèces fragiles en voie d'extinction.

Tableau 16 : Pourcentage des endémismes dans la région des Monts de Tlemcen

Endémismes	Nombre	% Endémisme	% Flore des Monts de Tlemcen
END	3	0,86%	14,28
END. NA	13	3,72%	61,9
END.ALG.MAR	5	1,43%	23,8
Total	21	6,01%	100

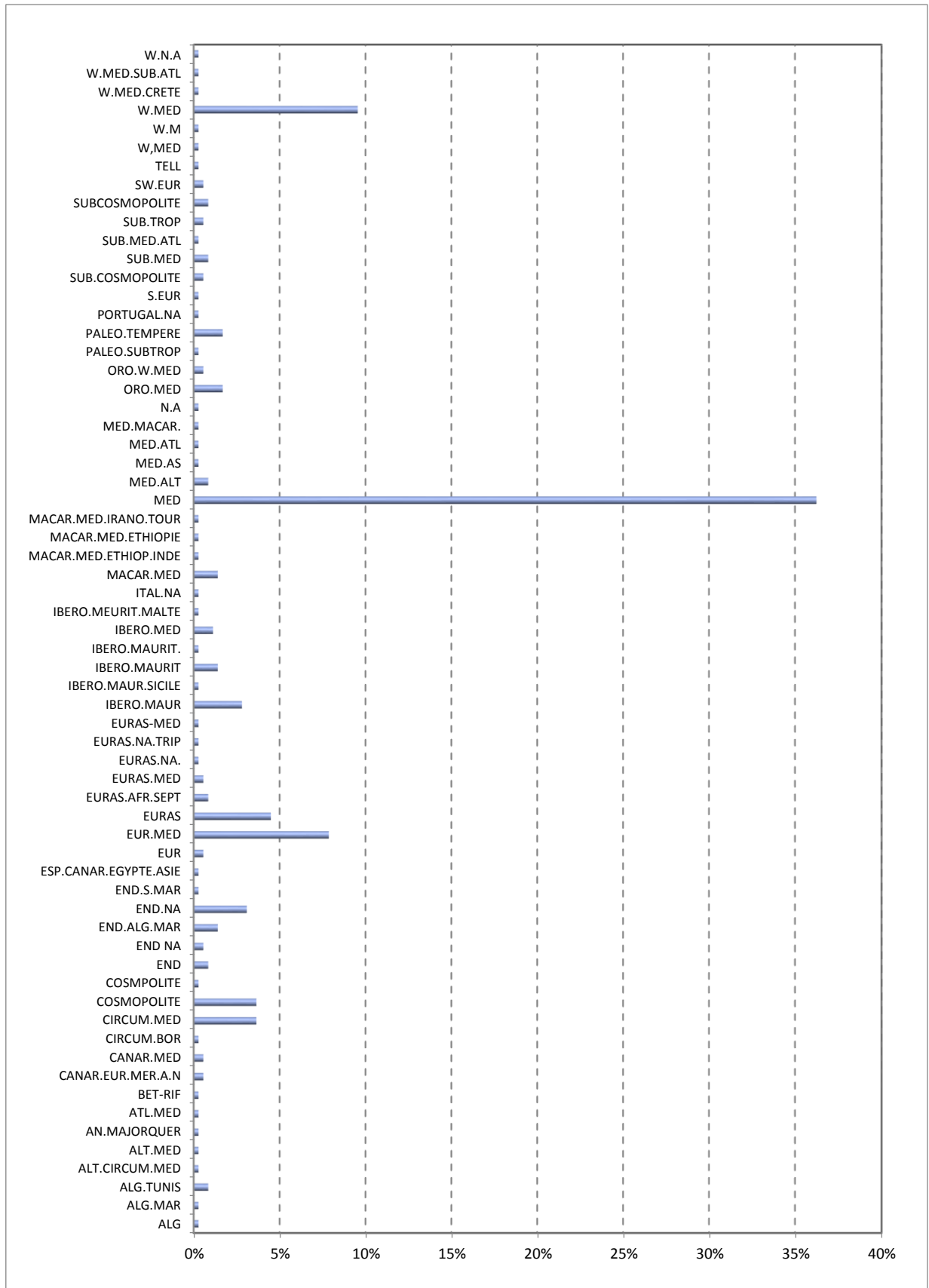


Fig. 22 : Types biogéographiques

IV. Inventaire exhaustif du tapis végétal des Monts de Tlemcen:

Le Tableau 17 suivant montre le spectre biologique de la végétation des Monts de Tlemcen, ce sont des plantes vasculaires inventoriées dans les monts à partir des relevés floristiques. En tenant compte de leur type biologique et leur type biogéographique, nous distinguons :

T.G. : Type biogéographique

- End.: Endémiques
- End. Alg. : Endémiques Algériennes
- Méd. : Méditerranéen
- Eur. : Européen
- Euras. : Eurasiatique
- Paléo-temp. : Paléotempéré
- Cosm. : Cosmopolite
- Méd.Atl. : MéditerranéenAtlantique
- Circumbor. : Circumboréal

T.B. : Type biologique

- Ph (Phanérophytes)
- Ch (Chaméphytes)
- He (Hémicryptophytes)
- Ge (Géophytes)
- Th (Thérophytes)

Tableau 17 : Spectre biologique de la végétation des Monts de Tlemcen

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Adenocarpus decorticans</i>	Fabacées	Chamaephytes	BET-RIF
<i>Adonis annua</i>	Renonculacées	Thérophytes	EURAS
<i>Adonis dentata</i>	Renonculacées	Thérophytes	MED
<i>Aegilops triuncialis</i>	Poacées	Thérophytes	W.MED
<i>Aegilops ventricosa</i>	Poacées	Thérophytes	W.MED
<i>Aria cupaniana</i>	Poacées	Thérophytes	W.MED.CRETE
<i>Aria cupaniana subsp. genuina</i>	Poacées	Thérophytes	TELL
<i>Ajuga chamaeipytis</i>	Lamiacées	Chamaephytes	EURAS-MED
<i>Ajuga iva</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Allium molle subsp. massaessylum</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Allium nigrum</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Allium roseum</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Allium triquetrum</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Alyssum campestre</i>	Brassicacées	Thérophytes	ORO.MED
<i>Alyssum granatense</i>	Brassicacées	Thérophytes	EURAS
<i>Alyssum serpyllifolium</i>	Brassicacées	Thérophytes	ORO.MED
<i>Alyssum spinosum</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Ammoides verticillata</i>	Apiacées	Thérophytes	MED
<i>Ampelodesmos mauritanica</i>	Poacées	Géophytes	W.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Anacyclus clavatus</i>	Asteracées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Anagallis arvensis subsp.latifolia</i>	Primulacées	Thérophytes	SUB.COSMOPOLITE
<i>Anagallis arvensis subsp.phoenicea</i>	Primulacées	Thérophytes	SUB.COSMOPOLITE
<i>Anagyris foetida</i>	Fabacées	Phanerophytes	MED
<i>Anarrhinum fruticosum</i>	Scrofulariacées	Chamaephytes	W.N.A
<i>Annarhinum pedatum</i>	Scrofulariacées	Thérophytes	N.A
<i>Androsace maxima</i>	Primulacées	Thérophytes	EURAS
<i>Anthemis punctata</i>	Asteracées	Thérophytes	MED
<i>Anthyllis tetraphylla</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Anthyllis vulneraria</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Aphyllantes monspelinsis</i>	Liliacées	Géophytes	W.MED
<i>Arabis alpina</i>	Brassicacées	Chamaephytes	ORO.MED
<i>Arabis auriculata</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Arabis verna</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Arbutus unedo</i>	Ericacées	Phanerophytes	MED
<i>Arenaria aggregata</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	ORO.W.MED
<i>Arenaria grandiflora</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	ORO.MED
<i>Arenaria serpyllifolia</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	EURAS
<i>Arisarum vulgare</i>	Aracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Aristolochia longa</i>	Aristolochiacées	Thérophytes	MED
<i>Artemisia herba-alba</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	ESP.CANAR.EGYPTE.ASIE

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Asparagus acutifolius</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Asparagus albus</i>	Liliacées	Géophytes	W.MED
<i>Asparagus stipularis</i>	Liliacées	Géophytes	MACAR.MED
<i>Asperula arvensis</i>	Rubiacées	Thérophytes	MED
<i>Asperula hirsuta</i>	Rubiacées	Thérophytes	W.MED
<i>Asphodelus microcarpus</i>	Liliacées	Géophytes	CANAR.MED
<i>Asteriscus maritimus</i>	Asteracées	Chamaephytes	CANAR.EUR.MER.A.N
<i>Asteriscus pygmaeus</i>	Asteracées	Chamaephytes	CANAR.EUR.MER.A.N
<i>Asterolinum linum-stellatum</i>	Asteracées	Thérophytes	MED
<i>Astragalus armatus</i>	Fabacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Asragalus incanus</i>	Fabacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Atractylis cancellata</i>	Asteracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Atractylis humilis</i>	Asteracées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Atriplex halimus</i>	Chenopodiacées	Chamaephytes	COSMOPOLITE
<i>Avena sterilis</i>	Poacées	Thérophytes	MACAR.MED.IRANO.TOUR
<i>Balansae glaberrimae</i>	Apiacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Ballota hirsuta</i>	Lamiacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Bellis annua</i>	Asteracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Bellis silverstris</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	CIRCUM.MED
<i>Biscutella didyma</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Brachypodium distachyon</i>	Poacées	Thérophytes	SUB.TROP

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Brassica nigra</i>	Brassicacées	Thérophytes	EURAS
<i>Briza maxima</i>	Brassicacées	Thérophytes	SUB.TROP
<i>Bromus madritensis</i>	Poacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Bromus rubens</i>	Poacées	Thérophytes	PALEO.SUBTROP
<i>Bromus squarrosus</i>	Poacées	Thérophytes	MED
<i>Bromus tectorum</i>	Poacées	Thérophytes	MED
<i>Bunium alpinum</i>	Apiacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Bupleurum balansae var.balansae</i>	Apiacées	Thérophytes	MED
<i>Bupleurum rigidum</i>	Apiacées	Thérophytes	W.MED
<i>Calendula arvensis</i>	Asteracées	Chamaephytes	SUB.MED
<i>Calicotome intermedia</i>	Fabacées	Chamaephytes	MED
<i>Tetraclinis articulata</i>	Cupressacées	Phanerophytes	IBERO.MEURIT.MALTE
<i>Campanula dichotoma</i>	Campanulacées	Phanerophytes	MED
<i>Capsella bursa-pastoris</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Carduus pycnocephalus</i>	Asteracées	Chamaephytes	EURAS
<i>Carex halleriana</i>	Cyperacées	Chamaephytes	MED
<i>Carlina lanata</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	CIRCUM.MED
<i>Carthamus caeruleus</i>	Asteracées	Chamaephytes	ORO.MED
<i>Carthamus lanatus</i>	Asteracées	Chamaephytes	MED
<i>Carthamus pectinatus</i>	Asteracées	Chamaephytes	ALG.MAR
<i>Catananche caerulea</i>	Asteracées	Chamaephytes	W.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Catananche lutea</i>	Asteracées	Chamaephytes	W.MED
<i>Celtis australis</i>	Ulmacées	Phanerophytes	EUR.MED
<i>Centaurea acaulis</i>	Asteracées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Centaurea lagascae</i>	Asteracées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Centaurea incana</i>	Asteracées	Chamaephytes	ALG
<i>Centaurea involucrata</i>	Asteracées	Chamaephytes	END.ALG.MAR
<i>Centaurea paviflora</i>	Asteracées	Chamaephytes	ALG.TUNIS
<i>Centaurea pullata</i>	Asteracées	Thérophytes	MED
<i>Centaurea solstitialis</i>	Asteracées	Thérophytes	MED
<i>Centaurea tenuifolia</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	IBERO.MAURIT
<i>Cephalaria leucantha</i>	Dipsacacées	Hémicriptophytes	W.MED
<i>Ceratocephalus falcutus</i>	Renonculacées	Thérophytes	Méd-Iran-Tour.
<i>Cerastium pentandrum</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	MED
<i>Ceratonia siliqua</i>	Fabacées	Phanerophytes	MED
<i>Cerinthe major</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Chamaerops humilis subsp.argentea</i>	Palmacées	Phanérophytes	W.MED
<i>Chrysanthemum coronarium</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	MED
<i>Chrysanthemum grandiflorum</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	END
<i>Chrysanthemum paludosum</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	IBERO.MAURIT
<i>Cichorium intybus</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	COSMOPOLITE
<i>Cirsium vulgère</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	COSMOPOLITE

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Cistus albidus</i>	Cistacées	Chamaephytes	MED
<i>Cistus ladaniferus</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MAURIT
<i>Cistus monspeliensis</i>	Cistacées	Chamaephytes	MED
<i>Cistus salvifolius</i>	Cistacées	Chamaephytes	EURAS.MED
<i>Cistus villosus</i>	Cistacées	Chamaephytes	EURAS.MED
<i>Clematis cirrhosa</i>	Renonculacées	Thérophytes	MED
<i>Clematis flammaia</i>	Renonculacées	Thérophytes	MED
<i>Colutea arborescens</i>	Fabacées	Phanérophytes	MED
<i>Convolvulus althaeoides</i>	Convolvulacées	Thérophytes	MACAR.MED
<i>Coronilla juncea</i>	Fabacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Coronilla minima</i>	Fabacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Coronilla scorpiodes</i>	Fabacées	Chamaephytes	COSMOPOLITE
<i>Crataegus oxyacantha</i>	Rosacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Cupressus sempervirens</i>	Cupressacées	Phanérophytes	END
<i>Cynoglossum cheirifolium</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Cynosurus elegans</i>	Poacées	Thérophytes	MED.MACAR.
<i>Cytisus triflorus</i>	Fabacées	Phanérophytes	W.MED
<i>Dactylis glomerata</i>	Poacées	Hémicriptytes	PALEO.TEMPERE
<i>Daphne gnidium</i>	Thymeleacées	Chamaephytes	MED
<i>Daucus carota</i>	Apiacées	Chamaephytes	IBERO.MAURIT
<i>Daucus muricatus</i>	Apiacées	Thérophytes	COSMOPOLITE

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Delphinium peregrinum</i>	Renonculacées	Thérophytes	MED
<i>Dianthus caryophyllus</i>	Caryophyllacées	Hémicriptophytes	EUR.MED
<i>Echinaria capitata</i>	Poacées	Thérophytes	ATL.MED
<i>Echinops spinosus</i>	Asteracées	Chamaephytes	S.MED.SAH
<i>Echium parviflorum</i>	Boraginacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Echium flavum</i>	Boraginacées	Hémicriptophytes	IBERO.MAUR
<i>Echium humile</i>	Boraginacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Echium parviflorum</i>	Boraginacées	Thérophytes	MED
<i>Echium vulgare</i>	Boraginacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Elichrysum stoechas</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	EUR.MED
<i>Ephedra fragilis</i>	Ephedracées	Hémicriptophytes	MACAR.MED
<i>Erica arborea</i>	Ericacées	Chamaephytes	MED
<i>Erinacea anthyllis</i>	Fabacées	Chamaephytes	ORO.W.MED
<i>Erodium guttatum</i>	Geraniacées	Thérophytes	MED
<i>Erodium moschatum</i>	Geraniacées	Thérophytes	MED
<i>Eryngium campestre</i>	Apiacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Eryngium maritimum</i>	Apiacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Eryngium tricuspdatum</i>	Apiacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Euphorbia exigua</i>	Euphorbiacées	Thérophytes	W.MED
<i>Euphorbia falcata</i>	Euphorbiacées	Thérophytes	MED.AS
<i>Euphorbia nicaeensis</i>	Euphorbiacées	Thérophytes	W.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Euphorbia sulcata</i>	Euphorbiacées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Evax argentea</i>	Asteracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Fagonia cretica</i>	Zygophyllacées	Hemicriptophytes	W.MED
<i>Fedia cornucopiae</i>	Valerianacées	Thérophytes	MED
<i>Ferula communis</i>	Apiacées	Chamaephytes	MED
<i>Festuca atlantica</i>	Poacées	Thérophytes	END. NA
<i>Festuca scaberrimae</i>	Poacées	Thérophytes	END. NA
<i>Festuca caeruleascens</i>	Poacées	Thérophytes	END. NA
<i>Festuca triflora</i>	Poacées	Hémicriptophytes	END.ALG.MAR
<i>Foeniculum vulgare</i>	Apiacées	Chamaephytes	MED
<i>Fraxinus angustifolia</i>	Oleacées	Phanerophytes	EUR
<i>Fumana fontanesii</i>	Cistacées	Chamaephytes	END.ALG.MAR
<i>Fumana thymifolia</i>	Cistacées	Chamaephytes	EURAS.AFR.SEPT
<i>Fumaria caoreolata</i>	Fumariacées	Thérophytes	MED
<i>Gagea arvensis</i>	Liliacées	Thérophytes	PALEO.TEMPERE
<i>Galium aparine</i>	Liliacées	Thérophytes	PALEO.TEMPERE
<i>Galium parisiense</i>	Liliacées	Thérophytes	SUB.MED.ATL
<i>Galium rotundifolium</i>	Liliacées	Géophytes	EURAS.AFR.SEPT
<i>Galium scabrum</i>	Liliacées	Géophytes	EURAS.AFR.SEPT
<i>Genista atlantica</i>	Fabacées	Chamaephytes	END
<i>Genista cinerea</i>	Fabacées	Chamaephytes	W.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Genista cinerea subsp. ramosissima</i>	Fabacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Genista erioclada</i>	Fabacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Genista spartioides</i>	Fabacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Genista tricuspidata</i>	Fabacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Gennaria diphylla</i>	Orchidacées	Géophytes	W.MED
<i>Geranium molle</i>	Geraniacées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Geranium robertianum</i>	Geraniacées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Globularia alypum</i>	Globulariacées	Chamaephytes	MED
<i>Glyceria maxima</i>	Poacées	Hémicriptophytes	SUBCOSMOPOLITE
<i>Halimium halimifolium</i>	Cistacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Hedera helix</i>	Araliacées	Hémicriptophytes	EUR.MED
<i>Hedysarum coronarium</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Hedysarum flexuosum</i>	Fabacées	Thérophytes	IBERO.MAUR
<i>Helianthemum cinereum</i>	Cistacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Helianthemum cinereum subsp. rubellum</i>	Cistacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Helianthemum croceum</i>	Cistacées	Hémicriptophytes	W.MED
<i>Helianthemum helinthemoides</i>	Cistacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Helianthemum hirtum</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Helianthemum origanifolium</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Helianthemum pilosum</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MED
<i>Helianthemum polium</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Helianthemum virgatum</i>	Cistacées	Chamaephytes	IBERO.MED
<i>Helianthemum racemosum</i>	Cistacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Herniaria hirsuta</i>	Caryophyllacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Herniaria fontanesii</i>	Caryophyllacées	Chamaephytes	IBERO.MAUR
<i>Hippocrepis multisiliquosa</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Hippocrepis ciliata</i>	Fabacées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Hordeum murinum</i>	Poacées	Thérophytes	CIRCUM.BOR
<i>Hornungia petraea</i>	Fabacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Hypochoeris achyrophorus</i>	Asteracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Hypochoeris radicata</i>	Asteracées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Inula montana</i>	Asteracées	Thérophytes	W.MED.SUB.ATL
<i>Iris tingitana</i>	Iridacées	Géophytes	END.ALG.MAR
<i>Jasminum fruticans</i>	Oleacées	Chamaephytes	MED
<i>Juniperus oxycedrus subsp. rufescens ou oxycedrus</i>	Cupressacées	Phanerophytes	ALT.CIRCUM.MED
<i>Koeleria vallesiana</i>	Poacées	Hémicriptophytes	SW.EUR
<i>Lagurus ovatus</i>	Fabacées	Thérophytes	MACAR.MED
<i>Lamarckia aurea</i>	Poacées	Thérophytes	MACAR.MED.ETHIOPIE
<i>Lamium amplexicaule</i>	Aristolochiacées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Lathyrus sphaericus</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Lavandula dentata</i>	Lamiacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Lavandula multifida</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Lavandula stoechas</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Lavatera maritima</i>	Malvacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Legoussia falcata</i>	Fabacées	Thérophytes	W.MED
<i>Leontodon hispidulus</i>	Asteracées	Thérophytes	MED
<i>Leuzea conifera</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	W.MED
<i>Linaria gharbensis</i>	Scrofulariacées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Linaria heterophylla</i>	Scrofulariacées	Thérophytes	ITAL.NA
<i>Linaria reflexa</i>	Scrofulariacées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Linum corymbiferum</i>	Linacées	Thérophytes	END. NA
<i>Linum strictum</i>	Linacées	Thérophytes	MED
<i>Linum suffruticosum</i>	Linacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Lithospermum apulum</i>	Boraginacées	Chamaephytes	MED
<i>Lithospermum arvens</i>	Boraginacées	Thérophytes	MED
<i>Lobularia maritima</i>	Brassicacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Lonicera etrusca</i>	Caprifoliacées	Chamaephytes	MED
<i>Lonicera implexa</i>	Caprifoliacées	Chamaephytes	MED
<i>Lotus edulis</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Malva sylvestris</i>	Malvacées	Hémicriptophytes	EURAS
<i>Marrubium vulgare</i>	Lamiacées	Hémicriptophytes	COSMOPOLITE
<i>Medicago minima</i>	Fabacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Medicago rugosa</i>	Fabacées	Thérophytes	EUR.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Melica major</i>	Poacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Melilotus sulcata</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Micromeria inodora</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Micropus bombycinus</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	EURAS.NA.TRIP
<i>Minuartia campestris</i>	Caryophyllacées	Chamaephytes	MED
<i>Minuartia montana</i>	Liliacées	Géophytes	MED
<i>Muscari comosum</i>	Liliacées	Geophytes	EUR.MED
<i>Muscarineglectum</i>	Myrtacées	Phanérophytes	EUR.MED
<i>Nepeta multibracteata</i>	Lamiacées	Hémicriptophytes	PORTUGAL.NA
<i>Nigella damascena</i>	Renonculacées	Thérophytes	MED
<i>Odontites purpurea</i>	Fabacées	Thérophytes	IBERO.MAUR
<i>Olea europaea subsp. silvestris ou europaea</i>	Oleacées	Phanerophytes	MED
<i>Olea europaea var. oleaster</i>	Oleacées	Phanerophytes	MED
<i>Onobrychis alba</i>	Fabacées	Chamaephytes	S.EUR
<i>Ononis natix</i>	Fabacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Origanum glandulosum</i>	Lamiacées	Hémicriptophytes	ALG.TUNIS
<i>Origanum hirtum</i>	Lamiacées	Chamaephytes	ALG.TUNIS
<i>Ornithogallum umbellatum</i>	Liliacées	Geophytes	CIRCUM.MED
<i>Orobanche alba</i>	Orobanchacées	Chamaephytes	EURAS
<i>Osyris alba</i>	Santalacées	Chamaephytes	MED
<i>Pallenis spinosa</i>	Asteracées	Chamaephytes	EUR.MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Papaver hybridum</i>	Papaveracées	Thérophytes	MED
<i>Papaver rhoeas</i>	Papaveracées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Paronychia argentea</i>	Caryophyllacées	Hémicriptophytes	EUR.MED
<i>Phagnalon saxatile</i>	Asteracées	Chamaephytes	W.MED
<i>Phillyrea angustifolia</i>	Oleacées	Phanérophytes	MED
<i>Phillyrea angustifolia subsp. latifolia</i>	Oleacées	Phanérophytes	MED
<i>Phlomis herba venti</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Pinus halepensis</i>	Pinacées	Phanérophytes	MED
<i>Pinus pinea</i>	Pinacées	Phanérophytes	MED
<i>Pistacia atlantica</i>	Anacardiées	Phanérophytes	END. NA
<i>Pistacia lentiscus</i>	Anacardiées	Phanérophytes	MED
<i>Pistacia terebinthus</i>	Anacardiées	Phanérophytes	MED
<i>Plantago albicans</i>	Plantaginacées	Phanérophytes	MED
<i>Plantago lagopus</i>	Plantaginacées	Thérophytes	MED
<i>Plantago ovata</i>	Plantaginacées	Hémicriptophytes	MED
<i>Plantago psyllium</i>	Plantaginacées	Thérophytes	SUB.MED
<i>Plantago serraria</i>	Plantaginacées	Hémicriptophytes	W.MED
<i>Prasium majus</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Pulicaria odora</i>	Asteracées	Chamaephytes	CIRCUM.MED
<i>Quercus coccifera</i>	Fagacées	Phanérophytes	W.MED
<i>Quercus faginea subsp. tlemcenensis</i>	Fagacées	Phanérophytes	MED.ALT

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Quercus ilex subsp. rotundifoliae ou ballota</i>	Fagacées	Phanéropytes	MED
<i>Quercus suber</i>	Fagacées	Phanéropytes	W.MED
<i>Ranunculus bulbosus</i>	Renonculacées	Hémicriptophytes	EURAS
<i>Ranunculus gramineus</i>	Renonculacées	Thérophytes	SW.EUR
<i>Ranunculus spicatus</i>	Renonculacées	Hémicriptophytes	IBERO.MAUR.SICILE
<i>Raphanus raphanistrum</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Reichardia picroides</i>	Asteracées	Chamaephytes	MED
<i>Reseda alba</i>	Resedacées	Hémicriptophytes	EURAS
<i>Reseda luteola</i>	Resedacées	Hémicriptophytes	EURAS
<i>Reseda phyteuma subsp. phyteuma</i>	Resedacées	Thérophytes	MED
<i>Rhamnus alternus subsp. alternus</i>	Rhamnacées	Phanerophytes	MED
<i>Rhamnus lycioides subsp. oleoides</i>	Rhamnacées	Phanerophytes	W.MED
<i>Rosa sempervirens</i>	Rosacées	Chamaephytes	MED
<i>Rosmarinus officinalis</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Rosmarinus tournefortii</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Rubia laevis</i>	Rubiacees	Chamaephytes	AN.MAJORQUER
<i>Rubia peregrina</i>	Rubiacees	Hémicriptophytes	MED.ALT
<i>Rubus ulmifolius</i>	Rosacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Ruscus aculeatus</i>	Liliacées	Géophytes	ALT.MED
<i>Ruscus hypophyllum</i>	Liliacées	Geophytes	MED
<i>Ruta chalepensis</i>	Rutacées	Chamaephytes	MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Salvia officinalis</i>	Lamiacées	Thérophytes	EUR
<i>Salvia verbenaca</i>	Lamiacées	Hémicriptophytes	MED.ALT
<i>Sanguisorba minor</i>	Rosacées	Hémicriptophytes	EURAS
<i>Satureja graeca</i>	Lamiacées	Thérophytes	MED
<i>Satureja rotundifolia</i>	Lamiacées	Thérophytes	MED
<i>Satureja vulgaris</i>	Lamiacées	Chamaephytes	EURAS
<i>Scabiosa stellata</i>	Dypsacacées	Thérophytes	W.MED
<i>Scandix pecten-veneris</i>	Poacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Schismus barbatus</i>	Poacées	Thérophytes	MACAR.MED
<i>Scolymus grandiflorus</i>	Asteracées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Scolymus hispanicus</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	MED
<i>Scolymus maculatus</i>	Asteracées	Thérophytes	CIRCUM.MED
<i>Scorpiurus muricatus</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Scorsonera undulata</i>	Asteracées	Hémicriptophytes	COSMOPOLITE
<i>Sedum acre</i>	Crassulacées	Thérophytes	EURAS
<i>Sedum sediforme</i>	Crassulacées	Thérophytes	MED
<i>Senecio vulgaris</i>	Asteracées	Chamaephytes	SUBCOSMOPOLITE
<i>Sideritis montana</i>	Crassulacées	Thérophytes	MED
<i>Silene tridentata</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	MED
<i>Silene vulgaris</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	MED
<i>Sinapis alba</i>	Brassicacées	Thérophytes	PALEO.TEMPERE

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Sinapis arvensis</i>	Brassicacées	Thérophytes	PALEO.TEMPERE
<i>Smilax aspera</i>	Liliacées	Chamaephytes	MACAR.MED.ETHIOP.INDE
<i>Solenanthus lanatus</i>	Fabacées	Hémicriptophytes	END.ALG.MAR
<i>Stachelina dubia</i>	Asteracées	Chamaephytes	MED
<i>Stellaria media</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	COSMOPOLITE
<i>Stipa tenacissima</i>	Poacées	Hémicriptophytes	IBERO.MAURIT
<i>Tetragonolobus purpureus</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Teucrium fruticans</i>	Lamiacées	Chamaephytes	MED
<i>Teucrium polium</i>	Lamiacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Teucrium pseudoscorodonia</i>	Lamiacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Thapsia garganica</i>	Brassicacées	Chamaephytes	MED
<i>Thlapsi perfoliatum</i>	Brassicacées	Thérophytes	EUR.MED
<i>Thymelea nitida</i>	Thymeleacées	Thérophytes	MED
<i>Thymelea virgata</i>	Thymeleacées	Thérophytes	IBERO.MED
<i>Thymus ciliatus</i>	Lamiacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Thymus munbyanus</i>	Lamiacées	Chamaephytes	END. NA
<i>Trifolium angustifolium</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Trifolium campestre</i>	Fabacées	Thérophytes	PALEO.TEMPERE
<i>Trifolium scabrum</i>	Fabacées	Thérophytes	MED.ATL
<i>Trifolium stellatum</i>	Fabacées	Thérophytes	MED
<i>Triticum sativum</i>	Cistacées	Thérophytes	MED

Nomenclature de Quezel	Famille	Type Biologique	Type biogéographique
<i>Tuberaria guttata</i>	Cistacées	Thérophytes	MED
<i>Tuberaria vulgaris</i>	Cistacées	Chamaephytes	W.MED
<i>Ulex boivini</i>	Fabacées	Chamaephytes	IBERO.MAURIT
<i>Urginea maritima</i>	Liliacées	Géophytes	CANAR.MED
<i>Vaccaria pyramidala</i>	Caryophyllacées	Thérophytes	MED
<i>Valerianella tuberosa</i>	Valerianacées	Chamaephytes	MED
<i>Vella annus</i>	Brassicacées	Thérophytes	MED
<i>Veronica arvensis</i>	Solanacées	Thérophytes	EURAS
<i>Virbumum tinus</i>	Caprifoliacées	Chamaephytes	MED
<i>Vicia sativa</i>	Fabacées	Chamaephytes	EUR.MED
<i>Viola silvestris</i>	Violacées	Thérophytes	EURAS
<i>Vulpia geniculata</i>	Poacées	Thérophytes	W.MED
<i>Xanthium spinosum</i>	Asteracées	Thérophytes	SUBCOSMOPOLITE
<i>Xeranthemum inapertum</i>	Asteracées	Thérophytes	EURAS.NA.
<i>Ziziphus lotus</i>	Rhamnacées	Phanérophytes	MED

V. Analyse factorielle des correspondances :

La carte relative à la répartition des relevés dans les plans 1-2 montre un nuage de points sans discontinuité nette et qui sont un groupe de relevés qui semble s'individualiser, mais il n'est a priori pas possible de tracer des limites pour le reste du nuage. Le recours à l'utilisation d'une aide (CHA) à l'interprétation de l'AFC est nécessaire.

Sur la base d'une distance et d'un mode d'agrégation adéquats, la classification ascendante hiérarchique (CHA) permet de réaliser une partition dans l'ensemble des relevés. Le programme fournit le résultat sous forme d'un dendrogramme (figure. 23).

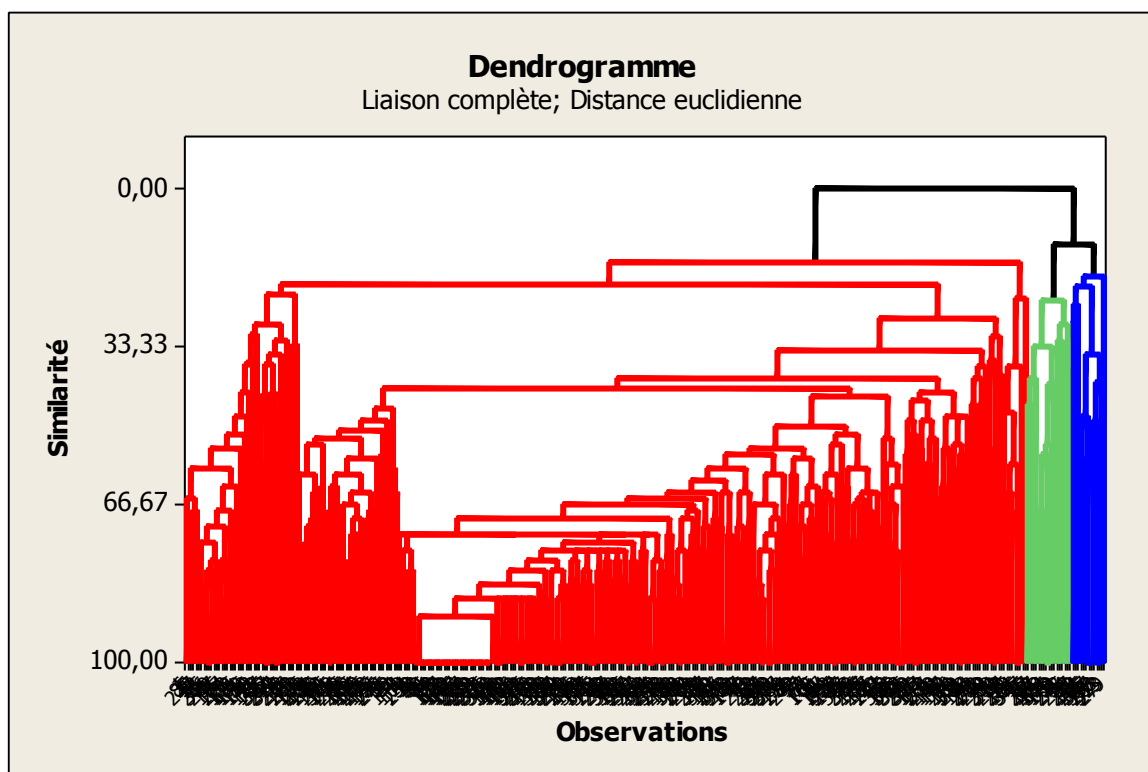


Fig. 23 : Dendrogramme

Les relevés et les espèces s'agencent selon les deux premiers axes de l'analyse factorielle des correspondances qui totalisent 46,155 % de la variance totale (33,088 %) pour le premier axe et (13,067 %) pour le second axe et qui devient faible dans le 3^{ème} axe (10,070 %) (Tableau 18)

Tableau 18 : Taux d'inertie et les valeurs propres des trois premiers axes.

Axes	1	2	3
Valeurs propres	33,088	13,067	10,070
Taux d'inertie	0,155	0,065	0,050

Pour l'interprétation des résultats, nous nous sommes limités aux deux premiers axes factoriels qui absorbent le maximum d'informations.

Les Contributions des taxons des trois premiers axes de l'AFC sont représenté dans le tableau 20 (voir annexe).

L'analyse multivariée nous a permis d'avoir le graphe d'une AFC effectuée sur les espèces (figure. 24) : c'est un moyen d'identifier les gradients écologiques mis en jeu grâce à l'écologie particulière de certaines espèces.

L'axe 1 met clairement en opposition de part et d'autre du centre du repère, les espèces phanérophytes ligneuses des milieux préforestiers plus ou moins fermés ou semi-ouverts caractérisés par *Quercus ilex*, *Juniperus oxycedrus sbsp oxycedrus*, *Fraxinus augustifolia* accompagnées par des chaméphytes et hémicryptophytes dans le côté négatif.

Le côté positif de cet axe est caractérisé par les espèces thérophytes et hémicryptophytes des milieux ouverts et fortement anthropisés *Cynosurus elegans*, *Helianthemum croceum*, *Reseda alba*, *Melilotus sulcata*.

De ce fait, cet axe traduit un gradient physiognomique. En effet, selon cet axe, on passe d'une chênaie mixte avec d'autres espèces arborescentes à des formations dégradées très ouvertes dans lesquelles le phénomène de dématossilisation et les pratiques agropastorales sont nettement répandus.

Pour l'axe 2, la partie négative regroupe les espèces qui appartiennent à l'alliance de l'étage thermoméditerranéen (**RIVAS-MARTINEZ et al, 1986-2002 ; BENADID et FENNANE, 1994**). Cette alliance n'est observable sur le pourtour ouest-méditerranéen selon **BENADID (1994)** qu'à l'état relictuel en raison de la très forte pression exercée à basse altitude ou aux incendies (feux). Ces feux jouent un rôle dans l'évolution régressive du tapis végétal où on peut observer actuellement l'installation des taxons chamaephytiques et thérophytiques indicateurs de passage de feu, notamment les cistes.

Par contre, d'autres essences forestières régénèrent facilement et évoluent correctement après le feu (*Tetraclinis articulata*, *Chamaerops humilis*, *Quercus coccifera*).

Cependant, la partie positive de cet axe est caractérisée par les formations de haute et moyenne altitude de l'étage méso ou supraméditerranéen en zones humide et subhumide du bassin méditerranéen occidental (**RIVAS-MARTINEZ et al, 2002 ; QUEZEL et MEDAIL, 2003**).

Ce sont des formations préforestières ou issues de la dégradation des communautés forestières du chêne liège, du chêne vert, voire des chênes caducifoliés (**QUEZEL et al, 1988 ; BENADID, 2000**).

GAUQUELIN et MONTES (2001) ont indiqué une situation similaire à la limite forestière supérieure dans les Atlas Marocains où le genévrier et les chaméphytes épineuses en coussin sont étroitement mêlés avant que, plus en altitude ne subsistent que ces dernières.

De ce fait, cet axe paraît synthétiser un gradient altitudinal allant des plus basses vers les plus hautes altitudes caractérisé par les espèces suivantes : *Arbutus unedo*, *Erica arborea*, *Phillyrea augustifolia*, *Quercus suber*.

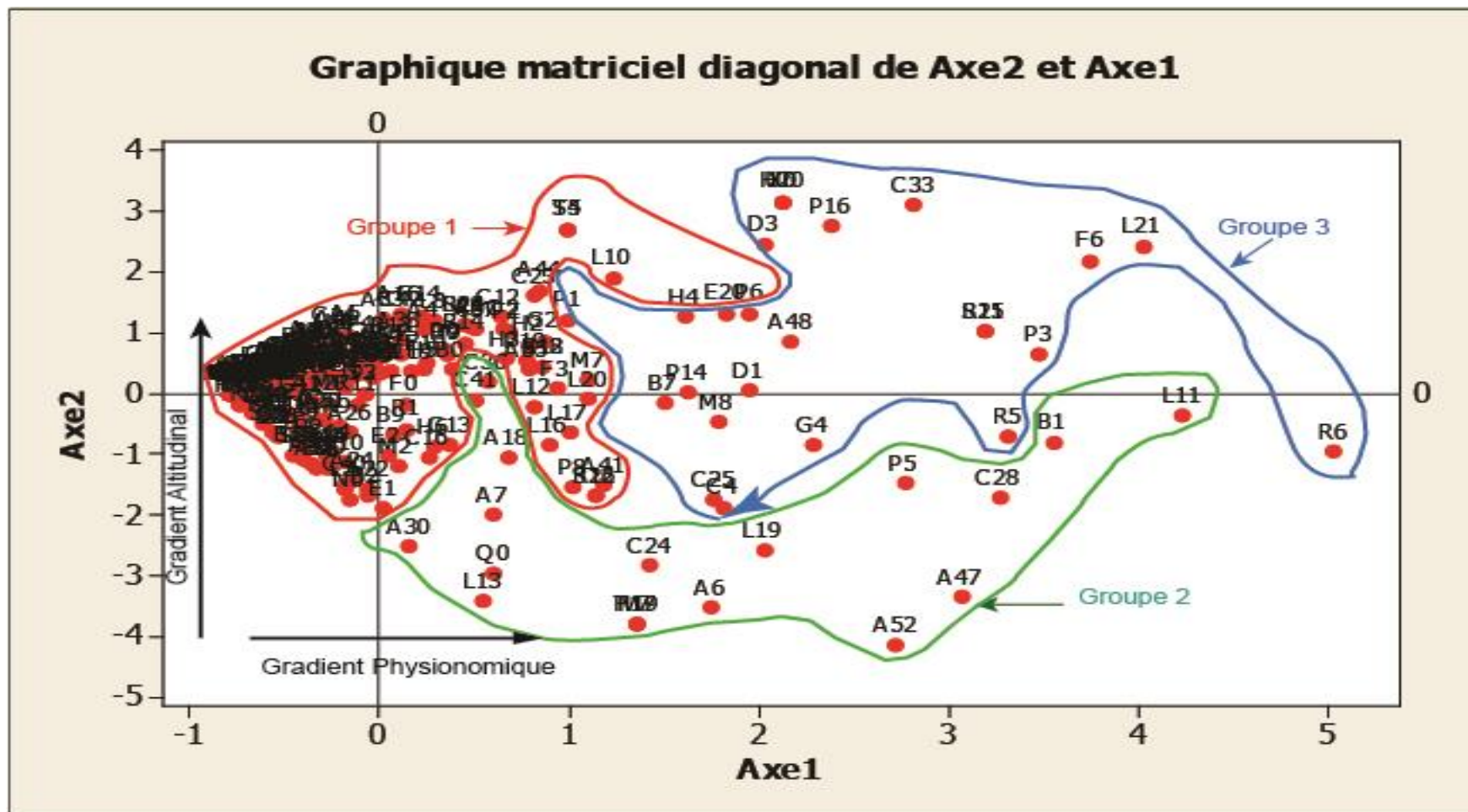


Fig. 24 : AXE 2 ET AXE 1

Cela pourrait s'expliquer également par le fait que la plupart des zones réservées aux pratiques agropastorales sont notamment localisées au piémont, à proximité des agglomérations

Une classification ascendante hiérarchique (CAH) a permis de compléter l'analyse précédente (AFC) en constatant trois groupes ou grands ensembles bien différents :

Groupe 1 : le groupement des milieux préforestiers plus ou moins fermés à celui-ci. Il se présente sous forme d'une chênaie plus ou moins fermée accompagnée par des pinèdes et des genévriers. Ces espèces se rapportant à la classe des Quercetea-*ilicis*.

Il regroupe toutes les formations sclérophylles ainsi que certaines chênaies caducifoliées et certaines cédraies (**BARBERO et al, 1981**) caractérisées par la présence des espèces à vaste contribution : *Arbutus unedo*, *Quercus ilex*, *Quercus faginea subsp tlemcenensis*, *Fraxinum augustifolium*.

Groupe 2 : Le groupement des milieux ouverts

Ce groupement s'inscrit de façon évidente dans les Pistacio-Rhamnetalia (**RIVAS-MARTINEZ, 1975-1987**) ou, soit le plus souvent à des stades de dégradation dominés par les espèces des Cisto-Rosmarinea, d'où l'abondance des cistes due aux incendies répétés. On peut dire aussi que ce groupe(2) constitue un corridor écologique qui désigne un ou des milieux reliant fonctionnellement entre eux différents habitats vitaux pour une espèce, une population, une métapopulation (**HANSKIAND et GYLLENBERG, 1993**).

Ces structures éco paysagères permettent de connecter ou reconnecter entre elles plusieurs sous-populations. Elles permettent la migration d'individus et la circulation de gènes (animaux, végétaux ou fongiques) d'une sous-population à l'autre (**BEIER et NOSS, 1998**).

Pour notre cas, ce groupe relie entre un milieu ouvert (parcours et culture) et un milieu plus ou moins fermes (forêts et préforêts).

L'ouverture du milieu semble parfois favoriser la diversité et l'endémisme comme nous pouvons le constater dans les matorrals.

De nombreux chamephytes et nanophanérophytes endémiques viennent en effet progressivement se substituer au chêne vert et aux nombreuses hémicryptophytes qui l'accompagnent dans les structures préforestières et forestières ; ainsi, l'action humaine pourrait apparaître à ce niveau comme un facteur de diversification des paysages végétaux méditerranéens et la richesse floristique (**BARBERO et al, 1981**).

Groupe 3 : Le groupement des cultures et des parcours : caractérisé par des espèces thérophytiques (*Théro-Brachypodion*) (RIVAS-MARTINEZ1977). Ceci montre le fort impact du pâturage remarquable dans cette région et comme l'indiquent HADJADJ-AOUL (1995), AINADTABET (1996), DAHMANI (1997), BOUAZZA et al. (2001) en Oranie - Algérie.

Chapitre III

Synthèse

Phylogénétique

Interprétation de l'arbre phylogénétique :

Le traitement des fastas par logiciel R,nous a permis d'avoir l'arbre phylogénétique (super-arbre,Voir annexes) composé de 6 clades.

Pour assure une bonne lecture de l'arbre phylogénétique en a décomposé en clades.

V.1 - Interprétation des clades :

Clade 1 :



Centaurea involucreta : qui est une espèce endémique algéro-marocaine se regroupe avec l'espèce *Carthamus lanatus* pour former un groupe monophytique.les deux espèces appartiennent à la famille des astéracées qui est l'une des familles les plus répandues dans le règne végétal.

Clade 2 :



Ce clade se compose de deux espèces qui forment un groupe monophytique ; une de ces deux espèces appartient à la famille des Apicées (*Foeniculum vulgare*),tandisque l'autre appartient à la famille des fabacées. Ces deux espèces se développent en région méditerranéenne sans oublier l'espèce *Astragalus armatus*qui est une espèce endémique du Nord africain.

Clade 3



Ce clade comprend en particulier *Reseda luteola* et *Arenaria serphyllitolia* qui ont une origine eurasiatiqueet *Papaver hybridum* qui se développe en région méditerranéenne avec leur descendant *Linum suffruticosum*. Elles sont des espèces thérophytiques. Plusieurs auteurs s'accordent pour dire que la thérophytisation est une forme de résistance aux rigueurs climatiques (QUEZEL, 1956 ; DEYEL et POISSOMET, 1964 et KADIHANIFI, 2003).

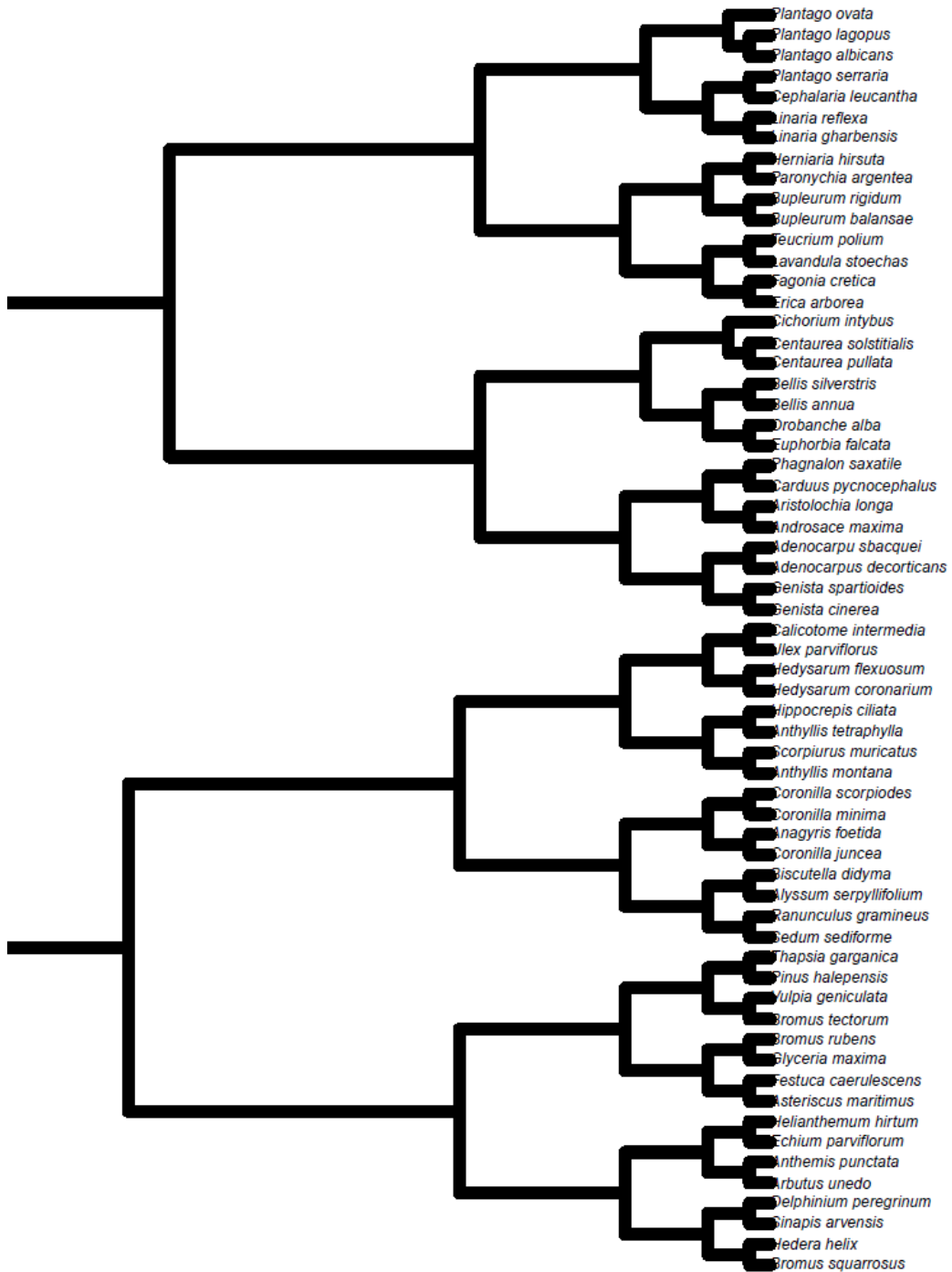
Clade 4 :



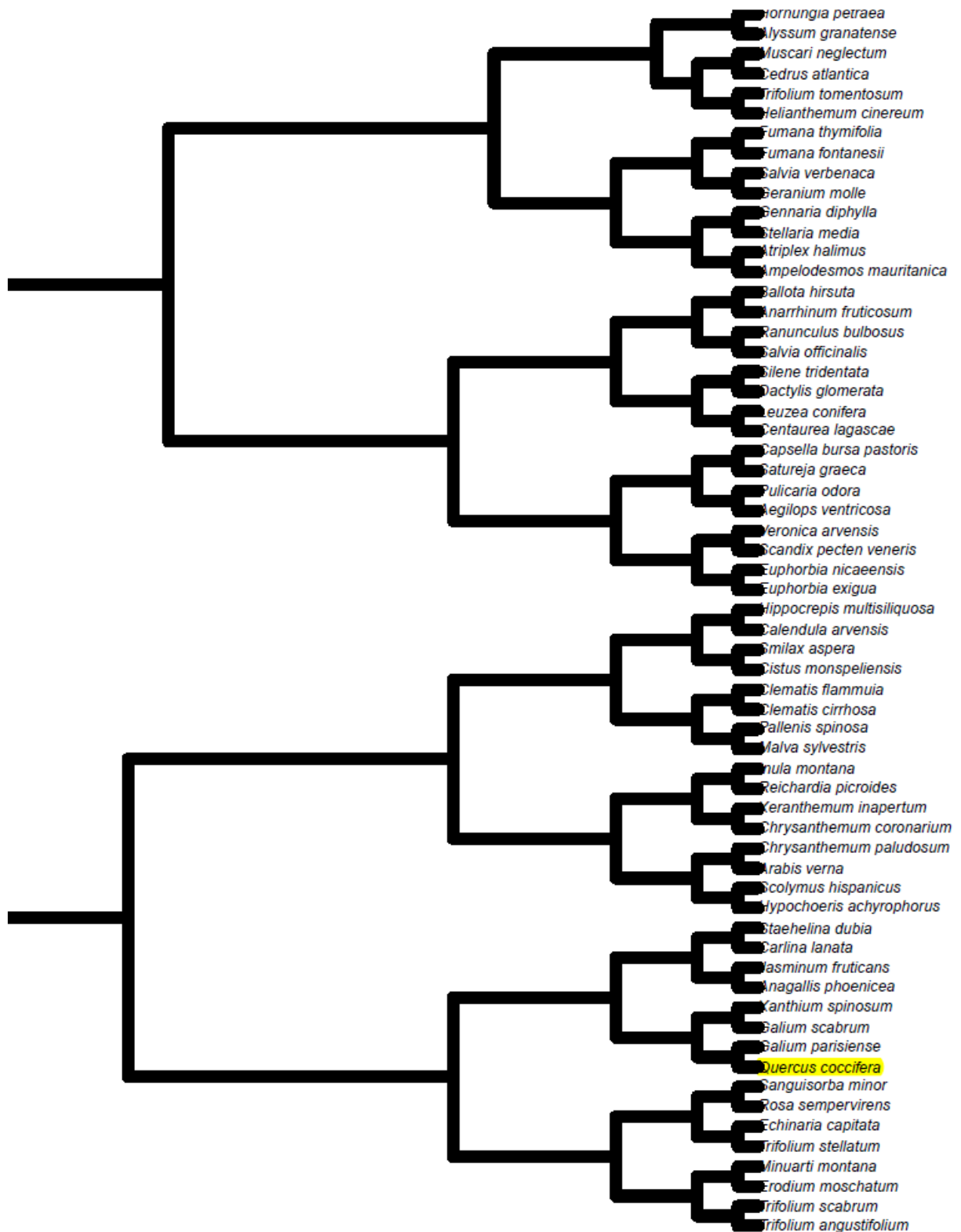
Ce clade aussi comprend deux espèces *Lonicera etrusca* et son descendant *Ziziphus lotus* qui se développent en zone méditerranéenne.

Clade 5 :

➤ Nœud 1 :



➤ Nœud 2 :



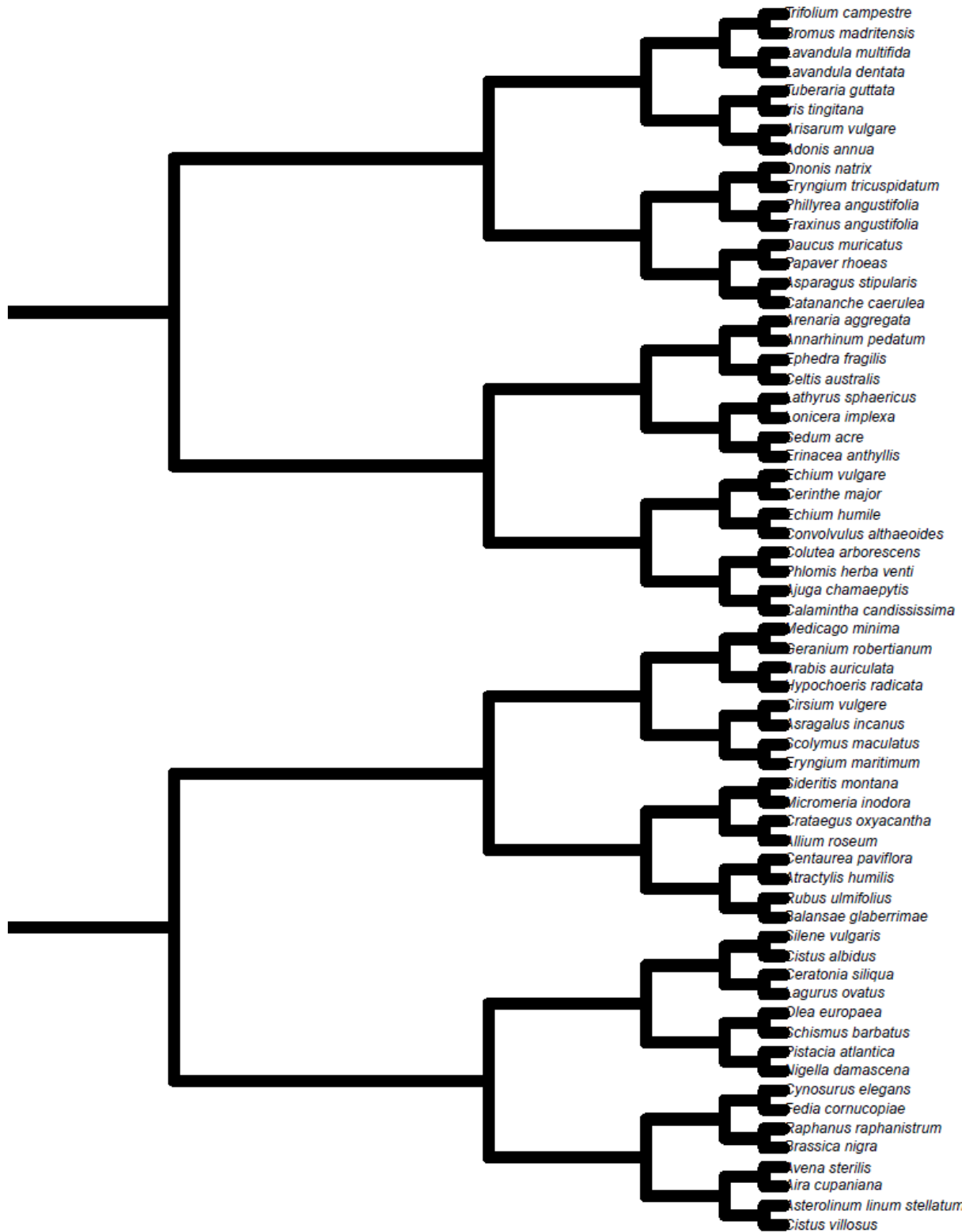
Comme il s'agit d'un super-arbre phylogénétique, ce clade comprend environ 125 espèces et se compose de deux nœuds :

– Pour le premier nœud il contient 62 espèces dont la dominance est aux espèces thérophytiques. Ce nœud est caractérisé par la présence de *Pinus halpensis* ; *Arbutus unedo* qui sont des espèces thermophiles comme on remarque aussi une forte contribution des groupes monophytiques tels que : *Plantago ovata* et *Centaurea solstitialis* qui sont des espèces qui se développent en compagnie des pinèdes sur terrain marnoculcaire.

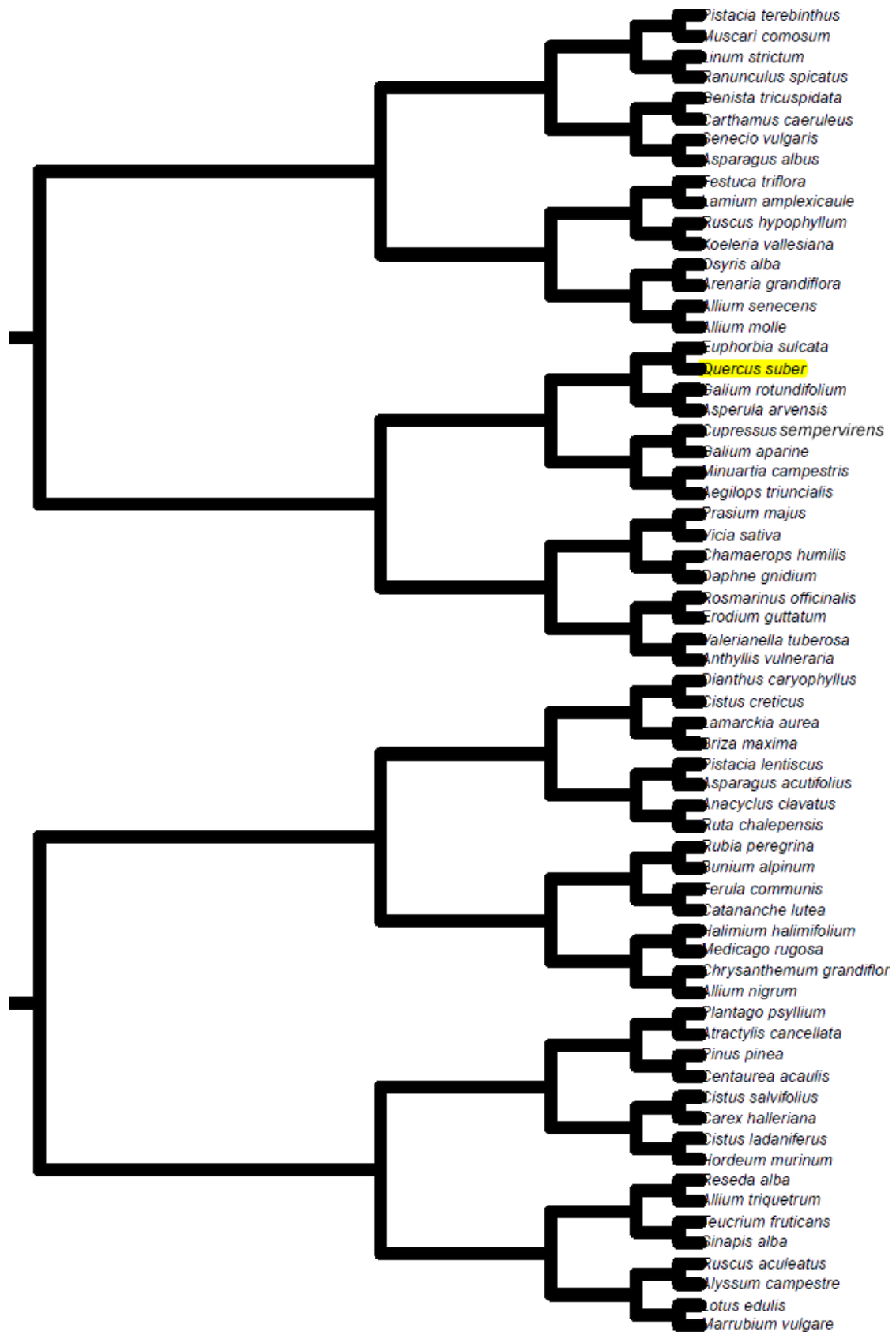
– Pour le deuxième nœud, il comprend environ 63 espèces qui sont des espèces caractéristiques des zones semi-arides et arides. Ce grand regroupement est le résultat de la capacité d'adaptation qu'elles doivent principalement à des mécanismes de reproduction et multiplication et à leurs moyens de distribution et de résistance.

Clade 6 :

➤ Nœud 1 :



➤ Nœud 2 :



Ce clade comprend 128 espèces. Il se compose aussi de deux nœuds ; chaque nœud comprend 64 espèces qui forment des groupes monophytiques :

– Le premier nœud se caractérise par des espèces thérophytiques tel que : *Papave rhoeas*, *Adonisannua*, *Bellisannus*, dans ce cas **BARBERO** et al (1990) constatent que l'anthropisation et le pâturage enrichit le sol en nitrates en favorisant l'installation des espèces rudérales. Parmi les descendants de ce clade, on trouve *Olea europea* et *Pistacia atlantica* qui sont des espèces phanerophytiques qui ont une origine méditerranéenne. Ces espèces façonnent la physionomie des monts de Tlemcen par leur adaptation aux conditions xériques de milieu et par leurs capacités de supporter le poids de la surcharge animale et les autres formes de stress anthropiques principalement les feux et les coupes.

– Concernant le deuxième nœud, il contient des descendants qui sont aussi dominés par des astéracées (*Anthylis vulneraria*, *Briza maxima*, *Lamarickia auria*...). Ce clade regroupe aussi les espèces suivantes *Chamaerops humilis*, *Chresanthemum grandiflorum*, *Atractilys cansullata*, *Asparagus acutifolius* ce qui explique l'existence d'une ambiance sylvatique qui existait il y a fort longtemps, dont sa dégradation conduit à l'installation des formations ligneuses claires et basses comme *Rosmarinus officinalis* ou *Cistus creticus* selon la nature du substrat. Ce clade regroupe les végétaux qui se développent dans une ambiance bioclimatique du subhumide inférieur au semi-aride supérieur.

Conclusion générale et perspectives

L'état passé et actuel de l'évolution du tapis végétal a été établi grâce aux multiples données bibliographiques récentes et surtout aux observations sur le terrain depuis 3 ans.

Du point de vue climatique, l'étude comparative entre deux périodes-ancienne et actuelle nous a permis d'observer une évolution du climat vers une aridification certaine. Pour toutes les stations, nous avons pu aboutir aux observations suivantes:

- Le climat de la région des Monts de Tlemcen est de type méditerranéen, avec deux étages bioclimatiques bien distincts; le semi-aride et le sub-humide, caractérisé par deux saisons:
 - Saison hivernale: courte et froide de Novembre à Mars, marquée par l'irrégularité pluviométrique.
 - Saison estivale: longue et sèche, définie par la moyenne des précipitations et de fortes chaleurs qui peut s'étaler sur 6 à 7 mois.
- La zone d'étude est déterminée par un régime saisonnier: HP AE.
- Une nette différence des précipitations qui varie entre 264,37 à 369,26 mm en comparant les deux périodes ancienne et nouvelle.
- Le mois le plus froid généralement est Janvier avec un minima de 2.9°C et les moyennes maximales du mois le plus chaud; en Août et peuvent atteindre 35°C.
- L'étude comparative des stations de références pour les deux périodes montre un décrochement vertical et horizontal des positions de chaque station en relation directe avec le Q2 qui actuellement se situe sous climat semi-aride.

Du point de vue facteur anthropique, l'agriculture de montagne, la pression anthropique incontrôlée et le surpâturage sont des facteurs qui érodent la phytodiversité forestière ; cette dernière est de plus en plus fragilisée face à la croissance démographique de plus en plus forte.

Du point de vue phytodiversité, le zonage écologique réalisé est resté très complexe ; cette difficulté est due principalement à un relief accidenté et une mosaïque très particulière des diverses formations végétales rencontrées. L'envahissement des espèces thérophytiques explique en partie cette évolution régressive qui est déjà amorcée dans les Monts de Tlemcen.

La zone d'étude compte plus de 349 taxons, répartis en 56 familles. Cette végétation est marquée actuellement par le type : Th > Ch > He > Ph > Ge, avec

une prédominance des espèces de type biogéographique méditerranéen avec 35,24% suivi par les éléments de Ouest-Méditerranéen avec 10,32% puis les éléments Euro-Méditerranéens avec 8,02%.

Le reste représente une faible participation ; mais contribue à la diversité et à la richesse du potentiel phytogéographique de la région des Monts de Tlemcen.

L'analyse factorielle de correspondance (A.F.C.) nous a permis de connaître les divers facteurs qui influencent le développement du tapis végétal et la répartition des espèces sur leurs milieux.

Nous avons, à travers cette analyse, utilisé deux gradients (altitude et physiognomique) pour expliquer la signification écologique des axes sur le plan factoriel. Cette technique a mis en évidence 03 groupements végétaux qui s'organisent sur le plan 2/1. On a constaté trois groupements bien différents:

Groupe 1 : le groupement des milieux préforestiers plus ou moins fermés

Groupe 2 : Le groupement des milieux ouverts

Groupe 3 : Le groupement des cultures et des parcours

Les sols de la zone d'étude sont assez hétérogènes et leurs caractéristiques suivent la nature du substrat et la topographie. Les pentes agissent puissamment sur leur évolution, la raison pour laquelle ils varient très rapidement d'un point à un autre. Cela constitue une véritable chaîne de sols faisant intervenir l'érosion qui oriente elle-même la pédogenèse de façons différentes.

L'ensemble des caractères physico-chimiques des échantillons montre une texture limono-sableuse à sablo-limoneuse; un pourcentage de calcaire qui varie de 5.25% à 0.91%, un pH alcalin, un taux de matière organique faible et une conductivité faible favorisant ainsi le développement des espèces végétales des Monts de Tlemcen.

L'étude phylogénique des espèces végétales à partir de logiciel R, nous a permis d'avoir l'arbre phylogénique composé de cladogramme. A première vue s'annonce l'existence de six clades.

Cette approche nous a permis d'avoir une idée globale sur l'évolution et la succession des formations végétales des Monts de Tlemcen.

Cette variabilité liée à la grande plasticité écologique soit : climatique (Adaptation aux différentes conditions des milieux) mais aussi édaphique (sol).

Les espèces de la même famille n'ont pas subi la même évolution. L'évolution de ces espèces nécessite de connaître la phylogénie précise des groupes taxonomiques sur lesquels notre étude a porté.

Les études phylogéniques permettent donc de mettre en évidence les liens entre les traits fonctionnels de différents taxons. Elles nécessitent souvent l'interaction de spécialistes (phylogénéticiens, physiologistes, généticiens moléculaires, ethnobotanistes ...) sur un même sujet et participent ainsi à promouvoir l'interdisciplinarité dans la recherche en biologie végétale.

L'utilisation des méthodes modernes telle que la phylogénie aide mieux à individualiser les groupements végétaux étudiés et comprendre leurs phénomènes de régression. La connaissance de la dynamique de ces groupements, qui reste complexe, s'est imposée d'elle-même afin de mieux conserver et mieux protéger ces milieux extrêmement fragiles. Il importe donc de prendre en considération les modes d'extinction de ces écosystèmes qui sont à la limite de leur rupture écologique en prenant en compte les dynamiques naturelles spatio-temporelles intégrant les stades vieillissants.

Ce mode de gestion doit passer par une considération des changements climatiques et des usages des terres.

A l'heure actuelle, tout le monde devrait être averti de la fragilité, et de la vulnérabilité de ces écosystèmes qui doivent être manipulés avec précaution et beaucoup de prudence.

Bibliographie

1. **AFNORN.,1987**–Qualité des sols. Méthodes d'analyses. Recueil des normes françaises.
2. **AIDOU D A., 1983.** Contribution à l'étude des écosystèmes steppiques du Sud oranais. Phytomasse, productivité primaire et application pastorale, *Thèse 3ème cycle*. Uni. Sci. Tech. H. Boumediène, 245p. ++Annexes.
3. **AINAD TABEL M., 1996.** Analyses écofloristiques des grandes structures de végétation dans les Monts de Tlemcen (approche phyto-écologique). Thèse Mag. ISN., Univ. Tlemcen, 111 p.
4. **ALCARAZ C., 1969** –Etude géobotanique du pin d'Alep dans le Tell Oranais. Th. Doct. 3ècycle. Fac. Sci. Montpellier. 183 p.
5. **ALCARAZ C., 1976** –Recherches géobotaniques sur la végétation de l'ouest algérien avec carte au 1/500000. Bull. Soc. Hist .Nat. Afr. Nord 67,1-2, Alger.
6. **ALCARAZ C., 1982** –La végétation de l'Ouest algérien. Thèse d'Etat, Université Perpignan, 415 p + annexe.
7. **ALCARAZ C., 1991** –Contribution à l'étude des groupements à *Quercus ilex* sur terra-rossa des Monts du Tessala (Ouest Algérien). Ecologia Méditerranaea XVII: 1-10.
8. **AMANDIER L., 2004** -Le comportement du Chêne-liège après l'incendie conséquences sur la régénération naturelle des subéraies, Vivexpo 2004 : Le chêne-liège face au feu, C.R.P.F. P.A.C.A. –France: 13p.
9. **ANGOT A., 1881** -Etude sur le climat de l'Algérie (température, pression barométrique et pluie). Ann. Bull. Cent. Météo Paris B7-36.
10. **ANONYME(BULGARIE), 1988** -Projet d'aménagement cynégétique de la réserve de chasse Moutas –wilaya de Tlemcen. Lescomplekt-engineering, vol.04, Sofia, 99p.
11. **ANONYME, 1975** -Laboratoire du sol: Méthodes d'analyse physiques et chimique du sol, institut de technologie Mostaganem. 106 p.
12. **AUBERT G. et CHALABI N., 1981** -Contribution à l'étude édaphique des groupements à *Quercus cerris* subsp. *Pseudocerris*, *Cedrus libaniet* *Abies cilicadans* le nord-ouest de la Syrie. Ecol. Medit.7, 23-35.
13. **AUBERT G., 1951**-Les sols des régions semi-arides d'Afrique et leur mise en valeur. U. N. E. S. C. O. Colloques; Stockholm, juillet 1950, p: 11-25.
14. **AUBERT G., 1978** - Méthodes d'analyses du sol. 2 ème Edition. C.N.D.P. Marseille. 199p.

15. **AYACHE F., 2007**-Les résineux dans la région de Tlemcen .Aspect écologique et cartographie. Thèse .Magis.univ.Tlemcen :222P
16. **BABALI B., 2014**- Contribution à une étude phytoécologique des monts de Moutas (Tlemcen- Algérie occidentale) : Aspects syntaxonomique biogéographique et dynamique.Thèse Doctorat : Univ. de Tlemcen. 197 p.
17. **BAGNOULS F. et GAUSSEN H., 1953** –Saison sèche et indice xéothermique. Bull. Soc. Hist. Nat. Toulouse (88). P : 3-4 et 193-239
18. **BARBERO M. et QUEZEL P., 1982** -Caractérisation bioclimatique des étages de la végétation forestière sur le pourtour méditerranéen. Aspects méthodologiques posés par la zonation. Coll. Int. Ecol. Haute altitude. 24(1982), pp:191 –202
19. **BARBERO M. et QUEZEL P., 1989** -Contribution à l'étude phytosociologique des matorrals de la méditerranée orientale. Lazoco II. pp: 37-56.
20. **BARBERO M., LOISEL R. etQuezel P., 1988**-Perturbations et incendies enrégion méditerranéenne française -in JACA & HUESCA: 409-419
21. **BARBERO M., LOISEL R. etQUEZEL P., 1995** -Les essences arborées desîles méditerranéennes. Leur rôles écologiques et paysages. Ecologia mediterranea. XXI (1/2) p:55–69.
22. **BARBERO M., MEDAIL F., LOISEL R. et QUEZEL P., 2001** -Signification biogéographique et biodiversité des forêts du bassin méditerranéen. Bocconea, 13: 11-25.
23. **BARBERO M., QUÉZEL P.et RIVAS-MARTINEZ S., 1981**. Contribution à l'étude des groupements forestiers et pré-forestiers du Maroc. Phytocoenol. 9 (3), pp. 311-412.
24. **BARBERO M., QUEZEL P. et LOISEL R., 1990**. Les apports de la phytoécologie dans l'interprétation des changements et perturbations induites par l'homme sur les écosystèmes forestiers méditerranéens. *Forêt méditerranéenne*, XII (3): 194-215.
25. **BARBERO M.,BONIN G.,LOISIL R.,QUEZEL P,1990**.Changes and disturbances of forest ecosystems caused by human activities in western part of Mediterranean bassin.Vegetatio(87),PP:151-173
26. **BARRY J.P., 1988** – Approche Ecologique des Régions Arides de l'Afrique. Université de Nice. ISS de Nouakchott. 107 pages.

27. **BATTANDIER J.A.** et **TRABUT L.**, 1888-1890-flore d'Algérie (Dicotylédones)
.Typographie ADOLPHE JOURDAN, Alger .860 p.
28. **BEGUIN C.**, **GEHU J-M.**et **HEGG O.**, 1979 – La symphytosociologie : une approche nouvelle des paysages végétaux. Doc. Phytos. N.S. 4. Pp 49-68. Lille.
29. **BEIER P.**, **NOSS R.F.** - 1998 - *Do habitat corridors provide connectivity ?* ; Conservation Biology, 12 : 1241 1252.Résumé et texte(en anglais)
30. **BEKKOUCHE A.**, 2011 - Evolution du paysage steppique dans le sud de Tlemcen. Mém. Mag. Ecol. Vég. Univ. Scien. Tech. Houari Boumediène. Alger. 150p.
31. **BELHACINI F.**, 2011- Contribution à une étude floristique et biogéographique des matorrals du versant sud de la région de Tlemcen. Mém. Mag. Ecol. Vég. Univ. Abou Bakr Belkaid. Tlemcen. 137p.
32. **BENABADJI N.**, **BOUAZZA M.**, **METGE G.**et**LOISEL R.**, 1996 -Description et aspect des sols en région semi-aride et aride au Sud de Sebdou (Oranie-Algérie): Bull. Inst .Sci .Rabat; 1996, n°20 p:77-86.
33. **BENABADJI N.** et **BOUAZZA M.**, 2002. Contribution à l'étude du cortège floristique de la steppe au Sud d'El Aricha (Oranie, Algérie). *Sci. Tech.* N° spécial. Pp: 11-19.
34. **BENABADJI N.** et **BOUAZZA M.**, 2001 - l'impact de l'homme sur la forêt dans la région de Tlemcen. For. Méd. XXII. N° 3, Nov 2001. Pp : 269-274.
35. **BENABADJI N.**, 1991 -Etude phyto-écologie de la steppe à *Artemisia inculta* au su de Sebdou (Oranie-Algérie). Thèse. Doct. Sciences et technique. St Jérôme. Aix-Marseille III, 119P.
36. **BENABADJI N.**, 1995 -Etude phytoécologique de la steppe à *Artemisia inculta* au su de Sebdou (Oranie-Algérie). Thèse. Doct. Es-sci. Univ. Tlemcen. PP: 150-158.
37. **BENABADJI N.**, **BOUAZZA M.**, **MERZOUK A.** et **GHEZLAOUI B.E.**, 2004. Aspects phytoécologiques des Atriplexaies au Nord de Tlemcen (Oranie, Algérie). *Revue Sci. Et Tech.* Constantine. Algérie, 22: 62-79.
38. **BENABID A.** et **FENNANE M.**, 1994. Connaissances sur la végétation du Maroc: Phytogéographie, phytosociologie et séries de végétation. Lazaroa 14, pp. 21-97.
39. **BENABID A.**, 2000. Flore et écosystèmes du Maroc : évaluation et préservation de la biodiversité. Edit. Ibis Press, Paris, et Kalila Wa Dimna, Rabat, 360 p.

40. **BENABID A., 1994.** Biogéographie, phytosociologie et phytodynamique des cèdres de l'Atlas (*Cedrus atlantica* Manetti). Ann. Rech. For. Maroc, n specail, 27, Vol. 1, 62-76. Rabat
41. **BENABID, A. 1984.** Etude phytocologique des peuplements forestiers et preforestiers du Rif Centroccidental (Maroc). *Travaux de l'Inst. Sci. Serie Botanique, N° 34*: 64.
42. **BENEST M., 1985** -Evolution de la plate-Forme de l'ouest algérien et du Nord-Est marocain au cours du Jurassique supérieur et au début du crétacé : stratigraphie, milieu de dépôt et dynamique de sédimentation. Thèse DOCT. Lab. géol. N° 59. Université Claude Bernard. Lyon, 1-367.
43. **BENSON, O. A., BOGUSKI, M. S., LIPMAN, O. J. AND OSTELL, J. 1997.** Genbank. *Nucleic Acids Res.* 25: 1-6.
44. **BESTAOUI Kh., 2001** -Contribution à une étude syntaxonomique et écologique des Matorrals de la région de Tlemcen. Th. Magistère en biologie. Ecol. Vég. Dép. Bio. Fac. Sci. Univ. Abou Bakr Belkaïd. Tlemcen. 184 p + annexes.
45. **BESTAOUI Kh., 2007** -Etude des groupements végétaux des Monts de Tlemcen et de leurs facies de dégradation par deux approches: Les profils écologiques et les liaisons interspécifiques (Oranie-Algérie), Sc. Tech. C. N°25, Juin(2007), p: 71-78.
46. **BEVILL R.L. et LOUDA S.M., 1999.** Comparisons of related rare and common species in the study of plant rarity. *Conservation Biology*, 13 : 493-498
47. **BONIN G. et VEDRENNE G., 1979** -Les pelouses culminales du Gransasso d'Italie. Analyse dynamique et relation avec les facteurs du milieu. *Eco. Méd.* N°4. P95-108.
48. **BORTOLI C., GOUNOT M. et JACQUIOT J.C.I, 1969** - climatologie et bioclimatologie de la Tunisie septentrionale. Ann. Inst. Rech. Agron de Tunisie. 42.1 ;235 p+ annexes
49. **BOTTNER P., 1982** - Evolutions des sols et conditions bioclimatiques méditerranéennes. *Ecologia Méd.* VII (1/2). P : 115-134.
50. **BOUAZZA M. et BENABADJI N., 1998** – Composition floristique et pression anthropozoïque au Sud-ouest de Tlemcen. Rev. Sci. Tech. Univ. Constantine. Algérie : 93-97P
51. **BOUAZZA M. et BENABADJI N., 2000** -Contribution à une étude bioclimatique de la steppe à *Artemisia herba-alba* Asso. Dans l'Oranie (Algérie occidentale). *Revue sécheresse.* 11(2) p : 117 –123.

- 52. BOUAZZA M. et BENABADJI N., 2010** - Changements climatiques et menaces sur la végétation en Algérie occidentale. Changements climatiques et biodiversité. Vuibert-APAS. Paris. P:101 – 110
- 53. BOUAZZA M., 1991**-Etude phytoécologique de la steppe à *Stipa tenassicima*L. et à *Lygeum spartum*L. au sud de Sebdou (Oranie –Algérie). Thèse de doctorat. Univ Aix –Marseille. 119 p + annexes.
- 54. BOUAZZA M., 1995** -Etude phytoécologique de la steppe à *Stipa tenassicima*L. et à *Lygeum spartum*L. au sud de Sebdou (Oranie-Algérie).Thèse de doctorat. Es-sciences Biologie des organismes et populations. Univ. Tlemcen. 153P
- 55. BOUAZZA M., BENABADJI N., LOISEL R. et METGE G., 2004.** Evolution de la végétation steppique dans le Sud Ouest de l'oranie (Alger). *Ecologia méditerranéa*, t. 30, fasc. 2, 219-231.
- 56. BOUAZZA M., LOISEL R. et BENABADJI N., 2001**-Bilan de la flore de la région de Tlemcen (Oranie –Algérie), fort médi t. Xxii, n° 2, juin 2001 p:130-136.
- 57. BOUAZZA M., MAHBOUBI A., LOISEL R., BENABADJI N., 2001.** Bilan de la flore de la région de Tlemcen(Oranie-Algérie). *Forêt méditerranéenne XXII*. No 2,7 : 130-136.
- 58. BOUDY P., 1950** -Economie forestière Nord-Africaine., Monographie et Traitement des essences.Ed.la rose. Paris, p:29-249.
- 59. BRAUN-BLANQUET J., 1925**-Une connaissance phytosociologique dans le Briançonnais. Bull. Soc. Bot. 74p.
- 60. BRAUN-BLANQUET J., 1952** -Phytosociologie appliquée Comm. S.I.G.M.A, n°116.
- 61. CASAGRANDE A., 1934** - Die oraemeter methodzûr bestimmung der koruverteilung vonboden. Berlin. 66p
- 62. CHAÂBANE A., 1993** –Etude de la végétation du littoral septentrional de Tunisie: Typologie, Syntaxonomie et éléments d'aménagement. Th. Doct. ès-sciences en Ecologie. Uni. Aix-Marseille III. 205 p + annexes.
- 63. CHEMOURI F.Z., GHAZLAOUI B ., BENABADJI N.2015** - Floral Diversity of the Tlemcen Mountains (Western Algeria).*Ecologia Balkanica*, 2015, vol. 7, Issue 2, pp. 1-11
- 64. CONRAD V., 1943** -Usual formulas of continentality and their limits of Validity. Frans. Ann. Geog-Union, XXVII, 4. p: 663 -664

65. **COSSON E., 1853** -Rapport sur un voyage botanique en Algérie. d'Oran au chot el chergui. Ann. Sci. Nat 3 èmesérie; p:19-92.
66. **DAGET PH.** et **POISSONET J., 1964** - Quelques remarques sur l'étude des formations herbacées pastorales et sur l'expression des résultats. Compte rendu de la réunion de la division des recherches sur le terrain, 12 et 13 octobre. CNRS/CEPE:PP.50-56.
67. **DAGET PH., 1977** -Le bioclimat méditerranéen, caractères généraux, méthodes de classification. *Végétation*, 34, 1. p : 1-20.
68. **DAGNELIE P., 1970**-Théorie et méthode statistique-Vol.2 Ducolot, Gembloux, 415p.
69. **DAHMANI M., 1997.** *Le chêne vert en Algérie. Syntaxonomie, Phytoécologie et dynamique des peuplements.*Thèse doct. Es-Sci. En Écologie. Inst. Sc.Nat. Univ. Sc. Et Tech Houari Boumediène (USTHB),Alger, 329 p.
70. **DAHMANI-MEGREROUCHE M., 1989** -Les groupements végétaux des monts de Tlemcen (Ouest algérien); Syntaxonomie et phytodynamique *Biocénose*, 4 (1/2). p:28/69.
71. **DAHMANI-MEGREROUCHE M., 1997** -Le chêne vert en Algérie. Syntaxonomie, phytosociologie et dynamique des peuplements. Thèse doct. ès-sciences. Univ. Houari Boumediène. Alger. 329 P + annexes.
72. **DARWIN C., 1859.**"l'origine des espèces".
73. **DE JONC E., BALLANTYNEA.K., CAMERON D.R.** et **READD.W., 1979** - Measurement of Apparent Electrical Conductivity of Soils by an Electromagnetic Probe to Aid Salinity Surveys. *Soil Sci. Soc. Sun. J.* 43: 810-812.
74. **DE MARTONNE E., 1926** -Une nouvelle fonction climatologique : l'indice d'aridité. *La météo.* p : 449-459.
75. **DI CASTRI E., 1981** -Mediterranean-type shrubland of the world. In: Di Castri F, Goodall D.W. & Specht R.L. (eds.) *Mediterranean-type of the world.* Vol.11.:1-52. Elsevier. Amsterdam.
76. **DIMANCHE P., 1983** - Contribution à la connaissance pédologique et édaphique du milieu forestier Tunisien. Thèse Doct. Es. Sc. Agron. Facul. Sc. Agr. Etat Gem blox. Belgique. 262p+ ann.

- 77. DJEBAÏLI S., 1978** –Recherche phytoécologique et phytosociologique sur la végétation des hautes plaines steppiques de l'Atlas saharien algérien. Thèse. Doct. Univ. Sci. et Tech. du Languedoc. Montpellier. 299 p + annexes.
- 78. DOBIGNARD A. et CHATELAIN C., 2010-2013**-Index synonymique de la Flore d'Afrique du Nord, Éditions Des Conservatoire Et Jardin Botaniques. Genève, 5 Volumes.
- 79. DOUMERGUE G., 1910.-** Carte géologique détaillée de l'Algérie au 1/50 000,
- 80. DUCHAUFFOUR Ph., 1977** -Pédologie 1. Pédogenèse et classification .Masson. Paris, 477 p
- 81. ELLENBERG H., 1956**-Aufgaben und Methodender Vegetation Skunde. Ulmer, Stuttgart. 136 p.
- 82. EMBERGER L., 1930-a** –Sur une formule climatique applicable en géographie botanique. C. R. A. Sc.1991.p : 389-390.
- 83. EMBERGER L., 1930-b**–La végétation de la région méditerranéenne. Essai d'une classification des groupements végétaux. Rev. Géo. Bot. 42. p : 341–404.
- 84. EMBERGER L., 1952** –Sur le Quotient Pluviothermique. C.R. Sci. n°234 : 2508-2511. Paris.
- 85. EMBERGER L., 1954** –Une classification biogéographique des climats. Rec. Trav. Lab. Bot. Géol. Zool. Univ. Montpellier. Série Bot. n°7. PP: 3-43.
- 86. EMBERGER L., 1955** –Une classification biogéographique des climats. Recueil. Trav. Labo. Géol. Zool. Fac. Sci. Montpellier. 48 p
- 87. EMBERGER L.,1971**–Travaux de botanique et d'écologie. Ed. Masson. Paris. 520p.
- 88. FELIDJ M., 2011** - Contribution à l'étude des plantes aromatiques et médicinales du Parc Nationale De Tlemcen. Taxonomie, Ecologie, Caractéristiques chimiques. Thèse. Doct.Etat. Unit. ABB. Tlemcen. 191p. + Annexes.
- 89. FELSENSTEIN J.,1985.** "Confidence limits on phylogenies : an approach using the bootstrap". *Evolution* 4(39): 783-791.
- 90. FENNANE M., 1987** –Etude phytoécologique des Tétracinaies marocaines –Thèse Doct. ès-sci. Fac. Sc. Aix-Marseille III.150 p.
- 91. FENNANE M., 1988** -Phytosociologie des tétraclinaies marocaines. Bull. Inst. Sci. Rabat, 12 : 99-148.

- 92. FLAHAULT C.H., 1906-** Rapport sur les herborisations de la société de l'Oranie. Bull. Soc Bot. Fan. p:54-170.
- 93. FRONTIER S., 1983**—Stratégies d'échantillonnage en écologie. Ed. Mars et Cie. Coll. Décol. Press. Univ. Laval. Quebec,p : 26 - 48
- 94. GAOAUR A., 1980.-** Hypothèse et réflexion sur la dégradation des écosystèmes
- 95. GAUQUELIN T. et MONTES N. 2001.** Relations et similitudes fonctionnelles Genévrier thurifère-xérophytes épineuses en coussinet dans les Atlas marocains. Communication au 2e Colloque international : Le Genévrier thurifère et les forêts d'altitude dans les montagnes du pourtour méditerranéen.
- 96. GODRON M., 1971**—Essai sur une approche probabiliste de l'écologie des végétaux. Thèse Doct. Univ. Sci. Techn. Languedoc, Montpellier.247 p
- 97. GOODFELLOW M., 1971.** Numerical taxonomy of some nocardioform bacteria. J Gen Microbiol., 69:33–90.
- 98. GOUNOT M., 1969**-Méthodes d'étude quantitative de la végétation. Masson. Paris. 314p.
- 99. GUINOCHET M., 1973**—Phytosociologie. Masson Edit. Paris. 227 p.
- 100. HACHEMI N., 2011.** Contribution à une étude du cortège herbacé dans les matorrals du versant Sud de la région de Tlemcen. *Thèse de Magistère*. Uni. Abou Bakr Belkaid Tlemcen.
- 101. HADJADJ AOUL S., 1995.** Les peuplements du Thuya de berbérie (*Tetraclinis articulata*, Vahl, Master) en Algérie : phytoécologie, syntaxonomie et potentialités sylvicoles. Thèse. Doc. d'État, Univ. Aix-Marseille III, 159 p.
- 102. HASNAOUI O., 1998** -Etude des groupements à *Chamaerops humilissubsp. Argentea*, dans la région de Tlemcen. Thèse de Magistère. Univ. Abou baker Belkaid-Tlemcen.176 p +annexes.
- 103. HASNAOUI O., 2008**—Contribution à l'étude des Chamaeropaies dans la région de Tlemcen, Aspects botanique et cartographiques. Thèse doct. Univ. Aboubekr Belkaïd-Tlemcen. 210p.
- 104. HESSELBJER G .,CHRISTIANSEN J. et HEWITSON B., 2007** -Regional climate projection. In IPCC Climate change 2007: The physical science Basis. Contribution of Working group I to the Fourth assessment report of the intergovernmental panel on climate change. Solomon S., Qin D., Manning M., Chen Z., Marquis M., Averyt K.B., Tignor M.,

- Miller H.L.(eds.), Cambridge Univ.Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY,USA,996 P.
- 105. ILKKA H.et MATS G., 1993**-*Two General Metapopulation Models and the Core-Satellite Species Hypothesis* ; Am Nat 1993. Vol. 142, p. 17 DOI:10.1086/285527
- 106. IUCN., 1997** -Red list of threatened plants. IUCN, Gland, Switzerland. (NEE et MAY, 1997).
- 107. KADI-HANIFI H., 2003**-Diversité biologique et phytogéographique des formations à *Stipa tenacissima* L. de l'Algérie. Rev. Sèch. 14 (3). pp. 169-179.
- 108. KADIK B., 1983** -Contribution à l'étude du Pin d'Alep en Algérie: Ecologie, dendrométrie, morphologie. Thèse Doct. Etat. Aix-Marseille III, 313 p +annexes.
- 109. KADIK L., 2005.** Étude phytosociologique et phytoécologique des formations à Pin d'Alep *Pinus halepensis* Mill. de l'étage bioclimatique semi-aride algérien. Thèse de Doctorat d'État, Université H. Boumédiène, Alger.
- 110. KOENIGUEUR J.C., 1974** -Les bois fossiles de *Tamarix*, d'*Acacia* et de *Retama* du Plio-Quaternaire saharien. C.R. Ac. Sc.278, p:3069-3072.
- 111. LAND A., DOIG A.,1960.** An Automatic Method of Solving Discrete Programming Problems. *Econometrica* 28, 497–520
- 112. LAPIE G. et MAIGE A., 1914** -La flore forestière illustrée de l'Algérie. Paris;360 P.
- 113. LATHAM R.E. et RICKLEFS R.E., 1993** -Continental comparisons of temperate-zone tree species diversity. In: *Species diversity in ecological communities: historical and geographical perspectives*. Ricklefs R.E. and Schluter D. (eds.), Chicago Univ. Press, 294-314.
- 114. LE FLOC'H E., 1995**- Les écosystèmes des zones arides du nord de l'Afrique, orientation pour l'établissement d'un réseau de réserves de biosphère. In : Nabli M.A (éd.). *Ouvrage collectif sur le milieu physique et la végétation*. Unesco, M.A.B. pp. 309-321.
- 115. LE HOUEROU H.N., 1991** -La Méditerranée en l'an 2050 : impacts respectifs d'une éventuelle évolution climatique et de la démographie sur la végétation. Les écosystèmes et l'utilisation des terres : étude prospective. *La météorologie*. 1991.VII séries, 36: 4 -37.

116. **LE HOUEROU H.N., 1975** -Le cadre bioclimatique des recherches sur les herbacées méditerranéennes. Geografili. Florence XXI.
117. **LE HOUEROU H.N., 1988** - La désertification du Sahara septentrional et des hautes plaines steppiques (Libye, Tunisie, Algérie). Aménag. Rura. V. 434.
118. **LE HOUEROU H.N., CLAUDIN J. et POUGET M., 1977** - Etude bioclimatique des steppes avec une carte bioclimatique au 1/ 1000000. Bull. Soc. Hist. Afr. Nord, p : 36- 40.
119. **LETREUCH-BELAROUSSI A., 2002** -Compréhension du processus de dégradation de la subéraie de Tlemcen et possibilités d'installation d'une réserve forestière. Thèse de Magistère. Univ. Tlemcen. Algérie; 205 P.
120. **LONG G., 1974** - Diagnostic phyto-écologique et aménagement du territoire, I- Principes généraux et méthodes, Masson, Paris.
121. **M'HIRIT O. etMAGHNONJ M., 1994** -Stratégie de conservation des ressources forestières au Maroc. Les ressources phylogénétiques et développement durable, p: 123-138. Actes éditions. Rabat, Maroc.
122. **MAC GARTHY O., 1853** -Observations sur le climat de Tlemcen .revue orientale
123. **MAIRE R., 1926** -Principaux groupements de végétaux d'Algérie.
124. **MAIRE R., 1952 -1987**-Flore de l'Afrique du Nord (Maroc, Algérie, Tunisie, Tripolitaine, Cyrénaïque et Sahara). Ed. Le Chevalier, Paris. Vol.1-16.
125. **MANDOURI T., 1980** - Contribution à la connaissance des sols acides sur grès numidien de la montagne Zemzem (Rif occidental). Application aux reboisements. Thèse Doct, 3 cycles. Univ. Nancy, 89p.
126. **MARCHAND H.,1990** -Les forêts méditerranéennes. Enjeux et perspectives. Les fascicules du Plan Bleu, 2. Economica, Paris.108 P.
127. **MAY R.M., Lawton J.H. et Stork N.E., 1995**-Assessing extinction rates,Philosophical Transactions of Royal Society of London series B, 354 : 151-159
128. **MEDAIL F. et QUEZEL P., 1996**–Signification climatique et phytoécologique de la redécouverte en France méditerranéenne de *Chamaerops humilis*L. C. R. Acad. Sci.
129. **MEDAIL F. et QUEZEL P., 1997** –Hot –Spots analysis for conservation of plants biodiversity in the Mediterranean Basin, Ann. Missouri Bot. Garden,84, p : 112 –127.

- 130. MÉDAIL F., et MYERS N., 2004.** Mediterranean Basin. In P. R. Gil, M. Hoffmann, J. Pilgrim, T. Brooks, C.G. Mittermeier, J. Lamoreux, G.A.B. Da Fonseca (Ed.), Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. CEMEX, Conservation International and Agrupacion Sierra Madre, Monterrey, Washington, Mexico: 144-147.
- 131. MEDJAHDI B., 2001** - Réponse de la végétation du littoral des monts des Traras (Tlemcen) aux différents facteurs de dégradation. Mémoire de Magistère. Univ Abou Bakr Belkaid de Tlemcen. Dép. For. 110 p + annexes.
- 132. MEDJAHDI B., M. IBN TATTOU, D. BARKET et K. BENABDELLI 2009-** La flore vasculaire des monts des Trara (Nord-Ouest algérien). *Acta Bot. Malacitana* 34, pp 1-18.
- 133. MICHALET R., 1991** - une approche synthétique biopédoclimatique des montagnes méditerranéennes. Exemple du Maroc septentrional. Thèse Doct d'état. Es. Sei. Univ. Joseph Fournier. Grenoble 1. 273p.
- 134. MYERS N. et COWLING R.M., 1999.** Mediterranean Basin. In R.A. Mittermeier, N. Myers, P.R. Gil, C.G. Mittermeier (ed.), Hotspots: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. CEMEX, Mexico: 254-267.
- 135. MYERS N., 1988.** Threatened biotas: Hotspots in tropical forests. *Environmentalist*, 10: 178-208.
- 136. MYERS N., 1990.** The biodiversity challenge: Expanded hotspots analysis. *Environmentalist*, 10, 243-256.
- 137. MYERS N., MITTERMEIER R.A., MITTERMEIER C.G., DA FONSECA G.A.B., et KENT J., 2000.** Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403, 853-858. n°2, 131-146.
- 138. NAHAL I., 1984** - Problèmes de désertification en région méditerranéenne. *Départ des sci des sols. Inra Paris-Grignon*, 14:71-103.
- 139. NEE S. et MAY R.M., 1997.** Extinction and the loss of evolutionary history. *Science*, 288 : 358-330.
- 140. NUTTAL, G. H. F. 1904.** "Blood immunity and blood relationship". Cambridge.
- 141. OZENDA P., 1954** - Observation sur la végétation d'une région semi aride: les hauts plateaux du sud Algérien. pub. Soc. Hist. Nat. AFR. Nord 215p

- 142. OZENDA P., 1977** – flore du Sahara 2ème Ed. C.N.R.S., Paris, 622 P
- 143. PEGUY Ch. P., 1970** –Précis de climatologie. Ed. Masson et Cie. 444 p.
- 144. POUGET M., 1980** - les relations sol- végétation dans les steppes sud-algéroises. Travet
- 145. PURVIS A., AGAPOW P., GITTLEMAN J.L. et MACE G.M., 2000**-Nonrandom extinction and loss of evolutionary history. Science, 288: 328-330.
- 146. QUÉZEL P ; 1964** – Incendies climatologiques de l'utilisation des sols par l'homme dans le monde méditerranéen protohistorique. Mediteranea. 2p.
- 147. QUEZEL P. et MEDAIL F., 1995** –La région Circumméditerranéenne. Centre Mondial Majeur de Biodiversité Végétale. Inst. Médit. d'Ecologie et de la Paléoécologie, C.N.R.S. U.R.A. 1152, Laboratoire de Botanique et d'Ecologie Méditerranéenne. Fac.Sci. Marseille St-Jérôme, Marseille. France. p : 152 -155
- 148. QUEZEL P. et MEDAIL F., 2003-a** -Ecologie et biogéographie des forêts du bassin méditerranéen. Paris, Elsevier, édit : 592 p.
- 149. QUEZEL P. et SANTA S., 1962-1963** -Nouvelle flore d'Algérie et des régions désertiques méridionales. Ed. CRNS, Paris (FR), Tome I : 1-565, Tome II : 566-1170.
- 150. QUÉZEL P. et MÉDAIL F., 2003.** Ecologie et biogéographie des forêts du bassin méditerranéen - Edit. Scientifiques et médicales Elsevier SAS, Paris, 571 p.
- 151. QUÉZEL P., 1956.** Peuplement végétal des hautes montagnes de l'Afrique du Nord. Essai de synthèse biogéographique et phytosociologique. Ed. Le chevalier, Paris. 463 p.
- 152. QUEZEL P., 1974** -Effet écologiques des différentes pratiques d'aménagement des sols et des méthodes d'exploitation dans les régions à forêts tempérées et méditerranéennes. M. A. B. Paris. 55p.
- 153. QUEZEL P., 1976** -Les chênes sclérophylles en région méditerranéenne. Option. Méd. N°35. pp:25-29.
- 154. QUEZEL P., 1978** -Analysis of the flora of Mediterranean and saharan Africa. Ann. Missouri Bot. Gard. 65-2. p: 411-534.
- 155. QUEZEL P., 1981** -Floristic composition and phytosociological structure of sclerophyllous matorral around the Mediterranean. Mediterranean type scrublands. Di Castri, Goodall and Specht. Elsevier Ed. p: 107-121

- 156. QUEZEL P., 1985** -Definition of the Mediterranean region and the origin of its flora. In GOMAZ-CAMPO Edit-"plant conservation in the Mediterranean area" Junk, Dordrecht, p: 9-24.
- 157. QUEZEL P., 1989** –Mise en place des structures de végétation circumméditerranéenne actuelle. C.W. J. University of California. Davis. MAB symposium, XVI Int. Grasslands Congress. : 16-32.
- 158. QUEZEL P., 1999** -Biodiversité végétale des forêts Méditerranéennes son évolution éventuelle d'ici à trente ans. Forêt Méditerranéenne XX, p : 3 –8.
- 159. QUEZEL P., 2000** -Réflexion sur l'évolution de la flore et de la végétation au Maghreb Méditerranéen. Ibis. Press. Edit. Paris. 117P.
- 160. QUÉZEL P., BARBERO M., BENABID A., LOISEL R. et RIVAS-MARTINEZ S., 1988.** Contribution à l'étude des groupements préforestiers et des matorrals rifains. Ecol. Medit., 14 (1/2), pp. 77-122.
- 161. QUEZEL P., BARBERO M., BONIN G. et LOISEL R., 1990** -Recent plant invasions in the Centro Mediterranean region. In DICSTRI et al –"Biological Invasions" : 5160, Klower Pub.
- 162. QUEZEL P., BARBERO M., BONIN G. et LOISEL R.,1991** –Pratiques agricoles et couvert forestier en région méditerranéenne humide et subhumide. Univ. Aix-Marseille III. Saint-Jérôme. UA. CNRS 1152. PP: 71-90.
- 163. QUEZEL P., GAMISANSJ. et GRUBER M., 1980**-Biogéographie et mise en place des flores Méditerranéenne. Feuille N° Hors série p: 41-51.
- 164. QUEZEL P., MEDAIL F., LOISEL R. et BARBERO M., 1999** -Biodiversité et conservation des essences forestières du bassin méditerranéen. Unasylva,197:21-28.
- 165. RAMEAU J.C., 1987** – Contribution phytoécologique et dynamique à l'étude des écosystèmes forestiers. Applications aux forêts du Nord-Est de la France. Université de Besançon. Thèse d'Etat.
- 166. RAUNKIAER C., 1934** – The life forms of plants and statistical plant. Geography Claredon press. Oxford. 632p.

- 167. RIEU M., et CHEVERY C., 1976** –Mise au point bibliographique sur quelques recherches récentes en matière de sols salés. Cah. O.R.S.T.O.M. Sér. Pédologie. XIV. N°1, 1976. P: 39-61
- 168. RIVAS-MARTINEZ S. & RIVAS GODAY S., 1975.** Schéma syntaxonomique de la classe des Quercetea ilicis dans la péninsule Ibérique. In: La flore du bassin méditerranéen : essai de systématique synthétique, Coll. Intern. Du CNRS, 235, pp. 431-445.
- 169. RIVAS-MARTINEZ S., 1977.** Sur la végétation des pelouses thérophytiques de l'Europe occidentale. La végétation
- 170. RIVAS-MARTINEZ S., 1981** –Les étages bioclimatiques de la péninsule Ibérique. Anal. Gard. Bot. Madrid 37 (2). p : 251-268
- 171. RIVAS-MARTINEZ S., DIAZ T.E., FERNANDEZ GONZALES F., IZCO J., LOIDI J., LOUSA M., et PENAS A., 2002.** Vascular plant communities of Spain and Portugal. Addenda to the syntaxonomical checklist of 2001. Itinera Geobotanica, 15 [1-2], pp. 433-922.
- 172. ROYER J.-M., 2009**-petit précis de phytosociologie stigmatise. Bulletin de la société botanique du centre ouest, numéro spécial, p: 33-86
- 173. SAINTHILLIER A. et QABAUD P. A. 1861**–Note météorologique sur Tlemcen.
- 174. SAITOU, N. AND M. NEI, 1987.** "The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees". *Mol Biol Evol* 4(4): 406-25.
- 175. SANGER, F. AND E. O. THOMPSON, 1952.** "The amino-acid sequence in the glycycl chain of insulin". *Biochem J* 52(1): iii.
- 176. SAUVAGE CH., 1961** –Recherches géobotaniques sur le chêne liège au Maroc. Thèse Doct. Etat, Montpellier, Trav. Inst. Sci. Chérifien, Série Botanique, PP. 21–462.
- 177. SELMI, 1985** -Différenciation et fonctionnement des écosystèmes forestiers sur grés numidien de Kroumirie (Tunisie). Ecologie de la subéraie. Zénaie. Thèse Doct. Es. Sei. Univ. Ancy. 198p.
- 178. SELTZER P., 1946** -Le climat de l'Algérie. Inst. Météor. et de Phys. du Globe. Alger. 219P.

- 179. STAMBOULI H., 2010** –Contribution à l'étude des groupements à psammophiles de la région de Tlemcen (Algérie occidentale). Thèse. Doct. Univ. Abou Bakr Belkaid-Tlemcen. 226 p.
- 180. STERRY P., 2001** -Toute la nature méditerranéenne. Delacchaux et Niestlé. SA-Paris., 382 p.
- 181. TAMURA, K., PETERSON, D., PETERSON, N., STECHER GLEN, N. M. et KUMAR, S. 2011.** MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28, 2731-2739
- 182. THINTHOINR., 1948** - Les aspects physiques du tell oranais. Essai de morphologie de payssemi-aride : ouvrage publié avec les concours du C.N.R.S. Ed .L Fouque .P 639.
- 183. TOMASCLLI R., 1976** -La dégradation du maquis méditerranéen. Forêts et maquis méditerranéennes-Notes Tech.M.A.B.2, Unesco, Paris, p: 35-76.
- 184. TRABUT C.L., 1887_** D'Oran à Mechria -Notes botaniques et catalogues des plantes remarquables. Alger. Jourdan.36 P
- 185. TRICART J., 1996** -Géomorphologie et sols de l'Ouest du Nord de l'Afrique du Nord. Ed. Armand Colin.
- 186. VELA E., 2002** -Biodiversité des milieux ouverts en région méditerranéenne. Le cas des pelouses sèches du Luberon (Provence calcaire). Phd thesis. Univ. aix-marseille III, p. 383
- 187. VELAE.et BENHOUHOU S., 2007**-Evaluation d'un nouveau point chaud de biodiversité végétale dans le bassin méditerranéen (Afrique du Nord). *C. R. Biologies*,330 : 589-605 .
- 188. VENNETIER M. et RIPERT CH., 2010**-Impact du changement climatique sur la flore méditerranéenne: théorie et pratique. *Changements climatiques et biodiversité*. Vuibert-APAS. Paris. (282 p) p: 76-87.
- 189. WILLIAMS B.G.etHOEY D., 1982** –An electromagnetic induction technique for reconnaissance surveys of soil salinity hazards. *Austr. J. Soil Res*, 20. P : 107-118.
- 190. WILSON E.O., 1988** – Biodiversity. National Academy Press. Washington. D.C. USA.
- 191. WOESE, C. R. et FOX G. E., 1977.**"Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms". *Proc Natl Acad Sci U S A* **74**(11): 5088-90.

- 192. YANG Z., 1997.** "How often do wrong models produce better phylogenies?" *Mol. Biol. Evol.* **14**: 105-108.
- 193. ZERAÏA L., 1981** -Essai d'interprétation comparative des données écologiques, phénologiques et de production subero-ligneuse dans les forêts de chêne liège de Provence cristalline (France méditerranéenne et d'Algérie). Th. Doc. Univ. Aix-Marseille III, 370P.
- 194. ZUCKERKANDL, E. et PAULINGL., 1965.** "Molecules as documents of evolutionary history". *J Theor Biol* **8**(2): 357-66.

Annexes

Tableau 19 : Liste des espèces qui n'ont pas une FASTA sur le GENBANK

Espèce
<i>Anagallis arvensis subsp latifolia</i>
<i>Aphyllantes monspelinsis</i>
<i>Asphodelus microcarpus</i>
<i>Asteriscus pygmaeus</i>
<i>Brachypodium distachyon</i>
Trés longue sequence
<i>Callitris articulata</i>
<i>Campanuladichotoma</i>
<i>Carthamus pectinatus</i>
<i>Centaurea incana</i>
<i>Centaurea tenuifolia</i>
<i>Cephalophorus falcutus</i>
<i>Cerastium pentandrum</i>
<i>Cytisus triflorus</i>
<i>Echinops spinosus</i>
<i>Echium flavum</i>
<i>Elichrysum stoechas</i>
<i>Eryngium campesire</i>
<i>Evax argentea</i>
<i>Festuca atlantica</i>
<i>Festuca scaberrimae</i>
<i>Fumaria caoreolata</i>
<i>Gagea arvensis</i>
<i>Genista atlantica</i>
<i>Genista cinerea sbsp.ramosissima</i>
<i>Genista erioclada</i>
<i>Globularia alypum</i>
<i>Helianthemum cinereum subsp.Rubellum</i>
<i>Helianthemum croceum</i>
<i>Helianthemum helinthemoides</i>
<i>Helianthemum organifolium</i>
<i>Helianthemum pilosum</i>
<i>Helianthemum polium</i>
<i>Helianthemum virgatum</i>
<i>Helianthemum racemosum</i>
<i>Herniaria fontanesii</i>
<i>Juniperus oxycedrus subsp. Rufescens</i>
<i>Lavatera maritima</i>
<i>Legoussia falcata</i>
<i>Leontondon hispidulus</i>
<i>Linum corymbiferum</i>
<i>Lithospermum apulum</i>

Espèce
<i>Lithospermum arvens</i>
<i>Micropus bombycinus</i>
<i>Melica major</i>
<i>Melilotus sulcata</i>
<i>Nepeta multibracteata</i>
<i>Odontites purpurea</i>
<i>Olea europaea subsp. Silvestris</i>
<i>Onobrychis alba</i>
<i>Origanum glandulosum</i>
<i>Origanum hirtum</i>
<i>Ornithogallum umbellatum</i>
<i>Phillyrea angustifolia subsp. Latifolia</i>
<i>Quercus faginea subsp. Tlemcenensis</i>
<i>Quercus ilex subsp. Rotundifoliae</i>
<i>Reseda phyteuma subsp. Phyteuma</i>
<i>Rhamnus alternus subsp. Alternus</i>
<i>Rhamnus lycioides subsp oleoides</i>
<i>Rosmarinus tournefortii</i>
<i>Rubia laevis</i>
<i>Satureja rotundifolia</i>
<i>Satureja vulgaris</i>
<i>Scabiosa stellata</i>
<i>Scolymus grandiflorus</i>
<i>Solenanthus lanatus</i>
<i>Tetragonolobus purpureus</i>
<i>Teucrium pseudoscorodonia</i>
<i>Teucrium pseudochamephitys</i>
<i>Thlapsi perfoliatum</i>
<i>Thymelea nitida</i>
<i>Thymelea virgata</i>
<i>Thymus ciliatus</i>
<i>Thymus ciliatus subsp. Alaternus</i>
<i>Thymus munbyanus</i>
<i>Tuberaria vulgaris</i>
<i>Ulex boivin</i>
<i>Urginea maritima</i>
<i>Vaccaria pyramidala</i>
<i>Vella annus</i>
<i>Virbumum tinus</i>
<i>Viola silvestris</i>

Liste des fastas

A

Adenocarpus decorticans

>gi|18028571|gb|AF330646.1| *Adenocarpus decorticans* from Morocco internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAGCCTCACAAAGCAGTGCACCCCGTGAATTTGTTGACTACTCAGGGGTGGCTGGAGGTGTTTCGGC
ACCTCGGTCCCCCTCGTGTCTGGGAGGCGCCCGCCCGCGTGGTCTCCTCCTGGCCCAATAACAAAACCC
CGGCGCCGAACGCGCCAAGGAAATTGAAATTGTTCAAGTGCGCCCGTGGCCCGGAGACGGTGCCTGTG
CGGGAGGCGTTGCGACACTCGTATCCGAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAA
GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
TTGCGCCCGAAGCCATTAGGCTGAGGGCAGCCTGGGTGTTGCACATCGTTGCCCAAGTGCCTTGG
CCACGTGCTAGGCACCGAGCGGGGCGAAAGTTGGCTTCCCGGAGCAGCGTCTCACGGTGGTTGAAAAC
TGAGTCCGCGTGGAGGGCGCCGTGATGGATGGTGGCTGAGTTAAAGCTCGAGACCGATCGTGCCTGTCA
CCCCACCAGCTTTGCGACTCTGTGACCCATGGGGGCTGTTGGCCGCTAAGACGGGA

Adenocarpus bacquei

>gi|18028565|gb|AF330640.1| *Adenocarpus bacquei* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

GCGAAGCATCACAAAGCAGTGCACCCCGTGAATTTGTTGACTACTCAGGGGTGGCTGGAGGTGTTTCGGC
ACCTCGGTCCCCCTCGTGTCTGGGAGGTGCCCGCCCGAGCGTGGTCTCCTCCTGGCCCAATAACAAAACCC
CGGCGCCGAACGCGCCAAGGAAATTGAAATTGTTCAAGTGCGCCCGTGGCCCGGAGACGGTGCCTGTG
CGGGTGGCGTTGCGACACTCGTATCCGAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAA
GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
TTGCGCCCGAAGCCATTAGGCTGAGGGCAGCCTGGGTGTTGCACATCGTTGCCCAAGTGCCTTGG
CCACGTGCTAGGCATCGAGCGGGGCGAAATGTTGGCTTCCCGGAGCAGCGTCTCACGGTGGTTGAAAAT
TGAGTCCGCGTGGAGGGCGCCGTGATGGATGGTGGCTGAGTTAAAGCTCGAGACCGATCGTGCCTGTCA
CCCCACCAGCTTTGCGACTCTGTGACCCATGGGGGCTGTTGGCCGCTAAGACGGGA

Adonis annua

>gi|379040732|gb|JN895412.1| *Adonis annua* isolate NMW3967 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

ATATACTAATACCCTATCCTATCCATCTGGAACATTTGGTTCAAACCCCTTCGCTGTTGGATACAAGATGC
CCCCCTTTTACACTTATTGAGATTCTTCTCTACAAGTATCATAAATTGGAATAGTCGATTACTCAAAAA
ACAAAAATGACTTTCTTTTTCAAAAGAGAATCAAAGATTTTCTGTTCTATATAAATTTTATGTAT
ATGAATTGGAATCCATATTAGTTTATCTCCGTAACAATCTTCTCATTTACGATCAACATCTTCTAGAAC
TTTTCTTGATCGAACACATTTTTATGCAAAAATAGAACATTTTTAGTCGTTTTTGGTAATGATTTTCAT
ACTAACCCACGGTGTTCGAAGGATCCTTTCGTGCATTATTCAGATATCAAGGAAAATCCATTTTGTCTT
CAAAAGGAACCTCCCTTCTGATGAAGAAAATGGAATATTACCTTGTAATTTATGGGAATGTTATTTTAA
CTTTTGGTCTCAACCGGATAGGATTCATATAAACCAATTTATCCAACAATTTTATTGATTTTCTGGGCTAT
CTTTCAAACGTACGACCAAACCTTCAGTGGTAAGAAGTCAAATGTTAGAAAATTTATTTATTATAGATA
TTGCTATTAATAAGTTGATACATAGTCCCAATTTCTTTGATTGGATCATTGGCTAAAGCTAAATTT
TTGTGACTTACAGGACATCCCGTTAGTAAGCCGACTTGGGCCGATTTCATCAGATTCTGATATTCAAT
AGATTTGGTTCGGATATGCAGAAATGTTTCGCATTATTACAGCGGATCCTCAAAAAAAAAAGACTT

Aegilops triuncialis

>gi|296248614|gb|GQ250568.1| *Aegilops triuncialis* isolate REF1 ndhF-rpl32 intergenic spacer, partial sequence; ribosomal protein L32 (rpl32) gene, complete cds; and rpl32-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TTATCTCATTGAAATAAATAAAAATTAAGAAATGGGTTTAGTTGGTTAAATTAATAAAAAAGTAAATAAAATAA
CTTCGTACCTAGTTATTTTATTAATAAATAAAGATATTTATAAAAAAAAAAAGTGAATCATTTTACT
TTCTATTATAATTCATTTTTATTTCTTTAAAACAAGATGAAACAGCTCTTGTTCATAATTAAC
TGATTGAGTGAATCCAATGAAAACCTATGTTTATAAGAAATATCGAATAGTCTTACTTCATATAGAA
CTAAAACTAATGACTATAAATACCTAAGTTTGAAGTGTCTTGTAAAGAGACTCAGTATTTTTGT
TTTGTATGGAATCTTCTTTATGGAATACCTTGAACCTAATTAACATTTTTCATTTTCCCTCT
TTTTATCCCCCGTCTTATCTTATATGGGGGATAGGCTTCCATACCATATATCTATATATGGAGTATACT
TGATATATAAATAGATATAAATAGATTTAAATGAGAAACCTTCTATATATTCTATATTATAAAAAACA
AGTATAAATAATATAAAGAAAAAATGTTAAAAAATCTTGTGTCTTATCCGCATTAGACAAAAATGAAGT
AAAAAATAATCAAAAATTAAGTATCTTTCAGTATCTAAGTATAAATACTAATAAAAAAGAAAGAAAG
ATTGATTTGCAGCAATAGATGTTTTCACATACACTAGAAAAAAGTAATTTCCCTTTTTGAAATGCCATTT
CCAAAAAACGTAATCAATGTCAAAAAAGCGTATTCGTAATAATTTGGAAGAAAAAGACTTATTTTT
CCATAGTACAACTTATCTTTAGTAAAAATCAAGATCATTTCGAGCGGTAATGAGCATCCAAAACAAA
GGGTTTTTCTGGGCAACAACAATAAAGATTTTGAATAAATGAAATGACTTATCAAAAAAGAATTT
CCAATATTTAATAAATTTGATTCTCTTTGAAATGACTTTTATGTGTGCAATTAAGTACCGTACAATATTC
TTAGAACAACAAAAACCCCTTATCTTATATATAACAAGAAAAAAGTTTTGTTTGGTATACTGTGTGCTA
AGTATCTTTTCTATCAATGAACCTTTTCATAATTTTCATAATAGAATATGAGGATTTCTATTATGAAAAT
TATGAAAAGTGGAGTATTCTTACAATAGGACTTACAACCTCCACCTATCTTCTCAAAAATCATAAGGTTA
GTAATCTTATTAATAAAGAGCATAAAGACTTTCATCTAGAAAATTTTTAAAAAATCCAAAAAGCCTTTTC
TATTTATCCATTTAATTTTCATCAATTAATAGAAACCCTTTTGGATTTTTTTCATTGTATTGAAAGAATT
TTCAAAATGTAACGAGAAATTAATTAGAAAAAATAGTTCTATAATTGCAAGTAGAAAAAAGAAAGTCC

Aegilops ventricosa

>gi|156630221|gb|EU096545.1| *Aegilops ventricosa* avenin-like protein gene, complete cds

ATGAAGGTCTTCATCTGGCTCTCCTGCCCCTCGCAGCAACCACCGCATTGCCAGTTGGAAACCACAT
GTAGCCAGGGCTTTGGACAATCCCAACAACAACAACACCTGGTCAACGACAGTTGCTGGAGCAGATGAA
GCCGTGTGTGGCATTCTGCAACAAAAGTGTAGCCACTGAGAATGCCATTCTCCAGACGCAAGTTCGAG
CAACTTAGCAGCTGCCAGATCTGCAACACCAATGCTGCCAGCAGTTGGCGCAGATCCAGAGCGAACCC
GGTGCACGCCATCCACATCGTGGTAGAGGCTATCATTAACAACAATCCCAACAACAATGGCAGGAGCC
CCAACAGCAAGCACAACATAAGAGCATGAGGATGTTGCTTGGAGAACCTATCATTGATGTGCAACTCTAC
GTCCCGGTACAATGCCAGCAGCAACAACAACACTGGGGCAACAACAACAACAGTTGCAGGAGCAGTTGA

CACCGTGCACGACATTCCTGCAACAGCAGTGTAGCCAGTGACAGTGCCATTCCCCAGATACCGGTGGA
TCAGCCTACCAGCTGCCAAAATGTGCAGCACCAATGTTGCCGACAGCTATCACAGATCCCGGAGCAATTC
CGTTGCCAAGCCATCCACAATGTGGCTGAGGCTATTAGGCAACAACAACCCCAACAACAATGGCAGGGTA
TGTACCAGCAGCCAGCACAACCTTGAGAGCATCAGGATGTCGCTTCAGGCCCTGCGGTGATGTGTAGCAT
CTACATCCCGGTACAATGCCCGCCCCACCCTACAACATTCCCATGGTGGCTACACTGGGTGGTGCG
TGCTAG

Aira cupaniana

>gi|108863271|gb|DQ631508.1| Aira cupaniana trnT-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
GGTATAGTATAGGAAATCCATAAAATCTCAGATCTTAGTATTAATCTTAGCTATTAACACTAGTTCTAAATT
TAAAATTCTACTTAATACTTATAAAAAATTAATAAATAATAAACTTATTACCGATAAAGTTAGCTTGAT
ATGCTTAAGCTAGAAGATATCTTTAAATAAAAATATAGAATTTATTGAACCTTCTTTTTATTCTCTAATT
CTAAAATTGCATTTTTCTATTTCTATATAGAATTTATTCCAATTTCTATAATGGAATTGAATTCAAAATA
TTTTCAATTTGATATGGCTCGGACGAATAATCTAATACCTAGAAAAGAATAATATATATAGGAAAAGATAT
AATAAAGAGAAAATACAAAATTTATGGCCTTTTCTTCGGAGATTATCTACTTTTTTTTTAAAGATCTTTTT
TTATTTATTAATAATTGGAGAATTCCTATTTCCCTAAGGAGAACGTAGAGTCAATAACAAATAAAAATGGCT
AATTCTGATTAGCAAAAAATTAATATTAAGCGTTATAGTATGATTTTGAATACTCTAAAAAAATAATAAA
GGAGGTGGGGTAGAGAAAACCTTTGGATATATTTGATTCGGATTGAATTGCAAAATACATCAACGATACAA
TCAATTCAATTCTGAATTGCAATAAGCAAGCGGGTCTCTCAATAGAGTCAACTGCTAGACTACGTCG
AGTGATGAATCAATGATAAAAAAACTATGGATGAAA

Allium nigrum

>gi|66820017|gb|AY970935.1| Allium nigrum clone ANTa21, genomic sequence
CGAGATAATTGATCTTTTGTTTTAATTTAATTGTGTGTAATTTATAAAGAGTTATAAATTACTGAATATT
TTATTTATTTAAATTTGATTAATAAAGTGGAGTTAATTAATTTGCAAAAATATTTGATATTTATGCA
ATTTAATTTAAAAGGGTAATTAATTAATTTGATTAATTTAGTTGAATTTTGTTTTTGCATGCAAAAT
GTTTTGCCAATGTGTGACTTGTATTGTTAACTAAATAAGATTTAGTTGGAACAAATAAACATTAGC
CTTCATATGTAGCCTTAGCTATTTAATTAATAGGCTAGGAAGCCCATTAGTGGGCTAAAGGGGTATATG
CCTATATATACACCTTATGTTGCTCATATGAAGGTTGCACAAAACCTAAAACAAAATAGAGAAAAGGGGG
TCAAACCCTAACCTAACCTAGAAAATAAACCTAGCCTTACCCCAAAAATTTAAGAACAACAATTAGG
TTTTTGCATACTTCAAGAAGACTAGAAATCTTTGAAGGAAGAGGAAGGTCTCAATTCTCACACAAGGTA
TTCTTAAGAGGCACAATAACAAATAAGGTACTTGATCTATTTTTGATTTTGTGGGATTGATTAATGTTG
TGTATAATCTCTGAATTCAACTGTTAATAATCTTGGCTTAGATCTATCATGTTATATACTATATAT
AT
ATATATACAANN
NN
ATACAATAC
GTAAGTTATGTAGTGTAGTTGCTTTTGGAACTTAATAAAGCGGCCTACCAACAAGAATACTAAACA
ACAAATGAACCGCATGTAAAATCACTGTTTTAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
TTAAAATCAATTAAGTAGAAAACCTAGAAATTTTTTGAACTACACCCTAGCTTCCGCTGCGCCTAGCC
CTATCG

Allium roseum

>gi|322227678|gb|GU388392.1| Allium roseum haplotype 1 trnA-Thr (trnT) gene, partial sequence; trnT-rps4 intergenic spacer, complete
sequence; and ribosomal protein S4 (rps4) gene, partial cds; chloroplast
CGTTTCGATTCCGATAGCCGGCTTTTTCTCTATTGATTTCCATAATTGAGAATCTCTCCCTCCATTT
CTCCAAACGTTGAGTCACTAATCTATAATCTATTATGTCATGGTAATTAATAAAAAAGTTGATTAGATCC
AATTAGATTTATATTTATATATAATAAATCATAAAACAGAGCCTTAATCTTCTTCCATAATATACA
ACAAAATATATGATATTAACACAATACATTCTATTCTATTGTAATATTTCATAGATTTCGCTTTGC
TTTATTTATCCTTTAGTTTAGTTCAGTCTTAATTTTGTATTCTTCTGTAAAATGAATAAAAATTTCAATA
AATAAAAAGGAGTCTTACTTTATGTCTGTTACCGAGGACCTCGTTTCAAAAAAATACGCCGCTGCGGG
GCTTTACCGGATTAACATAAAAGACCTAGATC

Allium triquetrum

>gi|74231220|gb|DQ137847.1| Allium triquetrum agglutinin (ATA1) mRNA, complete cds
ACACAGAAACATACAATTGCTAAAAAACAACAACAATGGCCTATTTCAGTAACTTGTAACCTAATAATGGT
ATGCACAGTAGGCGCAATACTAAGCGTTCTAACGGCAACCTGCATGGGCAGAAAACATACTTCTGAACGGA
GAAGGGCTGTACGCGGGCCAGTCATTGGAGGAAGGGCCCTACAGACTCGCAATGCAGGATGACTGCAACC
TCGTGCTCTATGATGAGTACAGCAGACCTGTTTGGGCCTCCAACACGGGCGTAACGGGCCGCAACGGGTG
CAGGGCTGTGATGCAGGCCGATGGAAAATTCGTGTTTATGACTCAAAACAGCCGCGCTGTTTGGGCTAGC
AACAGTAGAAAAGGTAACGGGAATTACATTTTGGTGTCCAGAAAAGATAGGAATGCTGTTATTTATGGAA
GTGATATATGGTCCACGGGTACCTACAGAAGAGGTGTGGGTGGATCCGTTGTTACCGCCATGAACGGCAC
CGTTGATGCAGGCTTTGCTGTGAAGAATGTGACTACGGCTGCCGTGGGAGATGTTGCTATTGCTTGAATT
TGGAAATGAGTTTAAATTTATGAATAAAGTGTGATGAGGGTCTCATCATGCTCTTCTGCTATGTTGATG
GTTTCTTTATTTATCTTATGAATCTACCTTGTTTTCACTATCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Alyssum campestre

>gi|74231220|gb|DQ137847.1| Allium triquetrum agglutinin (ATA1) mRNA, complete cds
ACACAGAAACATACAATTGCTAAAAAACAACAACAATGGCCTATTTCAGTAACTTGTAACCTAATAATGGT
ATGCACAGTAGGCGCAATACTAAGCGTTCTAACGGCAACCTGCATGGGCAGAAAACATACTTCTGAACGGA
GAAGGGCTGTACGCGGGCCAGTCATTGGAGGAAGGGCCCTACAGACTCGCAATGCAGGATGACTGCAACC
TCGTGCTCTATGATGAGTACAGCAGACCTGTTTGGGCCTCCAACACGGGCGTAACGGGCCGCAACGGGTG
CAGGGCTGTGATGCAGGCCGATGGAAAATTCGTGTTTATGACTCAAAACAGCCGCGCTGTTTGGGCTAGC
AACAGTAGAAAAGGTAACGGGAATTACATTTTGGTGTCCAGAAAAGATAGGAATGCTGTTATTTATGGAA
GTGATATATGGTCCACGGGTACCTACAGAAGAGGTGTGGGTGGATCCGTTGTTACCGCCATGAACGGCAC
CGTTGATGCAGGCTTTGCTGTGAAGAATGTGACTACGGCTGCCGTGGGAGATGTTGCTATTGCTTGAATT
TGGAAATGAGTTTAAATTTATGAATAAAGTGTGATGAGGGTCTCATCATGCTCTTCTGCTATGTTGATG
GTTTCTTTATTTATCTTATGAATCTACCTTGTTTTCACTATCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Alyssum granatense

>gi|525677203|gb|KF022880.1| *Alyssum granatense* isolate T032 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
TACCTATTTACTCGGGGTTGGGCTTCTACTTTTCCGACAGCAACAAAAACCTTAGACGTATGGGGAC
TTTTCTAGTATTTTTTTTTAAGTATAGTTATGATCTTTTCATTCTATCTATCTATTCAACAAATTTT
ATAAGTTGCATTCATCAAACTGTATGGTCTTGGACCATAAAATAATGAATTTCTTTTGGAGTTTGGTACT
TTATTGATCCACTTACTTCTATTATGTTAATATTAATTACAACCTGTTGGAATTTTGGTCTGATTTATAG
TGACAATATATGTCTCATGATCAAGGATATCTGCGGTTTTTGGCTTATATGGGTTTTTTAATACTTCA
ATGTTAGGATTAGTGACTAGTTCTAATTTGCTCCAAATTAATTTTTTGGGAATTAGTTGGAATGTGTT
CGTATTTATTAATAGGTTTTTGGTTCACACGACCTATTGCCGGAATGCTTGTCAAAAAGCTTTTGTAA
TAATCGTGTAGGGGATTTTGGTATTATTAGGAATTTTGGTCTTTTTTGGATAACTGGCAGTTTTGAA
TTTCAGGATTTATTCGAAATATAAATAATGTAATTTTAAATAATAGAGTAAATCTTTTATTCCTTACTT
TGTGTGCATTTCTATTATTGTGGTCCGATTGCTAAATCCGCACAATTTCTCTTTCATGTATGGTTACC
TGATGCCATGGAGGGCCCTACTCCAATTTCCGGCTTTATACATGCTGCTACTATGGTAGCGCGGGAATT
TTTCTGTAGCTCGTCTTCTTCTCTTTTTATAGTTATCCCTTCTATAATGTATATAATTTCTTTGATAG
GTTTAAACAGTACTCTTAGGAGCCACTTAGCTCTTGCTCAAAAAGACATTAAGAGAGGTTTAGCCTA
TNN
NATTTGATTACTCATTTATTTCGAAAGCGTTATTGTTTTTAGGACTCTGGATCCATTATTCTTCAATGG
AAGCTGTAGTTGGATATTTCCCGATAAAAGTCAGAATATGATTCTTATGGGCGGTTTGACAAAACATGT
GCCGATTACAAAACGGCCTTTTAGTAGGAACACTTCTCTTGTGGTATTCCTCCCTTGCTGTTTT
TGGTCTAAAGATGAAATTTAATGATAGTTTGTGTTTTGCGCAATTTTTGCAATAATAGCTTATTTAA
CTGCGGGATTAACCGATTTATATGTTTCGGATTTATTACTTCTTTGAAGGACATTTAAACACTTA
TTTTATAAATTACAGTGGAAAAAAGTAGCTCTTGTATTCAATTTCTTTATGGGGTAAAGAAAGAAAA
AAAAAATTGAATAGAAATTTGGGTTAGTACCATTATTAACAATGAATAATAGGAAAAGATCTTCTTTT
TTTGCAAGAAAACATATAAAATTAGTAATAATAAGCAATCAACGTTTATTACTGTTGAAAATTTGG
ACTTAACACAAGACTTTCTATTATCCCATGAATCAGACAATACTATTCTATTCCGATGCTTGTATTG
CTTTTATTACTTTGTTTTATTGGAGCCTTAGGAATTCGGTTCAATCAAGAAGGAATAGACTTTGATATAT
TATCAAAATTATTCACGCCATCAATAAACCTTTTGCATAACAATTCACAAAATTTGTAGATTGGGTTGA
ATTTTTAGAAATGCTACTTTTTCAAGTCAAGTATAGCTTTGTTTGGAAATTTTATAGCATACTGTTATAT
AAGCCTTTTTATTCACTTTTATAAATTTAACCTTACTTAATTCATTTCAAAAATGGAGTTATAAAAGAA
TTTGGTGCAAAAAGTATAAATTTTGTATATAAATTTGGTCTATAAATCGTGGTTATATAGATACTTTTT
TAAAACATCTTTAACTGAAAGTATAAGAGGATTAGCAAAAACAAACAACTTTTTTGATAAACGAATCATT
GATGGGATTACAAATGGAGTACGTATT

Alyssum serpyllifolium

>gi|154466584|gb|EF514623.1| *Alyssum serpyllifolium* isolate AL601 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
CAAAACACAACGACCCGTGAACGATCATCACCTCGGCCGCGGCTCTTAGCTGATTCCGTGCC
CGCTGGATCCGTGGTTTCGCGAATTGCTCCGATCTTGACCCGCGTCTTCGATCTGGGCTCGCGGTTGC
TTCCGGACTTAACAAAACCCGGCAGGAAAAGTGTCAAGGAACATGCAACTAAATGGCTACTCATCTGTG
GTCCTCGGAGACGGTGTGTCGCGGATGCTTAGTCGTAATAATAAAAGTCTAAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCG
TGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCAAGCCTTCTGGCCGAGGGCACGCTGCGCTGGTGT
CACAAATCGTCCCTCCATCCTCTCGAGGACTGCGGGACGGAAGCTGGTCTCCCGTGTGTTACCGCA
CGCGGTTGGCCAAAATCCGAGCCAAGGACGCCAGGAGCGTCTCGACATGCGGTGGTGA AAAACAAAGCCTC
TTCATATCGTCCGTCCGCTCTGTCGGGAGCTCTAGATGACCCAGAGTCTCAACGCGACCCCAAGTCA
G

Ampelodesmos mauritanica

>gi|51511874|gb|AY622885.1| *Ampelodesmos mauritanica* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast
GTTGGATTTCAAGCTGGTGTAAAGATTATAAATTGACTTACTACACCCCGGASTATGAAACCAAGGATA
CTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAGCCCGGGTTCCGCCGAAGAAGCGGGGCTGCAGT
AGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTTGGACTGATGGACTTACCAGTCTTGATCGTTAC
AAAGGACGATGCTATCACATCGAGCTGTGGTGGGGAAGACAGTCAATATATCGCTTATGTAGCTTATC
CATTAGACCTATTTGAAGAGGGTTCCGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTGGGTAACGTATTTGGTT
CAAAGCCCTACGTGCTCTACGTCTGGAGGATCTACGAATTCGCCCTACTTATCAAAAACATCTTCAAGGC
CCGCCTCATGGTATCCAAGTTGAAAGAGATAAGTTGAACAAGTATGGTCTGCTTTTATTGGGATGTA
TTAAACCAAAATTTGGGATTATCCGCAAAAATACCGTAGAGCGTGTATGAGTGTCTACGTGGTGGACT
TGATTTTACCAAGATGATGAAAACGTAAACTACAACCATTTATGCGCTGGAAGGACCGTTTTGTCTTT
TGTGCCGAAGCTCTTTATAAAGCACAGGCCGAAACCGGTGAAATCAAGGGCATTACTTGAATGCGACTG
CAGGTACATGCGAAGAAATGATTAAGAGAGCTGTATTGCGAGGGAATTAGGGGTTCTATTGTAATGCA
TGACTACTTAACTGGGGATTCACCGAAATACTACTTTGGTCTATTATGCCGCGACAATGGCCTACTT
CTTCACATCACCGTGCATGCATGCAGTTATTGATAGACAGAAAAATCACGGTATGCATTTCCGTGAT
TAGCTAAAGCATTGCGTATGCTGGGGGAGATCATCCACGCCGGTACAGTAGTAGGTAAGTTAGAAGG
GGAACGCGAAATGACTTTAGGTTTTGTTGATTATTGCGCGATGATTTTATTGAAAAAGATCTGTCGCG
GGTATCTTTTCACTCAGGACTGGGTATCCATGCCAGGTGTTATACCGGTGGCTTCAGGTGGTATTCATG
TTTGGCATATGCCAGCTCTGACCAGAAATCTTTGGGGATGATTCGGTATTACAATTTGGTGGAGAACTTT
AGGACATCCTTGGGGAATGCACCTGGTGCAGCAGCTAATCGAGTGGCTTTAGAAGCTTGTGTACAAGCT
CGTAACGAAGGGCGGATCTTGCTCGTGAAGGTAATGAAATTATCCGAGCAGCTTGCAAATGGAGTCTNTG

Anacyclus clavatus

>gi|182410739|gb|EU531594.1| *Anacyclus clavatus* isolate assem33.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
AAGGGAAGATTTCCGAGACTTTGCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCAGGGCGGTCAGTGATTGTCGTGG
GCCCTTCGCTTTCATTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATAGCAATAGAACTTTCCAGGCATTTGT
AATTCGTGACCTAATAGAAAACATCTTGTCTTCAACATCGGAGTTGCTAAAAGTCAAAATTCGAAAAAAA
AAACCGATTGTATGGGAAATCAAGAAATCTGGATGACCATCTGCTTGGCTGAATAGAGCGCCTA
CTCTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCTGCCATTTTGTAGTGAAGGGCGCGCTATTTGTTTACATCC

ATTAGTTTGTAAAGGGCTTCAATGCAGACTTTGACGGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTGCCTTTATCTTTG
GAGGCTCAAGCGGAGGCACGTTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTTTTGTCTCCAACCTATTGGAGATC
CCATTTCTGCACCAACTCAAG

Anagallis arvensis subsp. phoenicea

>gi|6424747|gb|AF130212.1| Anagallis arvensis NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

GATAATACCTTTTGTCCACTTCCAGTTCCTGTATTAATAGGAGTGGGACTTATTCCTTTTTCCAAGCGCA
ACAAAAAAGCTTCGTCGTGTGGGCTTTAAAGAGTGTTTTATTGTTAAGTATAGCCATGATTTTTTCGA
TAAATTTATCTATTACGCAAATAAATAACAGTTACGTATATCAATATGTATGGTCTTGGATCATCACTAA
TGATTTTTCTTTAGAACTCGGTTATTTAATCGATCCACTTACGTCTATTATGTTAATATTAATTACTACA
GTTGGAATTATGGTTCGATTTATAGTGATAATTACATGTCTCATGACCAAGGATATTGAGATTTTTTG
CTTATATGAGTTTTTTAGTACTTCCATGTTAGGATTAGTTACGAGTTCGAATTTGATACAAAATTTATAT
TTTTGGGAATTAGTTGGAATGTGTTCTGTATCTATTAATAGGTTTTTGGTTTTATGCGGCCTGTGCA
AATGCTTGCAGAAAGGCGTTTGTAACTAATCGAGTAGGAGATTTTTGGTTTTATTATTAGGAATTTTAGGTT
TTTATTGGATAACAGGTAGTTTCGAATTTCCGGGATATGTTTGAACACTCAAAAACCTCATTCTAATAA
TGAGGTCAATGATATTATTTGTTATTTTTGTGCTGTTCTAGTATTTGCTGGTGAATTTGCTAAATCTGCA
CAATTTGAGGGACATTTAAACGTTTATTTTAAAAAATTATACGGCAAAAATAAGTACTCATTCAATTTCTC
CTGCTACTATGGTAGCCGCTGGCATCTTCTGTAGCTCGGCTTCTCTCTTTTACAAGTTATACCTTA
TATAATGAATTTTATTCTTTTCATAGGGATAATAACAGTATTTTTAGGAGCTACTTTGGCTCTTGCTCAA
AAAGACATTAAGAGAGGTTTAGCCTATTCGACCATGTCTCAATTTGGGATATATGATGTTAGCTTAGGCA
TGGGCTTATTCGAAGCTTTTATTTCATTTAATTAATCATGCTTATTCCAAAGCATTATTAATTTTAGG
ATCTGGATCTGTTATTCATGCAATGGAACCTGTTGTTGGATACTCTCTGAAAAAAGTCAAAAATATGGCT
CTTATGGGAGGTTTAAACAAACATGTACCAATTACAAAACTTCTTTTTTATTAGGTACATTATCTCTTT
GCGGTATTCACCCCTTGCTTGTTTTTGGTCCAAAGATGAGATTCTTAACGATACCTGGTTGATTCACC
TATTTTTGCATTAATAGCTTGGTTCACAGCAGGATTAACCGCATTTTATGTTTCGGATTTATTTACTT
ACTTTTGAAGGACATTTAAACGTTTATTTTAAAAAATTATACGGCAAAAATAAGTACTCATTCAATTTCTC
TGTGGGGTAAAGGAAATTCAAAAAGAAAAAGCAGAATTTTTTTTAAATGAATAATAATGAAAGTACTTT
TTTGAAAAAAAGAGATATATCGAATTGATGAGAATGTAAAAGAGATGACACGACCTTTTATTACAATT
TCTTTTATGGGTAATAAAAACCGAGTACTCATATCCTTATGAATCGGATAATACTATGTTATTTCTCTAC
TTGTACTGTTCTTATTTACTTTCATGCGTTGGATTATCAGGAATTTCCCTTCAACCAAGAAGGAATGGATT
GGATATTTTATCACAATGGTTAACTCCTTCAATAAATCTGTTACATCAAAAATTCGAAAAATTTCTATGGAT
TGGTCTGAATTTGGAAAAGATGCAATTTTTTCAGTTAGTATAGCTTATTGCGGAATATTTTAGCTCTGT
TTTTATATAAACCTGTTTATTCGCTTTCCAAAACTGGATTTTATTAATTCATTTGTTAAAAAGTGGAT
GAAAAGAAAATTTGGGGATAAAAATGAAAAATCATATATAAATTGGTCAGATAGCTGTTGTTATTTGAT
GCTTTTTATGCAAGATCTTTAACTAGTAGTATAAGAGGATTGGCTGATTTAACTGATTTTTTTGATAGAC
GAGTAATTGATGGAATTACGAATGGAGTTGGTATTCTAAGTTTCTTCTAGGAGAAAGCATCAAAATATCT
AGGGGGTGGACGCATCTCATCTTATCTTTTATTTTATTTATCTTATGATTAATCTTTTTGTTAATTGCT
TACTTTAA

Anagallis foetida

>gi|588283787|gb|KJ04318.1| Anagallis foetida internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAGCCTAACAAAGCAGTGCAGCCGCGAATTTGTTTACTACTCAGGGGAGGCCAGAGGTGCTTGGC
ACCTCGGTCCCCTTGTGTGCGAGGTGCCCTCTTGTGTGGGTCTCTCTGGCCTAACAAACAAAACC
CCGGCCCGAATGCGCCAAGGAAATCAAGATTGTCTAGTCCGTCCTTGGCACCAGGAGCGGTGTCGG
TGCGGGCGGCGTTGTGACACACATATCCCAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATG
AAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAAGATCCCGTGAACCATCGAGTCTGTAACGCA
AGTTGCGCCGACGCCATCAGGTGCGAGGGCACGCCTGCTGGGTGTCGCACATCGTTGCCCCCAATTCCT
CAGCCTCGTCTAGGCTTTGAGCGGGGCGAATGTTGGCTCCCGCAGCAAGGTCTCAGGTTGGTTGAA
AAATTGAGTCCCTGGTGGAGGGCCGCGATGGATGGTGGTTGAGTAGAAGCTCGAGACCGATCGTGGCG
GTCACTCGTGCCGAATTTGGGAC

Anarrhinum fruticosum

>gi|33324863|gb|AF513881.1| Anarrhinum fruticosum 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

AAGGTTTCGTTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCTGAAAACCTGCAAAGCAGACCCGCAACGTGTGT
TTAACCAACGGGGGGCGCCGAGGGCAGGGCGACCGAGCCTCGTCCCCCYGCCGCCCGTCCGACGCTCG
CGTCTGTTCCGGCAACGAACCCGCGCGGCGACGCGCAAGGAAAACGAAATAAGAAGCTCCGTCCTCC
GCTGCCCTGTCGGGGAGCCTGCGGGGGAACGCGACCTCTTGAATGTCAAAAACGACTCTCGGCAAC
GGATATCTCGGCTCTCGATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCC
GTGAACCATCGAGTCTTTGAAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCTGGGGC
TCACGCATCGCTGCCCCCTCCCCATCCCCGCGGGAACGGCGGGACGGGGCGGAGATTGGCTCCCCG
TGAGCGGAGCTCGCGGCCGGCCAAATTTCGATCCCGCTCGACGGATGTCACGACAGTGGTGGTTGGA
ACATCAACTCGCGTGTCTGCTGCGGCTCCTCGTCTCGCCGGCATCGTCTGAGACCCAACGGCGCCT
AACGGCTCCTTCGACCCGACCCAGGTCAGGGGGACTA

Androsace maxima

>gi|30526282|gb|AY275100.1| Androsace maxima isolate 2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAACCTGCATGGCAGAACGACCCGCGAACTTGTTTCCAACCCGGAGAGGCATCTCGGTGCTTCCCCG
TGGCAAAGGGCGTGGCCCGTCTCACGGTTCGCGGCAAGCATCTCGGCAAAACACGAACCCCGGC
GCGGACCCGCGCAAGGAAATCTAACAAAAGAGATCGCGCAACTCGCTCCCGTTTCGCGGGCTGCGAGTGGC
GTCAGAATCTTGCATATAACAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACG
TAGCAAAATCGGATACTTGGTGTGAATTGCAAGATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCG
CCCCAAGCCATTAGCCGAGGGCACGTCTGCTGGGCTCTCACAATGCGTGCACACCCCAACCCGCTT
AGCGATGTTGCGGAGCGGATATTGGCTCCCCGCTACGCGAGTGGGGCGTTCGGCTTAAAAACGAGCC
CGATGACCGACGCTCTCGGCAAGTGGTGGTTGTCAAAACTGTTGCGTGTGTTGCTTGTGACGCTCGGTCTCAT

ACCGGTTGGCTCCTTGACCTGACGGTCCATTCCTGGGTGGATCTTCGATCGCGA

Anthemis punctata

>gi|25699677|emb|FM957779.1| Anthemis punctata partial ITS1 and ITS2, specimen voucher personal collection:C.Oberprieler:6771
TCGAACCTGCAAGACGAGAACCACCGCGAACACGTAACAAACAGAGCATCGAGTGAATTAAGGTTTGT
TTGATACACTCAAGTGTTCGTCGATGTGCATTTACTTTTGTCTTTTTGACATGGTGAATGTTTCATAGG
CGGCAATAACCAACCCCGGCACAATGCGTGCCAAGGAAAATAAACATAAGAAGGCTTGTTTTGTGTCGC
CCCGTTCCGCGGTGTGCTCATGAGACGTGGCTTCTTTATAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
ATCGCGTCGCCCAACAAATACTGTTGGGGGCGGATATTGGTCTCCCGTGCTCATGGTGTGGTTGGCC
AAAATAGGAGTCCCTTCGATGGATGCACGAAGTGTGGTGGATCTAAAACCCCTCGTCTTTGTTCTGTG
TTTGTGCAAGGATAAACTCTTGAATACCCAATGTGTTGTCTTCTGATGACGCTTCGACC

Anthyllis montana

>gi|19572711|emb|AJ315505.1| Anthyllis montana 5.8S rRNA gene, internal transcribed spacer 1 (ITS1) and internal transcribed spacer 2 (ITS2),
country Italy:Abuzzi
TCGTATCCTTACAAACAGACCAACTGTGAACTGTTTGAATATTTGGGTTGGCTTGTGGTGGTGTATTCC
GCCTCAACCTCCTACGCGTTAGGGGAGACCACCGTGTGCGTCTTCTTAATGTTATAACAAACCCCGG
CGTTAATGCGTCAAGGAATTGAAATTGTTCAATGCCCTCCAGCCAGCCCGGAGACGGTGTGTTGTGCTGG
AGGTGCCATGACACATATTACATAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGA
ACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTT
GCGCCCGAAGCCATTAGGCAGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACACATCGTTGCCCTACTCCAACCGC
TTCGTGCTGCTTGGTGTGTCGGGTGCATGCTGACATCCCGTGAGCTATGCCTCACGGTTTGTGAAAATT
GAGTCCATGGCAGGGTATCCATGATGGATGGTGGTGTGAGTAATTTCTAAACCATTGTTGGAAAGCTTT
ATCGTGGCTGGGCTAGTATCCACATGCGTTTAATTGGCCTCACAAATGA

Anthyllis tetraphylla

>gi|7341114|gb|AF18498.1| Anthyllis tetraphylla internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence
TCGTATCCTTGCAAAACAATCCAACCTGTAACTGTTTGGACTATTTGGGTAGTGCTTGTGGTGTATCCC
ACCGCAAAACTCCCATGCTAGGGGAACTACAATGTGTGTTTCCCTCTAATAAATAACAAACACCCGGC
CTTGATGCGTCAAGGAATTGAAATTGTTCAACGCGCACTTGTGCGCCCGGAGTCCGGTGTGCGAGG
ATTTGCCATGACACATTTACATAAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGA
ACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTT
GCGCCCGAAGCCATTAGGTGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACACATCGTTGCCCTACTCCAACCGC
TTCGTGCTATACGCGTGGGGGTGAATGTTGGCCTCCCGTGAGTGTACTCTACGGTTGGTTGAAAATT
GAGTCCATGGTAGAGTATGCCATGATGGATGGTGGATGAGTAATTTCTGAGACCAATCATGGGAACTCT
ATCTTGCTTGGACTTATAGTAACCCCTATGCGTGTGCAACCACGCTCACAA

Anthyllis vulneraria

>gi|530328640|gb|KF379746.1| Anthyllis vulneraria clone Antvul_021803 microsatellite sequence
TCTTACTTTCTCACAAGAATGCTATCAACACACACACACACACACACAGGATTCTTGATACTGGCA
GGTCCAACACTGACAAACAAGACATGATCTATTTCACTCTGAATTTCCCTGCTTCTGATCAAGTAATA
ACACCAAGACCATAAGGTGTGATTACTGTTCTCAATGATGGGCTTGAATTTCTCACCCCAA

Arabis alpina

Trés longue séquence

Arabis auriculata

>gi|677278521|gb|KF547715.1| Arabis auriculata isolate RK074 tRNA-Leu (trnL) gene, intron; plastid
GACTTAATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAACCCTGG
AATTAACAATGGGCAATCCTGAGCAAATCTGGTTACGCGAACAAACCAGAGTTTAGAAAGCGAGAAA
AGAGGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTCACTACCTTGTATTGATCAA
ATGATTCATTCATAGTCTGATAGATCCTTGGTGGAACTATGAATCGGACGAGATAAAGATAGAGTCC
CATTCTACATGTCAATACTGACAACAATGAAATTTATAGTAAGATGA

Arabis verna

>gi|677278477|gb|KF547671.1| Arabis verna isolate vrn040 trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; plastid
ACTCTACTCCCAAAAAAGTCTGTTTGACACCTTACCCTTTTTTTTAGTTATTCAAGAATTCATTATCTT
TTTTATTATCCTACGCTTTTACAACTATAATTTGTTTTCTTATTATTATATACAAGTCTTGTTC
TTGTGGGATATATCATACAGTACAAATGAGAAAGAAATATAGATTGAATTTAGAAATCTATATCAT
TTTTATTTTAAAAATAGAAAGTCTTCTTTTCGAAGATCCAAGAAATCCCGGTTCAAACTTTTCTCA
TTTACTACTTTTGGCTTTCTTTAATTGACTTAATTGACATAGACCTAAGTCACTAGTAAAAATGAGAAT
GATACTTCGGTAATGGCCGGGATAGTCAAGTTGG

Arbutus unedo

>gi|7595373|gb|AF206853.1| Arbutus unedo 18S ribosomal RNA gene, complete sequence
TCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATGTGTAAGTATGAACTAATTCAGACTGTGAAACTGCGA
ATGGTCAATTAATCAGTTATAGTTTGTGTTGATGGTATCTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTCTAGAG
CTAATACGTCACAACAACCCCGACTTCTGGAAGGATGCATTTATTAGATAAAAAGGTGACGCGGGCTTT
GCTCGTTGCTCTGATGATTCATGATAACTCGACGGATCGCACGGCTTCTGTCGGCGGACGCATCATTCA
AATTTCTGCCCTATCAACTTTTCGATGGTAGGATAGTGGCTACTATGGTGGTACGCGGTGACGGAGAATT
AGGGTTCCGATTCCGGAGGGGAGCCGTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAAT
TACCAACTCTGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACAATACCAGGGCTATCGAGTCTGTAATTGG
AATGAGTACAATCTAAATCCCTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTA
TTCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAGTTGTTGAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTGGGTTGGGTC
GACCGTCCGCTTTCGGTGTGACCTGTCTGCTCTGCTTCTGCGGGCGATGCGCTCTCGGCTTAAAT
TGGCCGGTCTGCTGCTCGGCGCTGTTACTTTGAAGAAATTAGAGTGTCTCAAAGCAAGCCTCAGTATGG
ATACATTAGCATGGGATAACATCATAGGATTTTCGATCCTATTCTGTTGGCCTTCGGGATCGGAGTAATGA
TTAACAGGGACAGTCGGGGCATTCTGATTTTCATAGTCAGAGGTGAAATTTCTGGATTTATGAAAGACGA

ACAACTGCGAAAGCATTGGCCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTGGGGGCTCGAAGACGAT
CAGATACCGTCTAGTCTCAACCATAAACGATGCCGACCAGGGATCAGCGGATGTTACTTTTAGGACTCC
GCTGGCACCCTTATGAGAAAATCAAAAGTTTTGGTTCCGGGGGAGTATGGTCGCAAGGGCTTAAA
GGAATTGACGGAAGGGACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAACTTAC
CAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGACTGAGAGCTCTTCTTATTGATTCTATGGGTGGTGGTGCATGCC
CGTCTTAGTTGGTGGAGCGATTGTCTGGTTAATCCGTTAACGAACGAGACCTCAGCCTGCTAACTAG
CTATGTGGAGGTGACCCTCACAGCTAGCTTCTTAGAGGGACTATGGCCCTCAGGCCACGGAAGTTGA
GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCGCGCTACACTGATGATTCAACGA
GTTTATAGCCTTGGCCGACAGGCCGGGTAATCTTTGAAATTCATCGTGATGGGGATAGATCATTGCAA
TTGTTGGTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCGAGTCACTAGCTCGCGTTGACTACGTCCTCGCCT
TTGTACACACCGCCGTCGCTCCTACCGATTGAATGGTCCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGTGGG
CGGTTCCGCCGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTGAGAGGAAGGAGAGT

Arenaria aggregata

>gi|459666020|gb|JX645234.1| *Arenaria aggregata* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
GTACTGGATGAAAGATACCCCGTCTTTACATTTATTACGATTCTTTCTTTATGAGTATCATAATTTCCAAT
ACTATTATTATCAAAAAAAAAATTTGATTCAATTTTTATAAAAAGGAATCAAAAATTTTCTTGTCTTAT
ATAACTTTTATGTATGTGAATACGAATCCATTTCTTTTTTTTTTGGCAACCAATCCTCTCATTAAAGATC
AACATATTACAAAGCTCTTCTTGAACGCATTTATTTCTATGGAAAAATTAATCTTTTACTAAAGATTTT
AGCGTTATCTTATGGTTTTTCAAAGACCCCTCCCCCATCTGTTAGATATAAAGGAAAAATCCATTATGG
CCTTAAAGGGGACATCCTTTTTGATCCAGAAATGGAAATTTATCTTATTAATTTCTGGCAATGTTATTT
TTCTGTGTGGTACCAAGAAGAATATAATATCGATTATCAACCCATTTTTTTGACTTTTATGGGT
TTTTCTTCAAGTGTACAACCTCATTCTCCGTTGTACGGAATCAAATGTTAGAAAAATGCCTTTATAATCG
ATAATACGATTAAGCAGTTCGATCCAAAAATTTCAATTAGTCTCTGATCATATCGTTGGCGAAATCGAA
ATTTTGAACGATTAGGCGATCCTATTAGTAAGTCGATTTGGATCGATTTATCGGATTCTG

Arenaria grandiflora

>gi|224492446|emb|FM179533.1| *Arenaria grandiflora* microsatellite DNA, locus AGA1-175
ACACATGCTCTGGTCTTCACATACTCTGTTCGGACGATATATCTCTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
ATGATGATTATGACAATGATGATGATGAGGATGAGGATGTGTTACCCGAGGGTGGTGGTGGTGGTGGT
TGAGGTGGGTTTTAAAAGGGCGAAGACGGGTAAGTTTTGTTGGTAGAAGTCGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG

Arenaria serpyllifolia

>gi|607344964|gb|KJ204441.1| *Arenaria serpyllifolia* voucher G00199153 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
TTAAATTATGTCTTAGATATATTAATACCTTATCCTGCCCATCTAGAAATCCTGGTTCAAACACTTCGGT
ACTGGATGAAAGATGCCCGTCTTTACATTTATTACGATTCTTTATCAGTATCATAAATCCAATAC
TCTTATTATTCCAAAAAATTTGATTTCCATTTTTAGAAAAAGAATCAAAAATTTTCTTGTCTTATAT
AATTTTTATGTATGTGAATACGAATCCATTTCTTTTTTTTTTGGCAACCAATCTCTCATTAAAGATCAA
CATCTTACAAAGCTCTTCTTGAACGCATTTATTTCTATGGAAAAATGAAACATTTAGTTAATCTTTTGGAC
TAAAGATTTTAGCCTTATCTTATGGTTTTTCAAAGACCCCTCCCCCATCTGTTAGATATAAAGGAAAA
TCCATTATAGCCTCAAAGGGACATCCCTTTTATCCAGAAATGGAAATTTTATCTTATTCATTTCTGGC
AATGTTATTTTTCTGTGTGGTCTCAACCAAGAAGAATATAATTAATCGATTATCAACCCATTTCTTGA
CTTTATGGGTTTTCTTCAAGTGTACAACCTCATTCTCTGTTGGTACGGAATCAAATGTTAGAAAAATGCC
TTATAATCGATAATGATTAAGAAGTTCGATCCAAAAATTTCAATTAAGTCTCTGATCATATCGTTGG
CTAAAGCGAAATTTTGAACGATTGGGGCATCCTATTAGTAAGTCAATTTGGATCGATTTATCGGATTTA
TGATATTATTGATCGATTTGGTCTGATATGCGTAAATCTTTCTCATTATTATAGTGGCT

Arisarum vulgare

>gi|225728724|gb|EU886582.1| *Arisarum vulgare* tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K-like (matK) gene, complete
sequence; chloroplast

TTTACACATTTGGATGAAGCAACGAATTCGTCCAGACTTTTTGGTAGAGTCTATAAGACCACGACTGATCC
TGAAAGGTAATGAATGGAAAAATAGCATGTGCTATTATTAATTAGTAATGTAGAAGCTCAAGATAAG
AATGGATCATCCTTACTGGATCGGTACAAAACCTTGATTTAGGAAGGGGACAAAATGAATTCACATTTA
CCGTTTGGTTCGAGTGAATAAATGGATAGAGTTTTATGGTCCAAATCTAGGCAAGAAAAAGCGACGAGC
TTATGTTCTTAATTTGAATGTTTACCAGATCAATTAGACGTTAAAAATGGATTAGTGCCTGATACGGGA
AAGGGTCTTGTGTAGTGGATCATCAATCTTTTTTAAATGAATCCTAACTATTTCCATTATGATA
GGGTAGAGTGGAGATGGATGTGTAAGAAAGAGCATTCTGATAAAGAAATTTGATTCCAAAATCAAAG
AGCGATTGGGTTGAAAAATAAAGGATTTTTAACCTTTTCTTTTTCTGTTATGTTAACGAACATAAAACC
AATGGATCTGGAAGATAGGAAGAAAACTGGAGATTGGACTCTCAGTAACTTATTCTTACTGTATAAA
TACCTTATACATACTTGTCTGGCCATATCGCACTATGATCATTTGCTGATCCAAGAAATGCTTCT
GTCTCTGGTTAAGTATAATTAATATGGAAGAATTAAGGGATATTTAGAAAAAGTAGATCTAAACAA
CAACACTTCCTATATCCGCTTCTTTCAAGAGTATATTTACGCACTTGCTCATGATCATGGTTAAATG
TAAATGGTTCAATTTTTTATGAACCCGCGGAGATTTACAGTTATGACAATAAATTTAGTTCATTTCTGT
GAAACGTTTAATTAACCTGAAATGTACCAACAGAATTAATTTGATCAGTTCTGTTAATGATTCTAAACAAA
AGATTCATTGGGCATAACAATAATTTTTATTCTCAATGATATCAGAGGGTTTTGCTGTCAATTTGTTGAAA
TGCCCTTCTCATTGGGATTAGTATCTCCCTCGAAGAAAAAAGAAATACCAAAATCTCAGAATTTACG
ATCATTTCACTCATATTTCCATTTTTGAGGACAAATTAACATTTAAATTTGTTGATCAGATATACTA
ATACCTATCCCGTACCTAGAAATCTGGTTCAAATTTACAAATGCTGGATACAAGATGTTCCCTCTT
TACATTTATTACGATTTCTTTTTTACGAATATCATAATTGGAATAATCTCATTACTCCAAAGAAATCTAA
CTATTATGGTTTTTCAAACGAGAAATCAAGACTATTGTTGTTCCATATAATTTCTTATGTAGTTGAATGC
GAATCCATATTAGTTTTTCTCCGTAACAATCTTTATTTACGATCAACATTTTCTGGAACCTTTCTTG
AGCGAACACATTTCTATGAAAAATAGAACAACATCTCGTAGTACTTTGTTAATGATTTTTCAGAAAA
CTTATGGTGTCAAGGATCCTTTTATGCAATTTATGATATCAAGGAAGAGCAATTTCTGGCTTCAAAG
GGACTCATCTTCTGATGAAGAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTTTGGCAATGTCAATTTTCACTTTG
GTCTCAACCCAGTAGGATCCACATAAACCAATCTCAAATTTTTCTTCTATTATTTCTGGGTTATCTTCA
AGTGTACCAATAAATCTTACGAGTAAAGAGTCAAATGCTAGAGAAATCTTTTTTAAATAGATACTGTTA
CTAAAAAATTCGAAACTATAGTTCAAATTTCTTAATAATTTGGATCATTGTCAAAAAGCTAAATTTGTA
CGTATCGGGGAATCCCGTTAGTAAGCCAGTTTGGGCCGATTTGTCAGATTTCTGATATTATCGATCGATTT

GGTCGGATATGTAGAAATCTTCTCATTATTACAGTGGGTCTTCAAAAAACAGAGTTTGTATCGAATAA
 AGTATACTCGACTTCATGTGCTAGAACTTTGGCCCGTAAACATAAAAAGTACGGTACGCGCTTTTTT
 GCAAAGATTAGGTTTCAAGAAATTTTGAAGAATCTTTACGGAAAGAAAGAAAGTGTCTTTCTTAATCTTA
 CCAAGAATTTCTTATCCTTTACATAAGTTATATAGAGAACGCATTTGGTATTTGGATATTATTCGTATAA
 ATGACTTGGTGAATCATTATGATTCATTAGTCATAAAACCATGTAAATGAAATAGAATAGAACTCCAA
 TTCTCAAGAGAGAAAAAATGTCAGTCATTTTCTGAAATGCCCATGCAGTAATGGTTGAATCAACTG
 AGTATTCAAGTTTCTAGACTTTCTTTTCCGGATCTAATCTAAGTTTTAGATGTATACATAGGGAAGTC
 GTGTGCAATGAAAACGCAAGCACGGT

Aristolochia paucinervis

>gi|182410729|gb|EU531589.1| *Aristolochia paucinervis* isolate assem28.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
 AAAGAGGGAAGATTTTCGCGAGACTTTACTTGGTAAACGAGTCGATTATTCGGGGCGTTCCGTCATTGTTG
 TGGGCCCTTCGCTTTCATTACATCGATGTGGATTGCCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTTTTCCAGACATT
 TTTAATTCGTGGTTTAAATCAGACAACATCTTGTCTTCAACATAGGGATTGCTAAAAAGTAAAATTAGGGAA
 AACGAACCCATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAGTTATGCAGGGGCATCCCGTATTGCTGAATAGAGCAC
 CCACCCTGCATAGATTAGGCATACAGGCGTTCCAACCCATTTAGTGAAGGACGTGCTATTGTTTACA
 TCCATTAGTTTGTAAAGGATTCAATGCAGACTTTGATGGGGATCAAATGGCTGTTTATGTACCTTTATCT
 TTGAAGTCAAGCAGAGGCTCATTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTCTTGTCTCCAGCTATTGGCG
 ATCCCATTTCCGTACCAACTCAAGAATGGCTTA

Artemisia herba-alba

>gi|477542135|gb|KC493080.1| *Artemisia herba-alba* internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete
 sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
 TGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTGAACACGTAAAAACAACCGA
 GCGTCGGTTGGATCAAGCGCTTGTGGATCCAATCGATGCTCTGTCGATGCGCATTCACTCGAGTCTTC
 TGGACCTTGTGAATGTGTCGTTGGCGCATTAACAACCCCGGCACAATGTGTGCCAAGGAAAACTAACT
 CTAGAAGGCTCGTTTTATGTTGCCCCGTTTCGCGGTGGCTCATGGGACGTGCTTCTTTATAATCACA
 AACGACTCTCGCAACGGATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAAATGCGATACTTGGTG
 TGAATTCGCAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTTGGCCGAGG
 CACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTCCGCCCCACAACCTCCGTAAGGGGAACCTCGTGTGTTGGG
 GGCGGATATTGGTCTCCCGTGCATGGCGTGGTTGGCCGAAATAGGAGTCCCTTCGATGGACGCACGAA
 CTAGTGGTGGTCTGAAAAACCTCGTCTTTTGTTCGTTGCGGTTAGTCGCAAGGGAAACTCTTAGAAAAAC
 CCCAACGTGTCGCTTTTGTACGGCGCTTCGACCCGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTA
 AGCATATCAAT

Asparagus acutifolius

>gi|24371077|dbj|AB094479.1| *Asparagus acutifolius* DNA, microsatellite AA07, partial sequence
 ACGGTATTTGATGGGAGAGGCTCGCCAACCCAATTAAGGAGCCATTAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
 CT
 GAGGAGATCATTATTTCATGGGAGCACACGCGGGGACAGAGGGCACAGAGGCGAAGGAAAGGTTGGG
 GCTAACATAATCTTGGCTAGACTTTGCCATTGAGAAAAGAGAGAGAGAAATGCAGAGGCTACATTGAC

Asparagus albus

>gi|182410975|gb|EU531712.1| *Asparagus albus* isolate assem75.0.1 PsaB (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial
 sequence; chloroplast
 GAGTTNCATCTACAAATGGGTAAGACTTTAGTCTTAATGTAGTAAGAATCGTTGAAGGAGCCATACCCAA
 TATCTTGTTTTCGTAAGATATTGGGTATAGCTCCCTCCCGCCAAATGAATGATAAGTATCTATTTTTTT
 TTTTATTCCAAATTAACGACGAGATTTATATCATTTCTCGCATGTCTCGCGAAAGTCAGAGTAGGGCGG
 AATTCCTCCAATTTGTGACCTACCATACGATCCGTTATATAAATAGGTAATGTTCCCTTCCATTATGAA
 TAGCGATTGTATGGCCAATCATTGTTGGGTATAATGGTAGATGCCCGAGACCAAGTTACTATTATTTCTT
 CTCCTCCATGTTGAGTTTTTCAATTTTTCTCGATAAATGATTAGTACAAAAGGATTTTTTTTTTAGT
 GAACGTGTCACAGCTGATTACTCTTTTTTTTACATTTTTAAAGATTGGCATTCTATGTCCAATAGAATATC
 TCGATTAAGTATGAAGGTAAGAATAAATACAATAATGATGAATGGAAAAAGAGAAAATCTTTAGCTA
 GATAAGGG

Asparagus stipularis

>gi|56603586|dbj|AB177730.1| *Asparagus stipularis* chloroplast petB gene, intron
 GGGTCTCAACAAGAGAATTCCTATCAATAGTAAAAACAAGAGTCGATCTACATTACGCACAAAAAACAAC
 AACAAATTAATAACAAACAAAATAGGAAAGAGAAAATTCAGAGGCTGTACGAGCAACATAAAGAA
 AGACGAATGAGCTAAGTATTTTTAGCATTATCATCACAAAGAAGAGATTCCGGATTTTTTTTTTATT
 ACTTCTATCTTGGGGACAAATCGAATCACGTGGCTAATAAGTTTTGAACCTTTCTATTACATATCCGGTG
 AAATCAGTATTGTGTGTTTC

Asperula arvensis

>gi|288190597|gb|GU357372.1| *Asperula arvensis* isolate K1178 tRNA-Cys (trnC-GCA) gene, partial sequence; trnC-petN intergenic spacer,
 complete sequence; cytochrome b6/f complex subunit VIII (petN) gene, complete cds; petN-psbM intergenic spacer, complete sequence; and
 photosystem II protein M (psbM) gene, partial cds; chloroplast
 TCGCCTGATCAACAAAAGGTGTAACAACTACCTTTGTGCTGCTAATAGAAGTACGCAAAATTTTTTATCA
 ATGTAAGATAAATCGAGGATTCACGAAATATTCTAACCGTATAAAAACTTCGAGATTCTTGACCTCCA
 ATAATAAATTTGAAAAGAATTTTTTTTTTGGCAACCTCGAATCAAGAATATATTCTCTCCACTTTTTTAC
 AGAGATAAGAGATAGTTGAAAAGGGTTATGCATTCGATCAAATACACAATTCGATATTTATTTATCTTTT
 CTTTTTACTTATGAGTATCAATAACAAAAAGGCTGTTTTTCTCATATGTTTTCCATTAGTAACGTTT
 GCTAGAGATGTTACTGAGTATTTGCTTTATATTCTTTCTTTTATTTAATGTTTCGAAACCGTCGA
 GGAATTTAGCATTAATGAGTTCGTTTAGTAGAAGTTAATTTAGTAAATTTGGGATAGTGATATTATTCGG
 TCCGAATCCTTTTTTGTACTCTGCACCACGGATTCCACTATACTAAATAGTATAGAGGAATAGAACAATT
 CAATTCCTTCATATTTGAGAGATCTATTTATATAGATAAGGGGACATAATTCACATGGATATAGTAAG
 TCTCGTTGGGCTGCTTAATGGTAGTCTTTACATTTTCGTTTCACTTATAGTGTGGGGAGAAGTGA
 CTCTAGGAGTATTACTAATTAATCAAACGTATCGGTTGTTTTCTAGATCGTTCTGCAACACGTTTTGCA
 CTATTTAAAACGAAAAAATTTTTGAATCCCATTCGATTCGAGGGAGTAATCCATTATATCACACTTTT

TCAATCAAACAGGTATTTCCACAACTCCCATCTTCGATCTTTGTATTTCGAAAGGAATACTTATAAAAAGG
TAAAAGGAAATTCATTATAATTATAATAAAAATTATAAAAATGATTGCGAACCACTTATTTCATCAACG
GGTTCCTACACAGAATTTGGAGGAGTACTAAGGAAATTTCTTCTTCACTTTAAATTTAATTTAA
TTAATAAGTCGTTGGTTAAGTATATATATAGCCTTTTCTATAGGAATTCTATTAATAGGAAAAGTACAC
AGACATCGTGGTTGTCGAACGAGATATTATACTATACATAAGAGAACCTTCACTCGGGTGAGTCCCATAT
TTACACACTTACTACTGCTTTAGGATTTTTTAAATTTGATTTTTATTATACATTATTATAAATTATAAAGA
TTTTTATTATAAAGATTATTAAGTAGACCTTTACACATTCTACACTCTAATAGATAGACCGTAGGGTC
TATCTATTAGAATACTACCCCGACCAGAATTAGCTTATTTCTTTATTTTTAAGACGCTAAAATTTGGAAT
CCTTTTTTATTTTGGAAATTAAGAACTTAAACTTATAAGTCACGCTTAATTCCAATTAATTTTTTCACT
GACTGTTTTACGTAAATTATAAGTAGAAAGGCCGTAGGAAGTAAATGAATAGCACAGT

Asphodelus ramosus

>gi|28543146|gb|AY196908.1| *Asphodelus ramosus* 23S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, 4.5S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 3, complete sequence; and 5S ribosomal RNA gene, partial sequence; chloroplast genes for chloroplast products

CCGGATAACTGCTGAAAGCATCTAAGTAGTAAGCCCACCCCAAGATGAGTGCTCTCCTATTCCGACTTCC
CCAGAGCCTCCGGTAGCACAGCCGAGACAGCGACGGGTCTCTGCCCTGCGGGGATGGAGCGACAGAAG
TATTGAGAATCCAAGATAAGGTCACGGCGAGACGAGCCGTTATCATTACGATAGGTGTCAAGTGGAAAGT
GCAGTGATGTATGCAGCTGAGGCATCCTAACAGACCGAGAGATTGAACCTTGTTCCTACACGACCTGAT
CAATTCGATCAGGCACTCGCATCTATTTTCATTGTTCAACTGTTGACAACATGAAAAACAAAAGCT
CTGCCCCCCCCCCCTCCCTTGGATAGATAGAGGGGGAGGGCAGAGGCCCTTGGTGTCCCTTCCAGTCAAGA
ATTGGGCCCTCAACTAGCCAAATGCTTTCTCTCATGCCTTCTTCGTTTCATGGTTCGATTC
TGGTGTCTAGGCGTAGAGGAACCAACCAATCCATCCCGAACTTGGTGGTTAAACTTACTGCGGTGAC
GATACTGTAGGGAGGTCTGCGGAAAAATAGCTCGACGCCAGGA

Asteriscus maritimus

>gi|4099216|gb|U84772.1|AMU84772 *Asteriscus maritimus* internal transcribed spacer ITS1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer ITS2

CGAAGCCTATAAAGCAGAAAGACCCGTGAACGTGTAACAACATCAACGTGTCATAGGGATCAGGCCTTTG
TTTGTGACCTATGACCCTCGTCGGTTCATCCATGGCTGACTCTTCGGAGCCTCCTTGGTGTCAAAAAAG
GCGTAACCAAAAACCCGGCACGGCATGTCCAAGGAAAACAAAACCTTAGGAATGCGTCATGCCATGTTG
CACCGTTCGCGGTGTGTGCATGGGATGTGGTCTTTTGTAACTACAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCT
CGSTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGTACTTGGTGTRAAFTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
GCTTCGCTCCTCATCATCTCCTCCTAAAAGGGGGTGTGGATATGGGCGGATACTGGTCTCCCGTGCTTA
TGTGCGGTTGGCTTAAATAGGAGTCTCCTTTGATGGACACACAACAAGTGGTGGTTGACAAAACCTTTGT
CTCGTGTATGTGCCTTGATTTGTAAGCGAAGACCTCTGAGTACCCTAACGTGTTGTCTAGTGATGACG
CTTCGACCCGGA

Asterolinum linum-stellatum

>gi|161087686|gb|EU150423.1| *Asterolinum linum-stellatum* ribosomal protein s16 (rps16) gene, intron; chloroplast

ACCATTTTATAAGAATGAAGGTGCTCTTGCTCGACATCATTTCTGTTTTTCTTTTTACTTTACTA
GAAACCTAGTTGGGTTGTAATGTAACCTAGTCCATGATGGAGCTCGAGTAGAAAAGTATTGATTCATTTCTC
AGGGGCAAAGATCTAGGTTAATGCCAATCAATAAATTTGGAAGAATTCGTAAGTATATCTTCGATAAAG
AAATTAAGAGGTTTCTTTCTAATATACAAAAAATTTGGAATTAAAAAAATCTTTTTATGCAAAA
GTGTATTAGATGAGAATCAACCTTTTTCATGATTCTTATTATAAATTAATCGAAAAAGGGTATGTTGC
TGCCATTTTGAAGGATTAAGAATCACTGAAGTTATGTCTAAACCAATGATTTAAAAACAAGATAAAGG
ATCCAAAAACAAGACAACCCCTTCCAGTGTTCCTAACTATAAATTTGGACCATACATAATAAAAAATGA
AAATCGATTTGAAACGAAACAAAAAGAAAGGAGTTTAAAGACCCTCAATAAATGAATGCGTAAAAAT
TTTTCTTTGAGCCACTTGAGAGTTATCTAACTTGAGTTATGAGTACAAATGCTTTTTTTCAGGAAGGAAAA
AAAGAGGGAGTTAAACCAAAATCTAATTCATATCATATAACCGTGTATAGATTTCTTTTTGATTGTATG
TAATTTATACATAAATAAACTTAGATTAGAATCATTTTTTTCGCGAGCCGTACGAGGAGAAAATCTTT
ATACGTTTTGAGGGGGGTTATTTATTTCCATCTATCCCACTGA

Astragalus armatus

>gi|182410783|gb|EU531616.1| *Astragalus armatus* isolate assem60.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast

AGTTTGCAAAAAGAAGGAAGATTTTCGAGAACTCTGCTTGGCAAACGAGTTGATTATTCGGGGCGTTCCTG
TTATTGTCGTAGGTCCATCACTTTCATTACATCAATGTGGATTGCCCGCGAAATAGCAATAGAGCTATT
TCAGACATTTCTAATTCGTGGTTAATTCGAAAACATTTTGTTCAAACATAGGCGTTGCTAAGAGTAAA
ATCCGGGAAAAAGAACCCATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAGTTATGCGGGGACATCCCGTATTGCTGA
ATAGAGCGCCTACTTTGCATAGATTGGGCATACAGGCATTCCAACCCATTTTATGGAAGGGCGTGCTAT
TTGTTACATCCATTAGTGTGTAAGGGATTCAATGCAGACTTTGATGGAGATCAAATGGCTGTTTCATGTG
CCTTTATCTTTGGAGGCTCAAGCAGAAGCCCGTTACTTATGTTTTCTCATACGAACCTCTTGTCTCCGG
CTATTGGGGATCCCATTTCCGTACCACTCA

Atractylis cancellata

>gi|17066558|gb|EU385516.1| *Atractylis cancellata* RNA polymerase beta' subunit (rpoC1) gene, exon 1 and partial cds; chloroplast

CTGAAGAATAAGTTTTCTTCTATGATCGATCGATATACACATCAACAGCTCCGAATTGGATTAGTTTCTC
CTCAACAAATAAGTACTTGGTCCAAAAAATCCTGCCTAATGGCGAGATAGTTGGAGAGGTTGACAAAACC
TTATACCTTTCATTACAAAACCAATAAACCAGAAAAGATGGATTATTTTGTGAAAGAATTTTTGGGCCT
ATCAAAAAGTGAATTTGTGCTTGTGGAAATTAACGAGTAATCGGAGATGAAAAGGAAGAACCCGCATTTT
GTGAACAATGCGGTGTGAGTTTGTGTTGATTTCTCGGATACGAAGATATCAAATGGGCTACATCAAACCTCG
ATACCCGGTAATACATGTGTGGTATTTGAAACGCTTCTCTAGTTATATTGTGAATCTTTAGATAAACCT
CTTAACGAATTAGAAGACCTAGTATACTGCGGT

Atractylis humilis

>gi|190646286|gb|EU571353.1| *Atractylis humilis* voucher ZH Zubizaretta29609 cytochrome b6/f complex subunit N (petN) gene, partial cds; ycf6-psbM intergenic spacer, complete sequence; and photosystem II protein M (psbM) gene, partial cds; chloroplast

TCGTAGTATGGGGAAGAAGTGGACTTTAGAAGCACTCCTAATTTAGTTTAGGAATAAACGGCATCAATT

GTTTTATAGATCGTTCGCAACRCATATTTTTATTTGAATTGAAATAATTTTCAAATAAAAAATATCTTAA
 TTTAATTTATAAATCCATTGGATTCTAGTGGAGAAATGTATTCTATAACAGTAAAACGATTATTTTCAGA
 TTGATCGGAATAAATATATCAAGAAATAGAAGAAATAGAATTTGGGTCCTACGTCAATTCATATATGGA
 TTAATAACTACATATATTGAAGATAGAAGCTAATATAGTATATCAACTTTATTAGAAAAGTCAAGTACAAC
 TTTATACACTACAATAACTAATAGAGAGTATGGTAAGAAAAGAAATTTCTTTCTTACCATACTCTCGGA
 TCTCATAGAATACCGCCGATTATAGCCCGTTGATTTTCATTTAAGACGCAAAAAATAGAATCCTTTTCATTT
 GATTTCTCAACTATTGATAAAGAACTCAGAAGTTCAGTTTCATTTAAAGTAATTAATCATTGACTGAC
 TGTTTTACGTAATGATAAGTA

Atriplex halimus

>gi|34576596|gb|AY270059.1| *Atriplex halimus* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

TTGACTTATTACTCTGAGTATGAAACCCAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAAAGTCCTC
 AACCGGGAGTTCCACCCGAAGAAGCAGGGGCTGCAGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGGTACATGGACAAC
 TGTATGGACCGACGGACTTACCAGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCTGTTGCT
 GGAGAAGAAAATCAATATATTTGTTATGTAGCATACTCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTA
 ATATGTTTACTTCCATTGTGGGTAACGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGTGTCTACGTTTGGAGGATTT
 GCGAATCCCTGTTGCTTATATAAAAACTTTCCAAGGCCCGCTCACGGTATCCAAGTTGAGAGAGATAAA
 TTGAACAAGTATGGCCGCCCTATTGGGATGCACTATTAACCAAAAATTGGGGTTATCCGCTAAAAACT
 ATGGTCGAGCAGTTTATGAAGTCTTCGTGGTGGACTTGATTTACCAAGATGATGAAAACGTGAATC
 CCAGCCGTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTATTGTTGTCGAAGCTCTTTATAAAGCACAAAGCCGAA
 ACAGCCGAATCAAGGGTCACTTGAATGCTACTCGGGTACATGCGAAGACATGATGAAAAGGGGCTG
 TATTTGCCAGAGAATTGGGAGTTTCTATCGTAATGCATGACTACTTAACAGGGGGATTACTGCAAAATAC
 TACCTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTCTACTTCTCACATCCACCGTGAATGCACGCAATTATT
 GATAGACAGAAGAATCATGGTATGCACTTCCGTGTACTAGCTAAAGCGTTACGTCTGTCTGGTGGAGATC
 ATATTCATTCTGGGACCGAAGTAGGTAAGCTGAAGGAGAAAAGAGATATTACTTTAGGCTTTGTTGATTT
 ACTACGTGTATGATTATAGTAAAAAGACCGAAGCTGGTATTTTACTCAATCTGGGTTTCCACA
 CCAGGTGTTCTGCCCGTTGCTTCGGGAGGTATTACGTTTGGCATATGCCCTGCTTAACCGAGATCTTTG
 GGGATGATTCTGTACTACAGTTTGGTGGAGGAACTTTAGGACACCTTGGGGGAATGCACCGGGTGTGT
 AGCGAATCGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTTGTCTGTGAGGGT
 AATACAATTATTTCGCGAGGCTAGCAAAATGGAGTCTGAACTAGCTGCTGCTTGTGAGATATGGAAGGAAA
 TCAAATTTGAATT

Avena sterilis

>gi|444746494|gb|JQ973002.1| *Avena sterilis* voucher UZ 19.07 tmT-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

GATATAGTATAGGAAATCCGTAATAATCGCAGATCTTAGTTATTAATTTTAGCTATTAAGTATTCTAAA
 TTTAAGTTCTACTTAATCTTATAAAAAAACTAAAACCTCTTAAAGATAAAGTTACCCTGATATGCTTA
 ACTAGAAGATATCTTTAAATAAAATTTAAAAATTTATGAATTTTATTTTATTCTCTAATTCGAAAT
 CCATTTTCTATATAGAATAGAATTGATTCTATTTCTATAATGGAATTGGATTTTCAGATATTTTCAATT
 TGATATGGTTCCGACGAATAATCTAATACATAGAAAAGAATAATATATGAAAAGATATAATAAAGAGAA
 AATGCAACTTTATTGGCATTTCATTTCGATCATTATCGACTTTTTTTTTTTGAGATATTTTTTATTTGTT
 AATAATTTTAGAATTCCTATTTCCCTAAGGGGGACAAAAGAGTCAATAGCAAAAGAAAATAGCTAATCTTAT
 TAGAAAAAAGAAATGAATATCAAGCGTTATAGTATGATTTGCAATACTCTAAAAAAGTAATACAG
 TAGGGGGGGGAGAGAAAACTTTGGGATATATTGATTCCGATTGAATTGGAATACTCAACGATACAAT
 CAATTCATTTCTGAATTGCAATAAGCAAGTGGGGTCTCTCAAATAGAGTCAAACTGCTAGACTACGTCGA
 GTGATGAATTCATAGATTCAAAAAACTAAGAGATGGA

Ballota hirsuta

>gi|374674702|gb|JN680359.1| *Ballota hirsuta* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAAACTGCAAAGCAGACCGCGAACACGTTTCAAA
 CAACCCCGCGCCGCGGGTCTGTTGGGGCAACCCCTGCCCGCGCACCGAACCCCGCGGGCGTGCAGCGCT
 CGCGCCGCGCTGCGGGCTAACGAACTCGGGCGCGGCATGCGCCAAGGAAAACACAAATGGAGCGTTTCCC
 CTCCCTCTCGGCCCGTTGCGGGGGCGACGGGAGCGAGGGATGCCCTATCGAATGTCTAAACGACTCT
 CGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
 GAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACCGTCTG
 CTGGGCGTACGCATCGCTGCCCCCTCCCGCGGGGTGGGGGGCGGAGATTGGCCCCCGTGGC
 CGCCACAATCGCGCGCGGCCGCCCCAAATGCGAATCCGCCGTCGACTACGTCGCGACCAAGTGGTGGTTG
 AACCTCAACTCGCGTGTCTGCGCTCCACGGAGTCTCGGTCGGAAACAGCAACATAACCCAACGGC
 GCGAGCACGATCGCGCCACGACCGCGACCCAGGTACGGC

Bellis annua

>gi|20086978|gb|AF490579.1| *Bellis annua* from Spain internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAACCTGCAAAGCAGAACGACCCGCGAACATGTTACAACAACCATGCCATGAAGGGTTCGGGCGTAA
 TTCGATCTCTGTTGCACACCGTCAATTGTGCGTCTCTGATGCCATTAGGGCCTCTTGGTCTGTTACTTTGA
 CGTAACAAAACCCCGGCACTGGATGTGCCAAGGAAATTTAAATTTAAGAATGGCTCGTTCCATGAAGCCC
 CGTTCCGGTGTGCTGAGCGTGGCTTCTTTATAATCATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGG
 CTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
 AGTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTCCGTTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGC
 GTCGCCCCATCATTCCATCCTTGTGATGCTTTGATGGGGGCGGATAYTGGTCTCCCGTTCATCACCGTG
 CGTTTGGCCAAAATAAGAGTCCCATTGACGGGCACGACTTGTGGTGGTTGACAAAACCGGAATCGTG
 TCGTGTGCTGGATGAAAGGTGCATCTTTAAAAACCAATGTGTATCATTTGATGACGCTTCCA

Bellis silverstris

>gi|20136723|gb|AF494009.1| *Bellis sylvestris* from Greece internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAACCTGCAAAGCAGAACGACCCGTTGAACATGTTACAACAACCAAGCCATGATGGGTTGGGCGTAA

TTKGATCCTMATGGCACWCCGTCGATGTGCGTCTTTGATGCCCATTAGGGCYTCTTGGTGTACWTTGA
CGTAACAAAACCCCGGCACTGGATGTGCCAAGGAAAATTAATTTAAGAATGGCTCGTCCATGWAGTCC
CGTTCCGGGTGTGCTCATGGAGCGTGGCTTCTTTATAATCATAAACGACTCTCGGAACCGGATATCTCGG
CTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAAATGCGATACCTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTCGGTTGAGGGCACGTCTGCCTGGCGCTCACGCATCGN
GTCGCCCCCATCATGCCATCCTTTGTATGCTTTGATGGGGGCGGATAMTGGTCTCCCGTTCATCAYTGAG
CGGTTGGCCAAAATAAGAGTCCCATTTGACGGGCACACGACTTGTGGTGGTTGAAAAAACCGGAATCGTG
TCGTGTGTCTGGATGAAAGGTGCATCTTTAAAGACCAATGTGTTGCATGTGATGACGCTTCGA

Biscutella didyma

>gi|560592096|gb|KF850615.1| *Biscutella didyma* voucher KSUFS802 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
TGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGATACCTGTCTAAAACAGAACGACCGCGAAGTAAACGATCCTACTC
TCGGTTGGCCGGTCTCTTTGATGCGGTGCTTTCCGATTCCGGTGGTTCCGTGTTTGTCCCTGCCGAGTG
TCTCATTGCGGTCGGTGAAGTGGCAAGCTTCCGGATATCACAAAACCCCGGCACGAGAAGTGTCAAGGAA
CATGCAACCAAATGGCTAGCATCCGCCGCCCTGGAGACGGTGTGTGCGCGGATGCGATGCTGAATATTA
AGTCTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAAATGCGATA
CTGGGTGGAATTGAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCAAGCCTTCTGG
CCGAGGGCACGTCTGCTGGGTGTACTAACCGTCTGCCCCCATCCTTTTCGGATACGGGACGGAAGCT
GGTCTCCCGTGTGTTACCGCACGCGGTGACCAAAATCCGAGCTAAGGACGCAAGGTACGTCTCGACATG
CGGTGGTGAACATTCCTCGTATATTGTTGGACTGTCTGTGTAAGCTCATTATGACCCAAGTTTAT
CAACGCGACCCAGTCCAGGCGGATCACCCGCTGAGTTAAGCATATAATC

Brachypodium distachyon

Trés longue sequence

Brassica nigra

>gi|403399056|gb|JQ911383.1| *Brassica nigra* voucher USDA 183116 psbD-trnT intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TTTCTCGCCTACTGCCATAAAAATTGAACCTTAGAATTCATTTAATTGGTTTTCGAAGATCAAAAATAT
TTGATTTTATTGGTCTTACTTAGGTAAACGCATCAACTCAAATGTTTCTTCCTTGCTATTAGTTGATT
AATARGTAGTTGAATCTAAATCATGAATTGTCGGATGACTTATTACTCAGATAAAGAAAATCTTTTTTTTC
KATTTCTTTGATATCTACATGTCCTATGCTGTAATAAAGGAAATTTCTTATTATATCAATCAA
TACRATATTTAAATAAAATAATAGCAAACGTGTRATGAGAGTTTCTTTCTCACATACACCTTCAATCACA
TTACATTTGTCATCTTGKATGCATCAATATGGARATATTGATTGATATCTGAAACCATATTATGATTTC
GATTTTTGATTCTTAATACAATTTGATTCTTATACAAAATAAAATTTAGGATCTTGTTATGTTCTGGAAT
CAAAAACAAGATATTTGAAATGCCCTTTTAGGTATTAATTAATTTGAAATAAAGACTTTCTTTCTAGGCAG
GAACGCAATATATTTCTATGAAATATAGAAACAAGAAATTAATAAAGAGATATCGACAGATTTCCG
AATAAAAAAATATGAAATAAAAAAATCTACTGTTTCAATTTATCTCTATCGAATTTGAATATCAGAA
TAGTGGATCTAGTCATGATTTCGACGGGT

Briza maxima

>gi|685212492|gb|KJ599344.1| *Briza maxima* voucher Strudwick 899 (MEL 2015062A) ribosomal protein L32 (rpl32) gene, partial cds; rpl32-trnL intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast
ATTTGGAAGAAAAAACTTATTTTTCCATAGTACAGTCTTATTCTTTAGCAAAAATCAAGATCATTTTCCA
GCGGGAATGAACATCCAAAACCAAAGGGTTTTTCGGGGCAACAAAACAAAATAAAGGTTTTGGAAAT
AATTGGAATTGCACTATCAAAAATTATCCAATTACTTAAAAATATGAATATGAATAAATTTGGATTAATTA
ATTAATGTACTTTTTATGTGTATGTGTCGAATTACCTGGTACAATATTCTTAGAACGAACCCCTAATAT
ATAGATAGAATAAAAAAGTTTTGGTATACTGTGCTTAAAGTATTTCTTTCTATCAATGATCAATGAATTTT
TCATAATAGAAATTTTCATATTTATGAAATTCATTATGAAAAGTGGAGTATCTTGCAATAGGAC
TTACCACCTTCAATTTATCCAAAATAATAGTTTAAAGTGTAGTAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
NN
NN
AAAATTTAAGGAGAAACTAATTAGAAAAAAGAAAGTTACAACCTTTTCAAGCAGTCTTTCTATTAA
ACACAGCAAAAAGTTTATTGTAATAAAAAAATACCACCAATCTCCCAAAGGAATTTTTTAAATAAAT
TTTTAAGAAAACTCAAAGTTTCAAATTTAAAAAATTTCCCAATCCCAACAAATCCCCAAAAAATAAC
CTATAATCTTTAAATTTACCATTATTTAAATTTACCCCAAGGGAA

Bromus madritensis

>gi|340512465|gb|HM850583.1| *Bromus madritensis* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
TATCACATATAGAAATACCCTATCCTATCCATTGGAAATCTTGGTTCAACTCCTTCAATACCGTATCCA
AGATGTTCCATCTTTGCAATTTATGCGATTCTTCTCAACTACTATTCGAATTCGAATAGTTTTATTACT
TCAATGAAATCCATTTTTTTTTTAAAAAAGAAAATAAAAGACTATTTTCGATTCCATATAACTCTTATG
TATCAGAATATGAATTTTCTTGTGTTTCTTCGTAAACAATCTTCTTGGCTTACCATTAGCATCTTCTGG
AACTTTTCTGGAACGAATCCACTTTTCTAGGAAGATGGAACATTTTGGATAATGTACCCCGGTTTTTCT
CGGAAAAACCGATGGTTCTTTATGGATCCTTATACATTATGTTTCGATATCAAGGAAAAGCAATCTTG
CGTCAAAAAGGACTTTTTTTTTGAAGAAGAAAATGAAATGTTACCATAAAATTTATGGCAATATTTTTT
CCGTTTTTGGACTAGCCGCGAAGGATCCAAAATAAACAATTAAGCAAATCTTGGTTCGATTTTATGGGG
TACCTTTCCAGTGTACCAAAAATCTCTTGTAGTAAAGGAATAAAATGCTGGAGAATTCATTCTAATAG
ATACTCGAATGAAAAAATTCGATACCATAGTCCCGCTACTCTCCTCATAGGACTTATCAAAAAGCTCA
ATTTTGTACTGGATCGGGGCATCCTATTAGTAAACCAATTTGGACAGATTTATCAGATTGGGATATTCTT
GATCGATTTGGTTGGATATGTAGAATCTTTTCACTATCATA

Bromus rubens

>gi|560592077|gb|KF850596.1| *Bromus rubens* voucher KSUFS806 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TCGTGACCTGACAAAACAAACCGCGCACGCGTTATCCAATCCGTCGACGATGGGCATCGTCCATCGCT
CGCCATCTCGGTACCTACACTTCTCGGAGTGGGGTCTCGGGTAAAAGAACCCACGGCCGGAAGG
CGTCAAGGAACACTGTGTCTAACCTGAGGGCATGGCTAGCTTGTGGTGCATCTCTGGGTGCAATCGTA
TTAATCCACAGACTCTCGGAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGA

TACCTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAGGCCACTC
GGTCGAGGGCACCCTGCTGGCGTACGCGCAAAACACGCTTCCAACCCCTCATCGGGGATCGGGGATG
CGCATATGGCCCTCGTCTCGCAAGGGACGGTGAGCCGAAGATGGGGCTGCCGACGTCTCGTGTCCGAC
ACAGCGCAGGGTGGCGTCTGTGCTATAACGCACTGTGCATTGACGCTACCCGCGTGA

Bromus squarrosus

>gi|695614350|gb|KJ632453.1| *Bromus squarrosus* voucher Llamas & Acedo 43 external transcribed spacer 1, partial sequence
ACCGGCGCCGTGTCCCGTCACTTTTGTGGCATTGTCCCAATGGATTGAACATGTGGCTTGCCTGTAGTA
CCCCACCTACGGGAAGTGGTGCCTCATATAATTGTTGCCTCACGGTGRACGCCCTTTGGGTGTGCCATT
GTGACTGAATAGCGCTTGCCTTGCCTTGCCTCGTACATCAGCACATATAATGTGCCTGTTGATATCACGGCA
TCCTCGTCTCGCTTTTGGTCTAGGATGCTGCTTACGATAAAGGCTCGAGGCCCTTCGGGTTGCCTCGAT
CCGAAACGATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAACCGGGTACATGTCTTGCTCTGCCTCTCCACAGTTATG
TGTTAGGATACGCAACCCATGATCCGGCCCTCATGGAGGAGGAGACATGTTTCTCCGAAATGGCGAC
AACCGGGTAAATGTCTTGCCTTACCTTCCACAGTTACGTGGTAGGATACGCAAGCATCATCCGATCCT
CATGGAGGAGGAAACATGCTCTCTGAAATGGCGATAACCGGGTTCATGCTTTCMTCTACCTCCCCAC
AATTACGTGGTAGGATACGCAACCTATGATCCGGCCCTCATGGAGGATGAGCAATGCCCGCACAAAAGC
GACAACCTGGCTCGGCTGTTGCTTTGCCTTTCCACGCAAGTGAATCGCAGGGTAACTACCGATGTTGGA

Bromus tectorum

>gi|608586|gb|L36485.1|BMURRNA *Bromus tectorum* L. ribosomal RNA (rRNA) gene
TCGTGACCTGACCAAAAACAAACCGCGCACGCGTTATCCAATCCGTCGACGATGGGCATCGTCCATTGCT
CGGCCATCCTCGGTACCTACACTTCTCGGAGTGGGGTGCCTCGGGTAAAAGAACCCACGGCGCCGAAGG
CGTCAAGGAACACTGTGTCTAACCCGAGGGCATGGCTAGCTTGTGGTCACTCTTGGGTTGCAATCGTA
TTTAATCCACACGACTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGA
TACCTGGTGTGAATTGCAAGAAATCCCGCAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAGGCCACTC
GGTCGAGGGCACGCTGCTGGCGTACGCGCAAAACACGCTTCCAACCTCTCATCGGGGATCGGGATG
CGGCATATGGCCCTCGTCTCGCAAGGGACGGTAGCCGAAGATTGGGCTGCCGACGATATCGTGTCCGAC
ACAGCGCATGGTGGGCGTCTTGTCTTATCTGCGCAGTGCATTGATGCGTAGCCGATGATGGCCTAAA
AAGACCCAACATAACCGAGCGCGTGTGCTTCGATC

Bunium alpinum

>gi|351720299|emb|HE603083.1| *Bunium alpinum* partial rpoC1 gene for RNA polymerase C, specimen voucher OPTIMA ITER V. 1064
TCGATTATTCAGGGCGTCTGTCAATTGCTGGGCCCTCACTTTCATTACATCAATGCGGATTGCCCG
CGAAATAGCAATAGAGCTTTCCAGACATTTGTAATTCGTAGTCTAATTAGACAACATATTGCTTCGAAT
ATAGGAGTTGCTAAGAGTAAAAATTCGGGAAAAAAACCCTGTATGGGAAATACTTCGCGAAGTTATGCG
GGGGCATCCTGTATTGCTAAATAGAGCACCTACTGTCATAGATTAGGCATCCAGGCATTCCGATCCT
TTTAGTGGAGGGTCTGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTCGTAAAGGATTCAATGCAGACTTTGACGGG
GATCAAATGGCTGTTGCTGCTTTATCTTTTGAGGCTCAAGCGGAAGCACGTTTACTTATGTTTTCTC
ATATTAACCTTTTATCT

Bupleurum balansae* var. *balansae

>gi|33318772|gb|AF469681.1| *Bupleurum balansae* 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
GCGGAAGGATCATTGTGCAATCCTGAATCGAAGAACGACCCGAGAACACGTTACAAGACAGGGCCAGCGG
TCGCCGTCGCCGCGGACGACTGCGAACCTAGGCCGCGGGGCGCCCGTCTGCTGCTGCGCCAAAA
ACTAACCGGGCGCGGAATGCGCAAGGAACTGAAACCGAACGGGACGTCCTCCCGTTTGGGGGGG
GTCGACATCCTTCAGAGAAACAAACGACTCTCGGCAACGGATATCCCGGCTCTCGCATCGATGAAGAA
TAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCG
CCCGATGCCACTAGGCTGAGGGCACGCTGCTGGGTGTCACGTAAGCTTTGCCCGCCCGCCGCTGCT
CAGAGAGCTGATAATCGGGGGACGGAAGGTGACCTCCCGTGCCTCGTCTGCGGCTGGTTTTAAAAAGAGA
GTCTCCGGAGATCGGAAACGCAACATTGGTGGTAGGCTTACGCAACCTTTGCCATCTTCCGAGCTG
CGTTACTCTGCGAGCAACACGACCCTTTGGCGCCGCCAGGCGCGGCTCGAACTGTGACCCAGGT

Bupleurum rigidum

>gi|33320377|gb|AF481399.1| *Bupleurum rigidum* subsp. *paniculatum* 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
GCGGAAGGATCATTGTGCAATCCTGAATCGAAGAACGACCCGCGAACACGTTTCCAACCGGGGGCAG
CGGTCGGGGGCTCAGCTCCAAGACCGCAACCCGAGGACGAGGGCGCCTTGCCTGCTCGACGGCCCA
AACTTAACCGGGCGCGGAATGCGCAAGGAAAAAACAACCTGAATGGTACGACTCTCCCGCTATGAGG
GGGGCGCCGCTTTCTGAAAAATAACGACTCTCGGCAACGGATATCCCGGCTCTCGCATCGATGAAGAA
CGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTG
CGCCGAAGCATTAGGCCGAGGGCACGCTGCTGGGTGTCACGCATCWCCTTGGCCCGCCCGCCGCTG
CCCGCTTTCTGAGGGCTTGGCGTGGGGGGCGGAATATGGCCTCCCGTGCCTCGTCTGCGGCTGGTTTT
TAAAAGAGATCGGCGGACGACGCGGCAATGGTGGTAGTCTATCCGACCCTTTGCCTTGTG
CGCCGTGCGGCTCCCGGTCGAGCTCCAGCGACCCTTTGGCGCCGCTCCGGCTGCGCTCGGATGTGA
CCCCAGGT

Calendula arvensis

>gi|308320766|gb|GU818348.1| *Calendula arvensis* isolate L216 PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence;
and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; plastid
GAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACTTAGCTGCTATTGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACT
TTGGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACAAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCTCTTGTATTATCAAGAGG
GCGTTATTGCTCCTTTTTTATTAGTACTATTTGCTTACACAGTTTCTTTAAAAATAAAAAAGATAAG
GACTTTTTAGAGTTTGGTTTCGATTCGCGTGTCTTCTTGTATTATTATATTATAGGTATAGGTTTC
TATATCCTTTCCAGTCTTTTATGAAGTTTTATTCCAATTCATTTCAACCGAAAATAGATAAAAAAT
AAAAATTTGTTTATTATTATTTTSAITTCAGAAATAAGAAAGAAATCATATGCTTTTTTTATGTTAATG
GAAAAATAGTAATACTTGATAACTTGATAACTAGATAATAGTAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGG
ATCAAGGACAGTGGATTGTGAATCC

Calicotome intermedia

>gi|24496643|gb|AF43634.1| Calicotome intermedia isolate CALINT358 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAGCCTACAAGCAGTGCACCTGTGAATTTGTTTACTACCGGGGGTGGCCAGAGGTGTTCCGGC
 ACCACGGTCCCCTCTTGCCGGGAGTTGCCACCCTGCGTGGTCCCCTCCTGGCCCAATAACAAAAACCC
 GCGCCGAACGCGCAAGGAAAATGAAATCGTTTGTAGTGCACCCCGTGGCCCGGAGACGGTGCCTGTAC
 GGGCGGCGTTGCGACACGCGTATCTGAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAAG
 AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
 TGCGCCGAAGCCATTAGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGTGTTGCAAAATCGTTGCCCAATGCCTTGGC
 CACGTGCTAGACATTGAGTTGGGGCGAATGTTGGCTTCCCGCGAGTATCGTCTCACGGTTGGTTGAAAAC
 TGAGTCTGTGGTGGAGGTGCCCGTGTATGGATGGTGGCTGAGTTAAAGCTCGAGACCCGATCGTGGTGTCA
 CCCCCACGATTTGTACTCTGTGACCCATGGGGTCTGTTGGCCGCCTAAGACGGGA

Campanula dichotoma

>gi|409244119|gb|JX914853.1| Campanula dichotoma isolate CAM333 petB-petD intergenic spacer, partial sequence; and petD protein (petD) gene, exon and partial cds; chloroplast

TGAAGATATACCATAGAAAGGTGTAATCCATTATGGAGCATTGGGGAAGGAACGAGACTATTTTATTGCT
 ACAATACAAGTATGGATTATTGAAACGAATACGCCATGTATTTGGATATTTCCCTTCAACTGCGTAATAT
 TATTTATTTCCAATAGTGTAAAGGAAATTTCCGAAGAGAAAAGTGGATTATGGGAGTGTGTACTTGAGC
 TATTGATTTGGTCTGTGCAGATACGTGCTTTTATCTATCTGCCACATTGTAATTCACAAACCAATGTGTCT
 TTGTTCCAACCCTCGCGTAAGCCCCATACAGAAGATAGGCTGGTTCGCTTGACGAGACTCTTTTCTATGA
 TCAGATCCGAATCATGTTTACATGAGCAGGCTCCGTAAGATCTAGTTCACCTAACTGAAAATGAATTA
 ATAGTATGAAAATGCACCTATTTCTCTGCATTGCCCGAACTATGAGACTATCGGAGTGAAGAAAGGG
 TCTAAAGAAGAAGAAAAGCTGGGCTAGATTAGTAACAAGTAAATCCTTTGTGTGTGTTGGAGTGAATAA
 ATGGTCTCTCAATATTTGGGGCTAACCATCGATTCTAAGGGTTGAGACGACCCAGAAAGCCCTTGATCA
 TATCAGGATTCCTTTGTAAGCCTACTTGGGTATTGAGTATTTCTTGTGAAGAACCGAATCTTTTAGGG
 ATAGTTGCAAAAAGAATCCAGTGAATTTCTTACGTAAGGATTCATATCTCATATATGTATGTGTCT
 AGATAGCCTATCGATTTTCGATGATTCGTTTGGTCTTTTGTATTCTTGCTCGAGCCGGATGATGAAAAA
 TTATCATGTCCGGTTCCTTCGGGGATGGATTTCTAATAATTCACCTATC

Capsella bursa-pastoris

>gi|120400524|gb|EF156749.1| Capsella bursa-pastoris DREB1A (DREB1A) gene, complete cds

ATGAACCTATTTCTGCTTTTCTGAAATGTTTGGCTCCGATTACGAGTCTTCGGTTTCCTCAGGCGGTT
 ATTATATTTCCGACGTTCGAGCAGCTGCCCAAGAAACCGGGGTCGTAAGAAGTTTCGTGAGACTCG
 TCACCCAATATACAGAGGAGTTCTGTCGGAGAAACTCCGGTAAGTGGGTTTGTGAGGTTAGAGAACCAAAAC
 AAGAAAACAAGGATTTGGCTCGGAACATTTCAAACCGCTGAGATGGCAGCTCGAGCTCACGACGTTGCCG
 CTTTAGCCCTTCGTGGCCGATCAGCCTGTCTCAATTTCCGCTGACTCGGCTTGGAGACTCCGAATCCCGGA
 ATCAACTTTCGCTAAGGACATCCAAAAGGGCGGGCTGAAGCTGCGTTGGCGTTTCAGGATGAGATGTGT
 GATGCGACGACGATCATGGCTTCGACATGGAGGAGACGTTGGTGGAGGCTATTTACACGGCGGAACAGA
 GCGAAAATGCGTTTTATATGCACGATGAGGCGATGTTTGGATGCGGAGTTTGTGGCTAATATGGCAGA
 AGGGATGCTTTGCCGCTCCGTCCTACAGTGAATCATAATCATGAAGTCGACGGCGATGATGACGAC
 GTATCGTTATGGAGTTATTA

Carduus pycnocephalus

>gi|119393726|gb|EF123105.1| Carduus pycnocephalus internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

GTCGAAGCCTGCCAGCAGAACGACCCGTGGACATGTAATCACAGCCTGGCGTCAAAGGTGTCGGGCGTG
 AGCCTGGTGCCTGTGATGCCCTGTCGACGTGTCTGCGTTCGCTCGTGTGGGGCGTCTGGATGTCCG
 GTCGGCACCTAAAACAAACCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAAACAAACATAGGAAGTTCGCGTCTCGT
 GTTGCCTCGTTCGCGGGGTGTGCACGTGTGCTGCCCTCAATAACCATAAACGACTCTCGGCACCGGAT
 ATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCGAATCCCGTGA
 ACCATCGAGTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTCCGGCCGAGGGCACGCTGCTGCTGGGGCTCAC
 GCATCGGCTCGCCCCAGACCACGCCTCCATACGGGGGATGTGTTTGTGGGGCGGAGAATGGTCTCCCG
 TGCCGTTGGCGCGGTTGGCTAAAAGGAGTCCCTTCGACGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGATAAGG
 CCTTCGTATCGAGCCGTGTGCTTAGCCGAAGGGAAGCGCTCTCCATAGACCCTAACGTTGCTGCTCTCG
 CGACGATGTTGCCCG

Carex halleriana

>gi|304854796|emb|FM207997.1| Carex halleriana partial ppc gene for phosphoenolpyruvate carboxylase, specimen voucher G. G. Besnard 12-2007, exons 8-10

CGAGGAGAAGCGCCAGGAGTGGCTCCTCTGAACTACTGGCAAACGCCCTTTTCCCCGTGATTTC
 CCTCAAACCGAAGAAATTAAGACGTGCTTGACACTCTTCATGTCATTGCTGAGCTTCCATCAGACAGCT
 TTGGCGCTATATCATTCCATGGCTACTTCTCCGTAGATGTTTGTAGCTGTAGAGTTGTTGACGCTGA
 GTGCCATGTCAAAGAACCCTACGTGTGCTGCCGTTGTTGAGAAGCTTGCAGATCTTGAAGCAGCCCCA
 GCAGCTGTGGCAGTTTGTTCATTTGACTGGTACAAAAACAGAATCAATGGTAAACAAGAGGTTATGA
 TTGGGTACTCTGACTTGGCAAGGATGCTGGTCCGTTTCGGCCGATGGCAGTTGTACAAGTCCCAAGGC
 CGAGCTTGTACAGGTCGCAAAAAAATTTGGCGTAAAACCTACCATGTTTCACGGACGTTGGTGAAGTGTG
 GGAAGAGGTTGGTGGCCCCACCCACTTGGCTATCCTGTCTCAGCCGCCGGATACCATTCATGGGTACTCC
 GGGTCACTGTCCAGGGAGAGGTCATTGAACAGTCAATTTGGTGGAGGATCTCTGCTTTAGAACACTGCA
 GAGTTTACAGCTGCTACTTGGAGCACGGCATGCCACCAGTTTCAACAAAGCCTGAGTGGGCCGCA
 CTTATGGATGAGATGGCGATTATCGCCACTGAGGAGTATCGCTCAATGTTTTCAAGGAGCCACGCTTTG
 TTGAGTACTTCCGCTGGTGGATTATTCAATTATAGTGCATAGAGGAATAAAAGGTGGATCAATCTAAT
 CAATTTTTCTTCTAAAAGTGAATAACAGTTGAAAATGCCTTTTGTTATTATATACAGGCTACACCCG
 AGCTGGATATGGCCGATGAACATTGGACAGCCGATCCAAAGCGCAAAACCAAGTGGTGGCAGAGT
 ACTTCGTGCCATCCCATGGATCTTTGCTTGGACCCAGATCCGCTTCCACTTACCTGTGTGGCTCGGTTTT
 GGTGCTGCATTAAGCACGTGATTGCAAAGGATGTGCGCAACATCCACATGCTCCAGGAGATGTACAACG
 AGTGGCCGTTTTTCAGAGTCACAATTGATCTGGTGGAGATGGTTTTTCGCCAAGGGTGACCCTGGAATTGC

AGCATTGTATGACAAGCTGTTGGTTTCTGAGGATTTGTGGCCGTTTGGTGAGAAATTGAGGGCTAATTTT
 GAAGAAAACCAAGAATCTTCTTCTTAAAGGTACATTTTGAAGATAGATAGGGATTATGCATTTTGGTACCT
 GTGCAAACTCTGAACCTGGTATCAACAGTGTAGGGCTTACAGTAATTTAATATTGCAAAAATCTCAATG
 CTATCTTAATATGCGAGGTAGCATTGAACTTGATTTTACAACCCCTATATACTTTAATTATAGGCCTAA
 CACTCGAAGAAACACAAAAAGTGTAAATTAAGTGGGTTTCAAATACCTTTGCTAGGTACATTTGTCAT
 CTTAGCCCTCTTGAAGCTCAGTATTTATTCTCAGAATTTCTATAAAATATGCTACCAAAAATATCAGGATG
 AAAGACTCCTAAAGGTTTTGTTAATCTGTTTCCAGGTTGCAGGCCACAAAGACCTTCTTGAA

Carlina lanata

>gi|500049971|gb|KC589938.1| *Carlina lanata* NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
 GCTCAAAAAGACATTAAGAGGGGTTAGCCTATCCACAATGTCTCAATTGGGTTATATGATGTTAGCTC
 TAGGTATGGGGTCTTATCGCAGTGCTTTATTTTCATTGATTACTCATGCTTATTCGAAAAGCATTATGTT
 TTTAGGATCGGGATCCGTTATTCATCAATGAAACTCTTGTGGATATTGTCCAAAAAAGTCAGAAT
 ATGGTGCTTATGGGGGTTTAAACAAAACATGTCCCAATTACTAAAACCTCTTTTTTATTAGGTACACTTT
 CTCTTTGCGGATTTCCACCCCTTGCTGTTTTTGGTCCAAAGATGAAATTCTTAATGATAGTTGGTTGTA
 TTCACCTATTTTGAATAATAGCTTGGTCTACGGCGGGCTTAACTGCATTTTATATGTGTCCGATCTAT
 TTACTTACTTTTGAAGGGCATTAAACGTTTCTTTTCAAATTAACAGTGGAAAAAAGAATACCCCTTTCT
 ATTTCAATATCTCTATGGGGTAAAGACGGTTCGAAAATAAGTAACAAAACTTTCGTTGGTAACCTTTAT
 AAAAATGAAGAAGAATGGACGCGCTCTTTTTTTCAAATAAAGTATATAAAATGATGAGAATGTAAGA
 AATATCATCAACCTTTCTTTCTATTCGCAATTTGGCAATACCAAGACTTATTCGTATCCTTCTGAAT
 CGGATAACTACTATGTTATTTCCAACTATATTGATTCTATTTACTTTGTTGTTGGATTCTTAGGAAT
 TCCTTTCAATCAAGCGGGTGAATTTGGATATATTCAAAATGGTTAACCCCGTCTATAAACTTTTA
 CATAAAAATCAAACAATTCATAGATTGGTATGAAATTTTTTAAAGATGCTGTTTTTTTCACTCAGTATAG
 CCTTTTCGGAATCTTATAGCATTTTTTTTTATATAAACCTGTTTATTCATCTTTTCAAATTTGGACTT
 AATTAATTCATTTGTTAAACCGGGTCTAAGAGAATTTTGTCTGACAAAATAACAAATGGTATATATGAT
 TGGTCATATAATCGGGTTACATAGATGCCTTTTATGGAACATTTCTAACTGTGGGGATGAGAAAAATGG
 CCGAATTCGCTCATTTTTTTGATAGACGAATAATTGATGGAATTCCAAATGGAGTTGGTCTTATGAGTTT
 CTTTGTAGCAGAGGTTATTAATCGGTAGGGGGCGGGCGTATTTCTTCTTATCTGTTCTTTTATTTTCT
 TATG

Carthamus caeruleus

>gi|629264411|emb|HF571848.1| *Carthamus caeruleus* satellite DNA, type HinfI, specimen voucher GDA:49305, clone 21
 TAACCTTTTGTACGGGAGTCCGTTTTCAGGCCACGAACTATCAAACGAAGCTATGGACGATGTACACGT
 TTCCAGTGTTCAGATTCTTGAATGAAACATTATCTGCCACAATCCGGTAAATTCGATTTTCGTACGTT
 CTTCGACTTTTCGAATGGATGGCTGCAGTAGTTGGGGCACGGGAGGGGTTTTCTTCAGTTTCTTTCAGG
 TGCAACCTGCTCAATAACATTGTGTAGGCCCCCCCCCCCTAAACCTTAAACCTTAAACCTTAAACCTTAA
 ACCTCCA

Carthamus lanatus

>gi|845249|gb|L35890.1|CAHITS12RR *Carthamus lanatus* internal transcribed spacer I (ITS-1) gene, internal transcribed spacer 2 (ITS-2) gene,
 and 5.8S ribosomal RNA (5.8S rRNA), 5' end

NNNNNGCCTGCACAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATCACAAACGGGGCGTCTGGGATTGGGTSTGAK
 CCTTAGCCCTACGATGCTCGTCCGATGCGTGAAGGTGCTTATCTTAGGCATCGTGGATGTTGTGTGCG
 GCACAAAAACAACCCCGGACGCGATGTCGAAGGAAAAACAACTTAAAGAGGGTGCCTCGTGTGTGCC
 CCGTTTTCGGTGTGCACACGGGTCTGGCCCTCTATTAAACCAAAACGACATCGCGTCCGCCCACTTTT
 GCTCCCCATGGGGACGTGTTTGGTCTGGGACGGAGACTGGTCTCCCGTCTCATGGTGGGTTGGCCTAA
 AAAGGAGTCCCTTTGGCGGACGACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCGTATCGAGCCGTGTTGAT
 GCTAGGGAATCGCTCTCTAAAGACCCTAACGTGTCGTTTACGACGATGCTTCGA

Catananche caerulea

>gi|182410943|gb|EU531696.1| *Catananche caerulea* isolate assem38.0.2 PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete
 sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast

ATGCATGAACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACTTAGCNGCTATCGAAGCTCCATCTACAAATGGAT
 AAGACTTTTGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACAAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCTCTTGTTTTTAT
 CAAGAGGGTATATTGNCCTTTTTTTTATTTAGTACTATTTACCTTACATAGTTTCTTTAAAAATAACA
 AGGGCTTTTATATGTTGCTGATTAGCTTGTTTTCTCTTTGTTAATTTAAAGGTTTATATATCTTTT
 TACCAATCGTTTGATTCCAATTTCAATTTCAATCTAAAATAGATCAAAAATGAAAATTTTTCTTATTTATT
 ACTTTGATTNCCGAAATAAGAAAGAAATAATATGCTTTTTTTTANCTTANTGGAAAAATATNGAAATA
 CTAGATAATACTAGATACTAGATAATAGTAGAGGGGGCGANGTAGCCAGTGGATCAAGGCAGTGGATTG
 NGAATCC

Catananche lutea

>gi|182410897|gb|EU531673.1| *Catananche lutea* isolate assem36.0.2 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 AAGTCGAAGTATATACTTTACTCGATACAACTCTTTTTTTTTTGAAGATCCACTATGATAATGAGAAAAA
 TTTCTGTATATACGCCAAAAGCGGTCAATAATATCAGAATCTGAGAAAATCGGCCCAAATCGCCTTACCAA
 TAGGATGCCCAATGTGTTACAAAATTTAGATTTAGCCAATGATCCAATCAAGGGAATAATTTGGAACAAT
 AGTCTCAAACCTTCTTAATAGCATTTTCGATTAGATAAGTATTTTCTAGCATTTGACTGCGTACCATTTGAA
 GCGTTAGCCGCACACTGTAACGATAACCCAGAAAGTCAAGGGAATGATTGGATAAATGGTTTATATAAA
 TCCTTCTGGTTGAGACCACAGGTAATAAAGATTTCCAGAAATGACAAAAGTAATATTTCCATTTATT
 CATCAAAAGAACGTCCTTTTGAAGCAAGAATTGATTTTCTTGATACCTAACATAATGCATGAAAGGA
 TCTTTGAACAAGCATAAATTTCCCTTCAAAGCCCTGGCAAAGACTTCTGCAAGATGCTCTATTTTTCGAT
 AGAAATATATTCGTTCAATAAGGGCTCCAGAAGATGTTGATCGTAAGTGAGAAGATTGGTTTCGGAGAAA
 GAGGAAGCCAGATTATTCGCATATATGAGAAGTATATAGGAAGAAGAATAGTCTGTGATTCTTTTT
 GAAAAAGAAGAAGTGGCTTTCTTTGAAATTTGAAGTAATAAGACTATCCCAATTATGACACTCATGGAGAA
 AGAATCTTAATAAATGCAAAGAGGAAGCATCTTTTATCCAATAGCGAAGAGC

Cedrus atlantica

>gi|558515474|emb|HG765039.1| *Cedrus atlantica* chloroplast partial rbcL gene for ribulose-1-5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large
 subunit, isolate individual_Lecco

TGTCGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGATTACAGATTAACCTATTATACTCCTGAATATCAGACCAAAGAT
ACGGATATCTTGGCAGCATCCGAGTAATCCTCAACCTGGGGTGCCACCCGAGGAAGCGGGAGCAGCAG
TAGCTGCTGAATCTTCCACCGGTACATGGACCCTGTTGGACCGATGGACTACTAGTCTTGATCGTTA
CAAGGGGCGATGCTATGACATCGAGCCCGTTCCTGGAGAGGAGACTCAATTTATTGCCTATGTAGCTTAC
CCCTTAGACCTTTTCGAAGAAGGTTCTGTTACTAACTTGTTCACCTCCATTGTAGTAATGTATTGGAT
TCAAGGCCCTACGGGCTCTACGTTTGAAGATTGCGGATCCCCCTGCTTATCCAAAACATTTCAAGG
TCCGCTCATGGTATCCAAGTTGAAAAGAGATAAAATGAACAAATATGGCCGTCCTTGTGGGATGTA
ATCAAACCAAAATTTGGGTCTATCGGCTAAAACTATGGTAGAGCAGTTTACGAATGTCTCCGTGGTGGAC
TTGATTTACCAAGGATGATGAGAACGTAATTCCTCAACCATTCATGCGCTGGAGAGATCGTTTTGTCTT
TTGTGCGGAAGCAATTTATAAGGCTCAGGCTGAGACGGGTGAAATTAAGGGGCATTATTGAATGCTACT
GCAGGTACATGCGA

Celtis australis

>gi|594616975|gb|KJ001200.1| *Celtis australis* microsatellite cpSSR17 sequence; chloroplast
ACACCAATCCATCCCGAAGTGGTGGTTAACTCTACTGCGGTGACGATACTGTAGGGGAGGTCTGCGG
AAAAATAGCTCGACGCCAGGATGATAAAAGGTTAACACCTCTCATTCTATTACTTTCTTTTTAAATA
TGAAAAAGAAAAATGAAAAAGGTCGCCTTATTCAAACCCCAATTATGAAATCCCTTCTCTCCACTTC
ACACCTCGGAACGCACC

Centaurea lagascae

>gi|121488959|emb|AM114348.1| *Centaurea resupinata* subsp. *lagascae* partial intergenic spacer, from Alicante
GCATTCTGGGGGCTGTTTTGGCTTTTGGTTGCTTGGCTTTTGGTTGGGTGGGTGGCTCTAGTT
GGGCGGCTTTCGGGAATGTCGACCGGGGAGGTGCATGAGTGGTGATTGGTATGTTACGTGTGGATGGCTG
TTTGCTCGCGCACCAACGTTACGCTTCATACCTCTCAATTTTGGTCAAGACTTGATTTGTCTTGAGC
ATGCTGTGGGTTTCTGTGTCATACCTAATTGATGGTAACATGTGGGTTTTACGGTTATCTTTTCGT
CATGTGTCGTTTCATGCGGCTGGGATGAACAATGAAACGGTCTTTGTGATCCACAGTGGTGTGCGTTTG
CAACAACGATGTGGCCTATGAAGCATCGTTTGGTCTTGTATACGGAACCTGATGTGGGCATGGGCTT
TATAAGATCTTCATTATGCCCTTGTAAAGCGTCTCGCTTCTCAAAAACGATTGCCCTGCCATGTTACGGC
TTGTTCTGTTTCATGGTGGGCTACGTCGAAGAGGAATGCTACCTGGTTGATCTGCCAGTAGTCATATGCTT
GTCTCAA

Centaurea involucreta

>gi|845266|gb|L35865.1|CEKITS1F *Centaurea involucreta* internal transcribed spacer 1 (ITS-1) gene, internal transcribed spacer 2 (ITS-2) gene, and 5.8S ribosomal RNA (5.8S rRNA), 5' end

NNNNNGCCTGCATAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATCTCAATCAGGTATCGTGGGATTGGGTGCGAC
CCTTAGCCCTGCGATGCTTGTGTCATGCTGCTAGGTGTCTAACTCTAGGCATTGTGGACGCTTGTGTTG
GCACAAAACAAAACCCCGGCACGMATGTCGAAGGAAAAACAAAATCAAGAAGGGCTGTCTCGTGTGTTG
CCCGTGTTCGGTGTGCACGCGGGTCTGTGGCTCTYATTAACCATAAACGACTATCGCGTCGCCCCAGAAC
ATNCTCCCATATCGATATTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGGCGATGGTGTGGTTGGCCTAA
AAAGGAGTCCCTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCGTATCGACCCGTGCTGAT
GYTATGGTGTGCTCTCCAAGTACCCTAATGTGTCGTCTTAGGACGAAGCATCGA

Centaurea paviflora

>gi|157400622|gb|EF695063.1| *Centaurea vallesiaca* haplotype 13B trnT-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TTCAAATAACTGTTAAATATTATAGAACATAATAATTAATCTAGCGATATATAATTTCAATTTTTTTTAA
TCACAATGAAATATTATTTTTTTCTTTTTTAATTAATAAAGAAAAAGGAGTGCACCCGTTCAAGTATT
CGAAATTGCATTCGGTAAATGAGTGAAGCGAGACAGATGTATAGGGTATGTATCCACTATATTGAATTT
CGGATACAGAAATGATAAAATCGTTTTTGTATTGGACAAAGATGAGCCTCCCATAGAAGATGAAAAGA
TAGACAATAAATCAAAGACAAAGGGGAGAAAACACTTTTTCGAGACAGGATTCCGCATCTATCTAATGAA
TTCGCCGTATAAA

Centaurea pullata

>gi|83941076|gb|DQ319154.1| *Centaurea pullata* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAGCCTGCATAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATCTCAATCGGGCATCGTGGGATTAGGTGCGAG
CCTTACCCTGCGATGCTTGTGCTGGCATGCGTTCAAGGTGCTATCTTAGGCATTGTGGACGTTTTGTTG
GCACAAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAAACAAAATCAAGAAGGGTCCGTTCTCGTGT
GCCCGTTTTTCGGTGTGTCACGCGGGTCTGGCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATATC
TCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACC
ATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCAAGCCTTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCCTGGGCGTCACGCA
TCGCGTCGCCCTAGACCGTTCTCCCTCATGGGATGTTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGCCG
ATGGTGTGGTTGGCTAAAAAGGAGTCCCTTTGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCG
TATCGAGCCGTGCGGATGCTAGGAAGTGCCTCTCAAAGACCCTAATGTGTCGTCTAATGACGATGCTTC
GA

Centaurea solstitialis

>gi|313582601|gb|HQ218999.1| *Centaurea solstitialis* strain CENSO-21 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAGCTGCACAGCAACGACCCGTGAACATGTAATCACAATCCGTTGCTGTTGGGATATGGTGTGAGCC
TGCCCTGCGATGCTTGTAGCATGCGTTCAACGTGCTATATAGGCATGGTGGATGTTTTGTGGGCACAA
AAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAAACAAAACCTCAAGAAGGGTGCCTCGTGTGGCCCCG
TTTTCGGTGTGCACGCGGGTTCGCGACCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCT
CACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAG
TTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCAAGCCATTGCGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGT
CGCCCCAGACCATCTCCCATATAGGGACGTCTGGTCTGGGACGGAGACTGGTCTCCCGTGCCAATGGTG
CGGTTGGCTAAAAAGGAGTCCCTTTGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTTAAGGCCTTCGTATCG
AGCTGTGCTGATGCTAGAGAGTTGCTCGCTAAAGACCCTAATGTGTTGCTTACGACGATGCTTCGA

Cephalaria leucantha

>gi|594615201|gb|KF993465.1| *Cephalaria leucantha* isolate K098 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

CGTGGGCGGTTCCGTCGCCGGCGACGTCGCGGAAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGT
CGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAAACCTGCCTAGCAGAACGACCCGY
GAACACGTTCTACACGGGGAACCCCGGCTCGGGCGCCTAACCTGGTGCCTCGGAGAACCCATCCGC
GCGAGCGGGACCGCGAGGCCCGCGACCGCAAACCCGCGCGATCTGCGCCAAGGAACATRAAA
AAACACGAGAAGACGTCTCCCTTCGACGGTYCGTTCGCGGATCCGCGCTCGGGCGGACGTCCTCTG
AAAAAAAACACAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATG
CGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCA
TTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCCGCCCCCTCCAACCTCTGCGTCTCCCTC
CTCCGGAGCGAGCGCGGCGTTCGAGGGCGGTTGCGGACAATGGCCTCCCGTCCAGCGTGCGGTTGGT
CCAAAATCGAGTCCCGCGGCGACGTCACGACGAGTGGTGGTTGAACAAGCCTTCTTCTATCGAGT
CGTGCCTTCCCGTCCGATGGAGACTGTTAGACCCTGACGCGACGTCTTAAAACGACGGCGCTCCGAC
CGGACCCAGGTCAGGCGGGATTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAACT

Cerantonía siliqua

>gi|51853483|gb|BV164806.1| EF1G-F1 EF1G fragment amplified from *Cerantonía siliqua* Cerantonía siliqua STS genomic, sequence tagged site
GAACTACAAAATGGAGAGGTGCATGAGGGAACAGCTACAATGGACTGGATGGAACAAGAACAAGAAAGA
GGGATTACATAAATTCTGCTGCAACCACTACATTTTGAATAAGCACCGAATCAACATTATTGATACTC
CTGGTCATGTTGATTTACCCCTAGAAGTGGAGCGTGTCTTAGGGTGTGGATGGAGCTATATGCT

Cerinthé major

>gi|239836116|gb|FJ763298.1| *Cerinthé major* isolate 1702 tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TAAGTGACAACCTTCAAATTCAGAGAAACCCCTGGAATTAATAAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCGG
TTTTCCGAAAAACAACAAAAGTTGAAAAAGAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTGTTA
ACAAATGGAGTTGACTGCTCTGCTTTGGTTCGACGAATCTTTCTAATAAAGTGTGAAAATATATACATTTG
TATTGAATACTTTATCAAATGATGAAAATGATTACTGACTACAAAATATATTTCTTTTTTATGAAAAA
AAGGAAGAGTTGGTGTAAATCGATTCCACATAGAAGAAAGAGTCGAGTATTCATTGATCAAATTTATTCAT
TCCATAGTCCGATAGTCTTTTGAAGAATTGATTATTAATCCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCGTTCT
ACATGTCAATACCGGCAACAATGAAATTTTTAGTAAAGAGGAAAAATCCGTCGACTTTAAAAATCGTGAGGG
TTCAAGTCCCTCTATCCCAAAAGCCTATTTGACATCCCAACGATTTCTCTATATCTATTTTCGTTAGT
GGTTCCAAATTCCTCACCTTTCTCATTCACTCTATTTCTTTTACAAACGGATCTGTCCGGAAACGCCTTTC
ATCTTACACAAGTCTGTATGATACACATACAATGACCATCTTTGAACAAGGAATAAGTCGCCTTTTGA
TTTTGATTCAACAACGGATATCATTTCTCAGACTGAACTTACAAAAGTCGCTTTTTAAAGATTTCTTATTA
AAGATCCAAGAAATTACAGTACCCGATGGATAAAAAGTTGGTAATCTTCTTTCAATACTTTTAAATTGACA
TAGACCCAGCCATCTAATAAAAATAACGATGATACATT

Chamaerops humilis subsp. argentea

>gi|354696514|gb|HQ720855.1| *Chamaerops humilis* voucher Barrow 76 (K) serine/threonine protein kinase (CISP4) gene, partial sequence

GGTCAGTTTCTATACCTTCTTTAAASCTATTGATTACAAAAGTTATTTTATTTCTTATCGATGGGGGAG
TTCATGGAACCTGACATTTGATATAAGTGTCCACCACCAGCGATACGAAGAACATCCTTGGGTTCTTAAAA
TACATCTAAGACAATACAGTGGATAAACTTCAATCTTTATGCTTCATTGTGTTTTCTCATGATCTGCTT
ATTATGAAGTTGGCACAATTTCTGGTTCAGGAGTAATGGGTTTTCAGTATGAGAACATGAACATAGCTT
AGCTGGATATGAACTTGTATGTTTGTGCAATATAATGGGGAATTTGTTTCGTTTACCTAAATTTCTGT
TTCAGAAGTTTCTTGACAGAATGTCTTGAAGTCCATCATCACTTGGTGCTATTAGCTTTGATGGAATA
AAATACTTTTCTTTTTAAAGTATTGGAATTTGTCTTATATATGATGATTGGAGTATTGGTTATCCTTT
TATAATTCAAAATCAAGTATGTAATCACACATCATTCTTTTGCAGATATCCACCTGACAGAAAACCC
CTTGACTGGAATATGCGGATGAAGATTGCAACTGGTGTCTGCTAAAGGCTTGAATACCTGCWTGATAAGG
CAAACCTCCTGTTATATACAGAGATTTCAAATCATCAAACATCCTACTTGGTGAAGGATATTTCTCTAA
GCTGTCTGATTTTGGGCTTGCCAAACTTGGCCCTGTTGGTGAACAAGACTCATGTTCCACACGGGGAAG
GGAAACATACCGCT

Chrysanthemum coronarium

>gi|164665212|gb|EU334465.1| *Chrysanthemum coronarium* voucher Zhao501 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast

CAGACATATCAATATGCGTGGATAATACCTTTTCTTCCACTTCCAGTTCCTATGTTAATAGGGTTGGCAC
TTCTTATTTTTCCGACGGCAACAAAAGTCTTCGTCGTATGTGGGCTTTTCAGAGCGTTTTTATTGTTAAG
TATAGTCATGATTTTTTCCATAAATCTGTCTATTTCAGCAAATAAATAGCAGTTCGTCTATCAATATGTA
TGGCTTGGATTATCAATAATGATTTTTCTTTAGAAATTTGGATACTTGATTGATCCACTTACTTCTATTA
TGTCAAATTAATCACTACTGTTGGAATTTAGTTCCTATTTATAGTGATAATTATATGTCTCATGACCA
CGGGTATTTGAGATTTTTGCTTATATGAGTTTTTTCAGTACTTCCATGTTGGGATTAGTTACTAGTTCA
AATTTGATACAAAATTTATTTTTTGGGAATTAGTTGGAATGTGTTCTGATCTATTAATAGGATTTTGGT
TCACACGACCTGTTGACGCAAAAGGCTTGTCAAAAAGCGTTTGTAACTAATCGTGTGGCGATTTTGGTTT
ATTATTAGGCATTTTAGGGTTTTATTGGATAAACCAGGAGTTTCGAATTTCTGTGATTTTATCCAAATATT
AATAACTTGATTTCTAATAATGAGGTCAATTTTTTATTGTTACTTTGTGCGCTGTTCTATTATTTGCCG
GTGCTATTGCTAAATCTGCACAATTTCCCTTCATGTATGGTTACCTGATGCAATGGAAGGGCCGACTCC
TATTTCCGGCTCTTATACATGCTGTCTACGATGGTAGCAGCGGGAATTTTCTGTAGCTCGACTTATGCCT
CTTTTCAATGTCATACCCACATAATGAATTTTATCTCTTTGATAGGGATAATAACGGTTTTTTTTAGGAG
CTACTTTAGCTCTTGTCTCAAAAAGACATTAAGAGGGGTTTAGCCTATTCCACAATGTCTCAATTTGGGTTA
TATGATGTTAGCTCTCGTATGGGGTCTTATCGAGTGCCTTATTTCAATTTGATTACTCATGCTTATTCA
AAAGCGTTATTGTTCTTAGGGTTCGGGATCCGTTATTCAATGGAACCTTGTGGATATTGTCCAA
AAAAAGTCAAGATATGTTCTTATGGGGGTTTTAACAAAATATGTACCAATTAATAAAAAATCTTTT
ATTAGTACACTTTTCTTTGTTGTTATTTCCACCTTTCGCTGTTTTTGGTTCGAAAAGATGAAATTTCTT
GATAGTTGGTTGATTTACCTATTTTTGCAATAATAGCTTGGTCTACCGCGGATTAACCGCATTCTATA
TGTGTGCAATCTATTTACTTACTTTTGAAGGACATTTAAACGTTCTATTTCAAAAATACAGTGGAAAAAG
GAATACCCCTGTATTTCAATATCTCTATGGGTAAGCGGGTTCAAAAATCAGTAACAAAAACCGCGCT
TTGGTAACTTTATTAAGAAAGTGGCCGCTCTCTTTTTTCAAAAATAAAGTTGATCAAAATGATGAGAATG
TAAGAAATCTGATCCAACCTTTTCTTTTCGATTCTTAATTTAGGCAATACGAAGACTTCTTTGTATCTTA

TGAATCAGATAACACTATGTTATTCCCAACTTATATTAATTCTATTTACTTTGTTTCGTTGGATTCTTA
 GGAATTCCTTTCAATCAAGATGTGGATATTTTAAACAAAATGGTTAACCCCGTCTATAAATCTTTTACATA
 AAAATGAAAATAAATCAATAGATTGGTATGAATTTGTAAAAGATGCACTTTTTTCAGTTAGTATAGCCTC
 TTTCGGAAATTTTATAGCATTTTTTTTATATAAACTGTTTATTCATCTTTTCAAAAATTTTATTTAATT
 AATTCATTTGTTAAAAATGGGTCCTAAGAGAAAATTTTTATGACAAAATCAAAAATGCTATATATGATTGGT
 CAGATAATCGGGGTTACATAGATTCTTTTATGGAACATTCCTCATTGGGGGGATGAGAAAATTTGGCCAA
 ATTAACATTTTTTTGATAGAATTATAATCGACGGAATTCAAAATGGAGTTGGTCTTATGAGTTCTTT
 GTAGCGGAGGTTATTAATCGGTAGGGGNNNCGTATTTCTCTTATCTGTTCTTTTATTTTTT

Cichorium intybus

>gi|40217936|gb|AY378165.1| *Cichorium intybus* histone H3 protein mRNA, complete cds

ATGGCTAGAACAAAGCAACAGCTCGCAATCAACCCGAGGAAAGGCTCCAAGGAAGCAGCTGGCCACCA
 AGGCGTGAATACACTAGCTACGGCGACCGGTGGAGTGAAGAAGCCGCACAGATTCAGGCCAGGAACGGT
 GGCGCTTAGGGAAATCCGGAAGTACCAGAAGAGTACTGAGTTGCTAATCCGTAAGCTTCCGTTTCAGAGG
 CTTGTGAGAGAAAATTGCACAGGATTTCAAGACCGATCTGAGGTTTCAAAGCAGTGCTGTAGCAGCTCTC
 AGGAGGCATCCGAGGCTTATCTGGTAGGTTTGTGTTGAGGATACC AATCTGTGTGCGATTTCATGCCAAGAG
 GGTTACAATTATGCCCAAAGACATGCAATTGGCAAGAAGGATTAGAGGAGAGAGGGCCTAGATTTTGTGA
 AACGATGTTGTTAGTCTCACCTACATCAATTGAATTAGGGTCTATAAAAAAAAAAAAA

Cirsium vulgare

>gi|14488233|dbj|AB036018.1| *Cirsium vulgare* chloroplast gene for trnT-trnL intergenic spacer, partial sequence

ATGGAACTTACTAAGTGATACTTTCAAATTCAGAGAAACCCTGGAATTAATAAAAAATGGGCAATCCTG
 AGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAAGGTTTCAGAAAAGCAGAAAATCAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCG
 ATGGAAGTTGTTCTAACGAATGGAGTTGATTGTCTTACGTTGGTAGAGGAATCCTTCTATTGAACTTCA
 TAAAAGATGAAGGATAAACCTGTATACATAAATATAGAAGAATTGTTGTGAATCGATTCCATATTGAAGAA
 AGAATCGAATATTAATTGATCAAAACAATTCCTCCATAATCTGATAGATCTTTTGAAGAAGTATTAAATC
 GGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCGTTCTACATGTCAATACCGGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGA
 AAATCCGTC

Cistus albidus

>gi|263201216|gb|GQ927051.1| *Cistus albidus* voucher 210JM04(2) trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; plastid

TTACTCTATTTTCAGCACAGAAAAAGTAATGCTTGAACAAAAAGCATTTTTAGATTCTAGATTATATAGG
 TTATTTTTCGATATTCTCTAGCAATATATGGATCTATAAATGAGTTTATTTCAAATGGATCTGTCTTCTA
 TAATAGACAATATAAATATATTCTCTAATTTAATAATACAAATATCCAATATGAATATTTTGAATATAGAA
 AAAATAGAATCAAATAAATAGAATCAAATAAATAAATATGGAAAAATCGAATATAAATGATGCAATTTAA
 TAATTGAACCTTTGAATTTTATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
 AAAAAATTTAAACAATTCTACTAAATAAATAAAGTAGAAAAGAAAAAAAAAAGTAGAAAAGAAAAAAAAA
 AAAAGTAAAGAAGGGTCTAGAAAAGATATTTCCCAAATAAAGAAAGAACTTGTGATGGAGTTAGGAGTTTT
 TTCCTCAATTTATCCTAAATTTGAAGTTTATCAAAACAAAACGCTTGATTTTTTCTAATCGTATTTATTTG
 ATTGGCCTAATTTTCTTGTTCGACAAAGGTCGGATTCTATAC

Cistus creticus

>gi|188573180|gb|EU684586.1| *Cistus creticus* isolate BAT0108 tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-rp132 intergenic spacer, partial sequence; and ribosomal protein L32 (rpl32) gene, partial cds; chloroplast

CCAGTTCACCATAGCGGCTTGCTTGAATCATAATATCCTTTTTTATTCAATCGTCGAGATCGAAGTA
 GTACATCAATTGAGTCTTTTTTAGTCAACATTAATAATTTGATGAACAAAGCTTCATTTAAATCTTTTACA
 AGAATCGAATAACCAAAAATCAAAAATTCATGTAACCGATTCCCTTGTGATTTACTTTTGTGTTTC
 AAGTTGCTAAAAGCAACAAAACAAAAGAAAATTTATAATTTTGTATTACGCGCCTAACTCAAAATGTGTGAC
 TTCATGTGACCCATAGAATGAAAAAATTTGCTTAAATTTGGATTGCAAAACAAGAAAAAGAGAAGTCTATT
 AACTATAAATCTATATTTGACTTTCAGTAATTAATAAATAAAGAAATGATTCAGAAAAGTTTTCAAATGCAAA
 GAAAACAGATCCATTAAGTTTGAATAACCCAATCCTTTTGTGCAACTATTTGAGTGTACAAATCTTATA
 TATAGTCCGCTAGAGCCTAATCTATACAGCTAGGCTATATAGGATCTAAAATATCGAGTGCATTTTTGGA
 TTTTCTATTTTTATTTTGTATTTTTAATTTCTATTTTTATTATCTTCTTTTATTTAATTCTATACTTTTGT
 CCTTTTCTTATATTAATAATTTCAACTTCCCTATAATATCAAGATAATAAAGACAAAAAGAAATGATTT
 CGAATTAACAAAAAGGAAATTCGAAAAAATCCTTTTTTTAGTTAAGCAATTTCAATTTATTTT
 TTTATTTTTCGTACAAAAAAGGGTTTTGGCTTAGGTGTAGAAAAGAGATTTTCGCTGGTAACAATTTTTTTG
 ACTTACCTGTAGACATAAATTTGCTAATGAAAAAGTTTTTAACGCTGTCCAATAACCT

Cistus ladaniferus

>gi|484714270|gb|JX946284.1| *Cistus laurifolius* clone cislau14 microsatellite sequence

GACAATCACACGACTTAAACGCGACCAAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAAAAG
 TGCCAAGCCCTGCCAAAACACTGACAGCCGGATCCGCGCTGGACCAAGCCAGGCCCGGTCGAAAAAA
 AAAATAAAGGAAAAAAGAAAAAATAAATTTGGGCATGGACCAA

Cistus monspeliensis

>gi|324983989|gb|HQ286896.1| *Cistus monspeliensis* voucher 169PV08(3) psbK-trnS intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

ATTCTGAATAATTATTTATTATTAAGATTGCAATCCATTTCTGAAAAAGCTTTTCTATTTCTAAGAAT
 TCGAGTCTATTTTAGAAATATCAGAATCCGCTTCATTTTATTTTGAATTTTTAGTTCTTCATGTCAA
 ATAAATATATGTCGTATAAAAAACGGAGAATCTATTCTTTTTTTTTTGAAGGTCCTGGAGATTGTGTA
 TGCTTACTCTTAACTTTTTGTTTACACCGTAGTGATATCTTTGTTTCTTTTTCAATTTTTGGATTCTC
 ATCTAATGATCCAGGACGCAATCCTGGGCGGGACGAATAAAGGATTCTATCTTTTTTTTTTTTTCTATAT
 TTTAATAAATAAAGA

Colutea arborescens

>gi|4927062|gb|AF126993.1| *Colutea arborescens* chloroplast tRNA-Leu (trnL) gene, intron sequence

TTGGATTGACCTTGGTATGGAACCTTACCAAGTGAAAATTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTCAC
 AATGGGCAATCCTGAGCCAAATCTGCTTTCCGAAAACAAAAAATAAAGTTTCAGAAAAGTGAATAATTA
 TCAAAAAGAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACAACATTTCTTCC
 CAGTAGGAAATGAATCCTTCTATCCAAATTCAGAAAAGGATCAAGGAGATTTACTGAAAGACTATTTTCAG

TTGATTAATGAAAATTACAAACTTATATTGTAAATATTTTCGATTTTCGATCACAAAAGATGTGAATCTAA
TCAATTTCAACTTGAAGAAAAATGGAATATTCATTGATCAAATCAGTCACTCCACCATAGTCTGATGGA
TCTTTTGAAGAAATGATTAATCAGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACCGACATC
AATGAAAATTTTAGTAAGAGG

Convolvulus althaeoides

>gi|508291511|gb|KC786129.1| *Convolvulus althaeoides* voucher AT02 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe (trnF) gene, partial sequence; chloroplast

CTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTAATAAAAAATGGGCAATCTCGAGCCAAATCCTG
TTTTCCGAAAAACAAAAGTTTCAGAAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACA
AATGGAGTTCCTGTATTGAAAATGGAATATTCATTGAATTGATTCAATCATTCACTCCATAGTATAGTC
TGATAGATCTTTTGACAACTTATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCTGTTCTACATGTCAATAC
CGGCAACAATGAAATTTCTAGTAAGAGGAAAAATCCGTCGACTTTAAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTC
TATCCCAAAAAGCCTAGTGGACTCCCAACTTTGTATCCCATCCTGTTTTTCATTCTCATTAGCGGTTCA
AAATTCCTTATCTTTCTCATTCACTCTATTCTTTTACAAATGGATCTGAGCGGAAATGGCTTTTTTCTTAT
CACACGCTTGTGATGGATATTTGATACAGTACAAATGACCATCTTTGAGTTTGAGCAAGGAATCCCA
TTTGAATGATTCAATCAATATAATTAATCTACTGAACTTACAAAGTCATCTTTTGAAGATCGAAG
AAATTACAGGACTTGATATAAACTTTGTAATCCGCTTTTGTCTTTTAATTGACATAGACCCAGCATCT
AATAAAATTAGGATGCTACGAATGGTCGGATAGCTCAG

Coronilla juncea

>gi|324496681|gb|HQ665021.1| *Coronilla juncea* voucher MUB 111154 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

GAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGCGGGCGGTCCGCTGCCCGCGACGTTGTGAGAAGTCCACTGAACCTTA
TCATTTAGAGGAAGGAGAAGTTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGACC
TCACTCAAAGAGCAAACCAACCCGCGAACACGTTCCGACACTCATTAGGGGAAGGGCCTCGGGACGTGT
GCGCGCGCGCCACGCACCAAGGTCCTTCCCTAATAATCAAACAAAACCCCGCGCCTGACGCGTCAAGGAA
TATAAATGTTCAATGCGCTCTTGCGGGATCCGGAGACGGTGTCTCTGCAGGTGCGGTGATGACGCATGT
TACATAAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATA
CTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGG
CCGAGGGCACGCTGCGCTGGGTGTCACACATCGTTGCCCAACGCTGAAATACGAGTCTTGGGGCGGATG
CTGACTTCCCGTGAGCTCTGACTCGCGGTTGGTTGAAATACGAGTCTGTGGTAGGGTTTACCATGACAAA
TGGTGGATGAGTAATGCTCGAGACCAGTTGTGGAAGCTCTGTGCGGTTGCGGCTCCAGAAACCCACATGT
GTTTTGATGCACTACAATGAGACCTCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAG
CGGAGGAAAAGAACTAACAGGATTCC

Coronilla minima

>gi|324496686|gb|HQ665026.1| *Coronilla minima* voucher MUB 111380 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

GAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGCGGGCGGTCCGCTGCCCGCGACGTTGTGAGAAGTCCACTGAACCTTA
TCATTTAGAGGAAGGAGAAGTTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGACC
TCACTCAAAGAGCAAACCAACCCGCGAACACGTTCCGACACTCATTAGGGGAAGGGCCTCGGGACGTGC
GCGCCACGCACCAAGGTCCTTCCCTAATAATCAAACAAAACCCCGCGCCTTGCAGCGTCAAGGAATCGAAA
TTGTTCAATGCGCTCTTGCGGGATCCGGAGACGGTGTCTCTGCAGGTGCGGTGATGACACATGTTACATA
AAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGT
GTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGG
GCACGTCTGCGCTGGGTGTCACACATCGTTGCCCAACGCGGAATGCCTCGTGTATGCGGCTCTTGGGGT
GGATGCTGACTTCCCGGAGCTATGACTCGCGGTTGGTTGAAATAAGAGTCTGTGGTAGGGTTTACCATG
ACAAATGGTGGATGAGTAATGCTCGAGACCAGTTGTGTAAGCTCTGTGCGTTCGGGCTCCAGAAACCC
ACATGTGTTTTGATGCACTACAATGAGACCTCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAAGCATATC
AATAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAGGATTCC

Crataegus oxyacantha

>gi|558515413|emb|HG764986.1| *Crataegus oxyacantha* chloroplast genomic DNA containing trnH-psbA IGS and partial psbA gene, isolate individual_Viterbo2

CTTGGCTACATCCGCCCTGTAGTATTACAAAATTAATAATTTTTCCGCCATTTAGCATTACTTGTAAAGA
TAAAATACAACCTAAATTGAAAACCTTATTTCTTTTTTTTTTTACTAAAAAAAAGAATAAAACAAATA
AAACAAAAACAAATAGTAAAGTAATAACTAAAAAATACTAAACTAAATAGTAAAGGAGCAATAAAAAA
CCTCTTGATATAACAAGAAATTTTTATTACTCCTTTACTTTCAAGAACTCATATATTAAGACCAAAAG
TCTTATCCATTTATAGATGGAACCTCACAGCAGTAGGTCTAGAGGGAAA

Cupressus sempervirens

>gi|387935294|gb|JQ740559.1| *Cupressus dupreziana* voucher Adams 8432 trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; plastid

CCGCTCAGCATCTCTCCTAGATGGCAGATCTAAAATGAATATAGCATTTCATAAATAAAGAACAACAT
TTGTGAGAAATCCAATTTATTTTTTATTCCATTTCAAACAATTTTTTCGCTTTTTCTAGCCCGGCCAGTA
TCTGGCCAGGCCATTGCTTTTCTAGATAAGGAATTAATTGACTAAATTAAGAAATACAGTGTCTCTAC
CTAATCTGAAAGCTAAAATCTATTATTATAAAAAGTAAACAGCAATAAAAAAGGGCTATCAAAAATTTGACCTTG
TGATATCATTTCTTATATTTCTTTTATGTATTATATTTTTATCTTTATTATAAGATTAATAGATAAAGC
ACTTGCTATATATAATGTATTATATTTTTATCTTTATTATAAGATTAATAGATAAAGCACTTGCTATATA
ATATATATATTTTTTTTATTTCAACTATTTTCAGATTATAATCTGGATGAGATGTTCTAGATTGGATTGA
AAATGTATAGATCATATTGAAGGTTAAAAAAGAGATTTCAAAAGACTAAGAGTGNATCATTCTTATTTTCT
ATATCTGTCATAAAGAAAACTAATTTCAAATTAATTTGAATTAATTTCAAAGAATGTGTTAATAATCATAA
CAACTAATCTATAAATAGACTAGTTACTAAAAGAAAATCATACTATTAGTCATGGAGTATCCCTACAATA
TTGATTGAGGGTTTTTTCTTTTTCTTTGTAAGAGTAAAAACAAAACAATAAGGTAAGGGACGGAAGAAGTG
AAAAGATAACTATCTTTAATTAAGTTTTACGGAATAGGAAAATATGATGATCGGAACCTTGCATGATTTCT
TATTAGAATCTAAAAATTTCTTTTCTATTGGACAAAAAATCGATCTGTATGATACAATGAAATTTGA

Cynosurus elegans

>gi|691466303|emb|HG797427.1| *Cynosurus elegans* plastid matK gene (partial), tRNA-Lys gene (partial) and trnK-psbA IGS (partial), specimen voucher Roeser 5420 (HAL)

GGATCTTCGAAAAACAGACTTTGTATCGACTAAAGTATATACTTCGACTTTCATGCGCTAGAAGCTTTAG
CTCGTAAACATAAAAAGCACAGTACGAACTTTTATGCAACGATTAGGTTTCGGCATTTTTAGAAGAATTTTT
TACCGAAGAAGAGCTATTTTGTCTTTGATGTTACCAAAAACAACCCCTTTTCTTCCGTTGGATCGCAC
AGTGAGCGTATTTGGTATTTTATATACGTATCAATGACCTGGTGAAGCCTCTTAATTAATCATTAA
ACAGAACTAATAAACAGAAAAGGGTTGATAAATGATCAAGATAAAAAGTGCATATTTTGCATTCTGAAAT
GTTCTTTTATTATTATAATAAAAGAGTGGGCGAATCCACTTACTAATTTACTAATTAACAAAATTT
AGTAGAACTTCTCTTTGGAATAGAAATAGCCTATTTATACATAGGGAAAAGTCTGTGCAATGAAAAATG
CAAGCACGATTTGGGGAGGGATTTTCTCTATTGTAACAAGGAAGAATTATCTACTCCATCCGACTAGTT
CCGGGTTTCGATCCCGGGCAACCCATATGGAAAAATAGAAAAGACCCATCTTGTTTTTAACTTGGACTCA
CTTCATTTACAAAATTTAAAAATTTTGGTTTGGTTAATTTAGCTATATGGATAGCCAAAAGCTTTGAGCT
GATTTGGTTGACATTGGTATGTAGTCTATGTTATACTGTTAAATAACAAGCCTTCTATTATCTATATTAT
TTCTAGTTAATACGT

Dactylis glomerata

>gi|11993902|gb|AY011122.1| *Dactylis glomerata* somatic embryogenesis related protein mRNA, complete cds

GGGTAAAGAAACCTAGCTCGCGCTCGGGGGAAGCGACGCGAAGTGAGGGAGACGAATCAGATAGGATGCG
GATGACGACGACGCCGGCGAGGGAGCCGCGGAGCCGTACCGGCGGGAGGGCCGCGACTCGCACGCGAGG
CACCCCTCTCTCGTACAGGTCTCGGCGGGAGCATCCCCAAGCCCGAGGAGGTGGAGGGATGACAGGA
GGCAGCAATCCGACAGGAGCCACCACAGGCGTCCGAGCCGAGGAGGGTGCCTGATGCGGGAGACCGTGATGA
GAGGAGGAACAGCCCTCGCACTCGCAAGATGCCAGCCCGCGGGATGGTCTGACCTGACCTGCGCGGG
GACGGAACGCGGGCAATGGTCTGATCCTGTGCGCTGGGACGCGGAAGCGGCCGATGATGCTGACCCCTG
CGCGCTGGGAGGGGAAGCGGTCCGATGATCCTGATCCCGTGCAGGGAGGGGAAGCCGCGAGCGATGT
GAAAGATGACCTTCTGTGAGGCATGAGAGATCTCCAGGGGAACTAAGCGGTTTTCCGAGACGAGAGAG
GCCTGGCAGCCTCGATCTTCTTTTTCAGCATGATGACGCTGACAGTGTGCTGGCATGGTGGTGCAGCGT
ATGGTTCGCAAGATGGAAGACACAGGGGTGATAAAGCAACATCTTGATGATAAAGAAAAGGTCGAGCA
AGCCCAACAACAGAATGACGTTGATTCTACATGGAAGCATGATGGGTTTTTCAAGTTGGAGGAAGAAGTT
CCTGTTGCCAAAAGGAGACCAGGATTTAAAGAGATGGGAATGCCACGTGAGGAGCAAGAATCAGGTTTTG
CAGAACCAGATACAAGATCACGTAACCCAATCAACCTGGTCTAACCTTGGAAATGGGAGAAGAAGGAG
GAACCTACCACAGCGGAATTCATAAGGCTGATGATCGAGATACCAGGAGGGGATTTTCTGATTACAGG
AGTGCTGGTCAGAGAAATGGCTATGATTCAAGAGGACGTGGTTTTGCTGGTAGAGGGGGAAGGGGCAGAG
ACAGGTTTACTACCAGTATGGCGGAAAAGAAAACAACATGCACGAGGCTGCTGGAGAACAAACAGAGAAAT
GGAAGCATGACCTTTATGATCAGACGGACAGTACCCAGCTCCGTTGACTGAAAAAGAGCAGATTGCGAA
AGTTGAAGCACTTTGGCGCTGTACACATGTTCTGCTGAGTATGTTATCTTCTTCAATTGCTGTTGGGG
TTGCTAAATTATCTTCATATCTTGTACTTGGTTTCGTTGGTGTGCAACGTTGACTGTATGGCACCCCTGCT
GGAATTTGGCGTCTCATATCAATCTTTATGTTTTAGAAAGATGTTTTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Daphne gnidium

>gi|306922809|gb|GQ167497.2| *Daphne gnidium* isolate DG49_CAZ internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TTTCAAATGTGTTGAGGGGTTTGGTGTCAATTGACTCCATCTCCTCTTGACTGGCCCATGTGGCCAAGA
TAACCAACCCAGCACGGATTGTGCCAAGGAATTGTGATAAATGAAACGTTTTCCCATGCATTTAACAT
AAGATTGTGTTGGGTAATGCGTATATGTAATAAAGAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTT
GCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCT
TTGAACGCAAGTTGCGCCCAAGCCTTTGGGTTGAGGGCATGCTGCGCTGGGTGTCACGCATGCAATTTT
TTACAACATTAGTTGGTGTAGGGCTGATATGGCTCTCCCGTCCATGGTGTAGTGGGTTGGTTGAAATAG
AGTAACCATTAATGTCATGTATTTCATGTTGAGCGGTGGTTGTCTTGGCTTGCCCTCGTTAAGTCATCG
TGTATAGCATGTCATTAGCGTTGGTGTGATTTGACTTCAAACCTTTGGATGAGGATAATAGTACGCATT
GCGACCCAGGTCAGCGGGAATACCCGCT

Daucus carota

Très longue séquence

Daucus muricatus

>gi|182410929|gb|EU531689.1| *Daucus muricatus* isolate assem24.0.2 PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast

TGTTATGCATGAACGTAATGCTCATAACTTCCCTCTAGACTTAGCTGCTGTTGAAGCTCCATCTACAAAT
GGGTAAGGCCGGGCTTAGTCTATAACAAGTTTTTAAAATATTAAGAAAGGAGCAATAACCTCTTCTTGT
TCTATCAAGAGGTGGCTTGGCTCTTTTATTTATTTAAGATTTTTTTAGATAAACAAATATTTTGTAA
TGATCAAAAAGGAATTTTGAATGCAAAAAAATAAAAAGAAAAGTGGCGGGGCGGATGTAGCCAAGTGG
ATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCCCATGCG

Delphinium peregrinum

>gi|604142042|gb|KJ402044.1| *Delphinium peregrinum* CYC-like protein 1a (CYL1a) gene, partial cds

AGGCTGTCTTATGACATCGCGGTGAGCTTCTCATGATTCAAGATATGCTTGGATTTGACAAAGCTAGCA
AAACTGTTGATGGCTGTTGGAGAAAGTCCCAGGATGCCATCAATGAGCTCCTTAAAAGCGTACCCAGCC
AAAGCACAGCTGCACGAAAGTGTCAAGAGCGCTGCTGCTTTCAGAGGGGGAAGAGGTGTCTATAGTC
GATGAGATGCCTACCGATGGTCTCCACAAGGGAACATATCCTCATCGGGCATTGTCAAAGAGAAGAAAT
CTAGACAGGCGCTAAAAGCTACACTTAGTCTCTTTCCAAGGCATCTAGGGAGAAG

Dianthus caryophyllus

>gi|167971|gb|L05916.1|DINGSTB *Dianthus caryophyllus* glutathione s-transferase (GST2) gene, 5' end

GAATTCAACCTGACTAAGACTTGACTCGAATTTGTTTGTAGTCGATTTTCAATTTATGAGACTTTGAAAGGC
CATGAATTTAGATTTGTAGTACGACTTAACTTGCACAAAGACTTGACTCAAATTTGTTTTAGGTTCCGAT
TTTCAAATTTGATGAGACTTTGGAGTCATGTGATCAAGACTTGGTGGTTATCAATTAGATATTACGG
AGCATACTTTCATACGAGGATTTCTGTTGCGTATGAGTAACATCACTACTATAAAGCTAGTCAATTTGGCG
ACTGCGCAACTGCTGAGCGAGTTGTGGTATGTACGCTACAAGTCGAGCGCTGCCAAGCACGTGCATCTCG
ATTATTTAGCTGACCTCTACAAATTTGATATAACGATGGGTTGAGCCTTGACCTGATCTGTCAAGACGACC

TAACTCGACCCGATGTGGCCATGTCCCTACTGACTACTCCCTCCCAACAAATTGAAAATTCTGACAAA
 TAAAACCACCCATACAAAGTAGAAACCAAGTTGAAATTGATTTGGTTAAATTGTTGTTATAAAAAGTCAGCT
 CTGAAGTCCCATAGAGCTGGCCATTTATACGGGCCGGCCCTGCCTAGTGGACCGTTATTTCAATGGCC
 CATAAATCATGGTATGTATGTTCCCTATTTCCCTCTTTTAAATTCCATTTTCATTTGCCTGTAATTGT
 GTTTTTCCAACCTACTTACTTATTTCTTTTGTATAATTAATCCATTATTCTCTTCATTTTGTGTTTTAT
 TAAATTTGTTGTTAATTTTATAATACCGATGATATGTTTATGTTAGTTATTTAGTGGCCTTGAATTGTC
 CAAGTGACCATTAGAGCTGGCCATTTATACGGGCCGGCCCTGCCTAGTGGACCGTTATTTCAATGGCC
 GTTACGCCTCCAAAGCCTAGCTCGACCTCCAAAGCAACAGGGCGGACCTCTTATCATTATGCGATGGTTCA
 CTACTACTATCTGTATATATCATATCCTCAGTGTTTTAAATTTGTTGATTTCATAATACCGATGAT
 ATGTCATGTAGTTATTTAGTGGCCTTGAATTTGCCAAGTGACCATTAGAGCTGGCCATTTATAGCGCGG
 CCGGCTGACCTAGTACCCTTATTTCAATGCCGTTACGGCCCTCCAAAAGCCTAGTTCGCCCTCCAAAG
 CAACAGGCGCCGGCCGGCTGAAATCTGTGGCCTGTCTCTGGGCCGTCAATTTAAAAAAAATTAATA
 CCAAAGGGCCGGCTGGGCCCTTAATTTCAAGCCAGCCAAAGCCTGGCCTGTCCCCCACTGGCTGGTT
 AAGGGACTGAAAATGAGGCGCGCCGTGGCCTCTATACTAAAAATGGTACATTTTATTTAAAGATGTA
 ATGCTAAACGTTAAGTGGTAACATTCATGTAATAAAAACCGGACAACCGCCAGTCTGACTTTTATGTT
 AATTTGAATGATTAATGTAATCATAGTTTCCTAATAATTTCAAAAATTTCAAACTCGGTCACATTTAAG
 ACTATAAAGTGAATTTTAAAAAGTGAGAACGATTATATATTGTCGTGAATGCCAAATTTTATTTGATCG
 TCAAGCATATGTTTTACATAATGTGATTGATATTTGAAAATCTAGTCGAGCTCAGAGACACAGAAGATGC
 AGCTGTACTCTTATTCATCGAGTTCCTGTGCTTGGCGTGTTCGATTGCTCTTCATCTCAAAGGCTACG
 AAAGCTGATTTAATCGGAATTTGATTTGACATTTTATTTCTGTGTTCAATTTTATACTCAATTTAAG
 TCGATTTGAAATAATTTGACAGGTTAGATTTTGGAGTATAAAGCTGTGGATTGCTCAAAGGAGAGCACTT
 AACCCCTGGTGAGCGTTTAGTATCTCACTGTGTACACTTTACGTTTACATCGATCTGATTGGAGCTTCT
 GATTGAGTAGCTGGCTAGATCACACGTGACATCTTACGTACACTGATCTGATGAGCTTCTGATGAGTAGC
 TGCTACGTACTGACTCTGTAATTTGTTGTTGTAACCTCGAGGCTGTCGGTTGGCTACGTACATTTGTTG
 CTGGAGACTATAACGGTGTGTGAAAACATGTATATAGCACTTGGCAGAAGCTTGTGTTTCAAGGAAAT
 TAATAGATTTCAAACAATGACATTAATGAGGTGAACTTGTTTGGAGATAGTTATCGACTTACCAATGTT
 TACTGGTCAATTTTTCGTAATATCAGAGTTTCTGAAAGCTAAATCCCTTGGTTACGTTCCCGCCTTGGT
 CCATGGCGACATGTTATTGCTGATTCCTTGGCAATCATAATGTTAGTTCTCTCTTTTGTGTTGAC
 TATGTCAATACGTGTATCTTTGTTAAGAGGAATTCGAGCTCGGTACCCGGGTTAACCGCTAGTACTAG
 AAGAGAAGTTTCTGAAAACCCGTTGTTGCCTCGAGATCTTCAGAAAAGAGCTCTCAACTACCAGGTATA
 CTCAGTGCATATATGCACTATATTGTGCTTGGCAATATGGTGAATCGTAATTCATGTATGGTTTGTG
 TTTTGATTGCATCATTGAGAAAAATGATCTTCTGCTTCAAACTTTAGACTTTTGTAGACTGCCATGTTA
 GTCATAATCAGTATTCACGTGACAACCGAGTTAGGATATTGCTCTATCTCATCAGCTTGGT
 TTCTGTTAAGGCCGCAATATCGTCGCCTCAAACATACAGCCATTCCAGAATCTGGCAGTGTGGTAAG
 CTCTATAATCTGCTTACTCTTCTCGGTGTAACCTACTTTGATTTATATTTATCGAAGCATGTGATTGA
 GCAGTTTGCATTCTCGCAATGCAGAATTACATCGAAGAAAACTGGTTCTGATGAGAAGCTTTCTTGG
 GCCAACCCATATTAAGAAAAGGATTTTCAGTACCGTACTTACACACTTCACTCAGTCAATTTGGTGCTA
 TTTCACGAAAAGCTTCTAATTTTATGATGTACGATATGCATAGCACGACCCTTGGTAGAGCATCGAC

Echinaria capitata

>gi|444746430|gb|JQ972938.1| *Echinaria capitata* voucher UZ 13.07 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

ACCCTGACCAAAACAGACCCGACCGCTTATCTAACCTGCCTAGCGGGCATCGTCCGTCGCCTGGCC
 AAGTCCTCGACAACCTCCCTCCTMGGAGTGGGGCTCGGGGTTAAAAGAACCACGGCGCCGAAGGCGTC
 AAGGAACACTATGCCTAGCCCGGGGACGYGGTGGCYTGTGKCCGCCCTCGTGTACAAAGCTATTTA
 ATCCACACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACC
 TGGTGTGAATTCAGAAATCCCGCAACCATCGAGTCTTTGAAACGCAAGTTGCGCCCGAGGCCATTCGGCC
 GAGGGCACGCCTGCCTGGCGTACGCTAAACACGGCTCCCAACCCACCTCTGGGTGGGGTGGCGCATGT
 GGCCCCCGTAACGCAAGGGGGCGGTGGGCCGAAGATATGGCTGCTGGCGTATCGTGCCGGACACAGCGCG
 TGGTAGGGACCTCGCTTACTTACCAGTGCATCTGGACCGTAGCCAGCATGAWGGCCTTGAAGGACC
 CTTTGAACGGTGGCATGACGCTCCGACC

Echium parviflorum

>gi|6782631|gb|L43264.1| *Echium parviflorum* clone parv.its. 18S ribosomal RNA (18S rRNA) -5.8S ribosomal RNA (5.8S rRNA) gene, internal transcribed spacer

TCGAATCCTGCATAGCAGAACCCTCGAGGACATGTTAACAACCCAGGGGACGTCGAACNCAGGGATAC
 CTTTCGCTNGATTGCTTCTGATGTCGCCATGGCATTAGTCTGGCGACAAACAAACCCCGCGCGGAGA
 AGCGCAAGGAATACTTTTAAACAACGCCATAACCATCTCTCCCGCTCGCGGGCTTAGGGGATCGGAG
 ATGGCTTATTTGAAAACCAAC

Echium humile

>gi|15076908|gb|AF284105.1| *Echium humile* tRNA-Leu (trnL) gene, intron; chloroplast gene for chloroplast product
 TGAGCCTTNGTATGGAAACCTACTAAGTGACAACCTTCAAAATTCAGAGAAACCCTGGAATTAATAAAAAT
 GGGCAATCCTGAGCCAAATCCGGTTTTCCGAAAACAAACAAAAGTTGAAAAAGAAAAAGGATAGGTGCA
 GAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAATGGAGTTGACTGCTTTGCTTTGGTTCGACGAATCTTTCTCATA
 AAGTGTGAAAAGTATACATTTGATTTGAATACTTTTATCAAAATGAAATGATTAATGACTACCAAAAATA
 TTTTTTTTTTGAAAAAAAAAGAAGAGTTGGTGTAAATCAATCCACATAGAAGAAAAGAGTTCGAGTATTC
 ATTGATCAAATTATTCATCCATAGTCCGATAGATCTTTTGAAGAATTGATTAATCGGACGAGAATAAAG
 ATAGAGTCCCGTTCTACATGTCAATACCGGCAACAATGAAATTTTTAGTAATAGG

Echium vulgare

>gi|239836119|gb|FJ73301.1| *Echium vulgare* isolate 2063 tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TAAGTGACAACCTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTAATAAAAAAGGGCAATCCTGAGCCAAATCCGG
 TTTTCCGAAAACAAACAAAAGTTGAAAAAGAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTA
 ACAAATGGAGTTGACTGCTTTGGTTCGACGAATCTTCTCATAAAGTGTGAAAGTATATACATTTGTATTG
 AATACTTTAATCAAATGAAATGATTAATGACTCCCAAAATATATTTTTTTTTTCAAAAAAAAAGAAAGAG
 TTGGTGTAAATCAATTTCCACATAGAAGAAAAGAAAAGAGTTCGAGTATTCATTGATCAAATTTACTCCCA
 TAGTCCGATAGATCTTTTGAAGAATTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCGTTCTACATGTC

AATACCGGCAACATGAAATTTTTAGTAATAGGAAAATCCGTCGACTTTAAAAATCGTGAGGGTTCAAGT
 CCTCTATCCCCAAAAGCCTATTTGACATCCCAACGATTTCTCTATATCTATTTTCGTTAGTGGTTCCA
 AATTCCTCACCTTTCTCATTCACTTATTCTTTTACAAAACGGATCTGGCCGGAAAACGCCTTTTCATCTTAC
 ACAAGTCTTGTATGATACACATACAAATGACCATCTTTGAACAAGGAATGAATCGCCTTTTGAATTTGAA
 TGATTACAATGGATATCATTCTCAGACTGAAACTTACAAAAGTCGTCTTATTGAAGATCCAAAAAATTA
 CAGTACCCGAAAAGTTGGGAATCTTCTTCATACTTTAATTGACATAGACCCAGTCATCTAATAAAAATA
 AGGATGATACATT

Ephedra fragilis

>gi|51234166|gb|AY599129.1| *Ephedra fragilis* internal transcribed spacer 1, complete sequence

ATGTTTTTACAGGTACCCCAAGGTAGAGGACCGCGCTTTCTCTGCTGAGCGGGTAACCGCCGAGTAAGT
 TCGCTCTCCGTAGAAAGGAACCGGAAACTCTTGCAGCGATATTCAAAAGCTGCAATCCCTCCGAGAATGG
 GGGGTCATACGGTTAATTCTGTGGACGGGGGAGAGTTTGTCCGTGTCTGTCCAGAGGGCCATGGGCCGT
 TCCCTTGGCGGGACAACCGTGAAGCGGGAAAAGAGGTGCGGGAATCTGCCCGTCATTACGGTCCCTCCATT
 TAGGGAAGGAGAGGGATACGTTTGGACACCGGTTGGCTTTCGGAATCGTGACTGCCGGGAAGAACTAGG
 GGAATGCGAGGACGTGGACGGTCTTTGACCAGTTTATAAATAAATAAAAAATATTTGAGACAAACGTCTC
 CCAGGGGTGTGTAACATTATCGGCATGGGATGCCCTGGCACATCATAGTACGTAGATATGGTGTGTGGCAG
 TCGCGTTCCCGAGGCGACTGGTTGGTCAAGGTTAGGTGGGTGTTTCGATAATACAGACCCTCGGTAGTGG
 CGGACCGGGGGCCGTGGAGAGGCCTCACTTGTGGGGCGCCTCCGCGCGGCCCTTCCCGTGTAACACG
 CTTCCTCTATCTATGTCCTCCGGACGGTGTGGCGTAGGTTGCCGGAGGGGAAACGTGGGAGCGGCTAT
 GGACCGGGCTATTTCTTTCTACGTCGCTGGGACGTTAAACCAACAACCAAGGGTGTCTCGGAAAGC
 GGACACGTGATGGGGCGGATCTTACCGCTCGCCGTGTGGACGTGGTTCGATGCGCGATGGGGCGGATCTC
 ACCGCTCAATGGGCTTCCGCCCGTCCCGTCGTCGTCGGCCGCGGGGGTGCATGATGGGGGCGGATC
 TCACCGCTCACTGGGGCTTCCGCCCGTCCCGTCATCGCTCCTTTTCGGGGCATCTATTCCAAATTTT
 TCCTCAGTAGAGAAAACCTGGGGCCGGAGTTCGGCAAGAGGGGCGGGAGTACCGCCAAGGAAGCAATCT
 GGCAATGGCGTCGCGGGGTGATTCCTGAGGCTGCCATGTCAACGAAA

Erica arborea

>gi|326635047|gb|HQ858911.1| *Erica arborea* voucher SANBL_S890 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

GGTCCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGTGGGCGGTTTCGCTGCCGCGACGTCGCGAGAAGTCCACT
 GAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT
 GTCAAAACCTGCATAGAAAACCTCGTGAACCTGTTTCATAAAGAATGGGGAATGCATCGGTTGGCCCA
 GTGCCCTCTCTTGTCTTCCCTCGGAGCAGACATGCCTGGAGCTTTCGAGCGACGTTTGTCTGCT
 TGTCGAACAACGAACCCCGGCGCAAATCGTGCCAAGGATAATGGAATGAGTTTGTGCATGCATGTCCCTG
 CCCGTCTATGGGTGGCGTTGGCTTGCACATCTTTTGTATAACTAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG
 GCTCTTGCATCGATGAAGAAGTACGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATC
 GAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCTGAAGCATCAGGTTGAAGGCACGTCGTGCCTGGGCGTACGCGATCG
 CGTCGCTCACTCACCCCGTGCCTCACAGGGCGGGTAAGTGCCTGGGCGGATATTGGCCCCCGTTCACAT
 TTGTGCTCGGTTGGCCTAAAAAGAAGTCCCTGATGACGGACATCAACAAGTGGTGGTTGCCAAACTG
 TCGGACACGTTGTRCATGTACGCAGTCGTCGGTGGGCTCATTGACCCTTAAGTGCCATTGAACCTGGT
 ACCTCAACTGCGACCCAGGTACGGCGGGATTACCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAA
 GAAACTTACAAGGATTCCCCTAGTAACGGCGAGCGAACCGGGAAT

Erinacea anthyllis

>gi|88193319|emb|AJ891029.1| *Erinacea anthyllis* chloroplast tRNA-Leu (UAA) gene, intron, from Spain

AATTGCATTGAGCCTTGGTATGGAACCTTACCAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGTAACCCCTGGAATTG
 ACAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCCGTTTTTCGAAAAACAAAGAAAAGTTTCAGAAAAGCAAAAATTA
 AAGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAATTGACGACATTTCCCTTTCGCGTTG
 GGTTAGGAAAGGAATCCTTTCGTCGAAATTCGGGAAAGGATCAAGAATAAACGTATATACATATACGT
 ATATGTACTGAAATATTTTCAATTGATTAATAAAGACTGAAAATCTCTATTTGTTGAAGGAGGAATTG
 AATATTCATTGATCAATCATTCATCCATGAAAATCTGATAGATCTTTTTAGGAGCTGATTAATCAGAC
 GAGAATAAAGATAGATGCCATTCTACATGTCAATACCGCCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGA

Erodium guttatum

>gi|557477970|gb|KF696394.1| *Erodium guttatum* ATP synthase CF1 beta subunit (atpB) gene, partial cds; atpB-rbcL intergenic spacer, complete sequence; and ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

CAGTAGGATTGAGTCTCATAAATAATCAAAAAAAGTGAAAGATGGCGAAATTCGTTTCGAAAAATGTGCGAA
 TACAAAGGATTCGATAGCAAATGGATCGATTAATCAATAAGAAATGGAATGGGAACTGACGGTCCATTA
 CCCAGTACCCGCACTATCCAACCGAATCCAATGCATTTTTTATTTAATCAATTCAATGCGTGAATTTT
 CAAGTTCAACCAACCCAAAAGATCAAACGGATACAGAAAAATCTTGAAAAAGTATTTTCATCTGTCTATTG
 TTATATAACAATACTACCCATATTCTCTATCGAATTCGAATCTGAGCTCTATTTAACTACCATTACAGTAT
 TTCTATCTCACTGTCCCTTTTTTGGGATTCAAATTAGGACCAACCTGTTCTTTTTTTATACCTATATCC
 TTTCGTGGACGAATTGTGACACCTTTGACATATAGGATTTACATAGACAACCTATATCACTGTCAAGGGA
 GAATTCCTTATTTTCGATATTTTCGATTCAAAAAAAGGTAAGAAAGTCGAAACTTTAAAAACAACGATT
 GGGTTGCGCCATACATAGGAAAGATATACAATAATGATGTGTTTGTGCAATCAAATCAAAAACCGCAGT
 CTAATCCCAATCTAAATAGGGAACCCCTTTGATTAGTTGATAATGGTTAGTTGAGAGTTTTGCAAAAAGAT
 TTCTCGAAAGGGTTCATTAACCTGTAATTCCTGCCAGTAGACTTTGTTTGTGTTGTCGAGAAATTCAG
 AATTCACGAGTTGTAGGGAGAACTTATGTCACCAACAACAGAGACTAAAGCAAG

Erodium moschatum

>gi|340513109|gb|HM850905.1| *Erodium moschatum* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TGTCAGACGTACTAATACCCACCCCTGCCATCTGGAAATCCTGGTTGAAGCTCTTCGTTATTGGGTGAA
 AGACGCTCCCTTCGTGCTTTTTTACGAGTCTTTCTCTATGAGTGTGGAGTTTAAATAGTCTTATTATT
 CCAAAAAGGTCTAGCTTTTTTTTTCAAAAAAATCTCAAGATTGTCCTTTTCTATATAAATCTATG
 TATGTGAATATGAATCCATCCTCCTTTTTCTTCGTAATAAATCTTCTCATTTACGACCAATATCTTCTGG
 AATCTTTCTGGAGCGTATTATTTCTATAAAAAGATGGAAGTCTTGGATCTATCGTTTCAAAAATATTT
 GAGCGCATCTGCTGCTTTTTCAAGGACCCCTCTATTCTATTGTTAGATATCAAGGAAAATACATTTCTTA

TTTTAAAAGACAGGCCTTCCGATGAATAAAATGGAAAGATTATCTTGTAAGTTATGGCAATGTCATTT
 TTATGTATGGTCTCAACCAAGGAGGTCATAGAAACAAATTTCCAGCCTTCCCTTCGCTTTATGGGT
 TATATTTAAGTGTAAGGCAATGCCCTTGGTGATACGGAGTCGAGTATTAGAAAAATTCATTTCTAAAAAG
 AGAATGCTATGAATAAGGTCGAAACAATAATTCCAATTTCTTCTCTAATTGGATCGTTGGCTAAAGAAAA
 ATTTTGTAAACCGTTGGGGCAGCCATTAGTAAGCCACCTTGGGCCGACTCATCTGATTCTGATATTATT
 GACCGATTTGTGCGTATGTGCAGAAATCTTTCTCATTATTATA

Eryngium maritimum

>gi|308210126|gb|HM441074.1| Eryngium maritimum retrotransposon Tem6 RNaseH pseudogene, partial sequence
 GCTGATATGTTTACCAAGGCATTGTCTGTACACAGTTGGCCTTTCTGAGTTCCAAGTTGGGAGTTTGCA
 ATTTGTTCAAACCTCCAACCTTGAGGGGGGATGTTATAGAATGTAATGCTTTTGATGCTACTAATCATGT
 TGACCATGATGATCACAGGCT

Eryngium tricuspidatum

>gi|351720278|emb|HE602485.1| Eryngium tricuspidatum genomic DNA containing psbA-trnH IGS, specimen voucher Jury, SL. 20881
 GAAGCTCCATCTACAAATGGGTAAGACCGGGTCTTAGTATATACGAGTTTGTGAAATAAAAAAAGGAGC
 AATAACCTCTTTCTGTCTATCAAGAGGGTGGTATTGCTCCTTTTATTATTTTTTTGTAGTATTATTA
 CCTAGTTGTTTAAAAAATTTAAACAACATCTTTTTCTTTTTATGGGTTGGTTCATGATTGAGTATC
 GTGCTTTTGTCTGTATCTGTATAATAATATAGAAATATACAATTCGGCTTCCTTTTACCTCCACCT
 TTTGGGAAAGTGAAGTTTTATACAAAATTGGAATTGAATACTTATAATATTACTTATATATATATCT
 TACTTATATATTATTCTATTATTCTCTCGAAAAACGAAAGAAATTTTTTTGAATAAATAAAAAAT
 GTAAATAAAAGAAAACCGGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAAT

Euphorbia exigua

>gi|383512397|gb|JN249303.1| UNVERIFIED: Euphorbia exigua ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit-like (rbcL)
 gene, partial sequence; rbcL-accD intergenic spacer, complete sequence; and acetyl-CoA carboxylase beta subunit-like (accD) gene, partial
 sequence; plastid

AAAGATTATAAATTGACTTATTATACTCCTGAATATGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCC
 GAGTAACCTCTCAACCTGGAGTTCCGCTGAGGAAGCAGGAGCTGCGGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGG
 TACATGGACAACTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGTCTTGATCGTTATAAAGGACGATGCTACCACATC
 GAGCCCGTCTCGGAGAAGAAAATCAATTTATTGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAG
 GTTCTGTTACTAACATGTTTACCTCCATTGTGGGTAATGTATTTGGGTTTAAAGCCCTGCGCGCTTACG
 TCTGGAGGATTTGCGAATCCCTCCTGCTTATACTAAAACCTTCCAAGGGCCGCTCACGGCATCCAAGTT
 GAGAGAGATAAATGAACAAGTATGGTGCCTCTATTGGGTTGTAATAAACCAAAATTGGGGCTAT
 CCGCTAAGAATTACGGTAGAGCGGTTTATGAATGTCTTCGCGGTGGACTTGATTTTACCAAAGCAGTGA
 GAACGTGAACCTCAACCAATTTATGCGTTGGCGAGACCCTTTTTTATTGTTGTCGCAAGCCATTTTTAAA
 TCACAGGCTGAAAACAGGTGAAATCAAAGGGCATTATTGAATGCTACTGCGGTACATGCGAAGAAATGA
 TGAAAAGGGCTGTATTGGCCAGGGAATTAGGAGTCTATCGTAATGCATGACTACTAACAGGGGGATT
 CACGGCAAACTACTACCTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTTTACTTCTTACATTCACCGAGCAATG
 CATGCAGTTATTGATAGACAGAAGAATCATGGTATACATTTTCGTGTATTAGCTAAGGCATTACGTATGT
 CTGGTGGAGATCATATTCACGCTGGTACCCTAGTAGGTAACCTGAAAGGAGAAAAGAGAGATCACTTTGGG
 CTTTGTGTGATTTACTGCGTGATGTTTTGTTGAAAAAGATCGAAGCCGCGGTATTTATTCACTCAAGAT
 TGGGCTCTTTACCTGGTGTCTTCTGTAGCTTCAGGGGGTATTACGTTTGGCATATGCCTGCTCTGA
 CCGAGATTTGGAGATGATCCGTAACAATTCGCTGGGAGGAACTTTAGGGCACCCTTGGGGAAATGC
 ACCCGTGCCTGATGTAATCGAGTACGTTTTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTT
 GCTCGTGAGGGTAATGAAATATCCGTGAGGCTGAAAAATGGAGTCTGAACTAGCTGCTGCTGTGAAG
 TATGGAAAGAAATTAATTTGAATTCGAAGCAATGGATACTTTGTAATCCACTAATTGACGTTCTGTTCTC
 TTAATTGACATTTAATCGGCCAATCTTTTATTAAGGATTGAGCCGAATACAAAGATCCTAATACAA
 GGATCCTATTATATATGATGTATGTATGATATCCATTTTGTATAGATACATATTTAAGTAAATATACAATC
 AAAATTTTAAAGACAAACATAGAAGACTAAGCAACTCAACCCTTCTATTGTTATCTTGGATCCCCAATT
 AACCTAAGGATCTATAGGATTGGTGTATCTTTTCTATTCCCTAGTTTCGAGTAGCCAGTATCACAACT
 TTCTTATACCACTCTGATATTTGCTTTTCTTCCGTTGTTGAATAAAAACTTATTAATAGACGCGAT
 TTTACAAAAAAAAGACTTTTTTTTTCATATTTCTATTAGGATAAAAAACAATATTCTTTTTTCGCAACGC
 GAATTTGACACAATATAACCAATTCCTTTTCTAGTTATACTTATAAAAAAATGGAAAACATGATTCCTTC
 ATAACCATATCATATATAGTGAAGGGATACTCTGGGTTCTTACAAAAAAGTAAAAGAGAATCCCCCCC
 CTTTTTTTTTGAATACCCACTCTTTATTAGTTAAAAATCCTGGTAATTGAACCTATATACTTATTTTGA
 GAGAAAAAATAACTAGTGAATAATTTTTCATGAAATGACTATTCATCTATTATTTTTGATGAAATAGTA
 GCAAAAAAGTTCTATGGAATAATGGTGGTTCAATTCATCGTATCCAATGTAGAATTAGGATACAGGTGT
 AGGCTAAGTAAATCGATGGATAGTTTCAGTCTTTTGAATAACAGTATAAGTGAAGACCCAATTCTAA
 ATGATACAGATAAAACACCCATAGTTGGAGTACTAGTGACAACCTAGTTCCAGTAAATGTTGATCATT
 AGTCGGTCCGGGACATTTGGAATTTACAGCTGTGATGAAACTTTTTAGTTAAGGATAGTAATAGGGAC
 AGTTATTCCATATTTTGTATTTGAAAAATAAAGTTTTTGGATTGAGACTGATTATTCTTTTCTGGATG
 AACTAGAAAGTTCTTTTATAGTTATTGGAATCTAGTTATCTGAATAATGGGTCTAGTAGTGGCGACTC
 CCAATATGATCATTATATCTATGATACTAAATATAGTTGGAATAATTACATCAATAGTTGCATTGACCAT
 TATCTTAGCTCTCAAATTTGTATTGATAGTTGATTTTGTAGTGAACAATTATAGCGAAAAGTTATA
 TTTATAGTTACGTTTGTGGTGAAGCGAAAAAGAAAGTATGTAAGTGAATAACGTTGCCAGTCAAGAAATAGC
 GAATGGTAGTATTAGCTCTAAGAGAAAGTTCTAATGATCTCGATATAACTCAAAAAATACAAACATTTG
 TGGGTTCAATGCGAAAATTTGATGGATTAATAAAGAAATTTTTAAGTCAAAAAATGAATCTTTGTG
 AACAAATGGATATCATTAAAAAATGAGTAGTTTCAGATAGACTTGAACCTTTTGTATTGACCCGGACTTG
 GGATCCTATGGATGAAGACATGGTATCTCTGGATCCCAATTGAATTTTCAATTCAGAAAGGAACTTAAA
 GATCGTATTGATTCTTATCAAAGAAAGACAGGATTAACCGAGGCTGTTTCAGACAGGCACAGGTCAACTAA
 ATGGTATCCCGT

Euphorbia falcata

>gi|349572963|gb|HQ900607.1| Euphorbia falcata voucher Barres 42 & al. (BC) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal
 RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
 TCGAACCTGCCAGCAGACGACCCGTGAACGCGTTATTAATCCGGGGGGTTCGCCGTGGGATCCGTCGG
 GCGTCGATCCCTCACCGGGGCCGGGGGGGAGACGGGATAGGGCTGTGCCTTACCCCGTAGCCTCCG

CCCGTGGTCCCGTTTAAACAAAACCCCGGCACCGTACGTGCCAAGGAATTGAAACTGAAAAGGTCCGACCGC
 CCCC GGCGCCCGGGAACGGTGAAGCGTTCCGGGACGCGTAGCGCTTTTGAGAAAACGAAACGACTNTCGGCA
 ACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGACGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTCAGGATC
 CCGGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTCTGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGG
 TGTCAC TCAATCGTCGCCCAACCACATCTCCCCCTCTGAAGAGAAGGGACGGTCTGGGCGGGGCGGAT
 GCTGGCTTCCCGTGTGCGCACAGCGCGCGGTTGGCCAAATGCCCGTCTCGGCTTCGACGCCACGGCT
 ATCGGTGGTTGCAATGCCCTCGTTTGAACGCCGTGCGCGCTCGGTTGCCGTCCGGACCGACCGGACCCCA
 AA

Euphorbia nicaeensis

>gi|383512452|gb|JN249358.1| UNVERIFIED: *Euphorbia nicaeensis* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit-like (rbcL) gene, partial sequence; rbcL-accD intergenic spacer, complete sequence; and acetyl-CoA carboxylase beta subunit-like (accD) gene, partial sequence; plastid

AAAGATTATAAATTGACTTATTATACTCCTGAATATGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCC
 GAGTAACTCCTCAACCTGGAGTTCCGCTGAGGAAGCAGGAGCTGCGGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGG
 TACATGGACAACTGTGTGGACCGATGGACTTACCAGTCTTGATCGTTATAAAGGACGATGCTACCACATC
 GAGCCCCTTGTGAGAGAAGAAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAG
 GTTCTGTACTAACATGTTTACCTCCATTGTGGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCCTTACG
 TCTGGAGGATTGCGAATCCCTCTGCTTATACTAAAACCTTCCAAGGGCCACCTCACGGCATCCAAGTT
 GAGAGAGATAAATTGAACAAATATGGTGCCTCTATTGGGTTGTACTATTAACCAAAATAGGGGCTAT
 CTGCTAAGAATTACGGTAGAGCGGTTTATGAATGTCTTCCGCGTGGACTTGATTTTACCAAGACGATGA
 GAACGTGAACCTCAACCTTATGCGTTGGCAGACCGCTTTTATTTTGTGCCGAATCAATTTTAAA
 TCACAGGCTGAAAACAGGTGAAATCAAAGGCAATTATTGAATGCTACTGCGGGTACATGCCAAGAAAATGA
 TCAAAAGGGCTGTATTTGCCAGGGAATTAGGAGTCTCTATCGTAATGCATGACTACTTAACAGGGGGATT
 CACGGCAAATACTAGCTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTTTACTTCTTACATTACCGCGCAATG
 CATGCAGTATTGATAGGCAGAAGAATCATGGTATACATTTTCTGTACTAGCTAAGGCGTTACGTATGT
 CTGGTGAGATCAATTCACGCTGGTACCGTAGGTAAGTAAACTTGAAGGAGAAAAGAGAGATCACTTTGGG
 CTTTGTGATTTATTGCGTGATGATTTTGTGAAAAAGATCGAAGCCGTGGTATTTATTTCACTCAAGAT
 TGGGTCTCTTACCTGGTGTCTTCTGTAGCTTACAGGGGGTATTACGTTTGGCATATGCCTGCCTGA
 CCGAGATCTTTGGAGATGATCCGTAACAATTCCGTTGGAGGAACTTTAGGGCACCCCTTGGGGAAATGC
 ACCCGTGCCTAGTAACTCGAGTAGCTTTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGCTGATCTT
 GCTCGTGAGGGTAATGAAATATCCGTGAGGCTGCAAAATGGAGTCTTGAAGTACTGCTGCTGTGAAG
 TATGGAAAGAAATTAATTTGAATTCGAAGCAATGGATACTTTGTAATCCACTAATGACGTTCTGTTCTC
 TTAATTTGAAATTTAACTCGGCCAATCTTTTATTAAGGATTGAGCCGAATACAAAAGATCTTAATAGAA
 AGATCTATGTATATGTATGATCCATTTTGTATAGATACATATTTAAGTAAATATACAATGCAAGATT
 TTAAGACAAACATAGAAGACTAAGCAACTCAACCCTTCTATTGTTATCTTGGATCCACAATTAACCCCT
 AAGGATCTATAGGATTGGTATATCTTTTCTATTCCCTAGTTTCCGGTAGCCAGTATCACAACCTCTTA
 TACCCATCTGTATATTGTCCTTTCTTTCCGTGTTGGAATAGAAAATTATTAATAGGCGAGATTTTACA
 AAAAAAAAAATTGTTTTTCTATTTTAGGAGAAAAAGAAATATCTTTTCTCAATGCGAATTTGACAC
 AATATAACCAATTTCTTTTCTATTATACTTATAAAAAAAAAAATGAAAAACATGATTCCTTCATAACCA
 TATCATAAAGAGTGAAGCGATACTCCGGTCTTACAAAAAAGTAAAAGAGAATCATTTTTTTTTTTAAT
 ACCACTCTTCTTATTAGTTAATAACCCTGTGATTTGGATCTATATACTTATTCTGAGAGAAAAATAAA
 ATAGTTAAATGATTTTTCATCGAATGACTATTCATCTATTTATTTGATGGAATATAGTAGCAAGAAAGT
 TCTATGGAAAAATGGTGGTTCAATTCGATCTTATCCAATGTGGAATTAGGATACAGGTGTAGTCTAAGTA
 AATCAATGCATAGTTTCAGTCTTTTGAATAACCAGTAGAAGTCAAGACCAATTTCAATGATACAGA
 TAAACACACCCATAGTTGGAGTAAATGTGACAACCTCGAGTCCAGTAAATGTTGATCATTAGTCGGTGTG
 AGGACATTTGGAATTTACGCGTTGATGAACTTTTTTAGTTAAGGATAGGAATAGGGACAGTTATTTCA
 TCTATTTGATATTTGAAAAGAAACTTTTTGAGATTGAGACTGATTATCTTTTTCGGGATGAACATAGAAAG
 TTCTTTTTATAGTTATTGGAATTTAGTTATCTGAATAATGGGTCGAGTAGTGGCGACTCCCAATATGAT
 CATTATATGTATGATACTAAATTTAGTTGGAATAATTACATCAATAGTTGATTGACCGTATCTTCTGTT
 CTCAAATCTCTATTGATAGTTATATTTAAGTGGTAGTAACAATTAAGCGAAAAGTTACATTTATAGTTC
 CGTTTGGTGAAGCGCAAATAGTAGTGAACGAGAGTTTTCAGTCTAAGAACAATAACGAATAGTAGC
 GATTTAGCTATAAGAGAAAGTTGCAATGATCTCGATATAACTCAAAAAACAAAACATTTGTGGGTTCAAT
 GCGAAAATTGTTATGGATTAATATAAGAAATTTTTAAGTCAAAAATGAATCTTTGTGAACAATGTGG
 ATATCATTTGAAAATGAGTAGTTACAGATAGAATTGAACTTTGATTGACCCAGGGACTTGGGATCCTATG
 GATGAAGACATGGTATCTCTGGATCCCATTTGAAATTCATTAGAAGAGGAACCTTATAAAGATCGTATTG
 ATCTTATCAAAGACAGACAGGATTAACCGAGGCTGTTCAAACAGGCACAGGTCAACTGAACGGCATTCC
 CAT

Euphorbia sulcata

>gi|500868368|gb|KC212400.1| *Euphorbia sulcata* voucher R. Riina 1861 (MA) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAACCTGCCTTGGCAGAACGACCCGTGAACGCGTTTACAAACCGAGAGATTGACAAGGGATTCTGTC
 GGCGTCGATCTCTCACTGGGCCCCGAGCGGAGGACGCGGGAGCTTGTCCCGGTGCCACCGTTTGAAGC
 CTCATAACAAAACCCCGGCGCCGAACGCGTCAAGGAATCGAAAACAAAAGACCGCATACGCCCTGGGGC
 CCCC GAAACGGTGAACACAAGGAGGCGGAGCGCTTTAGAACCAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCT
 CGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGACGCAAGTGGATACTTGGTGTGAATTGCAGGATCCCGCAACCA
 TCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCTTTTGGCCGAGGGCACGCTTGCCTGGGTGTCACTCAA
 TCGTCCGCCCCGCCACCGCCCTTGCAGGGATGCGGCAGGGACGGAAGATGGCTCCCGTGGGCTTTTGC
 CCCGCGTTGGCCCAATGCCCGTCTCGGCGGCCACGCCACGACAAATCGGTGGTTGTAAGACCCTCGC
 ATAAAGTCGTGCGGCTCGTCCACGCGGACCGATGAGACCCCGAAGCGTGCCTTAAGGCGTGCTCG
 CTATGCC

Fagonia cretica

>gi|51559244|gb|AY641624.1| *Fagonia cretica* internal transcribed spacer 1, 5.8 ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

GAGAAGTCCCTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGC

GGAAGGATCATTGTGCGAAACCTGCTCAACGCAGAACGCCGCGAACATGTTTCTAAGTTGACTCGGTGT
TAGGGTATGCGAGAGCATGCCCTTCATCGAGTGTGAGAGGGAGACCTCTCGACATCATAACGAACCC
GGCGTGAAGGCGCAAGGAAAAACAAAAACAAAGGAGATTGCATTGCTGTGGCCTCCTTTCATTGAA
TCAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTT
GGTGTGAATTGCAGAATCCAGCGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTCGGGTTA
AGGGCAGCTCTGCCTGGGTGTCACGCAATGTCGCTCCCACTCCAAATTGATTGGGTGAGTGTATGATGG
TCTCCGTGAGCTATATTGCTTGTGGTTGGCCTAAACACGAGTCCCTCGCACGGATTGTGTACAGGTCT
TAGGTGGTCAAACCTGAAAGATCGTGTGCTCATTCTTGCATAGTTAGGAACTTGAACCCATAAAGC
ATGTCGATCTCGACATGCCAACGACGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCGAGTTTAAAGCATATCA
ATAAGC

Fedia cornucopiae

>gi|723008380|gb|KM359088.1| UNVERIFIED: *Fedia cornucopiae* ndhJ-like gene, partial sequence; chloroplast
TCATAGATCTTTGGGCTTCGATTATCAAGGAACGGAGACTTTACAAATAAAAACCCGAGGATTGGCATTCT
ATTGCTGTCATTTTATATGTATATGTTACAATTATCTACGCACACAATGTGCCTATGATGTAGCACCAG
GCGGACTATTAGCAAGTGTGTATCATCTTACGAGAATAGAGTATGGCGTGGATCAACCAGAAAGAGTCTG
CATAAAAGTATTTGCCTCGCGGAGGCATCTAAAAATCCATCCGTTTTCTGGGTTTGGAAAAGTGTAGAT
TTCAAGAACGGGAATCTTATGATATGTTGGGAATCTATTATGATAATCATCCACGCTTGAAACGTATCT
TAATGCCGAAAAGTTGGATAGGATGGCCTTTACGTAAGGATACATTGTCCC

Ferula communis

>gi|219958078|gb|FJ535508.1| *Ferula communis* putative polyphenol oxidase (PPO) mRNA, partial cds
CCACATACTGAAGTCCACATATGGACGGGTGACCCTAACCAAATTCATGGAGAGGACATGGGAAGATTCT
ATTCAGCAGGTCGGGACCCGATCTTCTATTCTCATCAGCTAACGTGGATCGAATGTGGAATATATGGAA
AACCCCTCCCTGGCAAAATC

Festuca caerulea

>gi|21239166|gb|AF303427.1| *Festuca caerulea* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGTGATCTGACAAAACAGACCCGCGCACGAGTCATCTAGCCCGCCGGCGGGCACCCTTCGTCGCT
CGGCCAAAGTCTCGACAACCTCTCTTCGGAGTGGGGCTCGGGGTAAAAAGAACCACGGCGCCGA
AGGCGTCAAGGAACACTGTGCCTAACCCGGGACCGCGCCGGCTTGTGGCCGCTCCCGGTGTTGCAATG
CTATTTAATCCACAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATG
CGATACCTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAGGGCCG
CTTGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCCAACACGCTCCCAACCCACTAACCTGGGGCGGGAC
GCGCATGTGGTCCCGCTCGCAAGGGGCGGTGGGCCGAAGATCCCGGTGCGCGCGTATCGTGGCCGA
CACAGCGCGTGGTAGGCGACCTCGCTTACTAAACGCAGTGCATCCGACGCGTAGCCGACGTGATGGCCT
CAATGGACCCTTTAACGGAGCGCTTGACGCTTNNACC

Festuca triflora

>gi|409109274|gb|JX536580.1| UNVERIFIED: *Festuca triflora* beta-amylase-like gene, partial sequence
CCGATCCCGCAGTGGGTGCGGGACATCGGCGAGAGCGACCCTGACATTTTCTACACCAACCCGAGCGGGGA
CGAGGAACATTGAGTACCTCACCTTGGAGTGGATGACCAAGCCTCTTCCATGGAAGAATCCCGTCCA
GGTTAGCAAAGCTAAACCACACTCCACGCTCTCCGGCTTTATGGTGATCAGATACTCAGATGAGTCTT
GGCAACGGCAGAGTTGTGATTTTGTAGGTACTGTATGCCCATGGTAACAAGCTCTGATTCTCTTTGTG
GCTGTGACAGATGTATGCTGATTACATGAAGAGCTTCAGGGAGAACATGAAAACAGTTCCTGGATGCTGGT
GTCATCGTGGACATTTGAGTGGGACTCGGTCCAGCTGGAGAGATGAGGTACCCATCCTATCCTCAGAGCC
AGGGATGGGTGTTCCAGGCATCGGAGAATTCATCGTGAAGTCTTTTGGCAAACAAAAACCATCCTCTT
CTGTTCTGTTCTTACAAAATATTCTTATACATGTGATGACCAAAGGCAGTTCAATCTTTGTGCAAGTGAT
GATATGCATGAAAAATGGTTTTTAAAGAAATGAACCCCAATGATAAAGTGAATCTGATCAAAGGAGACGCC
ATGGCAAAATTTGCAATTTTGGCTTATCACTACTTTTGGAGACTCTTTCGAGAGACCATACTGTTCTTTGAGAAA
AGTGACTGAAGTAAAAACACAAGACCATAGTCCACAGCTAAGCGGCATAAGCAGAGGAAGCCAAATGTAT
ATCTTAGCTAAACAGACAGGGTATCAAATAAAACAAATGCAAGAATAATACCTTACCAGTAAAGACAAAA
TGACTTCACTTAATTGTTCCAGCTATTACTAAAACAAAAATAATCTGCAGGGCTATGATAAGTACCTGGA
AGCAGACTTCAAAGCAGCAGCACCGAAGGCTGGCCATCTGAGTGGGAATTGCTGACGATGCTGGAGAG
TACAATGACACTCTGAGGAGACCCAATTTCAAGGACAACGGAACATACCTCACCGAGAAGGGGAAGT
TTTTCTCTCATGGTACTCCAACAACTGATCAAGCACGGTGACAAGATCTTGGATGAAGCAAACAGGT
CTTCTGGGATGCAGAGTGCAGCTGGCAATCAAAGTAAAGTACCATGCCAAAGATCCAGTTTATTATACT
CCAGTAGACAAGGTTTTATAAAATCATGATTCATTTGAGAAGTACATCTGATAAACAAAAATAATGCACA
AATTCACCTAAATTAATATAGGCTAAAAGAACAAGGAAGTATATACAGCTCACATTTCTTAATCTAAAAT
GTAAATGTGACATGATCCAATGTTGGCTCCAGATCTCTGGTATTCACTGGTGGTACAAGGTTCCAAACC
ATGCAGCC

Foeniculum vulgare

>gi|182410709|gb|EU531579.1| *Foeniculum vulgare* isolate assem18.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
GTTGGCAAAGAGGGAAGATTTCCGCGAGACTTTGCTTGGCAAACGGGTCGATTTTCAGGGCGTTCTGTCA
TTGTCTGGGGCCCTCACTTTCATTACATCAATGCGGATTGCCCGTGAAATAGCAATAGAGCTTTTCCA
GACATTTGTAATTCGTAGTCTAATTAGACAACATATTGCTTCGAATATAGGAGTTGCTAAGAGTAAAATT
CGGGAAAAAAACCGATTGTATGGGAAATACTTCGGGAAGTTATGCGGGGGCCTCTGTATTGCTAAATA
GAGCACCTACTCTGCATAGATTAGGCATCCAGGCATCCAGCCTGTTTTAGTGGAGGGTCTGTGCTATTTG
TTTACATCCATTAGTTCTGTAAGGATTAATGCAGACTTTGACGGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTGCCCT
TTATCTTTTGGGCTCAAGCGGAAGCACGTTTACTTATGTTTTCTCATATTAACCTTTTATCTCCGGCGA
TTGGGATCCTATTTCCGTACCAACTCAAGAATGGCTTT

Fraxinus angustifolia

>gi|263043398|gb|GU120315.1| *Fraxinus angustifolia* PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast

GTTATGCGATGAACGTAATGCTCATAAECTCCCTCTAGACCTAGCTTCTATCGAAGCTCCATCTACAAATG
GATAAGACCCGATCTTAGTGTATAGGAGTTATTGAAAAAAAAAGAAAATAAAGGAGCAATAATGCCCTCT
TGATAGAACAAGAAAGAGTTTATTGCTCCTTATTTTCTTTTTAATTACTACTACTTTTTTTAGTCATAT
TGTACTTACATAGACTTTTATTCATTACATTACCGAAAAAGAAAATAAAGGGGATTATTTTTCTTAGGGGT
TGATTGCTGATTGAGTATTATTTGTTCTGTTCTATATGCATTTTTATTTTCATTTATCTACCCATCTTTTG
CGAAGTTTTTTTGACATTTTCATTGAAATTAATAATGAGAAAAATTAAGAATTTTTGCTTAATCTTTTTAT
CTCAGAGATAAAAAATATCTCACAAATAAGAAAGAAGATAAATGAAATGGTTCGAAATCAACCTTTTTTCT
TAAAAATAAAAAATCTAAGAGGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCACCAT
GCGCG

Fumana fontanesii

>gi|226358303|gb|FJ492021.1| *Fumana fontanesii* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds

GTATAAATTGACTTATTACTCCTCAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATCCGAGTA
ACACCTCAACCCGGAGTTCCGCCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGTGAATCTTCTACTGGTACAT
GGACAACCTGTGTGGACCGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAAGGCCGATGTACCACATCGAGCC
CGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTGAAGAGGGTTCT
GTTACGAACATGTTTACTTCCATTGTTGGGTAATGTATTGCGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCATCGTTAG
AGGATCTGCGAATCCCTGTTGCTTATGTTAAAACTTTCCAAGGCCACCTCACGGTATCCAAGTTGAAAG
AGATAAGTTGAACAAGTATGGCCGTCCACTACTGGGATGTACTATTAACCTAAATAGGCTTATCCGCT
AAGAACCTCGGTAGACCGGTTTATGAATGTCTACGCGGTGGACTTGAATTTACCAAAGATGATGAAAATG
TGAACCTCCAACCTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTATTCTGTGCCGAAGCAATTTTTAAATCACA
GGCGGAACTGGTGAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGCGAAGAAATGATCAAA
AGGGCTGTATTTGCCGAGAATTTGGGAGTTCCTATCGTAATGCATGACTACTTAACAGGTGGATTCCTG
CAAATACAAGCTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTCTACTTCTTATATCCACCGCGCAATGCATGC
TGTTATTGATAGACAGAAGAATCATGGTATGCACCTCCGTTGTTACTAGCTAAAGCTTTACGTATGTCTGGT
GGAGATCATATTCACGCTGGTACAGTAGTAGGTAACCTTGAAGGAGAAAGAGAAATCACTCTAGGTTTTG
TTGATTTACTACGTGATGATTTTATGAAAAAGATAGAAGTCGCGGTATTTATTTCACTCAAGATTGGGT
CTCTCTACCGGGTGTCTACCTGTAGCTTACAGGTGGTATTACGTTTGGCATATGCCTGCTTTGACCGAG
ATCTTTGGAGATACCTGTACTACAATTCGGTGGAGAACCTTAGGACACCCTTGGGAAATGCACCGG
GTGCTGTAGCTAATCGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTTGCTCG
CGAGGGTAATGAAGTTATCCGTAAGGCTAGCAAATGGAGTCTGAGCTAGCTGCTGCTGTGAAGTATGG
AAAGAGATAAAATTCGAATCCAAGCAATGGACAC

Fumana thymifolia

>gi|209418659|gb|FJ225850.1| *Fumana thymifolia* voucher 53BGA04 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

CTGGTGTAAAAGAGTATAAATTGACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGC
AGCATTACAGTAACACCTCAACCCGGAGTTCCGCCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGTGAATCT
TCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACGGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAAGGCCGATGCT
ACAACCTCGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTT
TGAAGAGGGTTCTGTACGAACATGTTTACTTCCATTGTTGGGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGC
GCTCTACGTTTAGAGGATCTGCGAATCCCTGTTGCTTATGTTAAAACTTTCCAAGGCCACCTCACGGTA
TCCAAGTTGAAAGAGATAAGTTGAACAAGTATGGCCGTCCACTACTGGGATGTACTATTAACCTAAAT
AGGCTTATCCGCTAAGAACTACGGTAGAGCGGTTTATGAATGTCTACGCGGTGGACTTGAATTTACCAA
GATGATGAAAATGTGAACTCCCAACCTTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTATTCTGTGCCGAAGCAA
TTTTTAAATCACAGGCGGAACTGGTGAATCAAAGGCATTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGCGA
AGAAATGATCAAAAGGGCTGTATTTGCCGAGAATTTGGGAGTTCCTATCGTAATGCATGACTACTTAAAC
GGTGGATTCACTGCAAAATACAAGCTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTCTACTTCTCATATCCACC
GCGCAATGCATGCTGTTATTGATAGACAGAAGAATCATGGTATGCACCTCCGTTGTTACTAGCTAAAGCTTT
ACGTATGTCTGGTGGAGATCATATTCACGCTGGTACAGTAGTAGGTAACCTTGAAGGAGAAAGAGAAATC
ACTTTAGGTTTTGTTGATTTACTACGTGATGATTTTATTGAAAAAGATAGAAGTCGCGGTATTTATTCA
CTCAAGATTGGGTCTCTTACCGGGTGTCTACCTGTAGCTTACAGGTGGTATTACGTTTGGCATATGCC
TGCTTTGACCGAGATCTTTGGAGATGATCTGTACTACAATTCGGTGGAGGAACTTTAGGACACCCTTGG
GGAAATGCACCGGGTGTCTGTAGCGAATCGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGAC
GTGATCTTGTCTCGCGAGGGTAATGAAATTATCCGTCAGGCTAGCAAATGGAGTCTGAGCTAGCTGCTGC
TTGTGAAGTATGGAAGAGATCAAATTCGAATCCAAGCAATGGATAC

Galium aparine

>gi|335060335|gb|HQ385189.1| *Galium aparine* ribosomal protein S16 (rps16) gene, intron; chloroplast

GTGGATTCTTCTTTTATCCACCATTTTCTATTTTTATTATTATAATTATAATTTATTTTATAATT
ATATTTATTTATAATATAAATTATATTAATAATAATATAATTAAGATATATTAAGTAAATATATTAATTT
ATAATTTTGAATATAAATAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA
ACTCGACACCAAGTCCGTAATCAAAAAAGTCCATGGTGGAGCTCGAGTATAACGATTAATTCATTTTTTC
GGAGAAGAATCTAGGGTAAATGCAAAATCAATAAATGGAGAATAAATCAATGAATGTCTCTTATAGATAT
TAAAATTGAAAGGATCCTATTTGATAAAAATCTTACAGTAATAAGGTTTCAATTAATCAAACTTTTTTCGAT
CCAACAAAGTGTATCACACGGAATCCATCGTTTGAAGATTCTTGGATGGAAGGAAATCAAAAAGAAGGG
GTATGTTGCTACCGTTTTAAAAGGATTAAGAAACACCGAAGTAATGTCTAAACCTAATGATTAATAAAGG
ATCCCAAAAACAAAGGACCCGCTCACTAATGTCTGGCCAGATTTAAGAATTCAAATCTAGTTTTTAA
AGCAGAGACAAACGAAAAAGCGGGCGGTAAGATCACTCAATAAATGAAATTTGCTAACCTTTTTTTTTG
AGCTATTTAAGAGTTATTTAATTTGAGTTATGAGTACAAATATCTCTTTTTTTTTTTTTATTTTCGAGA
AAGAAGAAGAAAAAAGATTTAAATAATAGTCTAATTGATTGATAATTTAAAGATGTTTTGTCTATTT
TTTAGAATTGTATCCTTTAATATACCTTTAATACATAGTATACATAGAAAAAATTCAGATCAAATTTCT
TTTTCTTGAGCCGTACGAGGAGAAAACCTCATATACGTTTCT

Galium parisiense

>gi|340512955|gb|HM850828.1| *Galium parisiense* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 TATTAGATATACTAATACCCCGTTCCATCCATCGGAAATTTATGATTCAAAACGCTTCGTTATTCGGTAAA
 AGATGCCTCCCGCTTGCATTTATTACGATTAATTTTCCATGAGTATTGGAGTTGGAATATTCCTAGTGT
 ACAAAGAAACGCTTTTTTGGATTTTTTCCAAAAAAGAAATCAAAGATTTTTTTTCTTATTATATAAATCTC
 ATGCATATGAATACGAATCTATTTTTACTTTTTGCGTAACAAATCTCTCAATTGCGATCAACATCTTT
 TGTATCTTTCTTGAACGCCTCTATTTTTATGGAAAAAAGAACGCTCTGTAGAAAGTCGTTGCTAAGGAT
 TTTGAGTTAGTCTATGGCTGTTTCATAGATCCTTTATGCATTATGTTAGGTATCAAGTAAAAATCAATTC
 TAGTTTTCAAAGGGTACACCTCTTTGGATGAATAAATGGAAATCTTATCTTGCAATTTGGGCAATATCA
 CCTTGATCTGTGGTTTACTCGGCAAGGGTTTATAGAATAAATGCCTAAGCATTGCTTACTTTATG
 GGTTATCTTTCAAGTGTGCGACTAAATCCGGTAATGGTACGGGGTCAAATGCTAGAAAATTCGTTTCTAC
 TTAATAATGCTATTAAGAAATGGATATGCTTGTTCGAAGCATTCTCTTATTTCGATCATTAGCTAAAGC
 TAAATTTTGTAAACCCATTAGGACATCCCATTAGCAAGGCAATTTGGACTGATTATCAGATTCCTGATATG
 ATTGACCGATTTGGGTATATATGCAGAAATCTTTCTCATTATTATA

Galium rotundifolium

>gi|288190555|gb|GU357358.1| *Galium rotundifolium* isolate Montserrat10-Jul-1982 tRNA-Cys (trnC-GCA) gene, partial sequence; trnC-petN
 intergenic spacer, complete sequence; cytochrome b6/f complex subunit VIII (petN) gene, complete cds; petN-psbM intergenic spacer, complete
 sequence; and photosystem II protein M (psbM) gene, partial cds; chloroplast
 TCGCCTAAACAAAAAGGTGTGAAAACCTACTTTTGTGCTGCTAATAGAACTACCAAATTTTTCTCAT
 AGAAGCAGAAAAGGGGAGCTCTTGATACCTGTTTGTTCGAAACAGGCGAGTGTGGTTTTCAAAAATAG
 TGTAATGGAAATAAATCGAGGATTCAACGATATATCTAACCGTATAAAAACTTCGGGATTCCTTGAC
 CTCCAATAAGAAATGGAAAGAATTTTTTTTCGGCAACCTCGAATCAAGAATATATTATCTCTCCACTTT
 TTCACAGAGATAGTTGAAAAGGGTTATGCATTCGATCAAAATACAAATTCGATATTTATTTATCTTTTTA
 CTTATGAGTATCAATAACCAAAAAAGGCCTTATTTTTCCGACATGTTTTCCATTAGTAACGTTTGCTAGAG
 ATGTTACTACGATTTTGTCTTCTATTCATCTTCCCTTTATTTAATGTTTTAATGTTTCGAAAACCGTCT
 AGGAATTTGTCATTAATGAGTTTCGTTTGTAGTAGAAGTTAATTTAGTAAATTTGGGATATCAATATTATTCG
 GTCGGAATCCTTTTTTGTACTGACCTGACCATCGATTCCACTATACTAAATAGTATAGAGGAATAGAAACAAT
 TAAATTCCTTCATATTTGAGAGATTAAGATTATATAGATAAGGGGACATAATTCACATGGATATAGTAA
 GTCTCGTTGGGCTGCTTAATGGTAGTCTTTACATTTCCCTTTCACCTATAGTGTGGGGAAGAAGTGG
 ACTTAGGAGTATTACTAATTAATCAAACCTGATCAATTTGTTTCTAGATCGTTTCTGCAACACGTTTTGC
 ACTATTTAAAACGAAAAAATATTTGAATTCATTCGATTCCGAGGGGAGTAATCCATTATATCACACTTT
 TTCAATCAAACGATATTTACCAACTCTATCTTTGATCTTTGTATTTTCGAAAAGGAATACTGATAAAAG
 AAAATTTATTATAATAAAATTAATAAAATTAATGCGAACCATTCTATTTCAATCAATGGGTTCTTACCAC
 AGAATTTGTTGGAGGACTAAGGAAATTAATCTCTTTACTTTAATTTAATTAATAAAAGTCGTTTGGTTA
 AGTATATATGCATAAATATATGCCTTTTCTATGAATTTCTAATTAATAGGAAAAAGTGTATACACATAGACA
 TCGTGGTTGTGCAACGAGATATTATACATAAGAGAACCCTTCACTCGGATGAGTACCATATTACACATTTA
 CTACTTGCTTTAGGATTTTAAAAATTTGATTTTTATTATACATTTATTATACATTTATTATAAAATTATAAA
 GATTATAAAGTAGACCTTTACACATTCTACACTCTAATAGATAGACCATAGGGTCTATCTATTAGAATAC
 TACCCCGACCAGAATTAGCTTATTTCCCTTTATTTTTAAGACGCTAAAATTTGGAATCCCTTTTTTATTTT
 GGATAAAGACTTAAACTTAGAAGTCAAGCTTAAATTTCAATTAATTTTTTCTACTGACTGTTTTACGTAA
 ATTATAAGTAGAAAGGCCGTAGGAACCTAGAATGAATAGCACAGT

Galium scabrum

>gi|663498244|gb|KJ747704.1| *Galium scabrum* voucher ORT 41160 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 GTATTAGATATACTAATACCCCGCTCCATCCATCTGGAAATTTTGTATCAAACCTTCGTTATTTGGTAA
 AAGATGCTCCCGCTTGCATTTATTACGATTAATTTTCCATGAGTATTGGAGTTGGAATACTCTTAGTGT
 TACAAAGAAACGCTTTTTTGTATTTTTACCAAAAAATAAATCAAAGATTTTTTTTCTTATTATATAAATCT
 CATGCATATGAATACGAATCCTTTTTTACTTTTTGCGTAACAAATCGTCTCATTTGCGATCAACATCTT
 TTGATTTCTTTCTGAACGCCTCTATTTTTATGGAAAAAAGAGCGCTCTGTAGAAAGTCGTTGCTAAGGA
 TTTTTCGAGTTAGTCTATGGCTGTTTCATAGACCCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGTAAAAATCAATT
 CTAATTTCAAAGGGTACACCTCTTTGGATGAATAAATGGAAATCTTATCTTGTCATTTTTTGGCAATATC
 ACTTTGATCTGTGGTTTACTCGGCAAGGGTTTATAGAATAAATGGCCAAAGCATTGCTTACTTTTAT
 GGGTTATCTTTCAAGTGTGCGACTAAATCCGGTAATGGTACGGGGTCAAATGCTAGAAAATTCATTCTA
 CTTAATAATGCTATTAAGAAATGGATATGCTTGTTCACGATTCCTCTCATTGATCATTATCTAAAAG
 CTAATTTTGTAAACCCATTAGGATATCCATTAGTAAGGCAATTTGGACTGATTATCAGATTTTGTAT
 GATTGACCGATTTGGGTATATATGCAGAAATCTTTCTCATTATTATAGTGGGTCTTCAA

Genista cinerea

>gi|18028582|gb|AF330657.1| *Genista cinerea* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
 complete sequence
 TCGAAGCCTCACAAAGCAGTGCACCCGTGAATTTGTTTACTACTCAGGGGTGGCTAGAGGTGTTCCGGCA
 CCTCGGTCCCTCGTGTGCGGAGGCCTCTCCTGGCCAAATAACAAAAACCCGGCGCCGAACGCGCCA
 AGGAAATTGAAATCGTTTGTGCGCCCCGTTGGCCGGAGACGGTGTGCTTGGGGTGGCGTTACGACACG
 CGTATCCAAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGCTCTTGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGAT
 ACTTGGTGTGAATTCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAG
 GCCGAGGCGACGCTGCTGGGTGTTGCACATCTTGCCTTGCCTTGACCATGTGCTAGGCACCTAG
 CGGGGCGAAAGTTGGCTTCCCGCGAGCAGCGTCTACGGTTGGTTGAAAATGAGTCCGGCGGTTGAGGGC
 ACCGTGATGGATGGTGGATGAGTTAAAGCTCGAGACCGATCGTGTGTGTCCTTACTAGCTTTGCGAC
 TCTGTGACCCATGGGGTCTGTTGACCACCTATGACGGGA

Genista spartioides

>gi|33112928|gb|AY263666.1| *Genista spartioides* isolate 252 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
 spacer 2, complete sequence
 TCGAAGCCTCACAAAGCAGTGCACCCGTGAATATGTTTTACTACTTAGGGGTGGCTAGAGGTGTTCCGGC
 ACCTCGGTCCCTCGTGTCCGGAGGCGCCCAACCCCTGTGTGCTTCTCCTGGCCAAATAACAAAAACCC
 CGGCGCCGAACGCGCAAGGAAATGAAATTTGCTAGTGCCTCCCGTGGCCCGGAGACGGTGGCCGAG

CGGGTGGCGTTGCGACACATATATCTCTAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAA
 GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
 TTGCCCGGAAAGCATTAGGCCGAGGGCACGCCTGCCTGGGTGTTGCACATCGTTGCCCTGTTCCTGG
 CCTCGTGCTAGGCACCGAGTGGGGCGAATGTTGGCTTCCCGTGAGCAGCGTCTCATGGTTGGTTGAAAAC
 TGAGTCCGCGTGGAGGGCGCCGTGATGGATGGTGGCTGAGTTAAAGCTCGAGACCGATCGTGCGTGTCA
 CCCCCACGCTTTGTGACTCTGTGACCCATGGTGGTCTGTT

>gi|2230856|emb|Z72272.1| *Genista tricuspidata* ITS1

TCGAAGCCTCAACAAGCAATGCGACCCAGTGAATTTGTTTACTACTCAGGGGTGGCTACAGGTGTTTGGC
 ACCTTAGTCCCCCTTGTGTCGGGAGGTGCCACCTTGCCTGCTCCTCGGCGTAATAACAAAACCC
 CGGCGCCAAGCGCCAAGGAAATTGCAATCGTTTGGTGCACCCCCGTTGGCCGGAGACGGTGCCGTGC
 GGGTGGTGTTCGACACGTGTATCTGAA

Gennaria diphylla

>gi|37223026|gb|AY368341.1| *Gennaria diphylla* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit-like (rbcL) gene, partial sequence; chloroplast gene for chloroplast product

CCGTANACATTGTTGGGATTAAAGCTNGTGTAAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCCTGACTACG
 AAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAACCGGGAGTCCGCTGAAGAAGC
 AGGCGTGCCTGACGCGAATCTTACTGTGATGACAACTGTGTGGACTGATGGCTACCAGT
 CTGGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAGGCCGTTGTTGGGGAGGAAAATCAATATATTGCTT
 ATGTAGCTTATCCTTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAATGTTTACTTCCATTGTGGGTAA
 TGTTTTGGTTTCAAAGCTCTGCGAGCTCTACGCTGGAAGATCTGCGAATTCCCCCTGCTTATCCAAA
 ACTTTCAAGTCCGCTCATGGCATCCAAGTTGAAAGAGATAAAATTGAACAAGTATGGCTCCCTAT
 TGGGATGTACTATTAACCAAAAATTGGGATTATCCGAAAAAACTACGGTAGAGCGGTTTATGAATGTCT
 ACGGGGTGGACTTGATTTTACTAAGGATGATGAAAACGTGAACTCACAACTTTATGCGTTGGAGAGAT
 CGTTTCTTATTTGTGCCAATCTTTATAAAGCACAAGCTGAAACGGGTGAAAATCAAAGGGCATTACT
 TGAATGCAACTGCGGGTACATGTGAAGAAATGATCAAAAAGAGCGGTATTTGCCAGAGAATGGGAGTTCC
 TATCGTAAATGCATGACTACTTAACCGGGGATTACCGCAAATACTACCTGGTCTATTATTGCCGCGAC
 AACGGTCTACTTCTCACATCCATCGCGCAATGCATGCAGTTATCGATAGACAGAAAAATCATGGTATGC
 ATTTTCGTGACTAGCTAAAAGCATTACGTATGCTGGTGGAGATCATATTCACGCTGGTACAGTAGTAGG
 TAAACTGGAAGGGGAACGTGAGATGACTTTGGGTTTTGTTGATTTATTACGTGATGATTTTATTGAAAA
 GATCGAAGTCCGTGTTATTTTCACTCAAGACTGGGTCTCTATGCCAGGTGTTATACCCGTGGCTCAG
 GGGGATTCATGTTTGGCATATGCCTGCCCTAACCGAAATCTTTGGGGATGATTCCGTACTACAGTTCCG
 TGGAGGAACTTAGGGCACCCCTGGGGAAAATGCACCCGGTGCAGTAGCTAATCGGGTGGCTTAGAAGCA
 TGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTTGTAGTGAAGTAATAATATTTCGTGAAGCTAGTA
 AATGGAGCCCTGAGCTAGCCGTGCTTGTGAAATATGAAAGAAATAAAATTTGATTTCCAGCCAGTGGAA
 TAAGCTGGAT

Geranium molle

>gi|540118720|gb|JX913455.1| *Geranium molle* voucher Medina & Sequeira 2784 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

GCCGCGGTAGCTGCTGAATCTTCTACCGGTACATGGACAACCGTGTGGACCGATGGGCTTACTAGTTTGG
 ATCGTTACAAAGGACGCTGTATCACATCGAGCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATTTATTGCTTATGT
 AGCTTATCCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCCGGTACTAATATGTTTACTTCCATCGTGGGTAATGTA
 TTTGGGTTCAAAGCCCTTCGCGCTCTGCGTCTGGAGGATCTGCGAATCCCTCCTGCTTATGTTAAAACCT
 TCCAGGGCCCGCTCACGGCATCCAAGTTGAGAGAGATAAAATTGAACAAGTATGGACGTCCCTATTGGG
 ATGTAATAAAGCCGAAATGGGATTGTCGGTAAAGAACTACGGTTCGAGCGGTTTTGAAATGCTTTCG
 GGTGGACTTGATTTTACTAAAAGATGATGAGAACGTGAACTCCCAACCGTTTATGCGTTGGAGAGACCGTT
 TCTTATTTGTGCCAAGCGCTTTATAAAGCACAGGCCGAAACAGGTGAAATCAAGGGGCACTACTTGAA
 TGCTACTGCAGTACTGTGAAGAAATGATGAAAAGGGCTGTGTTTGGCAGAGAATGGGGGTTCTTATC
 GTAATGACTACTACTTAAACGGGGGATTCAGTCAATACTAGCCTGGCTCATTATGCCGATGATAATG
 GGCTACTTCTCATATCCATCGTGCAATGCATGCTGTTATTGATAGACAGAAAGAAATCATGGCATACACT
 TCGTGTACTAGCGAAAGCTTTACGTATGCTGGTGGAGATCATATTCCTCCGTACCGTAGTAGGTA
 CTTGAAGGGGAAAGAGACATCACCCCTGGGCTTTGTTGATTTACTACGGGATGATTTTGTGAAAAAGACC
 GAAGCCGCGGTATTTATTTACTCAAGATTGGGTCTCTTACCGGGCTTTTGCCTGTGGCTTCAGGGG
 TATTCAGTTTGGCATATGCCGCGTACCGAGATCTTTGGAGATGATTCTGTACTACAATTCGGTGGAA

Geranium robertianum

>gi|433660807|dbj|AB693036.1| *Geranium robertianum* chloroplast trnL, trnF genes for tRNA-Leu, tRNA-Phe, partial sequence, isolate: Gifu-1

TAGTACGGAAACCTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAACCCCTGGAATAAAAGAGGGGCAATCCT
 GAGCCAAATCCTTTTTACGAAAATAAAGAGGGGCTCACAAAGCGAGAATAGAAAAAAGGACAGGTGCA
 GAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAAAAAATGGAGTCCGTTGCATTACATTGATAAAGGAAGCCTTCTTTCC
 AACCTTCAGAAAGGGAGAGGGTAAACCTATATATACGTAAGTAAAGAAATTTGCTTCAAATGATTAATGAGAA
 CCCGAGTACGTATATATGGAATAATATATATAAGAATCGATATAGTCATTGATCAAATCATTGACCCTA
 GAGTCTGATGGATCTTTGAATCACTGATTAATCAGACGAGAATAAAGAGAGAGTCCGTTTACATGTC
 AATAACGGCAACAATGCAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATGTTAAAAGTCTGAGGGTTCAAGT
 CCTCTATCCCCAATAAGTATCTTTCGATTCCTTCCCGAACTCTTTGCTGCTTATCAATTTTAAAGA
 GGTTCAAAAAATTTGTTATCTTTCTTATTTCTTCTTTTCTTTTCTTTTAAACAAAAAAGTACCCAAAT
 GGACCCCTTTTGCCTTATCACAGGTCTTGGGATATATATGACACACGTACAAAGGGGGTGGACAGGA
 GCCCTCATGTGATTTGTTGAAGGATTCAGAATACATATTTATACATTACGCTTTTGTATTGATAAAAGT
 CCTCTTTGTTTAAAGTATCTAAGAAATGCGGGGCTCAAAAAGACTGAAAAAATTTTCAGTCAATTTTAA
 TTGACAGAAACTCAAGTCAGCTAATAAATAAGGGATGATGCGTTGGAATGGTCCGGATAGCTCA

Glyceria maxima

>gi|209962741|gb|FJ013226.1| *Glyceria maxima* voucher E-22 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

AGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCTGACCCTGACCAAAAAGAGACTGTGCTCTTYTATCAWCCATG
 CTAGAGGTGGCACTGCCTGCCGTTTGGCCAACTCCCTGACCATATCTTCCCTAGGAGGCATGGTTGGGCAA
 CAGAACCCACGGSGCCSAARGSGTCAAGGAACACTACGCGTAACTCAGGGGTGCAACTGGCTTGTAGTA

CGAAGCTACCGTGCCTGGATTATGACTGAACGCCTCTAAGTCAGAATCCGGGCTAGAAGCGACGCATGC
GCCC GCCGCCCCGTTGCCGACCAGCAGTAGGGGCCCTACGGCCCCAAAGGCACGTGTCGTTGGCCAAGC
CCGTGTGGCGGACGAGCCGACGGGTGCGCCATGAAGTACAATTTCCACCGAGCGGGTGAATCCTTT
GCAGACGACTTAAATACGCGACGGGGTATTGTAAGAGGCAGAGTGGCCTTGCTGCCACGATCCACTGAGA

Hedysarum coronarium

>gi|55420437|gb|AY772225.1| Hedysarum coronarium 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
CTGCGGAAGGATCATTGTCGATGCCTTACATGCAAACCAACTTGTGAATCTGTTTCAATACGTAGGGATG
GCTCGGGGTGTTCAACTCCTCGGCCTCCCTTGAGTTGGGAGGGGGGCCACGCTGTGCGTTCCCTCCCT
CCAAACCCAAACCCCGGCGCTTAATGCGCCAAGGAATAAAATTTGTTTCAAGTGCACCCCGTAGGGCCGG
AGACGGTGATCCTGCAGGTGGTGTGTTGACACATGATATATTGAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGG
CTCTTGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGTTGAGGGCACGCTCTGCCTGGGCGTCACATATCGT
TGCCTAATGCCACTGCCTAGAGATAGGCATTGTGCACACGGCGAATGTTGGCTTCCCGTGAGCATTGAT
GTCTCATGGTTGGCTGAAAAATGAGTCTTGGTAGGGTGTGTGCCATGATAGATGGTGGTTGTGTGACCC
ACGAGACCCATCATGTGCGACTCTACCATAATTGGCCTTTGTGACCCACGTCGCTGTTGAACGCTCATG
ACTAGACCTC

Hedysarum flexuosum

>gi|55420433|gb|AY775312.1| Hedysarum flexuosum 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
CTGCGGAAGGATCATTGTCGATGCCTTACATGCAAACCAACTTGTGAATCTGTTTCAATACGTAGGGATG
GCTCGGGGTGTTCAACTCCTCGGCCTCCCTTGAGTTGGGAGGGGGGCCACGCTGTGCGTTCCCTCCCT
CCAAACCCAAACCCCGGCGCTTAATGCGCCAAGGAATAAAATTTGTTTCAAGTGCACCCCGTAGGGCCGG
AGACGGTGATCCTGCAGGTGGTGTGTTGACACATGATATATTGAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGG
CTCTTGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGTTGAGGGCACGCTCTGCCTGGGCGTCACATATCGT
TGCCTAATGCCACTGCCTAGAGATAGGCATTGTGCACACGGCGAATGTTGGCTTCCCGTGAGCATTGAT
GTCTCATGGTTGGCTGAAAAATGAGTCTTGGTAGGGTGTGTGCCATGATAGATGGTGGTTGTGTGACCC
ACGAGACCCATCATGTGCGACTCTACCATAATTGGCCTTTGTGACCCACGTCGCTGTTGAACGCTCATG
ACGAGACCTC

Helianthemum cinereum

>gi|523926333|gb|JX870639.1| Helianthemum cinereum clone Helian5 microsatellite sequence
CAAACATCTGTCGACAGGTATGTAATTTGGCCTAAAGAATACGTCGACGGATACGTAGCATCCGTCGACGG
GTACAATATTTTCTAGAAAACATCTGTAGACGGGTATGACTTGTTCAGAGCTTTTGAAGTACTTCTCTT
ATGAAGAATAAAAGTCTACTCAACCTATCAAATGCACCAATGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGA
AAGAAGCAAGGAAGCGCTATTTTCTTAACTCAACTATTACCTA

Helianthemum hirtum

>gi|507474978|gb|KC698933.1| Helianthemum hirtum voucher IBHS21-24 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
GGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCTAAGCCGTCAGGCCG
AGGGCACGCCCTGCCTGGGCGTACGCATCGTCCGCCACCACCTCGTGGTGTGGGCGGATACTGGCCTC
CCGTGCGTGCATTGCTCGCGGCTGGCCTAAAACAGAGTCCCTGCGTCGAGCGCGGGCGGAGCGGTGGT
CTTTATCGTCTCGTACGCGCCCTCGGCCCTCGGCGCCGTGGGATCTCTCGGACCCCGAACGTTGTC
GTCCCGGACGAACCTCGCTTCGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAAGCATATCAATA
AGCGGAGGAAAAGAACTTACCAGGATTCCCTAGTAACGGCGAGCGAACCGGG

Herniaria hirsuta

>gi|374350742|gb|JN589052.1| Herniaria hirsuta var. cinerea 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA gene, region
CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCAGCGAACATGTTTCCA
TCGGCACCTAAACGAACCCCGGCGGACTGCGCCAAGGAACATGAACTCAATGCGCCTCCCCGTGCC
GGTTTACCGGTGCTCGGGCTTGGTGCCATGTTTAAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTC
TCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGT
CTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTCGGCTAGGGGCACGCTGCTGCGTGGGCGTACGCGTCCGCTC
CCCCTACCCACCCGGGCGGGGAGGAGGATGGCCTCCCGTGCCTACCCGGGCGGGCTGGCCTAAATAGG
GAGCCACGGAGCAGAGCTGCCGCGGCGATTGGTGGCTCGTCCGCTGCGCTGCCCTAAGGGAGCTCGAA
GGACCCTGAACGTCGCTCTTTGCGACCTCACCGTTGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCT

Hippocrepis multisiliquosa

>gi|336112069|gb|HQ199617.1| Hippocrepis multisiliquosa photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; chloroplast
TCGAGGCTCCATCTATAAATGGATAATTTATAGGTTTTAAAGGATACGAGTTTTTGAAGTAAAAGAGCA
ATATCAATAAAGTTGATATTGCTCTTTACTTTGTTGAGTATTCTTCTATTATTTATTTATATAACATA
ACATAATTTTTTTTTTCTAATTTGATAGTAAAAACTTCAAAAAAAAAAAAAAGAAATTTAAATCAATTC
AATAAGGGTCAAAAATGAAGGCTGGGTCAATTTAACTTACTATCG

Hippocrepis ciliata

>gi|109629713|gb|DQ642001.1| Hippocrepis ciliata internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGTATCCTGCAAACAATCAAACCCGTGAACCTGTTTACTATTTTGGGTAGGATTGGGGTGTGATCCAC
CTCAACCTCCACGTTAGGGGAATTCACATTGCGTGCCTCTCCCTAATACAAAACAAACCCCGGCGC
TATATGCGTCAAGGAATGAAATTTGTTCAAGTGTCTCCTGTCGCGCCCGCAACGGTGTCTCGTGCAGGTGT
GCCATGACACATTCTACTTAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGT
AGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGC
CCGAAGCCATTAGGTTGAGGGCACGCTGCTGGTGTGCACACATCGTTGCCCAACATCAAATCCCTT

GTGGAAGAGCTGTTGTGCGGGGCGAATGCTGACTTCCCCTGATTGCAAAAATCACGGTTGGTTGAAAATT
GAGTCCATGGTAGTGTCTACCATGATGGATGGTGGTTGAGTTATGCTCGAGACCAATCATGGTGAACCTT
ATCAAACCTGGGCTTGGTAACCCATATGTGTTTATATACACTCACAA

Hordeum murinum

>gi|347823055|gb|JF733604.1| *Hordeum murinum* isolate MuF5C2 shaggy-related protein kinase eta (PRSC1_005) gene, partial cds
TAAGAACATTTTCAACTTACAGATTGCTAGTCTGAAGATTATGTTGTTTTCCAGCTAAAGTAACAGCATT
AAGAGAGACCCCTTTCTAGGTGGAGCACTGGCTGTAGTTAAACAAGCACATGTGACTATAAAGTTGCACCC
ACTATCTATCAGTCAAGACTCATCAACATCTAGTCTGGACCACAGGATATCATAATTATAATGCCAATG
CAGGACCAGAAGCTAATCAGTGAAGCTGAAAGCTAAACTTCGATGCTTCCAAGAACTCCCAAAAATAATCCT
GCTTCCACAAAAAAGGCGCAGAGAGCCCTCCTTCTATCGTTAATGATTGAACAATTCCCCATATATTCCTT
TATCTCTCACAAAAAAGAATAATTAAGTGAATACAACATTTTATAGATATGAGGCTAGAATAGACAAAAATC
ATGTAGTATCACACAAAAAATAACACAAGTAAATAACCTTGGTACACCCCGTTTGTATTATCCA
CCCAGCCACTTGGCACAACGTTTAAAGAACAATCAAAAGCCAAGCATGGAAAACTTACAGCAGTGGCAAC
GCAGATTTGGTGAATATTGGAGAAGGCGGGAGGCAAGATCTATAGCTTACAGCAGGCATTCTTGTGGAA
AATCTAGGGAAGGAAAAGTTGAGCAAACCGTTAGCTGCAGGCACATTTTTAATTCATAATTTATTGATGT
GTAGAGAAAGAATCTGGTAACTAATTGGCATGCAAGAAGACGTGGACTTAATACCAGGCAAGTATAATGA
CATGATGCAGTTGATTAACATAAACTTCACATATGTCTACCTTGTGCCAAGGATGAGCCTTAATTTGA
GGAAACCTGAACTCA

Hornungia petraea

>gi|525677992|gb|KF023023.1| *Hornungia petraea* isolate T212 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
TACCTATTTACTAGGAGTTGGACTTCTCCTTTTCCAACAGCAACAAAAACCTTCGCGGTATGTGGAC
TTTTCTGAGTATTTTTTTTTAAGTATAGTTATGATCTTTCTCTCTACCTATYTATTCAACAAATTTTT
CTAAGTTGCATTCACAAAAATGTCTGGTCTTGGACCATAAAATAATGAATTTTTCTTTTGGAGTTCGGTTACT
TTATTGATCCACTTACTTCTATTATGTTAATATTAATTACAACCTGTTGGGATTTTGGTCTGATTTATAG
TGACAATTAATATGTCTCATGATCAAGGATATCTGAGGTTTTTGGCTATATGAGTTTTTTAATACTTCA
ATGTTAGGATTAGTACTAGTCTAATTTGATCCAAGTTATTTTTTTGGGAATTAGTTGGAATGTGTT
CCTATTTAATAGTTTTTGGTTCACCTGACCTATTGCGCAAGTCTTGTGCAAGGAACTGTTGTAAC
TAATCGTGTAGGGGATTTTGGTATTATTAGGAATTTGGGTCTTTTTTGGATAACTGGCAGTTTTGAA
TTTCAGGATTTGTTGCAATATTCAACAATTTAATTTAAATAATAGAGTAAATCTCTTATTCCCTACTT
TGTGTGCATTTTTATTATTTATGGTCTTATTGCTAAATCCGCAACAATTTCTCTTTCATGTATGGTTACC
TGATGCCATGGAGGCCCTACGCCTATTTCCGGCTTATACATGCTGCTACTATGGTAGCGGCGGGAATT
TTTCTGTAGTCTGCTTCTTCTCTTTTATAGTTATCCCTTCTATAATGTATATAATATCTTTGATAG
GTATAATAACAGTATTCTTAGGAGCCACTTATGCTCTGTCTCAAAAAGACATTAAGAGAGGTTTAGCCTA
TNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNGCTATTGAAAGCTTTATTGTTTTTAGGATCCGGATCCATTATTCATTCAATGG
AAGCAATAGTTGGTATTCTCCGATAAAAGTCAGAATATGATTCTTATGGGGGGTTGACAAAAACCGT
GCCGATTACAAAAACGGCCTTTTTAGTAGGAACACTTCTCTTTGTTGGTATTCCCCCCTTGCCTGTTTT
TGGTCTAAAAGATGAAATCTTAATGATAGTTTTTGTTCGCCAATTTTTGCAATAATAGCTTGTTCAA
CAGCGGGATTAACCGCATTTTATGTTTCGGATTTTACTTACTTTTGAAGGACATTTAAATACTTA
TTTTCTAAATACAGCGGAAAAAAGTAGCTCCTTCTATTCAATTTCTTTATGGGGTAAAGAAAGAA
AAAAAACTGAATAGAAATTTGGGTTAGTACCATTATTAACAATGAATAATACTAAAAGAACTTCTTTTT
TTTGCAAGAAAACATATAAAATAGTAATAATGTCAGAAATAAAACTTTTATTACTGTTGAAAAATCTGG
ACTTAATACAAGAATTTCTACTATCCCCATGAATCAGACAATACTATTATATTTCTATGCTTGTATTG
CTTTTTTTTACTTTTGGTATTGAGCCATAGGAATTCCTTTCAATCAAGAAAGAATAGACTTTGATATAT
TATCAAAATTAATTCACGCCATCGATAAATCTTTGCATAACAATTCACACAATTTGTAGATTGGTATGA
ATTTTTGAGAAATGCAACGTTTTCAGTCAAGTATAGCTTTTTTGGAAATTTATAGCTACTGTTATAT
AAGCCTTTTTATTCATCTTTTTTAAATTTAACCTACTTAATTCATTTCAAAAATGGAATTTCAAACGAG
TCCGTTGGGAAAAATTAATAAACTTTGTTTATAAATGGTCAATAATCGTGGTTACATAGATGCTTTTTT
TAAAATCTCTTTAAACTGAAAGTATAACAAGATTAGCAAAAACAGACGAATTTTTTTGATAAACTAATCATT
GATGGAATTACAAATGGAGTAGGTATT

Hypochoeris achyrophorus

>gi|29243690|gb|AF528404.1| *Hypochoeris achyrophorus* isolate 1 matK-like gene, partial sequence; chloroplast
TTTAAATATGATTAATAATCCTAATACCTTACCCAGCCATTTGGAAATCCTGGTTCAGGCTCTTCGC
TATTGGATAAAAAGATGCTTCTCTTTGGCATTAAATTAATAATCTTTTCCATGAGTGCCATAATTGGAATA
GGCTTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCTGCTCTTCTTTTCAAAAACGAAATCCAGACTATTCTTCTT
CCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCTCTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACTTA
CGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTATTGAACGAATTTTTCTATGGAAAAATAGAGCATCTTCGAGAAG
TCTTTGCCAGGGCTTTCAAGCGAATTTCTGGTTGTTCAAAGACCCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCA
AGGAAAAATCAATTTCTGTTCAAAAAGGGACGTTTCTTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAAT
TTCTGGAATCTTATTTTTACCTGTGGTCTCAACCAGGAAGGATTTATATAAACAATTAATCAATAATT
CCCTGACTTTATGGTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAAAGTCTTCAATGGTACGCAGTCAATGCTAGA
AAATGCATTTCAATGAAAAATGCTATTAAGAAGTTTGGACTATTGTTCCAGTTATGCCTCTGATTGGA
TCATTTGGCTCAATCTAAATTTTTGTAACGCATTAGGGCATCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCTGATTTCT
CAGATTCTGATATTATTGACCGCTTTGGGCGTATATATAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCTTC
AAAAAAAAGAG

Hypochoeris radicata

>gi|550826536|gb|KF591249.1| *Hypochoeris radicata* voucher Allan Herbarium CHR 630364 tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic
spacer, partial sequence; chloroplast
GACTTAATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAAATTTCAAATTCAGAGAAACCCTGG
AATTAATAAAAATGGCAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAACAAAGGTTTCAGAAAGCGAA
AATAAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGCTGTTCTAACGAATGGAGTTGATTGCTTACGTTA
GTAGAGGAATCCTTCTATTGAAACTTCAGAAAAGATGAAGGATAAACCTGTATACATAATACAGAAGAAT
TTTTGTCAATCGAATTTCCATATTGAAGAAGAATCGAATATTCAATGATCAAACCTATTCACTCCATAATCT
GATAGATCTTTTGAAGAAGTATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCGTTCTACATGTCAATACC

GGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATTTCAAAAATCGTGAGGA

Inula montana

>gi|374671913|emb|HE659560.1| *Inula montana* chloroplast genomic DNA containing psbA-trnH IGS, specimen voucher R.K. Brummitt 18721
 TAAACAAGAGGGCGTTATTGCTCTTTTTTATTAGTACTATTTGCCTTACATAGTTTCTTTAAAAAT
 AACAAGGGCTCTTATAGTTGGTTCGATTCGCGTGTCTTCTTTGTATTCATTTATATTGTAGGTTTC
 TATATCCTTTTCCCAATCTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTCATTTCAATCGAAAATAGATAAAAAATG
 AAAATTTTGCTTATTTATTACTTTTCATTTTCATAAATAATAAAGAAATAGTATGATATGCTCTTTTTTTTT
 TATGTTAATGGAAAAATATAGTAATACTAGATAAATACTAGATAAATAGTAAA

Iris tingitana

>gi|58219807|gb|AY596627.1| *Iris tingitana* tRNA-Lys (trnK) gene, intron; and maturase (matK) gene, complete cds; chloroplast
 TATTGCACTATGTATTATTTGATAACCTCAGAAATGCTTATAGTTCAAGTAGAAATGTAACATAAATGGGA
 AGAATTTACAGGATATTTAGAAAAGCATAGGTCTAGGCAACAACCCCTTCTATATCCGCTTCTCTTTTCAG
 GAGTATATTTATGCGCTGTCATGATCGTGGTTAAAAAGGTTCCCTTTTTACGAACCTAAAGAAGTTT
 TTGGTTATGACAGTAAATCCAGTTTACGACTTGTGAAACGTTTAATTATTCGAATCTATCAACAAAAATGA
 TTTTCTTCTGTGGTTAATGATTCTAACAAAAATCAATTCGTTAGTCACCACCACAACAATTCTGGTTAT
 TCCCATTTTTATCTCAAATTCAAATGATATCAGAAGTTTTGCTATTCTTGTAGAAAATCCATTCTCGC
 TGCATTAGTATCTTATTTGAAAAAAAAGAAATACCAAAATCTCAGAATTTACGTTCTATTCTATTCCAT
 TTTTCTTCTTAGAGGACAAATTTTCATTTAAATCATGTATCAGATATACTAATAACCCCATCCCATC
 CATATGGAAATCTTGGTTCAAATCCTTCAATGCTGGATTCAAGATGTCCCCCTTTTGCATTTCTTGCAT
 TCTTCTTCATAAATATCATAAATGGAATAGTTTTCTCATTACTCCAAAGAAATCCATTTATGTATTTTC
 AAAAGAAAAATAAAGACTATTTAGGTTCTATACAATTTATTATGTATCTGAATGTGAATTTTTATTAGTT
 TTTCTCGTAAACATCTTCTTATTTACGATTAACATCTTTTGGACTTTTTCTTGAGCGAAGACATTTCT
 ATGTAAAAATGGAAATCTTCAAATGCAACATCATATACTTATAGTAGTATGTCTTGATTATTTTCAAGG
 AACCTTATGGTCTTGAAGGATCCTTTTCATGCAWTATGTTGATGTCAAGGAAAGGTTGGTTTTGGCTTCA
 AGGGGACTCATCTTCTGATGAAGAAATGGAATATAATTTTGTCAATTTATGGCAATATTTTTCACT
 TTTGGTATCAATCGTACAGGATCCATATAACCAATTAACAATCTTCAACTATTCTTATATTTTCTGGTTAT
 TTCAAGTTTACTAAGAAATTTTCGACAGTAAGGAATCAATGTTAGAGAATTCATTTCTAATAGATACT
 GTTACTAAAAAATGGGAAACCCTAGTCCCAATTTTTCTTATTTGGATCCTTGTCTAAAGCTCAATTTTGC
 CCGTATCGGGACATCTATTAGTAAGCAATCTGGGCGGATTTATCAGATTCTGAGATTATTGAGCGGAT
 TGGTGGATGTGTAGAAATTTTCTCATTATCACAGTGGATCCTCGAAAAAACAGGGGTTGCATCGAATA
 AAGTATATACCTTCGATTTCTGTGCTAGAACTTTGGCTCGTAAACATAAAAAGTACAGTACGACTTTTT
 TGCGAAGATTAGGTTCTGGATTATTAGAAGAATCTTTACAGAAGAACAAGTTCTTTCTTTGATCTT
 ACCAAAAAAATTCCTTTTACTTTCTATGGATCACATAAAGAACGTATTTGGTATTTGGATATTATTCGT
 ATTAATGACCTAGTGAATCATGAATGATTTCATCATGAGACCTTAATACTAGAACAGACTCTAGAAATGAT
 CAAGAGGGAAAAAAATTCATTTATTTTCATTCTGAAATGCTCATGTCGTAGTGGTTTGCATTTTCAAAAT
 TTTTAGGCTTTTTTCTCCGTATGTCAGTTTTTTATATGTATACMTAGGGAAAGTCGTGTGCAATGAAAA
 TGCAAGCACGATTTGGGGAGGGATCTTTTTCTTATATTGCAACAAGAAAAAACGATCTACTCCATCCGAC
 TAG

Jasminum fruticans

>gi|108773633|gb|DQ673268.1| *Jasminum fruticans* NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
 ATGGAACAGACATATCAATATGCGTGGATCATACCTTTTCGTTCCACTTCCAGTTTCTATGTTAATAGGAG
 CGGGACTTCTCTTTTCCGACGGCAACAAAAATCTTCGTCGTATGTGGGCCTTCCGATTATTTTATT
 GTTAAGTATAGTCATGATTTTTTCAATTAATCTGCTATTCAACAATAAAGAGTAGTCTATCTATCAA
 TATGTATGGTCTTGGACCATCAATAATGATTTTTCTTTAGAATTCGGCTACTTGATTGATCCACTTACTT
 CTATTATGTTCAATGTTAATCACTACTGTTGGAATTTAGGTTCTTATTTATAGTATAAATATATAGGCTCA
 TGATCAAGGATACTTGAGATTTTTTGTCTATATGAGTTTTTTCAGTACTTCCATGTTGGGTTTAGTTACT
 AGTTCCAATTTGATACAAATTTATATTTTTTGGGAATTTGGTGGAAATGTTTCCATCTATTAATAGGGT
 TTTGGTTACACGACCTTTCGCGCAATGCTTGTAAAAAAGCGTTTGTAACTAATCGTGTAGGGGATTT
 TGGTTTATTAGGAATTTTAGGTTTTTATTGGATAAACAGGTAGTTTTGAATTTAGAGATTTTTTCGAA
 ATAGTAAAAAATTTGATTTATAAATGAAGTCAATTTCTTACTTTTGTGTGCTTCTTTTTAT
 TTACCGGTGCAAGTTGCCAAATCTGCACAATTTCCCTTCATGTATGGTTACCTGATGCTATGGAGGGACC
 TACTCTATTTCCGGCTTATATACATGCTGCTACTATGGTAGCAGCGGGAATTTTTCTTGTAGCTCGCCTT
 CTTCCTTTTTATAGTTATACCTTACATAATGAATTTTCATCTCGTTGATCGGAATAATAACCAATATTAT
 TAGGAGCTACTTTAGCTCTTGTCAAAAAAGACATTAAGGGGCTTTAGCCTATTTCGACAATGTCTCAATT
 GGGTTATATGATGTTAGCTTAGGAATGGGGTCTTATCGAAGTGCTTTATTTCATTTGATTACTCATGCT
 TATTCAAAAGCATTATATTTTTAGGGTCTGGATCTATTATTCATTCATGAAACTGTTGTTGGCTATT
 CTCCAGATAAAGTCAGAATATGGTCTTATGGTGGTTAACAAAACATATAACCAATTAGCCAAATCTC
 TTTCTTATTAGGTACAAATTTCTTTTGGTATTCCACCTTTGCTTTTTTGGTCAAAAAGATGAAATTT
 CTTAATGATAGTTGGTTGATTTCGCCGATTTTCGCAATAATAGCTTGGACCACAGCAGGATTAACCGCAT
 TTTATATGTTTCGTATCTATTTACTTACTTTTGGAGGGGCATTTAATGTTCAATTTCCAAAATACAGTGG
 AAAACAAAATATCCCTTTCTATTCAATATCTCTATGGGGAAAAAGAGGGTTCGAAAAGAATTAACAAAAAT
 TGTCGTTTATTCAAAAATAAAGAATATCGATCAAAGTTCTTTTTTTTCAAAAAGACATATCGAAGTTATG
 AAAATGTAACAAACAGGCTAGGACCTTTTATTAATATTGTTCAATTTGAGAATAAAAAAGTCTTATTCTCA
 TCCTATGAATCCGACAATACTATGTTATTTCTTTACTTGTATTGGGCAGCTTACTTTGTTTCATTGGA
 TCTCTAGGAATCTTTTAAATCAAGGATTTGGATATATTAACCAAAATGGTTAACTCCATCAATAAACCTTT
 TACATCAAAAAGTTGAATAATTCGATCGATCGATTGGTATGAATTTGGGGAAAGATTCCATTTTTTTCGAGTAT
 AGCTTATTTCCGAATATTTCTAGCATCCTTTTTATATAAACCATTTATTCTCTTTTCCAAAATTTTGGAC
 TTAATCAATCTTTTTTTAAAATAGGCCCTAAGAGAAGTGTTCGGACAAAATTTCAAATGGTCTATATA
 ATTGGTCAATAATCGTGTCTTATATAGTACTTTTTATACAACATCTTTAAATGAGACCTTACGAGGATT
 ATCCCTGATTAAGCTCGTTTTTTTGTATCGACAGTATTGGAATFACGAATGGGGTGGTGTGTTG
 AGTTTCTTTCTAGGAGAAGGTATTAATATGTAGGGGGTGGACGCATATCTTCTATGTTTTCA

Koeleria vallesiana

>gi|471184679|gb|JX438129.1| Koeleria vallesiana voucher UZ 4.07 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
 TTGCGCGTTCATTTTCAAAAATTATAGTAGCACTAAGGAGGGGCCCTTGTATTCAATATCCTTGTGGGGAA
 AAGGATACCCAAAGAGTGAATAGGGGTTTCATTTTCAACAACAAGAATGGGGTTCTTTTTTTTC
 ACAAATATACCAAAAATGCAAGGTAATACAACAATAAGGATAGGATGCTTTAGTACGTCCTTGGGGCT
 AAAAAAATTTTGCCTATCCGCATGAAACGGGAAATACTATGTTATTTCTCTTCTTATATTACTGCTTT
 TTACTTTGTTTCATTGGATTTCATAGGAATCTCGTTTGATAATGGAGCGACGGATAATGGAATAGCGGGTT
 AACCATATTATCAAAGTGGTTAACTCCCTCAATAAACTTTACCCAGGAAAGTTCTAATTTTTCTATCAAT
 TCATATGAATTTTACTAATGCAATTTCTCTGTAAGTCTAGCTATCTTCGGTTTATTTCATCGCATATA
 TCTTCTATGGATCCTTATTCTTTTTTTCAGAATTTGGATTTACAAAATTCCTTTTACAAGGAAAGTCC
 TTTTTCGGACTTTTTTGCTAAAGTAAAAAAAATATATACAGTTGGTCATAAATCGCGGTTATATAGAT
 ATTTTCTATACTAGGGTCTTTACCTTCGGTATAAGAGGATTAACCGAACTAACGGAATTTTTTGATAAAG
 GTGTC

Lagurus ovatus

>gi|108863293|gb|DQ631530.1| Lagurus ovatus trnT-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
 GGTATAGTATAGGAAATCCGTAATAATCTCAGATCTTAGTTATTAATCTTAGCTATTAATACTAAATTCGAAA
 TTTAAAGTTCTACTTATCTTATAAAAAAACTAAACTTCTTAAAGATAAAGTTACCTTGATATGCTTAAC
 TAGAAGATATCTTAAATAAAAATTAATAAATTTATTGAGTTTTCTTTTTATTCTCTAATTCACAAAATCC
 ATTTTCTATTTTCTATATAGAATAGAATTGATTCCTATTTAATACTAAGGGGAACATAGCGTCATAGCAA
 ATAAAATAGCGAATTCTGATTAGAAAAGAAAATTAATATCAAGCGTTATAGTATGATTTCAAATACTCTA
 AAAAAAGTAATACAGTAGGTGGGGAGAGAAAACTTTGAAATATATTGATTCCGATTGAATTGGAAATACC
 TCAACGATACAATCAATTCTGAATTGCAATAAGCAAGTGGGGTCTCTCAAATAGAGTCAACTGC
 TAGACTACGTCGAGTGAATTCAATAGATAAAAAAACTAAGAGATGGG

Lamarckia aurea

>gi|685212588|gb|KJ599392.1| Lamarckia aurea voucher Stajcs 5306 (MEL 2339294A) ribosomal protein L32 (rpl32) gene, partial cds; rpl32-trnL intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast
 TTTGGAAGAAAAGACTTATTTTCCATAGTACACGCTTATCTTTAGCAAAAATCAAAAATCATTTCAG
 CGGCAATGAGGATCCAAAACCAAGGGTTTTCTGGTCAACAACAACAATAAAGGTTTTGGAATA
 ATCTGAATTGACCTATAAAAAAATAAATCCAAATTTAATTAATGAATAATTTTAAATTAATTAATGATA
 CTTTTATGTGTCGAATTACTCAACACAATATTCCGAATTACTCAACACAATATTCTTAGAACAAACCCCT
 CTGATATCTGCTATATGGAATAAAAGTTTTGGTATACTGTGTGCTAAGTATCTTGATCAATAAACTTTT
 CATAATAGAATTTCTCATATTTTATTATGAGAATTTCTATTGAAAAGTGGAGTAATCTTGCAATAGGACT
 TACCATTCCATCTATTTTTTCCAAAATCATTATCCAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
 NNN
 NNN
 NNA
 AAAATTAGTTTCGATATTGCAACTTATAAAAAGAGGGGGCCAACCTTTCAAGCAGTGTFTCCATTAGCA
 AAGCAAGAGTTTATTGTAATAAAAAAATTGCAATGATACTACTAAACGAAGTATATTTTAAATGAAGACTCT
 AATGTTCTAAATTTTATGGACTTTCCCAATCTCGACGATTCACGAGATAATAGCTATTATCTTTTAAAG
 TTACCTATTATTGGAAGNTAGCCGCCATGGTGA

Lamium amplexicaule

>gi|429843460|gb|JX050170.1| Lamium amplexicaule microsatellite LA-Tri11 sequence
 AGGACACGTAATGTAATAAATCGATATATTTCCCAAGAATGAATTGCTGCAGACCTCTTAGAACATTTCCA
 TGGGATGTACAAGAACTCCATCCTACTCCAGCTTACGCTTTTTCCCTCTTCTTTTCCAATTAATTTAAT
 AGGTGCATCTAATCCGGAGGGCTCTGTACACAAAATTCAAATGGATTGGTAAATACAAAATCTACATA
 AACCCGAGAT
 GATGATGATATAGGCATAAGGAAGGATGCATACCATGCAGCGAA

Lathyrus sphaericus

>gi|59894210|gb|AY839512.1| Lathyrus sphaericus trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
 GGATTTATTATGATACCTCGCATAAACAAGAAAGAACAGTAGGGCTCGAAAAAGCCTTCTATATATCT
 TATTTGATATTGATCTTCATTTGATATATCTTATTTATCTTTTTTCTATTTGATTATAATTCATATATA
 CTAATAAATATTACTAAATAGATAATCTAAATCGATAATTTTAGATTTTATTTTTTAGTTTTGTTTTT
 TTATCCAACACAGACTAGGTAAGTACTGGCACAGCTTTTTTCCCATGAATCCTGAATAACAATGATT
 TATTTTTCTGTATCAGATTTGAAACAACTTGTAAATTAATCAAACATTTGAATATGATCAAAACAAAAT
 AAGTTTGTGATCATATATCATACGAATTAATCAGGTAACGTATCTAAAAAAGAAATAGAACTATGGATT
 CTGTCATAATGCATTTTTGTGTTATGAATTTAGTTTATGTAATTTTGTGCGAGATCTATCTGTCAAAAATACC
 TTCAAGAAAAATAAAAAATGAGATTTGCCCTTTCTAAATTTCAATTAGGGGGCCCTTTACGAAACATGT
 AAACACTCTATTTATCATAAAAATCTGCACCTATTTTCATAATTGACTGATTCCCTTGTTCGACAAAAG
 ATCTTTTTATATA

Lavandula dentata

>gi|575878280|gb|KF997519.1| Lavandula dentata tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 CTTTTACACATTTGGATGAAGTGACGAATTCGTCATACCAATTTGGTAAACTTTGGAAGACCCGACTGAC
 CCTGAAAGGGAATAAATGGAATAAATAGCATGTCTGTTTCAATGGAAAGTTCTGAGGATATTTTATTCTTA
 TCGGATTTGGTACAAAAAATCTTTCGAATTTTGGAAACGGAACAAAATAAAGTTGGGTGCAATGAATAAAT
 GGATAGAGGCCCTGCGGCTTCAATTAATTATTAGAAAAGAAAAGCAACCAGCTTCTGTTCTTAATTTGAA
 CAATTTCCCGATCTAATTAGACGTTAAAAAAAATAGTGCCCGATACGGGAAGCACTTGAGTGGATTCTA
 TTTTTTAAATGAATCTAATTTGACATTTCTATATGGAATGAAGATGTGTGTAAAAGAACAGTA
 TATTGATAAAGAAAGTTTTTTTTCCGAAATCAAAAAGAGCGATTGGGTCTACAAAATAAAGATTTTCAACC
 ATCTTATTATCTTATCCTATAAATCCTATATCATTAAACACGGATAAATTAATGATAATGAATGGAAAAA
 GAGAGGATCTGTTGATAAGTTTACTTGTCTTCGAGGTATCTATTTTAAATAGAATACCTTGTTTTGACTG
 TATCGCACTATGTATCTATTGATAACCCCGAATCTTACCTTTAATCAAATCGAAATCAAATGAGGAG
 AAAATCCAAAGATATTTTCAATTAAGAGATCTCAACAACACGACTTCTTATATCCACTTATTTTTCAGG
 AGTATATTTACGTGTTTGNNN

NNNGTGTGGTTTCGTCCAAAAAGGA
 TTTGTATAAACCGGATTTCCAAGCATCCCTTGAATTTTGGCTATCTTCAAACGTGCAAAATGAGCCC
 TTCCGTGGTACGGAGTCAAATTCGAAAATGCAATTTCTAATCAATAATGCTATTAAGAAGCTTGATACC
 CTTGTCCAATTAATCTCTGATTGCGAAATGGCTAAAGCGAAATTTGTAACGTATTGGGGCATCCCG
 TTAGTAAGCCGATTTGGGCGGATTTATCAGATTCTAATATTATTGACCGATTTGGGCGTATATGCAGAAA
 TATTTCTCATTATCATAGCGGATCTTCAACAAAAAGAGTTTCTATCGAATAAAAGTATATACTTCGACTT
 TCTTGTGCTAGAAGCTTTGGCGCGAAAACACAAAAGTACTGTACGGGCTTTTTTGAAGAAGATTAGGCTCGG
 ACTTATTGGAAGAATTTGTTATGTCGGAAGAAGACGTTCTTTTTTGGACCTTCAAAAAGCTTCTCCGC
 TTTGGCGGGAGTATATAGAAGCCGATTTGGTATTGGATATGATTCTATCAATGATCTGGCAATCAC
 AAATCAAAATATGAGATCTTGGAAAATAGAATTTTCTTAAATATTAATAAAATGATGAAGAGGTAA
 AAGATCAAAATAAAGATGAAAATGGGATTTCCACTATTTGAAAATGTTGATGTAGTATGTAATTTAAGG
 TAAATCAACTGAGTATTCAATTTTGAAGTCTTGCTAAGAAAACAAAATGGTGTATACATAGGGAAAGC
 CGTGTGCAATGAAAATGCAAGCACGGCTTGGGGAGGGG

Lavandula multifida

>gi|626453523|gb|KJ196353.1| *Lavandula multifida* isolate MUL2 tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

CTTTTACACATTTGGATGAAGTGACGAATTCGTCCATACCATTGGTAAACTTTGAAAAGACCGCGACTGAC
 CCTGAAAAGGAATAAATGGAAAAATAGCATGTCGTTTCAATGGAAAAGTCTGAGGATATTTCAATCTTA
 TCGGATTGGTACAAAACTTCTTCGAATTTTGGAACGGAACAAAAATAAAGTTGGGTGCAATGAATAAAT
 GGATAGAGGCCCTGCGGCTCAATTAATTATTAGAAAAGAAAAGCAACCAGCTTCTGTTCTTAATTTGAA
 CAATTTCCCGATCTAATTAGACGTTAAAAAAAATFAGTGCCGATACGGGAAGCACTTGAGTGGATTCT
 CTTTTTTAATGAATCCTAATACTATTGACATTTCTATATATGGAATGAAGATGTGTGTGTAAGAAGCA
 GTATATTGATAAAGAAAGTTTTTTCCGAAATCAAAAAGAGCGATTGGATCTAAAAAATAAAGATTCTA
 ACCATCTTATCCTATAAATCCTATATCATTAACACGGATAAATTAATGATAATGAATGAAAAAGAGAG
 GATCTGTGATAAGTTTACTTGTCTCCGAGGTATCTATTTTAAATAGAATACCTTGTTTGACTGTATCG
 CAATGTATATTTGATAACCCCGAATCTTCTACCTTAACTTCAAAATCGAAAATCAAAATGAGAAAAAT
 CCAAAGATATTTACAATTAAGAGATCTCAACAACACGACTTCTTATATCCACTTATTTTTCAGGAGTAT
 ATTTACGTGTTTGNNN
 NNN
 ATAACCCAATTTTCCAAGCATTCCTTGGCATTTTTGGCTATCTTCAAAACGTGCAAAATGAGCCCTTCCA
 TGGTACGGAGTCAAAATCTAGAAAATGCATTTCTAATCAATAATGCTATTAAGAAGCTCGATACCTTTGT
 TCCAATTAATCCTCTGATTGCGAAATTTGGCTAAAGCGAAATTTGTAACGTATTGGGGCATCCAATTAGT
 AAGCCGATTTGGGCTGATTTACCAGATTTCTAATATTATTGACCGATTTGGGCGTATATGCAGAAATATT
 CTCATTATCATAGTGGATCTTCCAACAAAAAGAGTTTGTATCGAATAAAGTATATACTTCGACTTCTTTG
 TGCTAGAACCTTTGGCGCGGAAACACAAAAAGTACTGTACGTGCTTTTTTGAAGAAGATTAGGCTCGGACTTA
 TTGGAAGAATTTGTTATGTCGGAAGAAGACGTTCTTTTTTGGACCTTCAAAAAGCCTTCTCCGCTTTGC
 GGGGAGTATATAGAAGCCGGATTTGGTATTTGGATATGATTTCTATCAATGATCTGGCAAAATCACAAATC
 AAAATATGAGATCTTGGAAATCGAATTTTCTAAATAAATGATGAAGAGGTAAAAAGATCAAAATA
 AAGATGAAAATGGGATTTCCACTATTTCTAATTTCTGAAATGTTGATGTAGTATGTAATTTAAGGGTATA
 ATCAACTGAGTATTCAATTTTGAAGTCTTTCTAAGAAAACAAAATGGTGTATACATAGGGAAAGCCGTG
 TGCAATGAAAATGCAAGCACGGCTTGGGGAGGGG

Lavandula stoechas

>gi|378406710|gb|JF301409.1| *Lavandula stoechas* isolate K19110 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

ATCATTTGCGAAAACCTGCAAGGCAGACCGCAACACGTTTAACTCCGTCGCCGCTCCCGTCGTTGCACG
 CGCACCCGTGCGCCGACGCTTCGGGCTAATCACCCCGCGCGGAATGCGCCAAGGAAAACAAAATGAA
 GCGTCGGCCCTCCGCATCCCGTTCCGCGGGGRTGCGGGGGCAGCGGGCGTCTATCGAATGTCATAACGAC
 TCTCGGCAACGGATATCTCGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTGGTGTGAATT
 GCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAGGCCATTCGGCTGAGGGCAGCTC
 TGCCTGGGCGTACGCATCGCTGCCCCCTCACCCCGCCTGCGCTCGTAGAGGGGGCGGATATTGG
 CCCCCGTGTGCTCCGGCACGCGGTGCGCCAAATGCGATCCCCCGGCGACTCATGTCGCGGCCAGTGGT
 GGTGAACATATCAATCTCGTGTCTTCCCGCTCGTTGAGCCGTCGGACGTGATCTCGTTAACGACCCAA
 CGGTGTGAGCGCACCCCGTGCAGCGCCCTCGACCGC

Leuzea conifera

>gi|84371042|gb|DQ310996.1| *Leuzea conifera* external transcribed spacer, complete sequence

CGGTCCGGGCATGATTGGGTACACGAGACGCTAAACGTAGCCACTGATCGGGGACACACTGGATGGYAYA
 TTAGTCGCTAAACGATGGTTATTGATGGGATACGAGTTRGAACACTAGTCGRATACGAGCATGATGYGG
 GCACGTTGTTTGGGCTTKCCCTTGATGGCGTCTGCGTCCCTGGTTGGCTAGGCCAATCGGGTCAA
 ATGACGATGTTGGCTACACAACGTCATGGAGGCATGTCCTACGCAATGGTTGACCCTAGCTTCAAGATCT
 CAGTACGATATGGATCATTCTGTGTGCTTCGATGCATGTTGGTTTTGTTTCTTTGTTACTTTTCGCA
 TCGTTCCGTTGATTCTGGGGGCTGTCTTGGCTTTTGGTTGCTTGGCTTTTTGTCGGGCGGGTGGCT
 ACTAGTTGGGCGGTTTTCGGGAATGTCGACCCGTAAGGTTGATGAGTGGTGGTTTGGTTTGGTTACGGGTGG
 TTGGCTGTCTGCTCGCGCAGCAACGTCCTAYGCGTGCATACCTCTTCAAGTTTTCGCGGCAAGGCTTAGATGT
 CTTGAGCATATTGTTGGTTTCTGTGTGTCATACCTAGTCAATGGTAACGTGTGGGTTTTATGAAGTCCC
 TATTCGTCATGCGTCTGTTATGCGTCTGGGATGAACATTGAAGCGGTCTTTGTRCTCCATCTTGTGTT
 GTATTTGCAACAATAATGTGGCTTATGAAGCATTGCTTGGTTTCTTGTATACGGAACCTAATGTGGGCAT
 GGGTCTTAAGAATCCTGAATTTGCCCTTGTAAAGCGTTCTCYTTCCTCAAAAACGATTGTCTACCATGT
 CTCGGCTTGTCTGTGATGGTGGGCTATGTGCA

Linaria gharbensis

>gi|476005986|gb|JX481100.1| *Linaria gharbensis* voucher 7MF09 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

CTGCATAGCAGACCAGCGAAGTGTGTTTTACCTAAAGGGTGTGGCGCCCGGTCAGGAGCAATCCTGCT
 TCGTGGCCACCCCTTTGCGCGCCGGCGCTTGGCGCCGTCAGGCTAACGAACCCCGCGCGGAATGCGC
 CAAGGAAAACCAATATAGATGCGCTGCGCCCTTGGCCCGCTTGGCGGGTGTCTGCGGGGATAACCGC

GCCTCTCTTGAAAGTCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGC
GAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCG
AAGCCATTAGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTGCCTCCCTCCCAAGCCTTAGGG
CCACGGAGAGGGGGCGGAAAAATGGCATCCCGTGCCTTAGCCGCGCGGCCTGCCAAATGCGATCCCGCA
TCGACGGATGTCACGACAAGTGGTGGTTGAACTCTCAATTTCTAATTCGTCTGCCTATCACCGTCCGAC
TGCAAGGCATCAATTTGACCCAACGGCGC

Linaria reflexa

>gi|476006012|gb|JX481126.1| *Linaria reflexa* voucher A9799 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

CTGCATAGCAGACCCGCGAACGTGTGTTTTACCTAAAGGATGTGCGGAATCGGGTCCGAGAGATCCGAC
CCGAAAACCGCCCTTCGCCCGGCCGACGCTTGCCTCGTTCCGGGCTAACGAACCCCGCGCGGAATGCGC
CAAGGAAAACCAACATAGATGTGCCGCTCCGCCGTTTGCYCGTTCGCGGGTGCCTTYGGTGGTATTGCG
GCCTCTTTGAAAGTCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGC
GAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCG
AAGCCATTAGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTGCCTCCCTCCCAATCCTTAGGGTG
ACGGGTAGGGGCGGAAAAATGGCATCCCGTGCCTCCGGCTCGCGGCCTGCCAAATGCGATCCCGCATCG
GCGGATGTCACGACAAGTGGTGGTTGAACTCTCAATTTGCGTGTGTCTGCCTATCACCGTCTTTTGCA
AGGAATCAATTTGACCCAACGGTGC

Linum strictum

>gi|298364339|gb|GQ845208.1| *Linum strictum* bio-material TMP 1213 maturase K (matK) gene, partial cds; tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; trnK-psbA intergenic spacer, complete sequence; and PSII 32 kDa protein (psbA) gene, partial cds; chloroplast

TCGACTTTCTTGCTAGAACTTTGGCTCGGAAACACAAAAGTACTGTACGCATTTTTTTGAAAAGGTTG
GGTCCGGAATTTGGTGAAGAATTTTTACTGACGAAAAACAGATTCTTCTTTGATTCCAAAGAACTTCGT
CTATTTACAAAAGATTATATAAAGGACGGGTTTGGTATTTGGATATTGTTTGTATCAATGAACTGGTCCA
TGATAAAAAATTTGTTTATCAACATGGAAATAGAAATTTCCATAAATGTTCAAATGAAGGGGTAACAAA
AAAATTCATTTATTTTCGATTATGAAATGTTTCAGAAAAGTATATCAGCAAGGATTGAGCAACTGAGTATTCA
ACTTTCTTCTGAGGATGGGGTCCGCTAGGGGAAAACAGTACTGAGTCTTGTATGATACATAGGAAAAGCCG
TGTGCAATGAAAACGCAAGCACGGTTTGGGGAGGGTCTTTTCTTTTATCCGTTTTTTAAGAAAAGAAA
TTTTCTACTCCATCCGACTAGTTCGGGTTCCGAGTCCCGGGCAACCCATTGCAACTATTATACCTATTT
TACTATCATATTATATATGATATAGGATTTTATATGTGTAGAAAAAGACATGAAATCATAAAGATATC
TCTCATAAAGATATGTCAGGGGGCCGATATTGGTTGACACGGATATATAAGTCATGTTATAGTATTGA
ATAACAAGCCCTATTTCTATGATTTCTATGTAATAGAAATAATGTGCTTGGGAGTCCCTGATGATTAAT
AAACCAAGATTTAAACCATGACTGCAATTTAGAGAGACGCGAAAGCGAAAGCCTGTGGGGTCCGTTCTG
TAACTGGATAACCAGCACCGAAAACCGTCTTTACATTGGATGGT

Linum suffruticosum

>gi|315064759|gb|HM544114.1| *Linum suffruticosum* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

ATTTATATAGTTACTTACGTTTCGTTGTTAAATGGATATGGATCCATTTTTTCAGAAAATGTAGGTTGTG
ACAATAAATCTAGTTTACTAATTGTAAAACGTTTAAATCTCGAATGAATCAACCGAATCGTTTCATTAT
TTCGGCTACTGATTCTGAACAACATATACTTTTTAGGTATAACAACATTTGTATTCTCAAATGATATCA
GAGGGACTCGAGTTATTATCGAAAATCCCTTTTCTCTACGATTAGTATCCGCTTTAGAAAAGGTAGAAAG
TAGTCAAATCCCAAAATTTACGATCAATTCATCAATTTCTTTTTTAGAGGACAAAATTTCCACATTT
AAATTATGTGTCAACTGACTAATACTTACCCATCCATCTAGAAAAGTTGGTTCAAGCCATTTCGTTTC
TGGATAAAAGATCCCGCTTGTTTGCATTTATTACGACTCTTTTTTACGAGTATTGGAATTGGAATAATC
TTTTTTTTTCGAAGAAATTTTCGTTCCGTTTTGTAAAAAGGAATCCAAGATTCTTCTTGTCTTATATAA
TTTATATATATGAAAATGAAATCCATCTTATTTTTTCTTCGTAACCAATCTTTTCATTACGATCCACT
TTTTATCAGTTTCTTCTGAGGAAAAGTATTTCTATGGAAAAATAGAACAGTTTGCAGGAAAGTTTGTGCTA
ATTGTTTTCGGACCAGCCTACGGTTGTTAAGGATCCGTTTATGCATTATGCTAGATATCAAGGAAAATA
CATTCTAGCTTCAAAGGGTACGCCCCCTTCAATTAATAAATGAAAATATTACCTTGTCAATTTATGGCAA
TGTCATTTTTATGTGTGGTCTCAACCAGAAAACATCTATTTAACTCATTATCCAAACATTTCTATCCACT
TTTTAGGCTATCTTTCAAGTCTACGACTAAACCCCTTCGGTCTTACGAAAGTCAAATGGTAGAAAATCTTT
TATAATGGATAATACTACGCAGAAATTTGATACAATCATTCCAATTTATTCGTTGATTGGAACCTTGGAA
AAAGCAAAATTTGTAACGGAGTTGGGCATCCCATAGTAAACCGGCTTGGGCTGAT

Lobularia maritima

Trés longue séquence

Lonicera etrusca

>gi|163644786|gb|EU240679.1| *Lonicera etrusca* voucher Weissman and Mackenzie 345-94C A internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAACACGTTTCGTACACCGGGACGCCGCGGGGGCGCGTACG
CCCCCGCTCGGGCTCCATGGTCCGGGGGGCTCACCGGCTCTCGGCTGAAAACGAAACCCCGCGCGCA
TCCGCGCCAAAGAAACAACAACAAGGGCGTGCCTCCCGTTCGCGGTGCGCGGGGGT
CCTCGCCTTTTCGAAAACACAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAAG
TAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCG
CCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTGCCTCCCTCCCTCCCGCTC
CCACAGGGTCCGAGCGGGGGGGAGCGGACAAATGGCCTCCCGTGCCTGGGCGGGCTGGCCAAAAA
TCGATCCCGGGCGGACGTCACGACGAGTGGTGGTTCGAAAACATTCCTTATCACGTCGTGCGGTTTC
CCCGTCCGCTCGGGCGGCAAGTGACCCTGACGCGCGTCTTTTCGACTGCGCTCCGAC

Lonicera implexa

>gi|209902307|gb|FJ217897.1| *Lonicera implexa* trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

ACTATGTTACATTACACATGAAGTAAGGATTGAAAAAAGTCTTTCTTTCTTTTATTATATAGATA
TGTACAACATTTACCAGCAATTTCAATTTAGATATAAGTAAGGGCTCGAAAAGAGCCAATAGACAAATCTAA
AGAAAAATAAAGAAGACCCCTTTGATTTTGTCTTTTATTCCCATAGCCTGGCCCGTCAATAC
CTAGCCGGGCTTTTTTGTTCACGAATCTTAGCTAAAAGAAATTTAGCTGATTTGAATTTGAAAACAAA

AATGCTTGCTATTAAGCAGCAATAAAAAGACGCGGGGCTATTTCCATTCTTTTTATATAAATGGATATA
AATTATATAAAAAGTCGCATTTCTTATTTTGAAGATTCCTCTCCCTTTTTGAGTTACTTGACGACCTTACG
GGAATAAAAAAATGAAACTATGGGTTGTAATAATAAATGAATGCATTTTCTGTTATGAAATCAGTGG
TTTTAACGAGCCATATCTATTAACCCCTCCAGCAAAAGAAAAGGTAGGGCTTGTATTTAGTTATTTA
AAAGAGCCCCCTTCTTCCGGAATCTCATTAAATGAAACCCCCCGGAAAAACGTCGACACTCGCAT
TTTCATGATTCTTTATGATCCTATCTTTATTACGCCAAATTC

Lotus edulis

>gi|669782347|gb|KF419282.1| Lotus edulis cultivar LOT45 beta-glucosidase mRNA, partial cds
AATCTCATCAACGAGCTGCTAGCTAATGGTATACAACCATATGTAACACTTTTTTCATTGGGATATCCCC
AGACTTTGGAAGATGAGTACGGCGGTTTCTTAAATATAGTATTGTAAGATTATACAAATTATGCGGA
GGTTTGTTC AAGGAATTTGGAGATAGAGTAAACATTGGATTACTTTGAATGAGCCATGGGGTTACAGT
AGCAATGGTTATGCACTGGAGAATTTGCACCAGGTCGATGTTCTGAATGGCATGATCCAGGTTGCACCG
GTGGTATTCAAGGACAGAGCCATATTTGGTAGCACACAACCAACTTCTTGCCCATGCAGAAGCTGTTC
TGTGTACAAGAAGAAATACCAGGCAAGTCAAAAAGGGTATCATAGGAATAACATTGGTGACTCATTGGTTC
GTACCATTTTCAGATAGCCAAGCTGATCAAGACGCTGCTATACGGCAGTTGAGTTTCATGTTGGATGGT
ATATGGATCCATTGACGAAAGGAAAAATCCAGATAGTATGATTCCGCTAGTTGAAGACAGATTGCCAC
ATTTACCCGAGCAAGTATGCGAGTTAATGGTTCATTGATTTTATGGAATAAACTATTACACCCT
TATTATGCTGCCAACTTACCTCCAACAACCAATCTCTTACATCACAGACTCTCGTCTCTTACAA
GTGAGCGTAACGGGAATCCCATAGGTCCAAGGGCTGCTTCGATTTGGCTAAATATTTATCCAAAAGGAAT
TCAACAATTTGTTCTATACCAAGAAAAAGTACAACAACCCTATGATTTACATTACTGAAAATGGT

Malva sylvestris L.

>gi|246905606|gb|GQ248338.1| Malva sylvestris voucher Kress 06-8168 psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
GCTGCTATTGANCTCCNTCTACNAATGGGTAAGACTTTGGTTTTAGTGTATACGAGTTTTTGAAAATAAA
GGAGCAATAACCAATTTCTTGTCTATCAAGAGTGTGGTATTGCTCCTTTATTTAGATTTAGTAGTCTT
TTTTTGCCTTACACCTTTTTTTCTTTACATTTACATAAGTTTGTTTTTTCTTTACTTTAACTTTTTTAT
TTTACCTTATTTATTTCTGATTATCATAAGAAAAAANATTTTTTANTGANTTTGATTTCTTTTTTA
TTGGATTTGACTTANTATATACGTTTCGTTATGTAATAATATATATATTAACGAATTTTTTTTTATTA
AAAAAAAAGTAAAAAAGTTCTTACCAATCTTTTGTGGAAATTTCTATATATCTTATCTCAGAAATACG
AGAAAAAAAACGAATGATGAATGATAGAAATTTGAGATATTTGAAATATTTAAACAATAAAAAAATAC
TATAGTATTAT

Marrubium vulgare

>gi|586598654|gb|KJ021874.1| Marrubium vulgare internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete
sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
GCAGAACGACGAACACGTTTCATCACTCGGGATTCGTGGCGAGGGGGCAACCTCCCCTCGTGTTCCTC
CCGCACGATGCGCGCTGAAGTGTGCATTGTGTGGGCTAACGAACCCCGCGCGGCATGCGCAAGGAAA
ACTCATAGAAGCTCCACCTCCCATCGACCCGTTCCGCGTGAGCGAGGGGGGAGAGGACGCTCTCGAAT
GTCATAACGCTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCAGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGTACT
TGGTGTGAATTCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCACTAGGCC
AAGGGCACGTCTGCTGGGCGTACGCATCGCGTCCCGCCGATCCCTCTCGCATAGGGCGAACGGCTG
TTGGGGGGCGGACATTGGCCTCCCGTGCACGATAGTGTGCGGCTGGCCTAAATGAGATCCCGCGGCGACT
CACGTCACGACCAGTGGTGGTGAACCTCAACTCGCGTGTCTGCTGTGTAACACTGCGTCTGTCTCGGG
CATCATTTTGAGACCAATGGTGGACCCATTTCGCGCTTTTCGACCCGACCC

Medicago minima

>gi|594019607|gb|KF938693.1| Medicago minima internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence;
and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TCGATGCCTTACATGCAGTCCAACACGTGAATCAGTTTTAATACATATGGGTTGGCTTGAGGTGTTCCAC
ACCTCGGCTTACCTTTGGTTACAGAGGAAGACGAGAGTGCCTCTTTTGGCGCTAAACTCAAACCC
GGCGTGAATGCGTCAAGGAAATTAACCTTTTTGCTCAGAGCACACTTGCATGACATCGGAGACGGTTTT
GTGCGGGTGTGTTTTGACACATGATATAGAATGACTCTCGCAACGGATATCTAGGCTCTTGCATCGAT
GAAGAACGTAGCGAAATGCGATACCTTGGTGTGAATTCGAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACCG
AAGTTGCGCCCGATGCCATTAGGTTGAGGGCACGCTGCTGCTGCTCACATCGAANCCCTTGCCAA
TTTTCTATTTAATAGGTATTGTGTCAGGGTATTATGTTGGCCTCCCGTGAAGTCTGTCTCATGGTTGG
TTGAAAATTGAGACCTTGGTAGGGTGTGCCGTGATAGATGGTGGATGTGTGACCCACAAGACCAATCAT
GTGCTGCTTATTGAATGTGGACTCTTTACCCACATGCGTTTTGTAACACTCGTGA

Medicago rugosa

>gi|482660289|gb|JX297557.1| Medicago rugosa voucher PI 233254 shatterproof mRNA, complete cds
ATGGAGCTACCAATGAAGGTGGAGAAGGATCTCTCAAAGAAAATGGGAAGAGGAAAAATGAAATCA
AGAGGATTGAAAACACTACCAATAGGCAAGTCACTTTTTGCAAACGACGCAATGGATTGCTGAAGAAAAGC
TTATGAGTTATCCGTTCTTTGTGATGCCGAAGTTGCTTGTAGTCTTCTCCACTCGCGGTCGTTTGTAT
GAATATGCCAACACAGTGTAGAGCAACTATTGAAAGGTACAAAAAAGCATGTGCTGCTTCCACTAACG
CAGAATCTGTATCTGAAGCTAATACCCAGTTTTACCAGCAAGAAATCATCGAAATTGAGAAGACAGATTCCG
AGATATTCAGAAATCTAAATAGACACATCCTTGGTGAAGCTCTAAGTCTAAGTCTCAAAGAACTGAAAG
AATCTCGAGGGTAGATTGGAGAAAGGTTAAGCAGAGTTAGATCTAGAAAGCATGAGACTTTGTTTGGCTG
ATGTGGAGTTATGCAAAAGCGGGAAATGAGCTGCAAAACCAATAACAATTAATTAAGGGCTAAGATAGC
GGAACATGAGAGAGCTCAACAACAGCAACATAATTTGATGCCAGATCAACAATGTGTGATCAGTCTTA
CCTTCATCACAAGCATATGACCGAAATTTCTTCCGGTAAATCTTCTTGGATCAGATCAGCAGCAGTATT
CGCGTCAAGATCAAACCGCTCTTACGCTTGTGTGA

Micromeria inodora

>gi|146411588|gb|DQ640431.1| Micromeria inodora voucher Braeuchler s.n. (wild coll., cult. BGM) farnesyl-pyrophosphate synthetase-like
(FPS2) gene, partial sequence
CCCCAGAATCCTGAAGAAGCATTTCAGAGCAAAGCCTTACTATGTGGATCTGCTGGATTGTTCAATGAG
GTAATGTGACTAGTTACTCTCGATGGCAGTTATCAGTTTATTTTATGTAATGCTTATTTCTCCATTT
ATGTTTTAGGTTGGAGTTTCAAACCTGCTCTGGACAGATGATAGATTTAATTACCACAATTGAAGGAGAA

AAAGATTTGTCAAAAATCTCATTGCCTCTGTGAGTACTGAATATAAAAAATTGGCATAATACCACAAAAT
 TTGTTTCATTGAAAAGAGTCGCTAAGTGTGATTATCATGCTCGTTGGGCAAAATTATTGCTATGCAATAA
 TCTCATAATCGAAAAGTTGCCATCTATAAATGCATGTTGAAGAAGATTGTCATATATGCTGCATCCAAAAT
 CTCTCTTTCTCTTTCTGATGTTTTCTGGTTTTACTTTTTGCATCATCGCCGATTGTTTACATAAAGACT
 GCCTACTACTCATTACCTCCCGTATGTGGAAAATCCTTCTTTCCACTTATTTTGATCTATA

Minuartia campestris

>gi|598699784|gb|KF737633.1| *Minuartia campestris* isolate Min160 tRNA-Lys (trnK-UUU) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, complete cds; chloroplast

TCATTACCATAGCCAAATATGAATACAAATAATATCCAAAYACCAAATACATCTCTAYAGAATCCC
 CGCAAGTTATCGGAATTAATTTGGTAAGATCAAACAACTTCCTCAGTAAAGAATTCTTCAAAAAATTCTG
 AACCTAATCTTTTCAAAAAAGCACGTACAGTACTTTTGTGTTACGAGCCAAAGTTTCGAGCGCAAGAACT
 TTGAAGTATATACTTGTGATTCGATACAAACTCTTTTTTTTTGAAGAGCCGCTATAATAAAGAAAAGATTT
 CTGCATATACGCCAAATCGATCAATAATATCCGAATCCGATAAAATCGATCCAGACCAGCTTACTAATAG
 GATTTCTGATCCGTTACAAAATTGCGCTTTAGCCAACGACCCAATCAGAGGACTAATTGGCATTTTAGG
 ATCGAATCTTAATCGTATTATCTATTATAAATACATTTTCTAACATTTTACTCCGTACCCTGAAGAA
 GTGAGTTGTACACTTGAAAGAAAACCCATAAAGTCAAGAAAATAAGTTGATAATCGATTAATATAGATTC
 TTCTGGTTGAGACCATACAGAAAATAACATTGCCAAAATGTATAAGATAACAATTTCCATTGATGCAAT
 AAAAAGGGATGTCCTTTTGAAGCCAAGATCAGGATGAATTTTCTTTTATACCTAAAAAGATGCGGACAA
 GGGTCTTTGAAAAGCCATAAGATAACGCCAAAATCCTTAGTAAAAAGGTTTACTAAACATTCTAATTTTC
 CATAGAAAATAAATGCGTTCAAGAAGGGCTCTATAAGATGTTGATCGTAAATGAGAGGATTGTTTGCAAAG
 AAAAAAGAAAATGGATTTCATATCATACATGAAAATATATAAGAACAAGAATAATCTTTGATTCCTT
 TTTTCGAAAAATAGAAATGATTTTTTTTGGAAATAAGAAAGACTATTCCAATTATGATACTCATAAAGAAAAG
 ATCGTAAAAATGTAAGACGGGGCATCTTTCACCCAGTAACGAAGTGTGTTGAACCAAGATTTCTAGATG
 AGCGGGTAAGGTTAATATATCTAACACATAATTTAAATGTAATACTTTGTCTCTAGAGAAGATTAATAGTA
 ATTGAATGAATGATCGCAAAATTTTAGATTGGACTATTTTTGTCTCTCTAGAGAAGATTAATAGTA
 GAGAAAATGGAATTTCCACAATCCTGCAAAATCCTTCTGATATCATTGCGAAATAAAAAATTGTTGTGTG
 CCCCACAAAGTCATTTTGGTTAGAATCATTAAACCGAAAGAATCWAATGATTCTGTTGATACATTCCAATA
 ATTAACGTTTCACAATTAGGAAACTATATTTTCGAGCGCTGACGTTCCCAACAAAATCGACTTATTTA
 AAGCATGATCATATGCAACGAAAAATATATTCCTGAAAGATAAGCGGATAGAAAAAGGTGTGTTGCCA
 AGAACACNCTANTTCTATATATCCTTGGAAATCTTCCAT

Minuartia montana

>gi|459666026|gb|JX645237.1| *Minuartia montana* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TTACTGGGTGAAAAGATGCCCGTCTTTACATTTTTACGATCTTTCTTTATGAGTATCATAAATGGAAT
 AGTCGTCTTATTCCAAAAAAGACATTTCTATTTTTCGAAAAAGGAATCAAAGATTATTCTTGTCTTAT
 ATAATTTTCATGTATGTGAATACGAATCCATTTATTTTTCTTTGCAACAATCCTCTCATTTTACGATC
 AACATCTTATAGAGCCCTTCTTGAACGCATTTATTTATATGGAATAATTAGAAATATTAGTAAACCTTTT
 ACTAAGGATTTTGGCGTTATCTTATGGCTTTTCAAAGACCCTTGTCCGATTCTTTTAGGTATAAAGGAA
 AATGCATTTCTGGCCTCCAAAGGGACATCCCTTTTTATGCATCAATGGAAATTTATCTTATACATTTTGT
 GCAATGTTATTTTTCTGTATGGTCTCAACCAAGAAGAATCTATATTAATCCATTATCAACTTATTTTTCT
 GACTTTATGGGTTTTCTTTCAAGTGGACAACCTACTTCTTTAGTGGTACGGAGTAAAATGTTAGAAAAATG
 GATTTATAATAGATAATAACAATAAAGAAAGTTCGATCTTAAAATGCCAATTAGTCTTCTGATTGGGTCGTT
 GGCTAAAGCGCAATTTGTAAACGGATCAGGAAATCCTATTAGTAAGTCGGCTTGGATCGATTTATCGGAT
 TCCG

Muscari comosum

>gi|238685229|gb|FJ232705.1| *Muscari comosum* voucher BM000904044 AtpB gene, partial cds; atpB-rbcL intergenic spacer, complete sequence; and ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit gene, partial cds; chloroplast

TTTTTTCTTCAAGTGTGGAAACCGTAGAACAGAGTAGTAGGATTGATTTTCATAATAAAGTGAAATAT
 GTCGAATTTTTTTTTGATTGGAATGGAAATAGTACATAGTACCGAATCGAAAATAAATGTCCGATAGC
 AAGTTGATCGGTTAATTTCAATAAGACATAAACGAGAATTAGTACTCGATTTAGTTGGTACCGCCCAACTG
 AATGAAATTCATCGTTTACTCATTTAATGAGTAAATTTCAAGTTCAACCAATCTTTTTTCAAAGAT
 CAAGTAGATGAATAAGAATTGTGAGTTAAGTGAAGCGGCTTTCTCTATCATTATAGAAAATACCATCTAG
 ACTAATTATATTATCTATTATCTATCGAATTCGAATCCATTGTTGCTGTTCTTATTTATTTCTTTTA
 TATATATTATTTATATTATAGTTATACAAAATATACTAGTTTTTTTTGTTTTATGCCCTTTTATGGATT
 AATTATGCCATTTTACATTTAGGATTTACATATACAACATATATCACTGTCAAGGGGAATTTTCCTTA
 GTATTTAGATTTTTAGATTCAAAAATATAGAAGCGGCTCAATTCAATTAGAAACTTGAAAAACGAGGATTG
 GGTTGCGCTATATATATCAAAGAGTATACAATAATGATGATTGGTGAATCAAATGCATGGTCTAATAA
 CGAACTTAATTTGTTGATAATATTATAGTTGAATATTTTTGAAAGATTTTGTCAAAGGTTTCATTCA
 CGCTAATCCATATCGAGTAGACCTTGTGTTGTGAGACTTCTTAATTCATGAGTTGTAGGGAGGGACTT
 ATGTCACCCACAAAACAGAGACTAA

Muscarineglectum

>gi|733452183|gb|KF997434.1| *Muscarineglectum* isolate BF310 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

AAAGCTGGTGTAAAGATTACAGATTGACTTATTATACTCTGATTACGAAACCAAAGATACTGATATTT
 TGGCAGCATCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTFCGCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCCGA
 ATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGACGGACTTACCAATCTTGATCGTTACAAAGGACGA
 TGCTACCACATTGAGGCCGTTGTTGGAGAAGAAAAACAATTTATTGCTTATGTAGCTTATCTTTAGACC
 TTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTTGGGTAATGATTTGGTTTCAAAGCCCT
 ACGAGCTCTACGTCTGGAGGATTTGCGAATCTACTTCTATTCCAAAACCTTCCAAGGCCGCCAC
 GGCATCCAAGTTGAAAAGATAAAATTTGAACAAGTACGGTCCCTATTGGGATGACTATTAACCAA
 AATTGGGATTATCCGCAAAAAACTACGGCAGAGCGGTTATGAGTGTCTGCGCGGGGGCTTGATTTTAC
 CAAGGATGATGAAAACGTGAACTCACACCTTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTTATTTTGTGCTGAA
 GCAATTTATAAAGCACAAGCCGAAACAGGTGAAAT

Nigella damascena

>gi|604141908|gb|KJ401975.1| *Nigella damascena* CYC-like protein 1 (CYL1) gene, partial cds
 CATCACAACCGGCACAGCAAAAATTGTGACAGCCCAAGGCCCTAGAGACCGGAGAATGAGGCTTTCACCTTC
 CTATTGCGCGTAAGTCTTTATGGTTCAAGACATGCTTGGTTACGACAAAAGCAAGCAAGCGGTTGAATG
 GCTGTGACCAAGTGCAGAAAGAGGCTATCAATGAGCTCTCCAGAAGTGTGTCTCACTCCAAGTTTAGCTAC
 ACTGGAAGTGTCAAGAGTGGCTCATCTATTTCCGAGTGTGAAGAGGTGTCTGCTTTAGATGAAATAGCTA
 CTAACAACACATCCAGTACGGTGAATTCCCAATCGGGTGTGCCAAGGAGAGAAGAATTAGACAAACGCG
 TAAAGCTGCATTCAATCTCTTGGCAAGGAGTCTAGGGCAAAAGCAAGGGCAAGGGCAAGGGGAGAGGACT
 AAGGAGAAG

Olea europaea

>gi|61740466|gb|AY845058.1| *Olea europaea* clone SRAP-1 SRAP marker genomic sequence
 ACATTGAAGTCCCTTGCAACTGCCACAAAGATCCAAACATATATGAATTATATAGAAATATTTTTTGG
 AAATATTTTCAAGATTCTTAAACTAAGATTTTGGCCAACCTTGACAAATGCTAAAGCACATTCAGAGCTT
 GATGAAATGATGACATTAGGCTAATCTAATGTGCATATATTTAAATTAAGATTTATGACTAATCATTAA
 ATAAGTTGGGCATGGAAAAAGGAATGTTGGGGGTATGGAGACTAATATAAAAATATACAAAAAGCAATAAG
 TAATGGACCATCTTAAGATTGGATTTGTAAC TAAGGATACAGTCAAAGAGGTACTCTCAAAAAGTGTGTGT
 GTAAAATTATCATTTTAATGGAAATGATGGAATTTGATTAAATATTTGTTTGTCTCTCTAATCTTATG
 GCTTTGAGCACATGTAATTTGTTAAAATAAAAAGTGGTTGAATTTCTATTTAAAACACCTCTCTAA
 GATTTCTTTTTGACCG

Olea europaea subsp. Silvestris

>gi|263043408|gb|GU120320.1| *Olea europaea* var. *silvestris* PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAAATCCCTCTAGACCTAGCTTCTATCGAAGTTCATCTACAAATG
 GATAAGACCCGATCTTAGTGTATAGGAGTTATTGAAAAAAGAAAAAAGAAAAAAGGAGCAATAAACTCT
 TTCCTTCTATCAAGAGGGCGTTATTGCTCCTTTATTTTCTTTTAAATTAATACTACTACTTTTTTTAGTCA
 TATTGTACTTACATAGACTTTTATTCGTTACATTACCGAAAAAGAAATAAAGGGGATTATTTTTCTTAGG
 GGTGATTGATGATTGAGTATTATTTGTTCTGTTCTATATGCATTTTATTTTCATTTATCTACCCATCTT
 TTGCGAAGTTTTTTGACATTTAAATTTGAAATTAACGAGAAAAATTAGAATTTTTGCTTAATATTTT
 TATCTCTCAGATAAAAATATCTCACAAAATAAGCAAATAAGAAAAAGATAAAATGAAATGGTCGAAATGCA
 ACCTTTTGTCTTAAAATCAAAAAATCTAAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGT
 GAATCCACCATGCGCG

Ononis natrix

>gi|182410965|gb|EU531707.1| *Ononis natrix* isolate assem61.0.2 PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
 CGTAATGCTCATAAATTTCCCTCTAGACCTAGCTGCGGTTCGAGGCTCCATCTATAAATGGATAATATTTT
 GTTTTAAAGAAAGGATACGAGTTTTTTGAAAAATAAAGGGGTAAGGAGTAATATCAACATTGTTGATATTA
 CTCCTCCCTTTTACTTTTTGTTAGTAGTCTTTTTCTGTATACATATACAGAAATGAATCCATTATTTATTA
 ATTTCCCTATCTTTATTTCAACAAAATAAATTTTTAATTTTTTAGTTTTATTTTTAGTAATTTTAAAG
 TTATGCATTTTTATTTTCTGATCAATCTTTTTGTAATACATGACTTCACAATGTAATAAATAAGAAAA
 ATAAAGAAATGAATGTTTTCTTATTTTCTAATATTTTGAAGACTCGTAAGAACTTAGAAGAGACTCAAA
 TAAATGATAATGAAAAGGTCTAAAAAGTTATGTAATTTAGACATAGTATAGGGCGGATGTAGCCAAGTGG
 ATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCACCCATGCG

Orobanche alba

>gi|29123690|gb|AY209250.1| *Orobanche alba* isolate 2 from Germany internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
 TCGTACCTATAAAGCAGACCGTGAACATGTCGACTAAATGGAAGTGTGGCGGTCACGTCGCATTCCCCTC
 CCGCATGCGTGCACCTAGGTGTGCGTCTGCGGGCTAACGAACCCCGCGCGGTATGCGCCAAGGAAAAAC
 TCATAGAAGMATCAGCCTCCCTCGCCCCGTTTCGCGGTACGCGGGGGGATATGATGTCTCTCGAATGTCA
 AAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGTATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGGATCTTGGT
 GTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCTGAAGCCTTATGGCTAAGG
 GCACGTCTGCCTGGGCGTCAACATCGCTCGCCCTCCCTCCCGTCCCTACGGGGCGTGTTTTTGGTGGG
 GCGGATGATGGCCTCCCGTGCATAAATGTGCGGCTGGTCCAAATGCGAACCCCGCGGCGACTCACGTC
 ACGACCAGTGGTGGTTGAATCTTCAACTCTCGTCTGCTGCGGATGGTGTGCATGTTGGGCTCTATT
 ATAGACCCATAGGCACGAGCTACTTGTGCTTTCGACTGCGA

Osyris alba

>gi|460417163|emb|HE651124.1| *Osyris alba* genomic DNA containing partial atpB gene, atpB-rbcL IGS, specimen voucher BONN: A. Worberg 015, isolate N493 2
 TGACCCATAGTATCTCGACCCTTAACTACCAGAGCGTTGTAATATTAGGCATCTTCCCGGGGGGAAAGA
 TACATCCAGTACCGGACCAATGATTTGAGCAATGCGCCCCAAGTTTTTTTTTCAAGCGTGGAAACCCCA
 AGACCGGAAGTAGTAGGATTGATCCTCATAATAATAAAAATATGTGAAATTTTTGTGAAAAAATCGAATG
 CAAAATAAATGTCGATAGCAARATGATCGGTTAATCAATAARAAATGGGAGTTAACACTCGATTTTGT
 TGGCACTATCTAACCGAATCCAATTCAACTGTTACTTATTCAATTAGTGAATTTTCAAGTTCAACCAAC
 CCATTTTCAAAAATACCAAGTGGAGAATAAAAATTTTGGAGAAAGTCTTGCATTTGTCATCATTATAGA
 CAATCCCGCCCATATTATCTATAGAATTCGAACTTGAACCTTATTTACGATTTATTTCTTTTTTTTTCTTT
 TTTATATTTATTTATACCTTTTCTTTATCTTGGAAATCTGCATATTTTCATACCTAGGATCTAGATAT
 ACAACAACATATATCGCTGTCAAGAGCGAATTTCTTATTATTTAGTTTATGATATTTTGAATTTCAAAAATTA
 AGGATTGAAAGCCGAAAAAGGGGATTGGGTTGCGGCATACATATGAAAGAGCATACAATAAATAATGTA
 TTTGGCGAATCAAAATACCGCGGTCTAATAACGAATCATTCTGTAATAATATTAGTATTAGTTGAGAATTT
 TGTGAAAGATTCCCGCGAAAGTTTCGTTAATCATGTCGAGTAGACCTTGTGTTGTGAAAAATTTTAAAT
 TCATGAGTTGTAGGGA

Pallenis spinosa

>gi|148577983|gb|EF211015.1| *Pallenis spinosa* voucher Karis 951 (S) PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
 ACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACTTAGCTTATTGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACTTT
 GGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAATGCACTCTTGATAAAAAACAAGAGGGCA
 TTATTGCTCCTTTTTTTTATTTAGTACTATTTGCCTTATATAGTTTCTTTAAAAATAACAAGGGCTCCT
 ATAATTTGGTTCGATCCGCGTGTCTTCTTTGTATTCAATTTATATTTATATTCTAGTTTCTATATCCT
 TTTCCAATCTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTCATTTCAATAGAAAAATAGATAAAAAATGAAAATTTT
 ACTTATTTACTTTGATTTCTTATGCTCCTTTTTTTTATGTTAATGGAAAAATAAAGTAATACTAGAT
 AATACTAGAGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTG

Papaver hybridum

>gi|379041944|gb|JN896018.1| *Papaver hybridum* isolate NMW600 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 ACGTCTTTGGATACAAGATGCTCCCTCTTTGCATTTATTGCGATTCTTTCTCCATGAGTATCGTAATTGC
 TACAGTTTTTTTACTCAAAAAAAGCAATTTCCCTTTTTTCAAGGAGAATCAACGCTTTTTTCTTCTCC
 TATATAAATCTCATGTATGAATGCGAATCCATATTAAGTTTTTCTCCGTAACAATCTTTTTCGTTTACG
 ATCAACATCTTTTGAATCTGCTTGAGCGAATAAATTTCTATGGAAAAATGGAGCATCCTGTAGTAGTG
 TTTAGTAATGATTTTCAGACTTTCTATGGTTGTCAAGGATCCTTTTATGCATTATGTCAGATATCAAG
 GAAAATACATCTGGCTTCAAAGGGAAGTCTTCTTTGATTAATAAATGGAATGTAATCTTGTAATTT
 ATGGCAATGTAATTTTTCTTGTGGTCAACCAGATAGAATTAAGATAAATAAATTATCCAATCATTCC
 CTCGAGCTTTTGGCTATCTTGAAGTACGACTTAACCCCTCGGTGGTAAGGAGTCAAATGATAGAAA
 GTACATTATAATGGATATTGTATTAAGAAAGTTGATACCATAGTCCCGATTATTTCTTTGGTTGGGTC
 GTTAGCTAAAACGAAATTTTGTGACGTTTCAGGGCATCCCATAGTAAGCCGGCTTTGGGCCGATTTATCA
 GATTTAGTATTTCTCGATAGATTTGGGCGTATATGCAGAAAATCTTCTCATTATTACAGCGGATCTTCAA
 AAAAAAGAGTTTGTATCAATAAAGTATATACTTCGACTTTCTGTCGCTAGAACTTTG

Papaver rhoeas

>gi|246905628|gb|GQ248360.1| *Papaver rhoeas* voucher USDA PI533721 psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
 ACAACTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTGTCGAAGCTCCATCCACAAACGGATAAGACTTCTGTCTTAGTGT
 ATATGAAGCGTTGAAGTTGAAGGAGCAATACCCACCTCTTGATAGAATAAGAGGGTTCGGTATTGCTCCT
 TCATTTAAGTTAGTTTTTCTTTTCCATAAAAAGGTGACCTTTTTCTTGAAGGATTACTTTTTTT
 GTACAACATACTTATACTTATAAGTATTAATAAAGATAATAGATAATTACTCAAATATCTAACCGTGA
 GTGATTTAAATTTAAATATTANGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGT

Paronychia argentea

>gi|13624872|emb|AJ310958.1| *Paronychia argentea* partial 18S rRNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S rRNA gene, internal transcribed spacer 2 and partial 28S rRNA gene
 CAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAACCTGCAACAGCAGAACGACCAGCGAAC
 ATGTTTTATCATTGGCCGAGGGCGGACACCCTGCTCGCGCAGGGGATAAGCCCGCGGCACACTAACAAACC
 CCGGCGCGGACTGCGCAAGGAACAAAACTGAACATGCGCACCTGCGCCGCGACCGGTAACCCGGACCG
 GGCTCGGGAGCCATTACTTAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
 AACGTAGCGAAATTCGATGACTTGGTGTGAATTGCAAGATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGAAAT
 TGCGCCGAAGCTTCCGGSTGAGGGCACGCTGCTGGGCGTCACGCATTGNGTNTCCCTCACCCGCTCG
 CACGCGGGAGGGAAGGATGATGGCCTCCCGTGCCTAACCGGCGCGGNTGGCCTAAAAACGGAGCCCTCG
 GCTGTGAGCCGCGGCGGATTTGGTGGTGAATTCATTCAATTCGTSGCCTYCTCTTAGCCNNGTATGC
 TCGAGCGACCCAGA

Phagnalon saxatile

>gi|317411497|gb|HM246036.1| *Phagnalon saxatile* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
 TCGAAACCTGCAAAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATTATAACCTGGCATCATGGGGATCTAGCGTTA
 GCTTGAGACTTATGATGCGCTGTCGATGCGGGTTCAAGGTTTCTTAGGGAATCAAGGATGTTGCATCGGC
 ATAATAACAAACCCCGCACGAAAGTGCCAAAGAAATTTAACTTAAGAATGGCTTGTTCATGTAGCC
 TCGTTTCGCGGTGTGCTCATGTGACATGACTTCTTTACAATTACAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG
 GCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATC
 GAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCAAAACATTTGGTTGAGGGCACGCTGTCATGGGCGCTCACGCATCG
 TGTCCGCCCAATGCTTCTCAAAGAATGCATGGCATTGGGCGGAGATTGGTCTCCCGTGTGTTGTT
 ACATGGTTGGCCAAAATACGAGTCCCCTTCGATGGACGCACGATTAGTGGTGGTTGACAAAACCTTCGTCT
 GTTGTGTGCGTCTAGAGTGTATGGGAGTGCTCTTTAAAAAACCCCTATTGTGTTGCTTATGACAATG
 CTTCGACCCGCA

Phillyrea angustifolia

>gi|263043410|gb|GU120321.1| *Phillyrea angustifolia* PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
 GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAACTTCCCTCTAGACCTAGCTTCTATCGAAGTTCCATCTACAAATG
 GATAAGACCCGATCTTAGTGTATAGGAGTTATTGAAAAAAGAAAATAAAGGAGCAATAAACTCTTT
 CTGTTCTATCAAGAGGGCGTTATTGCTCCTTTATTTCTTTTTAATTACTACTACTTTTTTTAGTCATA
 TTGACTTACATAGACTTTTATTTCGTTACATTACCGAAAAAGAAAATAAAGGGGATTATTTTTCTTAGGGG
 TTGATTGATGATTGAGTATTATTTGTTCTATATGCATTTTTATTTTCATTTATCTATCCATCTTTT
 GCGAAGTTTTTTGACATTTAAATTTGAAATTTAAACGAGAAAAATTCGAATTTTGTCTAATCTTTTTTA
 TCTCAGAGATAAAAAATCTCACAAATAAGCAATAAGAAAAGATAAATGAAATGGTTCGAAATTCAC
 CTTTTGCTTAAAAATAAAAAATCTAAGAGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGA
 ATCCACCATGCGCG

Phlomis herba venti

>gi|326378600|gb|GU993205.1| *Phlomis herba-venti* isolate CM70 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast
 GACTTAATTAGAATTAATTTGAGCCTTAGTGTGGGAAACCTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAA
 ACCCGGAATTAATAAAAAATGGGCGATCCTGATCCAAATCCTGTTTTTTTTAAAAACAAAGGTTCAAAAAAC

GAAATAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACTGCGTTGGTAGAG
 GAATCCTTTCTACGGAACTTCAGAAAAGGATGAAGGATAAACGTATCTATCGAATACTTTATCAAATGAT
 TAATGATCGACCGAATCCGTATTTTTAATATGAAAAATAGAAGAATTGGTGTGAATTGATTCTATATTGA
 AGAAAAATCGAATATTCATTCATCAAATCATTACTCCATAGTTTCGATAGATCTTTTAAAGAACTGATT
 AATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAG
 AGAAAAATCCGTCGACTTTTAAAAATCGTGA

Pinus halepensis

>gi|194395237|gb|EU647209.1| *Pinus halepensis* isolate 59ukPHmugla 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, partial sequence

GATACTTAGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTTTTTTGAACGCAATTTGCGCCCGAGGCCCTC
 GGTCGAGGGCACGTCTGTCTGGGCGTCGCATCACATTCAWACGCGCTCCCTGCAATATGCTAGGGAGCAG
 CGGAGCTGGTCTCGTCCGTCGCCATGCGGTGCGGTGCGGCTGAAATGCCTCAGGCGATGCTCGTGGCGTGC
 ATCGGCGAGCGGTGACCTTGTCCCTTGGATGGGCGAGTCGGCGTTAGCTGATGCGGGCTTTGTGTGGCAT
 CGCTCGAATTGCTTTGCTCTCTTGTCTCCCATCGGGTAGGGCGGATTTAGCTCCAATT

Pinus pinea

>gi|224713625|gb|FJ717710.1| *Pinus pinea* response regulator 1 mRNA, complete cds

AACGAGATTTCTCTCAAAAAGCACCCGATTGTTGCCTTAAGTCTGCCACGTTTCTCCCGAGCGGTG
 GATTTTAAACGAAGTTTGGGTATTGGGTCTCAGATTCGAGCGAATACTGCATTGGGTATTCGGCTTCTCG
 ATCGATTCTGTCGACCGCTATCGGTTTACGGCCAGGATCCGCCATTTTAGAAGAATTTGTGTGGGG
 GAGACGATTTGTGGGCCGATTTGCTGTGGGTTGTGGGAATTCGATCGGATTTGGCTCTGGGTGGTGGAA
 ATTGGATCGCTTGGCCATTTGGGTGGAGAAAAGTATTAAGCATTAAAGATTTTCAGGCATTTGGTCCGCTG
 GTTTGGACTGTTTTAGTCTGAGGAACAGCCTTGATTAGAAAATATGGCCAGGAACGAGTCTGGAGATGC
 GGCCAGCACATCTGAGTTTCAATGTCTTGGTAGTGGACGACAGTGTCTGGATCGAAAATTGATTGAAAAA
 CTATTGAAAATCTTTCATATCGAGTCCCGAGTTGATCGCGTAAGAAAAGCTTTGCAATTCCTTGGGC
 TTGAGGACGACGAAGATGACCTGAATGTTGATAACATTCAGGTCAATATGATAATCACAGACTATTGTAT
 GCCAGGATGACTGGCTATGACTTGTCTAGAAGAGTCAAGGAATCATCAGCGGTCAAGGACATTCCTGTG
 GTGATAATGTCTCAGAAAATGTGGAGTCCCGAATAAGCAGGTGTATGTCAGAAGGGCGCTGAAGATTTT
 TATTGAAGCCTGTGCAATTATCAGATGTGAAGAAGCTCAGATCCCACATTTAATAAGGGAGGATCCAG
 GGACCAGCAATCCACTTCACTATCTAATAATAAAGAAAACCATGACTGACAGTCTTTCGCCACCGGCA
 GAGAGGAGGCCAGGCCAGTGGATTGACAGTGCATATAAATTCATTATACCTGCAAAATGTTTCAATAC
 AGATTATAAATGTTGGTACCTCACAAAAACAAGAACAATAATGTATGGTGTGACGAAAAGGGTTATCA
 TAGGGGTTTGGAAAGAAAAACGCTCTTCTAATCTCTTTTAAATTAATTAAGAGGAGAAAAGAGTCA
 GCCAAAGCAAAACCTAACAGACACTGTTGCTGCTGTTGTTTCATTCAACAAATATAATATATAGGCAGAT
 TTGCCATAGATTTTTTGAAGTCTGTTCTGTCTACTACAAAAGTAGTGTGGCTTCTTTTGTATTGGAA
 TTCTTGATATTTATAAAGAGAATTATGATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

Pistacia atlantica

>gi|744825455|gb|KP055537.1| *Pistacia atlantica* voucher Frantz s.n. (BRIT) tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TGATNACTTCAATTCAGAGAAACCCTGGAATCAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCTATTTTATGA
 GAACAAAAACAACAAGGGTTCAGAACGGGAGAAAGAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTCT
 AACAAATGGAGTTGACTGCCTTTTTGGGGAAAGAAAGAAATTTCTATCGAATATCGAAAAGCCATAA
 AGCATGAAGGAGAAGCCTATATACACTATGTATACGTAATGAAAAAATACACTATGTATACGTAAGAA
 AAGGATCTCAAAAATGACGACCCGAATCCTTTTTGTTTTCTTTTGAAGAACTAATTAATCGGACGAGAA
 TAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGCCAATATCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAA
 TCCGTCGACTTTAGAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCAAAATCCCCAAAAAAGGCCATTTA
 ACTCCCTAACGATTTATCCTATGTTAGTGGTTCCAAAATTCGTTATGTTTCTTATTCACTACTCTTTTC
 CATTTACAAACGTATCCGAGCAGAATTTTTTCTTATCACACACAAGTCGTGTGGTATATAGGATACAC
 GTACAAATGAACACTTTTGAAGCAAGGAATCTACATGTGAATGATTCACAATCCATATCATTGCTCATACT
 GAAACTGACAAAGTCTTCTTTTGAATATTCAAGAAATGCAATTCGCCGTCGAAGACTTTTAAAGACTGAA
 TTTCGCTTTTTTAATTGACATAGACCCAAGCCATCTAGTAAAATGAAAATGAT

Pistacia lentiscus

>gi|166798229|gb|EU263306.1| *Pistacia lentiscus* clone Pislén R05 microsatellite sequence

TTTCTCAAAAATAAAGGGTTTCTGGATTTTCTCTACCATCCTCTTATAATGTTCTCAACCTGCCATT
 ATCCCCACCTTCCCGCCGGACCTGCATCAAAGTCAACCGCCGCCGCCGCTGCCGCCGACTCCACCA
 CTCCCCAACAAATGCCAATTCATGGCAAGATACATTTGTTGACCAATAACCTCGTTTTCCCTGCAA
 ACTCGTATTTCAAAATTTATCCATCTTTG

Pistacia terebinthus

>gi|752115420|gb|KP031678.1| *Pistacia terebinthus* isolate PtRI atpB-rbcL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

AATATAATAAAGTGAATATGTCAAAATTTTTACGAGATTTATTGAATCCAAAAGAAAATCTTCGATAG
 CAAGTTGATCGGTTAATCAATAAGAAATGGGAGTTAGCGCTCGATTCGTTGGTACCGTACAACCGAAT
 GCAATTCATTTACTTATGCAATTTCAATGAGGAAATTTCAAGTTCAACCAACCCATTTTCAAAAT
 CTTAAGTGGATGAATAAAAATCTTGAGAAAAGTCTTCAATTTTCAATTTATAGATAATAGACAATACCACATA
 TTATCTATGGAATTCGAACCTGAACCTATGTTTCCGATTCATTATTTTCGATCTCATTGGCCCTTATTTGT
 TATTTTGTATTTTACGCTATCGATTTATGCCTAGCCTATCTTTTTTTATACCTTTTTCTTTTTCTTT
 CATGGACGAATTTTCGATATTTCTTTTACATCTAGGATTTACATATACAAACAACATATATTACTGTC
 AAGAGTCAATTTCTAGTATTTATATATTTTCGATTGAAAAAAGGATTAAGGGATTAGAAAATGAAAAG
 CAAGGGTTGGGTTGCGCCATACATATGAAAGAGTATACAATAATGATGTATTTGATTCAAAATACCAT
 GGTCTAAAAAAGGAACCGTTCGGATTAGTTGATAATTAATTTGTAATTGAAAATTTGTGAAAGAT
 TCCAGGGAAGGGTTTCATTAACCTCTAATTTATGTGAGTAGATCTTTGT

Plantago albicans

>gi|21483662|gb|AY101905.1| *Plantago albicans* 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

AGAAGNNCANTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGTTTCCGTAGGTGAACCTGCC

GAAGGATCATTGTCGATATCTGAAAAGTAGACCTGTGAACACGTGTTAACAAGAACGGTGCCTTGTGG
 GCAAGAGCAATCTGTCTGGCGAGGTGCCGTGCCTGCCCGGTGCTAGCATCTGGTGGGCTAACGAAACCC
 GGCGCGCAAGTCCGCAAGGAAAAACAAATTAGAAATCGTTGCCCTGCCGCTCCCGTCCCGGGTGTGCTGT
 GGGGATGCAGCGTATCTTGAAGTCAAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAA
 GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
 TTGCGCCCGACGCCATCTGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGGCTCACGCATCGCGTCGCCCCCTCCAAT
 CCCTTGGTGTGGTGTGGGGCGGATAATGGCTTCCCGTTAGCTCGGTTAGCCTAAAAGGGATCCCTCA
 ACGATGGATGTCACAACCAGTGGTGGTTGAAAGATCATTGGTGTGTTGTGCTTACCCTGTGCTTGGT
 AGGGCATCATATAAACCAATGGCGTGAAAGCGCCTTCGACCGCGACCCAGGTCAGACGGGACTACCCG
 CTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGGGAGAAGAACTTACAAGGATTCCC

Plantago lagopus

>gi|21483654|gb|AY101897.1| *Plantago lagopus* 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

GCGACGTCCGAGAAAGTCCACTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTCCGTAG
 GTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGATATCTTAAAAGTAGACCCGTGAACACGTGTTAACAATGAACGG
 TGCTTCGTCATGCCTGAGCAATCTTGTGGCGGGTGTGCTTGGCTGGTGTGCTACTAGGTGGG
 TAACGAATCCCGCGCGCAAGCGCCAAGGAAAAACAAAATAGAATTGTTGCCCTTTGGCTCCCGTNCG
 CGGTGTGGCCATGGGGATGCAGCGTATCTTGAAGTCTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCT
 CGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTC
 TTTGAACGCAAGTTGCGCCGACGCCTTCGGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGGCTCACGCATCGCGTGC
 TCCCCTACCATTCCCTCAAAGGTTTGGTTATGGGACGGATAATGGCTTCCCGTTAGCTCGGTTAGCCCAA
 AAAGGATCCCTCATCGAGGATGTCACAACCAGTGGTGGTTGAAAGATCATTGGTGTGTTGTGCTTAC
 CCTGTGCTTGGTAGGGCATCGTCATAAACTAATGGCGCGTAATGCGCCTTCGACCGCGACCCAGGTC
 GACGGGACTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGGGAGAAGAACTTAC

Plantago ovata

>gi|523588007|gb|KC832829.1| *Plantago ovata* hypothetical protein (IRX10_4) mRNA, complete cds

ATGAGTCAATTGCTGTTCCTTACCTTCTTCTCGTGTGTTGCTGTGGACTGAAAACTCGCGT
 TTCTCGCAGATCACCTTATCATAATGTAAGTTCAGGATTTGCTGGAGATGTATTGGTAGATGA
 TCCGTTTCTAAGGCTAAAAGTTTTCGTGTATGAGATTCAGAAAATACAACAAACAGAGAGCAGAATGT
 CACCCGAGATGCAGAACCCATATGTTTGTGTCAGAGGTTGATGCACGACTTCTGTTATCAAGCCCGG
 TTCGTACTTAAATCTGAAGAAGCAGACTGGTTTACGCACCTGTATATACTACTTGTGACCTGAATGA
 AGTTGATAAGCCTTATATGTTCAACGCACCAAGGCTGATGAGGAGCGCTATAAAGCTAATTGCCTCCAGC
 TGGCCTTATTGGAATAGAACCAGGGGGCTGATCACTTTTTCATTGTGCCTCATGATTTTGGTGTGCT
 TTGAATTTAGAGAATCATTAGCTGTTTGGAGAGGGATTATCCATTGCTCCAGCGTGCTACCTTGGTTCA
 AACATTTGGACAACAAAACCATATTTGCTTTAGGAACGATTCAATCATAATTCCTCCATATCTTGTGAT
 CTACAAAAAATACAGGCTATAAAAAATCCTCGAAATAATGTTCCGAAACATCTTTCTTTACTTCCGTGGTC
 AGATTTGTGATTCTGTGAATGACCCATCAGGTTATAATTATTCAAGAGGTGTGAGAAGAGCAGTGTGGGA
 GAACTTCAAGGATAACCCACTATTC AACATGTCACCCGAAAGCTCTTCTACATACTACCAAGACATGCAG
 AGAGCCATATTTGTTATGCCCCTCGGATGGGACCCGTGGAGCCCCAGATTGGTTGAGGCAGTTATAT
 TCGGATCAATCCTGTTATAATAGCCGATGACATTGCTTGGCGTTTCTAATGCTATTCCATGGAAGA
 ACTTGTGTTTTTGTGAGAGAATCATGTCCATAACCTGGATGTAATTCTCACCTCAATTCCAGTTCAT
 GAAATATTGTGAAACAGAGTTTGTGGCAAATCCTTCTGTAAAGCAAGCATTGTTATTTTACAGCCTG
 CTAACCTGGGGATGCTTTTATCAGATACTGAACGCACTTGCTCGTAAGCTGCCTCATCGTAACAGTGT
 TTTCTTGAACCCGGTGAGAAGATCTTGAACGAGCAGGTCGGGAGGCTGACCTGTCCGACATGGTT
 GACATACTTAGCGTTAA

Plantago serraria

>gi|21483637|gb|AY101880.1| *Plantago serraria* 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

GGCGGTTCCGTGCCCGGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTGGTA
 ACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGATATCTTAAAAGCAAACCCGCGAACACGT
 GTTTAACATGAACGGNGCCCCGTCGAGCTAGAGAAATCTTCTTGGCGAGACGCCGTGCCGNCGGTGT
 TGCACCAGGCGGCTAACGAAACCCGCGCGGCAAGCGCCAAGGAAAACAATACGGAATCGTTGCTCCCT
 GTGACTCCCGTCCCGGTGTGGTTGTGGGGATGCGACGTATCTTATAAGTCTAAAACGACTCTCGGCAACG
 GATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCG
 TGAACCATCGAATCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGACGCCTTCGGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGT
 CACGCATCGCTGCGCCCCCTCCAATCCCTTGCAGATAGGTGATGGGGCGGAAAATGGCTCCCGTTAGC
 TCGGTTGGCCAAAAGGGATCCCTCATCGACGGATGTCACAACCAGTGGTGGTTGAAAAATATCATTGT
 GCTGTTGTGCTTACCTGTGCTTGTAGGGCATGTTTAAACCAACGGCGTGTAGTGCCTTCGACC
 GCGACCCAGGTCAGACGGGATTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGTGAGAAGAACTTAC
 AAGGATTCCC

Prasium majus

>gi|537368606|gb|KF529549.1| *Prasium majus* isolate SN-17 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAACCCCGCAAGCAGACCGCAACCGTTCCCAACAACCCCCCGCGGCGCTCGCGCCGCGCGGGC
 CAACGAACCTGGGCGCGGAATGCGCCAAGGAAAAACGAAATGGAGCGCTCCCTCACAAACCGCCCCGTCCGC
 GGGGCGACGGGAGAGAGGACGCTATCGAACGCTCTGAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGC
 ATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTT
 GAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTCCGCC
 CCTCCCCCGCTCCCGGGGGGGGGCCGGGGCGGAGATTGGCCCCCGCTGCGCAGCGATGCGCGCGGCCGG
 CCAAACCCGAATCCGCCGTCGACGCAACGTCGCGACAGTGGTGGTTGAACCTCAACTCGCGTGTGCTGT
 CGCGTCCCGATGCGCCGTCGACCGGAGACGCCAACGGAGCGATCGCGAATCGCGCCACGACCGCGAC
 CCCAGGTCA

Pulicaria odora

>gi|386642509|emb|HE687364.1| *Pulicaria odora* genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2, specimen voucher EM427
 TTGTCAACCACCCTTGTCTGTGTCTATCAAAGCAGACTCTTATTTTGGCCAACCACACCAAAGGCAG
 GGAGACCACACTACCGCTCCTTCCCGCACACCCCTTTGAGGAGGGAAGGATAGGAGCGACGCGATGCGTG
 ACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAGCCGAATGGCTTTGGGCGCAACTTGCCTTCAAAAACTCGATGGTTCA
 CGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATC
 CGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGGTTTACAAAGAGCCGCATCCCGTGCACACACCCGCAACGGGTTAGCAC
 GGCATGACGCTTCTCTGATGTTTAGTTTTCTTTGGCACATGCCGTGCCGGGGTGTACGCCTTTTTGA
 CACCTTAGATGCTCCGAAGAGGCAACCATGGATGCAAAATCGACGAGGGGTAGCTGTTGTACATGTTTCA
 GGGTCATTTGCTTTATAGGCTTCGACAATGATCCTTCCGAGGGTTCACCTACGGAAACC

Quercus coccifera

>gi|46091798|dbj|AB125035.1| *Quercus coccifera* chloroplast matK gene for maturase K, complete cds
 ATCTAATTATTAGTAGCTATTCTCCATTAGAGTGTGGGGTAAATGTGTAGAAAAAGCAGTCTATTGAT
 AAAGATAAAAATCCTTTTTTCCAAAATCAAAGAGCGATTGGGTTGAACAAATAAAGGATTTCTAACCA
 TCTTGTATTCTCGAATGAACATAAAACCAATTAATTAATAGATGGAAAAAGGAGGCTAAAGAGTCCGTCGA
 TCAGTCTTATCTGGTCCGGGTATATATCTATTTATTTCTTACTATAATATCTGTTTGGACTGTATCG
 TACTATGTGTCATTAATAACCCAAAAGAAATCCCTTATCCCATCTAATTTAAATGGAGGAATATCAA
 GGATATTTAGAATCGATAGATTTTCGGCAACACGACTTCTATACCCACTTATCTTTCCGGGAATATAGTT
 ATGCATTTACGACTCCATCGGTTTAAATAGATACATGTTGTTGGAAAATATAGGTTATGATAAATAAATC
 TAGTTTACTGATTGTAACCGCTTAATTACTACAATGTATCAACAGAATTAATTTGATAATTTCTGCTAAT
 GATTCTAAAACAAAATCCATTTTTTGGGTACAACAAGAATTTGCATTCTAAAATCTATCAGAAGGATTTG
 CAATCATTGTGAAATTTCCATTTTATCTACGATTAATATCTTCTTTAGAAGGGGCAGAAATCGTAAGATT
 TTCAATTTACGACTCCATTTCAATATTTCCCTTTTTAGAGGAAAAGTTCCACATTTAAATTAATTCG
 GCGGATATACTAATACCCTACCCTGCCATCTGGAAATATTTGGTTCAAACCCCTCGTTACCGGGTGAAAG
 ATGCTTCTTATTGCAATTTATGCGGTTCTTCTTCATGAGTATTCTAATTTGTAACAGTCTTATTATTAC
 AAATAAATCTCTTTCCATTTTTTCAAAAAGTAATCCGAGATTCTTTTTATTCCTATATAATTTCTTATATA
 TGTGAATACGAATCCATCTCCTTTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCATTACGATTAACATCTTCTGGAA
 TCCTTTTTGAACGACTCTGTTTATATAGAAAAATAGAACATTTTGGCGAAGTCTTTGCTAATGATTTTAC
 GGGCATCCCATGCTTTCTCAAGGATCCTTTCATGCATTATGTTAGATATCAAGGAAAATCAATCTGGCT
 TCCAAAGACACACCTCTTCTAATGAATAAATGTAATCTTACCTTGTCAATTTATGGCAATGTCATTTT
 ATGATATGCTCAGCGGCAAGTATCCGTATAACCAATTTCAAGCATTCCCTCGATTTTTTTGAGTTA
 CTTGTCAAGTGTTTCGACGAAATCCTGCAGTGGTGCAGAAATCAAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAAAT
 AATGCTCCCAATAAATCGATACAATAGTTCCAATTTCTCTGATTGGATCATTGGCTAAAGCGAAAT
 TTTGTAACGCGAGTTGGGCATCCAATTAAGTAAAGCTGACTCGGGCCGATTTATCGGATTTTGAGATTATCAA
 TCGATTTTTGCATATATCGAATAATCTTCTCATTATTACAGCGGATCCTCAAAAAAAAAAGAATATGTAT
 CGAATAAATAATATACTTCCGCTTCTTGTGTTAAAATTTGGCCGTAACACAAAAGTACTCGCGCGC
 CTTTTTAAAAAGAGTGGATTTCGGAATTTCTTCAAGAATTTCTTACCGAGGAAGGGGGGTTTATTTCTTT
 GATCTTCCCAAGAGCTTCTTTGCTTTGCGAAGGTTATATAGCGGGCGAGTTTGGTATTTGGATATTATT
 TTCATCAATGGTCTGTCCAATCACGAATGATTGGTTATGAGACCTTGGAAATGGTACTTATTCTTAAATG
 AATGAAGAGATAACAAAAATTCATTCATTTCTATTATGAAATGTTTATGCAAGTAAAGATGACGAGTTGA
 TCGACTAAGTATTGACTTTCTTATTAGAGTCCCTCTAGGAAATGCACTGAGTGTAAATGTATACATA
 GGGAAAGCCATGTGCGATGAAAGATGCAAGCATGGCTTGGGGAGGATTTTTTACCTACTTTTAAACAAGT

Quercus ilex

>gi|187937719|gb|EU628561.1| *Quercus ilex* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
 TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGGGGGCGCTCGTCGCGC
 CCTTCGCGCTCAAGGGGGCGGGACCTCGCGTCTCTTTGCCCGCAAACCGAACCCCGGTGCGGAACGCG
 CCAAGGAAATGAACCAAGAGAGCCACGCTAGAGGCCCGGACACGGTGTGCCCTGGCGTCCGGCTCTT
 ACGAATTTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAAT
 GCGATACTTGGTGTGAATTCAGAAATCCCGCAATCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCC
 ATTCCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTCACGCATCGTTGCCCCCAAACCTCCGGTTCGGGCGGGGC
 GGAAGTTGGCTCCCGTGCCTGCTGCGCGCGGTTAGCCAAAAGCGAGTCTCGCGCAGCAGCGCCA
 CGACAATCGGTGGTTTTTTCGACCCTCGTTCCCGCTCGTGCAGCGCCCGTGCAGCGCTCTTGGC
 ACCCTACGCGTCGCCCGCGCGCTCCCAAC

Quercus suber

>gi|148299210|gb|EF581312.1| *Quercus suber* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
 TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGCTCGTCGCCCCCTCGC
 CCCCCACGAGCGGGGACCTCGCGTCTCTTGCCTGCAAACCGAACCCCGGCGGGAACGCGCCAAGGAA
 ATCGAACCAGAGACAAAAACCGGAGGCCCGGACACCGTGCAGCCCGCGCTCGCGTCTTACGAATTA
 TTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACT
 TGGTGTGAATTCAGAAATCCCGCAATCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTGCGCC
 GAGGTCAGCTCTGCTGGGTGTCACGCATCGTTGCCCCCAAACCTCCGGTTCGGGCGGGGCGGAAGTTG
 GCCTCCCGTGCAGCTTGCAGCGCGGTTAGCCAAAAGCGAGTCTCGCGCAGCAGCGCGCAATC
 GGTGGTTTTTTCGACCCTCGTTCCACGTCTGCGCGCCCGTGCAGCGCAACGCGCTCTTGCAGACCCTTACG
 CGTTGCCTCGGCGACGCTCCCAAC

Ranunculus bulbosus

>gi|378405423|gb|JQ347857.1| *Ranunculus bulbosus* clone Rb306 microsatellite sequence
 AATAATGAACAACAGTTTAGAGACGCGAGTCTAAGTGAAGATGGTGGTTCTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
 GTGGGAGTGTGAAAGAGAATGAAATTTAGGGAAACGTTTAGGGAAAGATCTTTTGAAGATACGAAA
 CCTCAACAACAACAACAACAACACAGTACAGAGGAAGA

Ranunculus gramineus

>gi|50811965|gb|AY680076.1| Ranunculus gramineus internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

AAAGCAGACGACCCGGAACACGTTAAAAAGTACCTAAGCGGATTGGTGATGGGTGCGAGCCCTGATCTG
TCCGCTTGTTCGGGTCGTGGAGTTGGTTGCATCCCTTGTGGCTGTGGTCGCTTCGCGTTCCCGCACAAACAT
CAAAATCCGGCGCGATTGGCGTCAAGGAAATCTTAGCGGAAACAAAGCGTTGTGCCTTCACCGGTACATC
GCCAAGAATCCAATACTCAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAAGAACGTA
GCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCC
CGAGACCTTTAAGTTGAGGGCAGTCTGCCTGGGCGTACACACAGCGTGCCTCCCAACCTAGTTG
GTGGAGAGCGGAGATTGGCCCCCGAGTCTTTGGGCACGGTCGGCACAAATATTGGTCCCCGGCAGCGA
GTGTCGCGGTACGCGGTGGTTGATCTTCTCCTCAAAGACAAAATGACGCGTACCTCGTTGCATGTTGG
ATCGAAACGACCTCGAAAGCCGTTTCGCGGCATTCACC

Ranunculus spicatus

>gi|325656412|gb|HQ338152.1| Ranunculus spicatus voucher Johansson s.n. LD PsbJ (psbJ) gene, partial cds; and psbJ-petA intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

GTGTTTTCTTTTATGGTTCATATCTCGATTGGGCTCATCCCTGTAATAATCATATGAAGTGTGTTGGG
ACATTAATTAAGAGTAAGAATCAATCGACCCCCAAAATGCGGGGGGGTCAATTGAGTCTTACTCTT
TAATTTAATGAGACTTTTCGTTTAGTCAATCCATAATATAAACAACATAAAGGTTCCAAATTTTCTAGA
AAATCACAGCATAAAATTTGAAAAATGGGGCTGAGATCAAAGCAACTAAAAGTTCTAGTATTATTCACA
AACTACGTGCTAGTATATTATTAGGAACGGAATACAAGTAATTTCAAATAGCTTAATTTAATTAATTA
ATATATAAAAAATATATATAGAGTATAAACAAAGCAAAGCGGTTTTTTGAGTATACATAATTGCATCGA
TCAACAAGAAGTTTAGTATTTTATTTTGATAAAAAATCGAAACGAAGTGAAT

Raphanus raphanistrum

>gi|403399139|gb|JQ911466.1| Raphanus raphanistrum voucher BGV UPM 195571 psbD-trnT intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TTTCTCGCGCACTGCCCATAAAAATGAACTTTAGAATTTCAATTAATTTGGTTTCGAAAGATCAAAATAT
TTTTTTTTATTGGTCTTACTTAGGTAACGCATCAACTCAAATTTCTTCTCTTCTGCTATTAGTTTATT
AATAAGTAGTTGAATCTAAATCATGAATTGTGAGATGACTACTACTCAGATAAAGAAATCTTTTTTTCT
ATTTTATTTGATATCTACATGTCATGCCGTAAGGAAAAAGGGAAAAATTTCTTATTTATCTAATTTCAAT
ACAATTTTAAATAAAAATAATAGCAAACGTAATGAGAGTTTCTTTCTCACATACACCTTCAATCATAT
TACATTGTCATCTTGAAGCATCAATATGGAATATTTGATTGATATCTGAAGCAATTTTATTATTTCG
ATTTTTGATTCTTAATACAATTTGATTCTTATACAACCTAGAAATTTAGGCTCTTGTATTGTTCTGGAATC
AAAAACAAGATGTTGAAATGCCCTTTAGGTATTAATTAATTTGGAATAAGACTTTCTTTCTTAGCCAGGA
ACGAGTATATTTCTATGAAATATAGAAACAAGAAATTAATTAAGAGATATCGACAGATTTCCGAATA
AAAAAAATATGAAATAAAACAATCTACTGTTCAATTTTATCTCTATCGAATTTGAATATCAGAATAGT
GGATATAGTATGATTTCGACGGT

Reichardia picroides

>gi|422313830|gb|JX501958.1| Reichardia picroides voucher BR:2871 photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and trnA-His (trnH-GUG) gene, partial sequence; chloroplast

GGATAAGACTTTTGTCTCATTTGTAATTTGATAGGAGTTTTTGAACAAAAAGGAGCAATAACGCCCTCT
TGATAAAACAAGAGGGAAGCTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTAGTATTTGCCTTACATAGTTTCTTTA
AAAATAACAAGGGCTTTTTATAGTTTGGTTCGATTAGCCTGTTTTCTTTGTATTAATTTAGAGGTTTA
TATATCCTTTTTCCAATGTTTTATGAAGTTTGATTTCCAATTTCAATTTCAATCTAAAATATATAAAAAAT
ATAATTTTCTTATTTATTACTTTGATTTTCAGAAAATAAGAAAGAAATAATATGCCTTTTTTTTTATGTG
AATGGAAAAATATAGAAATACTAGATAATACTAGAAAATAGTAGAGGGGC

Reseda alba

>gi|14718202|gb|AF209665.1| Reseda alba ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

GGTCCGGTACTGGATGTAGCCTTTCCTCCGGGAAAGATGCCTAATATTTACAACGCTCTAGTAGTTAAGG
GTCGAGATATCATTGGTCAACAAATTAATGTAACCTGTGAAGTACAGCAATTTAGGAAATAATCGAGT
TAGAGCTGTAGCTATGAGCGCTACGGAGGGTCTAATGAGAGGAATGGAAGTGCTTGATACGGGAGCTCT
CTAAGTGTCCAGTCCGGGGGGCAACTCTAGGACGAATTTCAACGTGCTGGAGAGCCAGTTGATAATT
TAGGTCCTGTAGATACTGGACAACATTTCTATTCAATAATCTGCGCCTGCTTTCATACAATTAGAGAC
AAAATTAATCTATTTTTGAAACAGGAATTAAGTAGTGGATCTCTTAGCCCCCTATCGTCGTGGAGGAAAA
ATAGGACTATTCGGCGGGGCTGGCGTGGGTAACAGTACTCATTATGGAATTGATCAACAACATCGCCA
AAGCTCATGGTGGTGTATCCGTTTTTGGTGGAGTAGGCGAACGTAATCTGTAAGGAAATGATCTTTACAT
GGAAATGAAAGAATCCGGAGTCATTAATGAGCAAAATCTTGGGAATCAAAGTGGCTCTAGTATACGGG
CAGATGAATGAACCGCCGGGAGCTC

Reseda luteola

>gi|340512813|gb|HM850757.1| Reseda luteola maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TCTTAGATGTAATAACCTCACCCATCCATTTGGAAAATTTGGTTCAAACCCCTCGTTACTGGGTAAA
AGATGCCTCTTCTTGCATTTATTGCGGTTCTGTCTTTACGAGTATTGTAATTGGAATAGGAATAGTTTT
AAAAAATCTATTTGAATCCAAGATTTTTCTTAGTCTATATAAATTTCTATGTATGTGGATACGAATCCA
TCTTTTTTTTTCTCCGAAACCAAGTCTTCTCATTTACGATCGACATCTTGAAGTCTTCTTGAACGAAT
TTTTTCTATGGAAAAATCGAACATTTTATAAAACGCTTTGGTAATCAATTTTCAGGATATCTTCTTTG
TTCAAGAATCTTTCATACATTATGTTAGATATCAAGGAAAAATTCATTTGGCATCAAAGATATGTGCGC
TTCTGATGAATAAATGGCAATTTACTTTTTAAATTTATGGCAATGTCAATTTTACGTCTGGTTAAATC
GAAAAAGGTTCTGTGTAACAAATTAATAAAGAATATTTAGACTTTCTTGGTTATCTTTCAAATTTGCGA
TTAAATTTAGTGGTACGTAGTCAATGTCTAGTAAATTCATTTCTAATAGATAATGTTATAAAAAAAT
CCGATACCCAAATTTCAATTTAGTTCTATTATTGGATCATTGGCTAAAGCGAAATTTTGTAAATGTGCTAGG
GCATCCCATAGTAAGTCGACCTGGACCGACTCATCAGATTCGGATATTTTAGACCGATTTGTGCGTATA
TGCAGAAATATTTCTATTATCACA

Rosa sempervirens

>gi|15823582|dbj|AB048600.1| *Rosa sempervirens* chloroplast matK gene for maturase, complete cds
 ATGGAAGAATTTC AAGGATATTTAGAATTATATAGATCTCAGCAACATGACTTCCTATACCCACTTATCT
 TTCGGAGATATATTTATGCATCTGATCGTGGTTTAAATAGATCCGTTTTGTTGGATAATGTAGG
 TTATGACAAGAAATCTAGTTTACTAATTATAAAACGTTTTAATTAGTCAATGTATCAACAGAATCATTTT
 ATTATTTCCGTTAATGATTCGAATCAAAAATAAATTTTTTGGGTACAACAAAAATTTGTATTCTCAAATGA
 TATCGGAGGGATTTG CAGTCATTGTGGAAATCCGTTTTCCCTACGATTAGTATCTTCTTAGAGGAGAC
 AGAAACCGTAAAACTTATAAATTTACGATCAATTCATTCATATTTCCCTTTTTTCGAGGACAAATTTCCA
 CATTAAAATTATGCATCAGATGACTAATACCCCTACCCCATCTGGAATCTTGGTTCAAACCCCTC
 GCTACTGCGTGAAAGATCCCTCTTCTTTGCAATTTATTACGGCTCTTTCTTCCAGGATTATAAATGGAA
 TACTCTTATTACTCAAAAAAATCCATTTTGCAAAAAGTAATCAAAGATTATCTTGTCTCTATATAAT
 TCTTATGTATGTGAATACGAATCCATTTTACTTTTTCTCCGTAACCAATCTAATCATTTACGATTAACCT
 CTTCTGGGATCTTTTTGAGCGAATACGTTTTTATGAAAAAATAAATATCTGTGCGAAGAAGTCTTTGC
 TAACGATTTTTCCGGCCACCTTATGGTTCTTCAAGGATCCTTTTATACAGTATGTTAGATATCAAGGAAAA
 TCGATTCTGGCATCAAAGATACTCCTCTTCTGATGAATAAGTGGAAATATTATCTTGTCCATTTTTGGC
 AATGTCATTTTTATGTATGGTCTCAACCAGGAAGAATCCATATAAAACCAATTTATCCAAGCATCTTTTGA
 TTTTTGGGTTATCTTACAGCATACGGCCGAATATTTCAAGTGGTACGGAGTCAATTGTGTAAGAAATTCG
 TTTTAAATGGATAATGCTATGAAGAAGCTTGATACATTATTTCCAATTATTCCAATGATAGGATCGTTGG
 CTAAAGTGAATTTTGTAAACATCAGGGCATCTATTAGTAAGTCCAGCTGGGCGGATTCGTCCGATTC
 TGATATTTACGACCGATTTGTGCGTATAGACGGAAACCTTTCTCATTATTATAGCGGATCTTCAAAAAA
 AAGATTTGTATCGAATAAATAATATACTCGACTTCCCTGTGTTAAACCTTTGGCTGTAACACAAAA
 GTACTGTACGCATCTTTTTGAAAAGATTAGTCTCTAAATTTATTGGACGAATCTTTACGGGAAGAACA
 GATTTTTTCTTGTCTTTTCCAAGAATCTTCTACTTTGAAGAGTTTTATAGAGGGCGGATTTGGTAT
 TTGGATATTTGTGTATCAATGATCTAGTTAATCATGAATGA

Rosmarinus officinalis

>gi|546235733|gb|KF307557.1| *Rosmarinus officinalis* voucher J. Walker 2558 granule-bound starch synthase gene, partial cds
 ATTTACCAACCTAGAGGAATCTACACGAACGCTAAGGTGAGAAGCCAGAGAAAAATCAATGTATTGTGCC
 ATATATGCCCTAATTTTACAATCCTCATTTTTTTTTTGGTACTATATATAGGTGGCCTTGKGCATCCCC
 AACATTGCCTATCAGGGAAGATTTCGCATTCTCAGACTTCTATCAGCTCAATCTACCTGATCAACTCAAGA
 GCTCTTTTGAGTTCAATGTATGGGTATGAGAAACAGTGAAGGAAGGAAAAATTAAGTGGATGAAGGCCGG
 GATTATAGAATCGCACAGGGTTGTAAGTGTGAGCCCTATTACGCCAAGGAACCTGTTTCTGGCTGTGAT
 AAAGGAGTTGAGTTGGACAACATCTCCGTAGCATTACCKGTTCCGTCTTGGCATCGTAAATGGCAAGG
 ATACTCAAGAGTGAATCCACTGACAGATAAATACATCGATTACTTTGATATTACCACTGTAAGAAT
 AATTGAACCATATATTATTAAGTCTTGTCTACAATTAATTAATGAAAAATCCYATACATACGTATGTTT
 TAGGTTATGGATGCCAAGCCATTGCTGAAGGAAGCTTCAAGCATCAGTTGGCTTGCTGTGATAGGA
 CCATCTCTCATTTTATTTGTTAGACTTGAAGAACAAAAAGGATCAGATATCCTTGTGTTGCCGAAT
 TGATAAATTTATTTGGGATGAATGTTCAAGTAGTCACTTGTAAAGTATTCTGAGCATTAAATATTGTATAT
 CTTGTGAAAAATCGAACACACTGTATGATGATCGGTGATCTTTATTGCACCAGGGGACGGGGAAGAAGAAA
 TTCGAGAAGGAGATTGAGCAACTCGAGGAGCTGTACCCTGATAAAGCTAGAGGAGTCGCCAAATTCATAT
 TGCCGTTGGCCCATACGATAAAGTGTGGTCTGATTATGTTGGTTCCAAGTAGATTCAAGCTTGTGG
 TCTCATCCAGTTACATGCCATGCGATATGGAACCGTAAGATCACGCRCCCTCCATATTTTTTCATTTGAT
 GAGAGAATGAAATATCTTGTGTTGTTGGACCAGATACCTATC

Rubia perigrina

>gi|182410839|gb|EU531644.1| *Rubia perigrina* isolate assem95.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
 AGTTGGCAAAGAAGGGAAGATTTTCGAGAGACTCTGCTTGGCAAACGAGTCGATTATTCAGGACGGTCCGT
 TATTGTTGGACCGTCACTTTTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAATTTTC
 CAGACATTTGTAATTCGTGGTCTAATTGGACAACATCTTGTCTTCAACATAGGAGTTGCTAAGAATAAAA
 TTCGGGAAAAAGAAAGCATTGTATGGGAAATACTTCAGCAAGTTATGCAGGGACATCCTGTATTGCTCAA
 TAGAGCACCTACTTTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCAGCCCATTTTGTGGAAGGACGTGCTATT
 TGTGTTGGACTAGTTTGAAGGGATTCAATGCAGATTTTGTGTTGGGATCAAATGGCTGTTCAATGTAC
 CTTTATCGTTGGAAGCCCAAGCGGAGGCGGTTTACTTATGTTTTCTCATCAGAATCTTTTGTCTCCAGC
 TATTGGGATCCCATTCCGTACCAACTCAG

Rubus ulmifolius

>gi|686984645|gb|KM037140.1| *Rubus ulmifolius* isolate UlmVZ1 tRNA-Leu gene, partial sequence; t_mL-t_mF intergenic spacer, complete
 sequence; and tRNA-Phe gene, partial sequence; chloroplast
 TCCCCAAAAAGACCTGGTTGCCTGTTGCCTCCCTAATTTATCTTCTTTTTATTAGCGACTCGAA
 ATTGGTTATGTTTCTCAGTCACTTCTACTCTACTCTTTTCACAAACCTATCCGAGCAGAAAAATGTTTTCT
 TATCACATCACAAGCCTTGTGTGTATATATGATAATGATACGTGTACAAATGTAATCAGCATCTTT
 GAATAATGTGTTAAATTTGAATAAATTAACAATCCATATCATTATTTGTACTGTATTGAAACTTACAAAGT
 TTCTTTTTGAAGATACAAGAAATCTACAAGGCCGGGATAAATCTTTGTAATATCTTTTCGTTTTTTT
 AATTGACATAGACCAAGTCTATATTAATAAATAAATGAGGATGATGCGTCTGTAATGGTCCGGATAGCT
 CAGCTGGTAGAGCAGAGGAC

Ruscus aculeatus

>gi|144905099|dbj|AB300055.1| *Ruscus aculeatus* RaSTM mRNA for SHOOTMERISTEMLESS-like protein, complete cds
 TAACCTCAAGTATAATTTGCAATGGAGGCAGGAACCCCTCAAGCTTTCTAGGGTTTGGGGAGCTTGGCC
 TCTCTCAAGTTTGTCCACTTCTCTCTTGCCTGCTCTCAACAAAAACCCTAATGAAGACTATGACAA
 CAACATCTCAAGGCCAAGATCATGTGCGATCCCCACTACCCCAAGCTCCTATCTGCCTACATCAACTGC
 CAAAAGGTAGGGGCTCCACCTGAGGTGGTTGCTAGGCTTGGAGGAGGCATGCTCATCTCTTTGATGATTG
 GTAGAGCTGCATCTTCTTCTTCTTCTCAGCTGTTGGGGGGACCCAGCACTGGATCAGTTTCATGGAGGC
 CTACTGTGAGATGCTGACCAAGTATGAGCAAGAGCTCTCAAAGCCATTCAAAGGACCATGATGTTCTCT
 TCTAGGATTGATGCTCAGTTCAAGTCTCTCTCCCTCAGTTCTTCACTCTCTCTACTACTAATTTCTTTA
 ACCAAGACTTGAACGCAACAATTCATCGGAGGAAGATGTTGATGTCTCTGAGAAGTACGTTGATCCCCA
 AGCTGAGGACAGGGAACCTCAAAGGCCAGCTACTACGAAAATACAGTGGATATCTCAGTAGCCTTAAGCAG

GAGTTCCTGAAGAAGGAAGAAAGGGAAGCTGCCCAAGGAGGCCCGACAACAGCTGCTTGACTGGTGGAC
CTCGACTACTACAAATGGCCCTTACCCTTCGGAGTCCCAGAAAAATGGCACTTGCTGAATCAACGGGACTGGA
CCAGAAGCAGATAAACCAACTGGTTCATCAACCAGCGGAAGCGTCATTGGAAAGCCTCCGAAGAAATTCAG
ACATACGTGGTGATGGGCGACGGAGAGCGCATCACCAGCATTATTTCTGGAAAAATGGCTTCGGCAATCC
CTACGCCTTGGATGTACTCCAGCCCTTATCTGATCAAACTCAAGCTTCAAGTCTCCACTTCCCAATGTC
TAATTGAGCTCTGTGAGTTAGGATTAGACTCCATTGTGCTAGATGCAAGCATAGATTCTAGCTAGCTAGT
ATCCATTATGCATGCCTGTTGAAACTTGGCTATCATATGCAGGTCTATTGTCCTGTTAATTCTC

Ruscus hypophyllum

>gi|469636723|gb|JX574029.1| Ruscus hypophyllum voucher Meusel 379 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
ATTTATATGTTTCGGATGATTTTACTTACCTTTGATGGACATTTGCGCATTCATTTTCAAAATATAGTA
GCACTAAAAATAGGTCTTCTATTCAATATCTTTATGGGGAAAAAAAGTGCCAAAAGCAGTCAATATAAA
TTTACTTTTATCAACAATGAACAATAAGATCTCCTTTTTTTTCAAAGGATACATATCAAATTTGATGATAAT
GGAAGAAATAGAATACGATACTTTAGTACTCACTTTAGAAAATAAATATACTTACACCTATCCCTCATGAGT
CGGACAATACTATGTTATTTCTCTGCTTGTATTGGTACTATTTACTTTATTCGTTGGATCAATCGGAAT
TCATTTTGATCAAGGAGTAATAGATTTTGATCTATTATCGAAATGGTTAACTCCGTCCACAACTTTTTTC
CACCCAAATTTGAATGGTTCCTCCGGATTGGTATGATTTTTTGA AAAATGCAGTTTTTTTCGGTCAGTATAG
CTCTTTTTGGATTGTTATAGCATTTTTTTTATATGGATCTGTTTATTCATCTCTACCGAATTTGGACTT
AGTCAATTTGTTTGTAAAAGGGGGGCCCAAGAGAATTCTTTTGGACCAAGTAGAAAAATGTGATATACAAT
TGGTCATATAATCGTGGTACATAGATATTTGTTATACTAGGATTTTACTGTAGGTATAAGAGGATTAG
CTGAACGAATTCAGTTTTTTGATAGACATATAATTGATGGAAATTACAAACGGGGTCCGGCGTTGCCAGTTT

Ruta chalepensis

>gi|182410841|gb|EU531645.1| Ruta chalepensis isolate assem98.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
CATATCNTNAGTTGGCAAAGAAGGGAAGATTTCGTGAGACTCTGCTTGGCAAACGGGTCGATTATTCCGGG
GCGTTCGTCAATTGTTGATAGGCCCTCACTTTCATTACATCGATGTGGATTGCCTCGGAAAATCGCAATA
GAGCTTTTCCAGACTTTTGTAATTTGTGCGCTAATTAGACAACATCTTGCCTCGAACATAGGAGTTGCTA
AGAGTCAAATTCGGGAAAAGGGGCCGATTGTATGGGAAACTGGAAGAAGTTATGCAGGGACATCCAGT
ATTGCTGAATAGGGCCCTACTCTGCATAGATTGGGCATACAAGCATTCAGCCCATTTTAGTGGAAAGG
CGTGCTATTTGTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGGATTCAATGCTGACTTTGACGGGGATCAAATGGCTG
TTCATGTACCTTTATCTTTAGAGGCTCAAGCAGAGGCCGTTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTCTT
GTCTCCGACTATTGGCGATCCCATTTGCCGTACCAACTCAAGAATGGCC

Salvia officinalis

>gi|218552040|gb|EU24744.1| Salvia officinalis hydroxyphenylpyruvate reductase mRNA, partial cds
ATGGAGGCGATCGGCGTTCGTGATGTGCCCATGAACAATTACTTGGACGAAGAGCTCGACAAGCGGT
TCAAGCTCCTCCGCTACTGGACTCAACCGAAGCAGAGCGAATTCCTCGCTCAGCAGGCCGATTTCGATCCG
CGCGGTGGTGGGAACGCCTCCGCCGGCGCCGACGCCGCTGATCGACGCGCTGCCGAAAATTTGGAGATA
GTTTCGAACTTTAGCGTGGGATTGGACAAAGTCGACTTGGTCAAGTGAAGGAGAAGGGGGTTAGGGTTA
CCAACACGCGCATGTGCTGACGGATGACGTGGCGGATTGGCGATCGGGTTGATGTTGGCGGTTCTCAG
GCGGATTTGCGAGTGCATAAGTATGTGAGGAGAGGGGCGTGGAAAATTTGGGAGACTTCAAGTTGACTACT
AAGTTCAGCGGCAAAAAGAGTTGGCATTATAGGATTGGGCGAATCGGGTTAGCAGTTGCTGAGCGAGCAG
AGGCATTTGATTGCCCATCAATTACTACTCAAGATCCAAGAAAAGCCAAACACAACTACACATACTATGG
CAGCGTTGTTGAATTTGGCATCCAACAGTGACATCTAGTTGGTAGCATGTGCGCTGACTCCAGAAAACAAC
CACATTTGAAATCGGGAAAGTAAATTTGATGCATGCTGAGTTCCGAAGGGAGTTCTGATCAACATCGGAAGGGGAC
CCCATGTTGATGAGGCCGAAGTGGTCTCAGCTCTCGTGGAGGGCCGCTGCGGTGGCGCTGGACTTGATGT
CTTTGAAAAGGAACCCGAGGTACCGGAGCAACTCTTTGGCCTCGAAAACGTAGTCTGTTGCCACATGTA
GGGAGCGGCACCGTGGAAAACGCGTAAAGCCATGGCTGACCTGTCTCGGAA

Salvia verbenaca

>gi|46326343|gb|AY570423.1| Salvia verbenaca ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
CGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTTCCGAGTAACCTCTCAACCCGGAGTTCCGCTGAAGAA
GCAGGGGCCGCGTGTAGTCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACGTGTGGACCGATGGACTTACCA
GCCTTGATCGTTACAAAGGGCGATGCTACCACATTGAGCCCGTTCTCTGGAGAAAAAGATCAATATATCTG
TTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGTTCTGTTACTAACAATTTACTTCCATTGTAGGA
AATGTATTTGGATTCAAAGCCCTACGTGCTCTGACTGGAAAGATCTGCGAATTTCTGTTGTTATGTTA
AACTTTCCAAGGCCCGCTCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTACGGTCTGCTCTCT
GCTGGGATGTACTATTAACCTAAATTTGGGGTTATCTGCTAAAAACTATGGTAGAGCGGTTTATGAATGT
CTTCGCGGTGGACTTGATTTTACCAAAGATGATGAGAAGCTGAACCTCCAGCCATTTATGCGTTGGAGAG
ACCGCTTCTGTTTTGTGCCGAAGCAATTTATAAAGCACAGGCTGAAAACAGGTGAAATCAAAGGGCATT
CTTGAATGCNACTGCGGGTACATGCGAAGAGATGATGAAAAGAGCTATATTTGCTAGAGAATTGGGAGTN
CCTATCGTAATGCACGACTACTTAACAGGAGGATTCACCGCAAATACCAAGTTTGGCTCATTATTGCCGAG
ATAATTGGCTTACTTCTTACATTCACCGTGAATGCATGCAAGTTATTGATAGACAGAAGAATCACGGTAT
GCACTTCGCTGACTAGCTAAAAGCCTTACGTCTGTCGGTGGAGATCATATTTACTCTGGTACCGTAGTA
GGTAAACTTGAAGGAGAGAGACATTACTTTAGGTTTTGTTGATTTACTGCGTGATGATTTTATTGAAA
AAGACCGAAGTCCGCGTATTTATTTACTCAAGATTGGGTCTCCCTGCCGGGTGTTATTCCTGTGGCTTC
AGGGGTATTCAGTTTTGGCATATGCCTGCTCTGACCGAGATCTTTGGAGACGATTCCGTTACTAC

Sanguisorba minor

>gi|20373002|dbj|AB073694.1| Sanguisorba minor chloroplast matK gene for maturase, partial cds
CTCATGTCGTGGTTAAATAGATCCGTTTTGTTGGATAACGTAGGTTATGACAAGAAATTTAGTTTACT
AAGTATAAAACGTTTGTATTAGTCAAATGTATGAACAGAATGATTTTAAATCAAAAAAAGTTGGGGTAC
AACAAAAATTTGTATTCTCAAATGATATCGGAGGTATTTGCAGTCAATTGTGAAAATTCGGTTTTCCCGAC
GATTAGTATCTTCCGTAGAGGAGACAGAAATCGTAAAACTTTATAATTTACGATCAATTCATTCAATATT
TCCTTTTTGAGGATAAATTTCCACATTTAAATATGATCATCAGATGTACTAATAACCTTACCCCATTCAT
CTGGAATCTTGGTTCAAACCTTCGCTACTGCGTGAAGATCCCTCTTCTTTGCATTTATTCGGCTCT
TTCTCACGAGTATTATAATTGACTATCTTAGTACTCCCCAAAATCCATTTTTGCAAAAAGTAATCA
AAGATTATCTTGCTCTATATAATTTCTTATGTATGTGAATACGAATCCAGTTTACTTTTTCTCCGTAAC

CAATCTAATCATTACGATTAACCTCTTCCGGAATCTTTTTGAGCGAATACGTTTTATGAAAACTAA
 ACTATCCTGAAGTTTACTAACGATTTCCGACTACCTTATGGTTTTCAAGGATCCTTTTATACAGTA
 TGTTCCGATACAAGGAAAATTGATTCTGGCATCAAAAAATACCTCTTCTGATGAATAAGTGAAAATAT
 TATCTTGTCCATTTTGGCAATGTCATTTCTATGTATGGTCTCAACCAAGAAGAATCTATATAAACCAGT
 TATCCAAGTATTCCTTTGATTTTTTGGGTTATCTTCAAGCATACGACCGAATATTTTCAGTGGTACGGAG
 TCAATTGCTAGAAAATTCGTTTTAATGGATAATGCTATGAAGAAGCTTGATACATTATTTCCAATTAT
 CCAATGATAGGTCGTTGGCTAAAGTGAAATTTGTAACACATTAGGACACCCTATTAGTAAGTCCAGTT
 GGGCAGATTCTCGATTCTGATATTATCGACCGATTTGTGCGTATAGGCAGAAATCTTTGTCATTATTA
 TAGCGGATCTCAAAAAAAAAA

Scandix pecten-veneris

>gi|379035488|gb|JN892790.1| Scandix pecten-veneris isolate NMW859 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

AGGTGTTGGATTCAAAGCTGGGGTTAAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCTGACTATGAAACCAA
 GATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAACCTGGAGTTCCACCTGAAGAAGCGGGAGCCG
 CGGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACCCTGTATGGACCGATGGACTTACCAGTCTTGATCG
 TTACAAAGGGCGCTGCTACGGAATCGAGCCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAGTTTATCGCTTATGTAGCT
 TACCATTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCTATTGTAGGTAATGTATTTG
 GGTTCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGTCTGGAAGATCTGCGAATCCCCGTTGCTTATGTTAAACTTTCCA
 AGGACCGCCTCATGGCATCAAAGTTGAAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCGTCCTGTTGGGATGT
 ACTATTAACCTAAATTGGGATTATCCGCTAAAAACTACGGTAGAGCGGTTT

Schismus barbatus

>gi|444746479|gb|JQ972987.1| Schismus barbatus voucher UZ 119.07 trnT-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

GGTATAGTATAGGAAATCCGTAATAATCTCAGATCTTAGTTATTAATCTTAGCTATTAAGTATGCTGAAAT
 TTTAAGTTCTACTTAATCTTATAAAAAAAAAACTAAACTTCTTACAGATAAAGTTAGCTTTATATGCTT
 AACTAGAAGATTTCTTTAAAAAATTATAGAATTTATTGAACTTCTTTTTATTTTATTTCCTAATTCG
 CAAATGCATTTTTCTATTATAGAATAGAATTGATTTCAATTTCTATAATTGAACCTGGATTTCAGATATTT
 TCAATTTGATGCTCGGACGAATAATCTAATACATAGAAAAGAATAATATATATATGAAAGATATAAT
 AAAGAGAAAATACAAATTTATTGGTATTTTCAATTCGATCATTATCGACTTTATTTTGAGATATTTTTTA
 TTTGTTAATAATTTGAGAATTCCTATTTCATTAAGGAGAACATAGAGTCAAGCAATAAAATTGCTAAT
 TCTGATTAGAAAAAAGAATTAATATCAAGCGTTATAGTATGTTTAGAATACTAAAAAAGTAATA
 CAGAGGTGTGGGAGAAAAACTTTGGATATATTGATTCGGATTGAATTGGAAAATACATCAACGATACA
 ATCAATTCATTTCTGAATTTGCAATAAGCAAGCGGGTCTCTCAAAATAGAGTCGAAGTCTAGACTACCTC
 GAGTGATGAATTCATGATTCAAAAAAACTAAGAGATGGA

Scolymus hispanicus

>gi|340512645|gb|HM850673.1| Scolymus hispanicus maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TATTAGATATACTAATACCTTACCAGCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTCCGCTATTGGATAAA
 AGATGCTTCTCTTTTGCATTTTAAAGATTTCTTCCATGAGTGCATAAATGGAATAGTCTTATTACT
 TCAAATTCAAAAGAAAGCCAGTTCTTCTTTTCAAAAAATCAATCACAGACTATTCTTCTTCTATATACTT
 CTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCTTCTTCCGTAACCAATCTTCTACTTACGATCAACATC
 TTCTGGAGCCCTTATTGAACGAATATATTTCTATGGAAAAATAGAGCATCTTCAGAAAGTCTTTGCCAGG
 GCTTTTCAAGCAATTTATGTTGTTCAAAGATCCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAATCAA
 TTCTTGTCAAAAGGGACGTTTCTTTTGTATGAATAAATGGAATAATTACTTTTGCAATTTCTGGAAATC
 CTATTTTACCTGTGGTCTCAACCAGGAAGGATTTATATAAACAAT

Scolymus maculatus

>gi|186885946|gb|EU385491.1| Scolymus maculatus RNA polymerase beta subunit (rpoB) gene, partial cds; chloroplast

AATCAAGAAATGACTTTGAATATTTTTGGAAAAGATATCAATTGGTAGAACCCTGATAAAGGAAAGAG
 ATGCTGTATGAATCCTCACATATCTCTGAATATATGTATCCGCGAGACTAATTGGGAAAACGGA
 TAGGGCTAGGTATATCCAAGAACAACAATTTTGTATAGGAAAAGATCCCTCTAATGACTTCTCTGGGAGCT
 TTTATAGTAAATGGAATATATAGAATTGTGATCAATCAAAATATGCAAAAGTCCCGTATTATTACCAGT
 CAGAATTGAACGATAACGGAATTTCCGGTCTATACCGGCACCATAATATCAGATTGGGGAGGAAGATTAGA
 ATTAGAGATTGATAGAAAACAAAGGATATGGGTTCTGTGAGTAGGCAACAAAACTCTATTCTAGTT
 CTATTATCAGCTATGGGGTTGAATATAAGAGAAAATCTATAGAGAATGTTTGCTATCCTGAACATTTTTGT
 CTTTTCTGAATGATAAAAAAATAGGTTCAAAGAAAATGCTATTTTGGAGTTTTATCAACAATTTGCTTG
 TGTAGAGGGCGATCCCGTATTTCTGAATCCTTATCTAAGGATTTACAAAAAAATTTCTTCAACAAAAGA
 TGTGAATTTGGGAGGGATTGGTCGACGAAATATGAATAGGAGACTGAACCTTGATATACCCAGAACAAATA
 CATTTTTGTTACCGCGAGATATATTGGCAGCCGGATCGTTGATTTCGAATCAAATTTGGAATGGGTAC
 ACTTGACGATATGAATCATTGCAAAAATAAACGTATTCTGTTCTGTAGCAGATCTTTTACAAGAGCAATTT
 GGATTGGCCTTAGCTCGTTAGAAAATATGGCTCGAGGAAACATATATGCAGCAGCTTAAGCATAACTGGA
 CACCAACTCCTCAGAATTTGGTAAATTCACCCCATTAACAGATACTTATAAAGTTTTTTTCCGTTTACA
 CCCATTAATCAAGTTTTGGATCGAACTAATCCATTGACACAAAATAGTTCATGGGAGAAAATGAGTTAT
 TTGGGCCCGGGGGATTGACTGCGCGAACCGCTACTTTTCCAATACGAGATATTCATCCTAGTCACTATG
 GCGTATTTGCCCAATTGACACATCTGAAGGAATAAATGTTGGACTTATTGGATCCTTAGCAATTCATGC
 GAGGATTGGTCTGGGGTCTCTAGAAAAGTCCCTTTTATAAAAATTTCTGAGAGATCAAAAAGGGGCACGG
 ATGCTTTATTATACCCGGCAGAGATGAATACTATATGTTAGCGGCAGGAAATCCTTTGGCCTGGAAAT
 AGGGTATTCAGGAAGAACAGGTTGTCCAGCTCGATATCGTCAAGAATTCCTGACTATTGCATGGGAACA
 GGTTCATCTFCGAAGTATTTTTCTTCCAATATTTTCTATTGGAGCTCCCTCATTCCTTTTATAGAG
 CATAATGATGCGAATCGGGCTTAATGAGTTCTAACATGCAACGTCAAGCAGTCCCTCTTCTCAGTCCG
 AGAAGTGCATTGTTGAACTGGATTGGAAGGCCAAGCAGCTTAGATTAGGGGCTCTTGCTATAGCCGA
 ACACGAGGAAAAGATTATTTATACCGGATGACATGACATGATCCTTTTATCAGGTAATGGGGTAACTAAGG
 ATTCCATTAGTTATGTATCAACGTTCCAACAAAAATACTTGTATGCATCAAAAACCCAGGTTACGCGGG
 GTAAATGCATTAAGGAGGACAAATTTAGCGTATGGTGCTGCTACAGTTGGTGGCGAACTCGCTTTGGG
 GAAAACGTTATAGTACTTATATGCCATGGGAAGGTTACAATTTTGAAGATGCAGTACTCATTAGCCGAG
 CGCTTAGTATGAAGATATTATACCTTTTACATACGTAATAATGAAAATTCAGATTAACCAAGGCC
 CCGAAAGGGTCACTAATGAAATACCGCATTTAGAAGTCCATTTACTCCGAAATTTAGACAAAAATGGAAT

GACAAGAATGTATTGAACAAATATAAATTAATTTGAAATAAAAAAATAAAATGGTTTTTATGTCTCT
 GCCAATATTTTTATTTATATCGAAAAAATTTTAAACCAATCCTTGAATGAAAAATTTGGATCTAAAAA
 TGTAGATTATTTGTCTAGTTCAACGTTTTGATTTCAATCCTATTTTATTGATTTCGATTGTATCTACATA
 ACATAGCTATTTTGGGGTGTGTAACCAACGGTAGAGTACTCGGCTTTTAAAGTGC GGCTAAGATCTTTT
 ACATATTTGGATGAAGTAAGGAATTCGTCTACACCATCGGTAGAGTTTATACGACCACGACTGATCCGGA
 AAGGAAATTTATGAAAAAAGAGCATGTCTGATCAATGAGAATTTTGAACCTATTTCACTTTATCAAAA
 CAGTACAAAACCTTATTTTATTTCTTGGAAAGGAAATGCAATGAATTCAGTGTGGGTCGATTGAATAAAT
 GGATCGAACCCATCCTTATGGGTTCTAATTTTGTGGAAAGAGTAAGCAACGAGCTTATCTTCGTAATTT
 GAATGATTACCGGATCTAATTAGACGTTAAAAAACTTAGTGCCTGATGCGGGAAAGGATTATCCCACGT
 GTGGATTTCTTTTTAGTGAATCCTAACTATTAACCTCCCATTTCTCCATATGAAGATGGACATGAATG
 TGTAGAAGAAACGTATATCGATAAAAAATTTACAAAAATCAAAGAGCGGTTGGGTTGAAAAATAAAGG
 ATTTCTAACCAACGTTTTATGTTATTTTATAATAACAAAAAATTAGATGGAAAAAATAGAGAGTCCGGT
 GATGAATTTACCGAGGTATCTAAAAATACCTTGTTTTGACTGTATCGCACTATGTATCATTTGATACTT
 AAGAACCCCATTTTTACTTTGAGTTTTAGGTCTGGTTTTAAATGGAAAGAAATCCAAAGGATATATAGA
 ACTAGAGGGTCTTGGCAACACAACCTTTTTTATCCACTTATCTTTCAGGAATATATTTTTT

Sinapis alba

>gi|496236|gb|L31377.1|SALGRP2A *Sinapis alba* RNA-binding protein homologue (grp2a) mRNA, complete cds
 TCAATGGCTTCCCCTGATGTTGAGTACCGGTGCTTCGTTGGAGGTCTAGCATGGGCCACCGATGAGAGAT
 CTCTTGAGACCGCCTTCTCTCAGTTCGGCGAACTTGTGATTCCAAGATCATTAAACGATCGTGAGACTGG
 AAGATCAAGGGGATTTGGATTCTCACTTTCAAGGATGAGAAATCCATGAAGGATGCCATCGAAGGGATG
 AACGGACAGGATCTCGATGGTCTAGCATCACTGTAACGAGGCTCAGTCGCGAGGAAGCGGTCCGGCG
 GAGGTGGTCTGGTGGTGGCGGTGGATACCGCGGTGGAGGTGGTTACGGAGGTGGAGGCGGTGGTTACGG
 AGGTGGAAGACGTGAGGTTGGTGGATACAGTGGTGGTGGAGGTGGCTACTCCTCAAGAGGAGGTGGTGGC
 GGAGGATACGGTGGAGGTGGAAGACGTGATGGTGGGGGATACGGAGGTGGTGAAGGTGGAGGCTACGGAG
 GAGGAGGTGGTGGTGGTGGTAATTAGATTAGGTGTGAGACTGTTCTGTTTATGGTTTCTCTATGTGTTA
 TGATGTTTGGTCTGCTGCTGGTCTGGTGTGGTATTGGATTGTAACAGTTGGTATTAGGTATC
 TGATATCTGAAACGCAATGTTAAATTCATTTCTTT

Sinapis arvensis

>gi|224797870|gb|FJ655877.1| *Sinapis arvensis* biotype MRS acetolactate synthase (ALS) gene, partial cds
 TCGAAACCGTCTTCGCTTACCCAGGAGGTGCATCCATGGAGATCCACCAAGCCTTAACTCGATCCTCTAC
 CATCCGCAACGCTCTCCCGTCACGAACAAGGAGGAATCTTTGCGCCGAGGGTTACGCTCGTCTCTCC
 GGTAACCAGGAACTCTCGATAGCCACGTCAAGTCCCGGAGCCACCAACCTCGTCAGCGGCTTAGCCGATG
 CGATGCTTGACAGTGTCCCTCGTCTGCTATTACAGGACAGGTCCCTCGTCGGATGATTGGTACTGACGC
 GTTCCAAGAGACGCCAATCGTCGAGGTAACGAGGTCTATTACGAAACATAACTATCTGGTGATGGATGTT
 GATGACATCCTAGGATCGTGCAAGAGGCTTTCTTAGCTACTTCCGGTAGACCCGGGCGGTTTTAG
 TTGATGTTCTAAGGATATTACAGCAGCAGCTTGGATTCCGAACTGGGATCAGCCTATGCGCTTACCTGG
 TTACATGTCTAGGTTGCCTCAGCCTCCGGAAGTTTCTCAGTTAAGTCAGATCGTTAGGTTGATCTCTGAA
 TCTAAGAGGCTGTTTTGTATGTTGGTGGTGGAAAGCTTGAACCTCGAGTGTGAACTGGGGAGGTTTGTGG
 AGCTTACTGGGATCCCTGTTGCGAGTACTTTGATGGGGCTTGGTTCGTATCCTTGTAAACGACGAGTTGTC
 TCTGCAGATGCTTGGCATGCAACGGACTGTGACGTAATTACGCTGTGGAGCATAGTGATTTGTTGCTG
 GCGTTTGGTGTAGGTTTGTGATGACCGTGTACGGGAAAGCTCGAGGCTTTTGTAGCAGGGCTAAGATTG
 TGCACATAGACATTGATTCTGCTGAGATTGGGAAGAACAAGACGCCTCATGTGCTGTGTGTTGACGT
 TAAACTGGCTTTGCAAGGGATGAACAAGGTTCTTGAGAACCCGAGCAGAGGAGCTCAAGCTTGACTTCGGA
 GTTTGGAGGATGAAATTGAGCGAGCAGAAGCAAAAGTTCCCTCTGAGTTTCAAACGTTTTGGAGAAGCCA
 TTCCTCCGAGTACGCGATTACAGTCTCGACGAGCTAACGCATGGGAAGGCAATCATCAGTACTGGTGT
 TGGGCAACATCAATGTGGGCAGCGAGTTTACAAGTACAGGAAGCCGAGGCAGTGGTTGTCATCATCA
 GGCCTTGGAGCTATGGGTTTTGGACTTCTGCTGCCATCGGAGCCTCTGTGGCCAACCCTGATGCCATTG
 TTGTGGACATTCAGGTTGGAAGCTTCAATCAGCTTCAAGAGCTGGCCACAATCCGTGATAGAGAA
 TCTTCTGTGAAGATACTTGTGAAACAACAGCATCTTGGCATGGTTATGCAATGGGAAGATCGGTTT
 TACAAAGCTAACAGACTCACACATATCTCGGGGACCCGGCAAAGGAGAACGAGATCTTCCAAACATGCT
 TGCAGTTTGCAGGAGCTTGTGGGATTCCAGCTGCGAGAGTGACGAAGAAAGAAACTCAGAGATGCTAT
 TCAGACAATGCTGGATACACCAGGACCATACCTGTTGGATGTGATATGTCCGCACCAAGACATGTGTTA
 CCGATGATCCCAAGTGGTGGTACTTTCAAAGATGTCATAACAGAAGGGGATGGTCCGCACT

Smilax aspera

>gi|645102355|gb|KF782946.1| *Smilax aspera* isolate Algeria94 trnC-ycf6 intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
 GCAGAAGCAAAAAGTAGAAGTAGAGGCAAAGGACTGGGCGTATCCTACTTTATTTTTAGAAATCCGTAGGGT
 TCTAGAAAAGAAAAAAGAATGGAATGTATGTAATAGTGGTAATGGTGTCTCTGATTCTTTCACAGAA
 AGAAAGACAATCCCATAGATAGTTTTCTATCTTGTAGGTATATTTTTTTATGCTTTTTGTTATAAAAA
 AGTAACAAAACAAAACAATAGGCTTACTAGTCTACATCTTTTCCATTCTAAGGACTCCTTTCTTTGAT
 ATTTCCAAAAGAAAGGTTGTGTATCATATTTGTGCTTAATGCTTCCCGATTCTACCGGAAATCCAATAA
 TATGTAATTTGTTACGATTGAATTGGCTCATCAATCATTAAATCATAATTTATTTTGAC

Staelina dubia

>gi|500050118|gb|KC590000.1| *Staelina dubia* NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
 AGCTTTGCTCAAAAAGACATTA AAAAGGGGTTTAGCCTATTCCACAATGTCTCAATFGGGTTATATGATG
 TTAGCTCTAGGATGGGGTCTTATCGCAGTGCTTTATTTCAATTGATTACTCATGCTTATTCGAAAAGCAT
 TGTGTTTTTAGGATCGGGATCCGTTATTCATTCAATGGAACCTCTTGTGGATATTGTCCAAAAAAAAG
 TCAGAATATGGTGTCTATGGGGGGTTAACAAAACATGTACCAATTAATAAACTCTTTTTTATTAGGT
 ACCTTTCCCTTTCCGGTATTCCACCCCTGCTTGTTTTGGTCCAAAGATGAAATCTTAATGATAGTT
 GGTGTATTCCACTATTTTTGCAATAAATAGTCTGGTCTACGGCGGGCTTAACCGCTTTTTATATGTGTCG
 GATCTATTTACTTACTTTTGAAGGACATTTAAACGTTCAATTTAAAAATTACAGTGGAAAAAAGAAATACC
 CCTTCTATTCAATATCTCTATGGGGTAAAGAAGGTTGAAAATAAGTAACAAAAACTTTCCGTTTGGTAA
 CGTTATTAATAAATGAAGAAGAATGGACGTGCTTCTTTTTTCAAATAAAGTATATAAAAATTGAGGAGAA
 TGAAGAATAATGATCCAACCCCTTCTTCTATTTCCGATTTTGGAAATACCAAGACTTATCTGATCTC
 TATGAATCGGATAATACTATGTTATTTCCAACTTATATTGATTATATTTACTTTGTTCCGTTGGATTCT

TAGGAATTCGGTTCAATCAAGATGGGGTTAATTTGGATATATTATCGAAATGGTTAACCCCGTCTATAAA
TCTTTTACATAAAAAATCAAAACAATTCATAGATGGTATGAATTTGTAAAGATGCAGTTTTTTCAGTC
AGTATAGCCTCTTTTCGGAATATTTATAGCATTTTTTTTATATAAACCTGTTTATTCATCTTTTCAA
TGGACTTAATTAATTCATTTGTTAAAAATGGGTCCTAAGAGAATTTTTCTGACAAAATAAAAAATGGTAT
ATATGATTTGGTCATATAATCGGGGTTACATAGATGTCTTTTATGGAGCATTCTTAACGTGGGGATAAGA
AAATTTGGCGGAGTTTCGCTCATTTTTTTGATAGACGAATATTGATCGAATTCAAAATGGAGTTGGTCTTA
TGAGTTCTTTGTAGCAGAGGTTATTTAAATCGGTAGGGGGTGGCGTATTTCTTCTTATCTGTTCTTTA
TTTT

Stellaria media

>gi|17136038|gb|AF206823.1| *Stellaria media* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase (rbcL) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

GTTGGATTTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCTGAGTATGAAACCCCTGGATA
CGGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAAGTCCTCAACCCGGAGTCCACCCGAAGAAGCAGGGGCCGAGT
AGCCGCCGAATCCTCGACTGGTACATGGACAACGTATGGACCGACGGACTTACCAGTCTTGATCGTTAC
AAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATTTGTTATGTAGCTTACC
CCTTAGACCTTTTTGAGGAAGGCTCTGTACTAACAATGTTTACTTCCATTGTGGGTAATGTATTTGGGTT
CAAAGCCTTGCCTGCTACGCTTGGAAAGATTGCGAATTCCTGTTGCTTATATAAAAACTTCCAAGGC
CCGCCTACGGTATCCAAGTTGAAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGCCGTCCTTATTGGGATGCACCA
TTAAACCGAAATFAGGGTTATCCGCTAAAACTATGGTCGCGCAGTTTATGAATGTCTTCGTGGTGGACT
TGATTTTACAAAGATGATGAAAACGTGAACCTCAACACTTATGCGCTGGAGAGACCGCTTCTTATTT
TGTGCCGAAGCATTATAAAGCACAAGCCGAACAGGTGAAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCCACTG
CGGGTACATGTGAAGAAATGATCAAAAAGAGCTGTATTTGCCAGAGAGTTGGGAGTTCTATCGTAATGCA
TGACTACATAACAGGGGGATTCACTGCAAAATACCAGTTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTCTACTT
CTTACATCCACCGTGCATGCACGCAGTATTGATAGACAGAAGAAATCATGGTATGCACTTCCGCGTAC
TAGCTAAAGCGTTACGCTGTGACGGGGAGATCATATTGATCCCGTACTGTAGTAGGTAACCTTGAAGG
GGAAAGAGAAATCACCTTAGGCTTTGTTGATTTACTACCGCAGCATTTTACTGAAAAAGACCGAAGTCGC
GGTATTTATTTCACTCAATCTTGGGTTTCTACACCAGGTGTTCTGCCTGTTGCTTCCGGGAGGTATTCAG
TTTGGCATAATGCCTGCTAACCAGATCTTTGGCGATGATCCGCTACTACAGTTTGGTGGAGGAACCTCT
AGGACACCTTGGGGAAATGCACCGGGTGTGTAGCGAATCGAGTAGCCCTAGAAGCATGTGTACAAGCC
CGTAATGAAGACGCTGATCTTGCTCGCAGGGTAATACTATTATTCGCGAGGCTTCAAAATGGAGTCCCTG
AAGTACTGCTGCTTGTGAAGTATGGAAGGAAATCAAATTTGAATTC

Teucrium fruticans

>gi|46277292|gb|AY566630.1| *Teucrium fruticans* RNA polymerase II second largest subunit (RPB2) gene, partial cds

CGAAACACCAGAAGGACAAGTAATGTTATCATGATTGTATGCTGTTCCACATTTCTTGATACAGCAACTA
TTCCCGGAGTTTGTATGTTAATTAATGGTTAAACATCAGGCATGCGGTCTGGTTAAAAACCTTGCACCTATG
GTGATATAACAGTAGGATCAGTTGCAAAATCCCATTTTGGAGTTTATAGATGAGTGGAGTACAGAGAATT
TCGAGGTTAGAAAATTTCTGGAGTTCTCAGGTGCATTCTGCGACTATCATTACATATTTACTTCAACA
ATAGATCATTATCTTCTCTTAAAGGAAATATCGCCATCAATCATTCCCTCAAGCGACAAAATATTTG
TGAATGGTACCTGGGTCGGCATTACCCGTAACACGGTCAAGTGGTTGAGACTCTCACACAGCTGAGAAG
ACAGGTCTAACAATCCTTAGTTTTTATTGTTGTCAGCAAAATGTTTCCAATGATTAACCTTCAATTTGTT
CAGTAATATGATTGGTTGAGTTGCCTAATTTTACTATACGAATTGCACATCACTAAATGGAAGTTGGGGT
GCATTGCTATTGTTACAGGATGACGTGAACACAGAAGTTGGAATCATCCGTGATATACGTCTGAAAGAG
CTTCGATTGTATACAGACTATGGTCGCTGTAGTCGACCCTTGTTCGTTGTTGAAAAGCTAAAAGTTGCTTA
TTAAGAAGAGTGATATTCTCCCTACAGGAACAAGTATGCACGATAATGTTTCATTGATTATTGCTGCT
TTATGCATTTGACTGATGCTGGTAATGTGCAGGAGAACTCTGATGAATCTGGCTGGCATACTCTTGTCTG
TAAAGGTTTTGTTGAGTATGTTGACACAGAAGAGGAGGAGACTACTATGATAGCGATGACCATAAATGTA
AATAACCCTATAGATGGTCTTTTAGTTCATTTTGTCAAAGCCTTTTAAAAACCATATTTCTGCTT
TCTAATGGGGTTTCGATGCTATTGAACCTTTAGGATATAAATGATGCAGACACAATCAAATGACGCTT
ATAGTGATACATACACACTGTGAGATCCATCCATAACTGAGGCGTTTTCGCTTCAATCATAACC
ATTCCCGGACCATAACCAGGTTTTCTTAATTAATTAATTTTCTGTTTCTTGTAGGGACAAATACTCTT
TGAAGTTTTATTATGATACATAAAACTCATTTGTTTCTTTTCAAACTTGCATGCTTGTGAAGAAAAAC
ACATGCCTTTCTTACATGAATAAATGAGATGGACATAAACTTTCCATCATTATGTGATGCAGTCCCCT
CGTAACACTTATCAGTTCGATGGGAAACAAGCAATGGGAATATATGTCACCAACTACCAACTAAGA
TGGCGAGTAGTTACTACTTCTTCTCAGGTTTTCTTTATGCCATGTTCAATCACTAATGAATGTTTCATC
TGAAATGGTCAAACAGGATACTTACGCTATGACTTTACTATCCTCAGAAGCCTCTTGTACTACTCGT
GCTATGGAGCATTTGCATTTTAGGCAGCTTCTGCTGGCATTGTAAGTCCATGACTGCTTTTCGCTCT
TCCTCATATAAATCAGGAATCTTATTATTAATTAATTTTCTTTCGCGGTGTTTGAACAAGAATNNNNN
AATGCAATTTGTCGCCATAGCCTGCTATTCTGTTTATAACCAAGAAGATTCAAGTAAATCATGAACCAATCTT
CRATTGACCGAGGATCTTCCGGCTTTTGTTTTTCCGTTTCATATAGGGATGAGGAGAAGAAGATGGGAAC
CGTAGTGAAGAGGATTTTGGGCGTCTAACAGGGATAGCACTTTGGGGATGCGGCACGGATCTTAYGAA
AACTGGATGATGATGGCTTTGCACCTCT

Teucrium polium

>gi|379061497|gb|JN903731.1| *Teucrium polium* isolate TP8 gene, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and gene, partial sequence

TCGAAACCTGCAAAGCAGACCCGCAACATGTGCTCAACAAAACCGGGACGGCAGAGAGGGGGCCCGTCTC
CCTCCCCGCGCCCAACCCCGCTCGGGGCGTGCCTCGCGCCGCGCTGTGCGGGCCTAACAACTCGGG
CGCGAATCGCGCAAGGAAAACCTGAAAGGATCGTCCCGCCCGTGCAGGCTGCGCGGTGCGATCGGCGT
GGATCGGACGTCCTCGTAATACCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTGAACGCAAGT
TGCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGCTGCTGGCGTCACGCATCGCGTGCAGGCTCCCCCTCCCCA
TCGGGACCGGGGCGAAGAAATGGCTCCCGTGCACACCGCGCGGGCCAAATGCTCTCCCGCGGCG
ACGCGCGTGCAGCAAGTGGTGGTTGAATTTCAACTCGCGTGTGCGCGATCGAGGCGTGTGCGTGC
GGAAACAGAATAAGACCAACGGCGCACCGCGCTAC

Thapsia gorganica

>gi|674781515|gb|KF160690.1| *Thapsia gorganica* voucher C:Smitt 92-1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

GGAAGTTAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGCCGAATCCTACGATAG
TAGAATGACCCGCTAACATGTAAAAAACATTGGGCAAGCATCGGGGGGGCCCTTGCCTCCCTGTTTGCAA
ACCCAAGGTAGGTGTCCCCGACACCAGCCAACGAAATCAACCGGGGCGCTGAATGCGTCAAGGAAGTTAA
GAACGAATTGTTCGTTCCGCTTCTCCTTTGCGGGAAGCGGGCTCAGTCCGAACCACGAACGACTCTCGGA
ACGGATATCCCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATC
CCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCTGAAGCCATTAGGCTGAGGGCACGCTGCGCTGGG
TGTCACGCATCGCGTTGCCCTTGACCAAACATCTCTTTAGGAGATTTTCTGGTTTGGGGTGGATTTTGGC
CTCCCGTGCCTTGTAGCATGGATGGCTCAAAAATGAGTCTTTGGCAATGGATGTCACGACATCGGTGGTT
GTAAGAAGACCTTCTTGTCTTGTGCTGCATGCCTGTTGCCCTTAGATAGTCAAGGGCCCTTAGGTGTCAC
AAAATATGTGGGTTGGACAGTGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTAAGCATATCAATAA
GCG

Trifolium angustifolium

>gi|340513595|gb|HM851148.1| *Trifolium angustifolium* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TCTCAGATATAAGAATACCCTATCCTATCCATCTGGAAATCTTAGTTCAGATCCTTCGATACTGGGTGAA
AGATGCCCCCTTTTTTCATTTATTACGGTTGTTCTTTATCATTTTTGAATTGGAATCGTTTTATTACT
ACCAAAAATCGATTTCTCCTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTGTTCCCTATAAATTTTTATG
TATGTGAATATGAATCTATCTCCTTTTTCTACGTAATAAATCCTCTCATTACAATTAATAATCTTTAG
CGTTTTTTAGAGCGAACTTTTTTTTATGCAAAAAGAGAACATCTTGTAGAAGTTTTTGCTAAGGATTTT
TCGTATCCTTTACCATTTCTCAAGGATCCGAACATTCATTATATTAGATATCAAGGAAAATGCATTCTGG
CTTCAAAGAATGTGCCCTTTTTGATGAATAAATGGAAACACTATTTATCCATTTATGGCAATGTTTTT
TGATGTTTGGTCTCAACCAAGAACGATCAATATAAACCAATTATCTGAACATTCATTTACGCTTTTAGGC
TATTTTTCAAATGTGCGGCTAAATCGTTCAGTGGTACGGAGTCAAATGTTGCAAAAATACATTTCTAATCG
AAATTTAGCAAAAACTTGATATAATAGTTCCAATTATTCCTCTAATTAGATCGTTGGCTAAAGCGAA
ATTTTGTAAATGTATTGGGCGCTCCCTTTGTAAGCCGGTCTGGCCGATTATCCGATTTTGATATTATT
GAGCGGTTTTGCGAATATGCAGAAATCTTTCTCATTATTACA

Trifolium campestre

>gi|607345176|gb|KJ204547.1| *Trifolium campestre* voucher G00199068 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TCAAATCCTTCGATACTGGATCAAAGATGCCCCCTTTTTTCATTTATTACGGTTGTTCTTTATCATT
TGTAATTGGAATAGTTTTATTACTACCAAAAAATCAATTTCTACTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTAT
TCTTGTTCTCTATCAATTTTTATGTATGTGAATATGAATCTATCTCCTTTTTCTACGTAATAAATCCTC
TCATTTACGATTAATAATCTTTTAGCTTTTTTTTTGAGCGAATTTTTTTTTATGCAAAAAGAGAACATCTT
GTAGAAGTTTTTGCTAAGGATTTTTCTGATACTTTAACATTCTCAAGGATCCTAACATTCATTATGTTA
GATATCAAGGAAAATGCATTCTGGCTTCAAAGAATGCGCCCTTTTTGATGAATAAATTGAAACACTATTT
TATCCATTTATGGCAATTTTTTTGATGTTTGGTCTCAACCAGAACGATCAATATAAACCAATTATCC
GAACATTCATTTACGTTTTTAGGCTATTTTTCAAATGTGCGGCTAAATCGTTCAGTGGTACGGAGTCAA
TGCTGCAAAAATGCATTTCTAATCGAAATTTGAGCAAAAACTTGATATAATAGTTCCCATTTCTCT
AATTAGATCGTTGGCTAAAGCGAAATTTGTAATGTATTGGGCGATCCCATAGTAAGCCGGTATGGGCC
GATTCATCCGATTTGATATTATTAGCGATTTTTGAGAATATGCAGAAATCTTTCTCATTATTACAATG
GATCCTCAAAAAAAAAAAAA

Trifolium scabrum

>gi|340513619|gb|HM851160.1| *Trifolium scabrum* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TCCATCTGGAAATCTTAGTTCAAATCCTTCGATACTGGGTGAAAAGATGCCCCCTTTTTTCATTTATTACG
GTTGTTCTTTATCATTTTTTGTAATTGGAATCGTTTTATTACTACCAAAAAATCTATTTCTACTTTTTCA
AAAAGTAACTCAAGATTATCTGTTCCCTATAAATTTTATGTATGTGAATATGAATCTATCTCCTTT
TTCTACGTAATAAATCCTCTCATTACGATTAATAATCTTTTAGCGTTTTTTTTAGAGCGAATTTTTTTTA
TGGAAAAAGAGAACATCTTGTAGAAGTTTTACTAAGGATTTTTCGTATCCTTTACCATTCTCAAGGAT
CCCAACATTCATTATGTTAGATATCAAGGAAAATGCATTCTGGCTTCAAAGAATGTGCCTTTTTTGATGA
ATAAATGGAACACTATTTTTCTATTTATGGCAATTTTTTTGATGTTTGGTCTCAACCAAGAACGAT
CAATATAAACCAATTTCTGAACATTTCTAGCTTTTAGGTAATTTTTCAAATGTGCGGCTAAACCGT
TCAGTGGTACGGAGTCAAATGTGCAAAAATACATTTCTAATCGAAATTTGTTAGCAAAAACTTGATATTA
TAGTTCCAATTATCTCTAATTAGATCGTTGGCTAAAGCGAAATTTGTAATGTATTGGGGCATCCCAT
TAGTA

Trifolium stellatum

>gi|5305982|gb|AF154393.1| *Trifolium stellatum* internal transcribed spacer 1, complete sequence

TCGATGCCTTACATGCAGACCAACACGTGAATTAGTTTGAACACATAGGGTTGGTTGAGGTGTTCAACA
CCTCGGCTTGCTCTGGTTCGGAGGATGACCACTTGTGTGCTCCTCTTTGCCAAAACAAACCCCGG
CGTAAATGCGTCAAGGAATTTAAAATTTGCTCTGAGCGCCACCTGCATGCCACCGGAGACGGTTTTCGT
GCAGGTTGCGTTCTGACACATAATAT

Trifolium tomentosum

>gi|409977177|gb|JX573067.1| *Trifolium tomentosum* voucher BS0260 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

TATAGATTGACTTATTATACTCCTGACTATGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAA
GTCCTCAACCTGGAGTTCGCCCTGAAGAAGCAGGTGCAGCGGTAGCTGCCGAATCTTCCACTGGGACATG
GACAACTGTGGACCGATGGACTTACCAGTCTGATCGTTATAAAGGACGCTGCTACCACATCGAACCT
GTTGCTGGAGAAGAGAGTCAATTTATTGCTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTG
TTACTAACATGTTTACCTCCATTGTAGGTAATGTATTGGGTTCAAGGCCTTGGCTGCTCTACGCTGGA
AGATTTGGCAATCCCGTTGCTTATGTTAAAACTTTTCAAGGTCCTCCTACGGAATCCAAGTTGAGAGA
GATAAATTGAACAAATGTGGACGTCCCTTATTGGGATGACTATTAACCTAAATGGGTTTATCCGCTA
AAAATTTAGGTAGACTGTTTATGAATGTCTA

Tuberaria guttata

>gi|379042022|gb|JN896057.1| *Tuberaria guttata* isolate NBGW6047 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 ATTGGGTAAAAGAGTCTTCCTGTTTACATTTATTACGGTGTCTTCTTTACGACTACTCTAAACTTCAGAG
 TCTTATTACTCCAAAAAAGGCCTTTCCATCTTAAATACAAGATTTTTCTTGTTCCTATATAATTCTCAT
 GTATATGAACACGAATTGATTTTCCTTTTCTCCGTAACCAATCTCTCATTAGGATCAACAGCCTACG
 GAGTTTTTCTTGAACGAATTCATTTCTATGGAAAAATAGACTGTCTTCTAACAATTTTTGTAAACCATTA
 TGAGGATCAGGCCTAAGATATGGTTGTCAAGGATTCGTTTCATCCATTTGATTAGATATCAGAGAAAAATCA
 ATTCTTTTTCCAAGGATACGCCTTCTCATGAATAAGTGGAAGTTACTTTATTCAGTTATGGCAAT
 CTTATTTTTCGATGTGGTCTCAGTCAGGACGGATAAGGATCCGGATAAACCAATTATCCAACAATTCTCT
 CGACTTGATGGGTTATCTTTAAGTATGCGGTTTACGTATTTAGTAATACGGAGTCAAATGCTAGAAGAC
 TCATTCTAGTGGATAATGCTATAAAAAAGCTAGAGATAAGAATCCCAATAGGATCTTTGGTTGTAGATT
 TATCTAAATTACAATTAATGTACCGCATTAGGACATCCAGTTAGTAAGCTAAACTGGATCGACTACCGGA
 TATTTATATTCTTGATCGCTTTGTACGTATATGTAAAAAATTTCTCATTATTACAGTGGATCTTCAAAA
 AAAACAATTTGTATCGGATCCAATATATACTTCGAAGTTCTTGTGTT

Ulex parviflorus

>gi|4321157|gb|AF007470.1| *Ulex parviflorus* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene; and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGAAGCCTCAACAGCAGTGCACCCGTGAATTTGTTAACTACTCAGGGATGGCTAGAGGTGTTCCGAC
 CTCGGTCCCCTCGTGTGCGGATGTGCTCCACCTTGTGTGTTGTCTTCTGGCCAATAACAAAACCCCG
 GCGCCGAACCGCCAAGGAAATTGAAATCGTTTAGTGCACCCCGTCGGCCCGGAGACGGTGGCCGTGCG
 GGAGGCGTTGCGACACGCAATCCTAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAAGA
 ACGTAGCGAAATGCGTACTTGGTGTGAATTCGAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTT
 GCGCCCGAAGCCATTAGGCTGAGGGCACGCTGCCTGGGTGTTGCACATCGTTGCCCTGTGCCTGGCC
 ATGTCCTAGCACCGAGCGGGGCGAATGTTGGCTTCCGCGAGCATTGTCTCACGGTTGGTTGAAAACCTG
 AGTCCGCGGTGGAGGGCGCCGTGATGGATGGTGGCTGAGTTAATTCTCGAGACCAATCGTGTGTGTCACC
 CCCACTAGCTTTGTGACTTTGTGACCCATGGGGATCTGTTGATCGCCCAAGACGGGAACCTCAGG

Valeriana tuberosa

>gi|85822942|gb|DQ354185.1| *Valeriana tuberosa* trnK gene, intron; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
 ATGAAGTGATGCATTCGTCCATACCATCGGTAAAGTTTTGAAGACCGCGACTGATCTGGAAAGGAAATGG
 ATGGAAAAACAGCATGTCGTATCAACGAAGAATTCTTAGAATATTTTATTTTCCGGATCAGTATTTAAA
 ACTTGGTTAATTATTGAAACGGAGTAAAGTGAATTCATTCAATTTCAAGTTGGGTGCAATGGATAAATG
 GATAGATATAGAGCCCTATGGCTTCCATTAATTATAGGGAAGAAAAAGCAACGAGCTTCTGTTCTTAAT
 TAGAATGATTTCCCGATCTAATAAAGTTAAAAATTTTATTAGTGCCTGATACGGGAAGGGTTTTTCCACG
 AGTGAATTTCTATTTTTTAATGAATCCTAATTAATTTTTTGGCATTTTTTTCAAAATGGATAATATCCATT
 TTGAAATGGAGATGTGTGCTAAAAGAAACAGTATATGATCAAAAACATTTCCAAAATCAAAAGCGCGGT
 TAGGTTGAAAAAATAAAGGCTTTTCAACCATCTTGTTTGTTATCTTATAATGAAGATAAACCATAAAAA
 AACAGAGGATAGAGTCTGTTGATAAGTCTACTATGATCCAAAGGTATCTATTTGTTTCTTATATGAC
 AAATAATATCTTGTTTGACTGTACCGCACTATGCATCATTTGATAACCCCCAAAAATTTCTACTCTTCA
 AATTGAAATTCAAATGGAGGAATTCAAAAGATATTTAAAGAGAAGTGGTGTGAACAGCACTACTGCTTG
 TATCCACTTATCTTTCAGGAGTATATTTATGCACTC

Veronica arvensis

>gi|685847756|gb|KF41651.1| *Veronica arvensis* voucher TJD-175 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

AACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTTAAAGCGGGTGTAAAGAGTACAAATTGACTTATTATACTCCT
 GAATACGAAACAAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCAGATATCTCCTCAACCGGGAGTTCACCTG
 AAGAAGCAGGCGCTGCGGTAGCAGCCGAATCTTCAACTGGTACATGGACAACCTGTATGGACCGATGGACT
 TACCAGCCTTGATCGTTTCAAAAGGGCGATGCTACCACATTGAGCCGCTTGGAGAACAGATCAATAT
 ATCTGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGGGTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTG
 TAGGAAATGTATTTGGATTCAAAGCCCTGCGTGTCTACGCCTGGAAGATCTGCGAATCCCTGTGCTTA
 TGTTAAACTTTCCAAGGCCACCTCACGGATCCAGGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCTG
 CCTCTGTTGGGATGTACTATTAACCTAAATGGGGTTATCTGCTAAAACTACGGTAGAGCATGTTATG
 AATGCCCTCGG

Virbunum tinus

>gi|568599798|gb|KF430081.1| *Virbunum tinus* subsp. *tinus* voucher A. Danin et al. 57001 (B) tRNA-Lys (trnK) gene, intron; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

CATTTGGATGAAGTGAAGGATTCGTCCATACCATCGGTAAGTTTGGAAAGACCAGACTGATCCTGAAAG
 GGAATAAATGGAAAAAATAGCATGTCGTATCAATGAAGAGCTCTGAAAAATATTTCACTTTCCGGATCG
 GTACAAAACCTTGTGTTGAATTATGGAAATGGAGCAAAATGAATTCAAATTGCAAGTTGGGTGCAATGAATA
 AATGGATAGAGATAGAGCCCTATGGCTTCAATTAATTATAGGGAGAGAAAAAGCAACGAGCTTCTGTTCT
 TAATTTGAATGATTGCCGATCAATTAAGACGTTAAAAATATATTAGTGCCTGATACGGGAAGGGTTTCT
 CCCATGAGTGGATTTGATTTTTTAATGAATCCTAATTTTCACTTCTCATTATGCAATGGAAATG
 CGTGTGTAAGAAACAGTATATTGATAAAAAAATTTCCAAAAATCAAAAGAGTGAATGGGTTGAAAAA
 TAAAGGATTGCTAACCATCTGTTATCTTATAACGAACATAAACCAATTAATGAAATGGAAAAAGAGAG
 GGTAGCGAATCTGTTGATAAGTTACCTGTATCCGAGGTATCTATTCGTTTATTACTAGAATACCTTGT
 TTGACTGTATCGCACTATGTATCATTTGATAACCCCCAAAAATCCTCTACCTTTGGTTCAAATATAATTT
 AAATGGCAAAATTTCCAAAGATATTTAGAGCTAGATAGATCTCAACAACAATACTTCTTATATCCACTTAT
 CTTTCAAGAGTATATTTATGCACTTGTCTATGATCATGGTTTAAATAGAGCGTTTTTGGTGGAAAAATGCA
 GCTTATGCAATAAATCCAGCTTACTAATTTGTGAAACGTTAATTAGTCAATGTATCAACAGAATCATT
 TGATTTTTCTGCTAATCTAATCAAAAAATGTATTTTTGGGCGCAAGAAGAATTTGTATTCTCAAAAT
 GATATTAGGGGATTTGCACTATTGATGAAATTTCCATTTTCTCTACGATTAATATCTTCCCTAGAAAAG
 AAAGGGTAGTCAAAATCTCATAATTTACGATCAATTCATTCCATATTTACTTTT

Vicia sativa

>gi|148248935|gb|EF581840.1| *Vicia sativa* putative actin gene, partial cds

ATGAGCATGGAATTGTTTCATAACTGGGATGATATGGAGCATGTCTGGCATCACGCTTTCTACAATGAACT
AAAAATTAATCCAGAAGACTGTAAGATTCTTCTACTGATGCACCGCTTAATCCTTCGAAGAATCGGGAG
AAAATGATTGAGACAATGTTTGAGAAAGTTCAATTCGCGGGTGTGTTTATCCAATTCAAGCTGTCTTAA
CTCTTTATGCT

Vulpia geniculata

>gi|662034076|gb|KF917235.1| *Vulpia geniculata* isolate Vgeni_4 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGTGACCCTGACAAAACAGACCGCGCACGCGTCATCCTGCCTGCCGGGCGGCGGCACCGTTTCGTCGTC
CGGCCAAAGTCTCGAGACTTCCTCTCTTCGAGCGGTGCGCTCGGGGTAAGAACCACCGCGCCGCTAG
GCGTCAAGGAACACTGTGCCTAACCCGGTGACGCGGCTGGCTTGCTAGCCGCACGCTGGGTTGCAATGCT
ATATAATCCAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCG
GTACCTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGCAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAGGCCCTC
TGGCCGAGGGCAGCCTGCCTGGGCGTACGCCAAACAGCTCCAATCAATCATGGGGCGGGACGCG
GCATGTGGCTCTCCGTCTCGCAAGGGGCGGTGGGCCGAAGATCTGGCTGCCGGCGAATCGTCCCGGACAC
AGCGCGTGGTAGGCGTTCTCGCTATACTAAACGCAATGCATCCGGGGCGTAGACGGCGCAATGCCCTCAA
TGGACCCCTTGAACGTGGCGCACGACGCTTCGACC

Xanthium spinosum

>gi|340512637|gb|HM850669.1| *Xanthium spinosum* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

AACCAATCTTCTCATTTACGATCAACATTTTTTGGAGCCCTTATTGAACGAATATATTTCTATGGAAAAA
TAGAGCATTTTGCAGAAGTCTTTGCCAGGGCTTTCAAGTGAATTTACGGTTATTCAAAGATTCTTTCAT
GCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAAATCAATCTTGCTTCAAAAAGGGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGG
AAATTTACTTTGTCAATTTCTGGAAATCTTATTTTACTTGTGGTCTTACCCAGGAAGGATTTATATAA
ACCAATTAATCCAATCATTCCCTTTACTTTGTGGGTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAAAGCCTTCAAAAAGT
ACGCGGTCAAATGCTAGAAAATACGTTTTTAATCGATAATGCTATTAAGAAGTTTGATAGTATTGTCCA
ATTATGCCTCTGGTTGGATCATTGGCTAAATCGAAATTTGTAAACGCATTGGGGCATCTATTGGTAAGG
CGATTTGGGCCGATTTATCAGATTCTGATATTCTTGAGCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTCTCA
TTATCATA

Xeranthemum inapertum

>gi|500050146|gb|KC590010.1| *Xeranthemum inapertum* NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast

AGCTCTTGCTCAAAAAGACATTAAGAGGGGTTTGGCTTATTCCACAATGTCCCAATTGGGTTATATGATG
TTAGCTTAGGTATGGGGTCTTATCGCAGTGCTTTATTTTCATTGATTACTCATGCTTATTCGAAAAGCAT
TGTTGTTTTAGGATCGGATCTGTTATTCATCAATGGAAACTCTGTTGGATATTGTCCAAAAAAAAG
TCAGAATATGGTACTTATGGGCGGTTAACAAAACATGTACCAATTAATAAAAACCTTTTTTTATTAGGT
ACACTTCTCTTTGCGGTATTCCGCCCTTGCTGTTTTTGGTCCAAAGATGAAATCTTAATGATAGTT
GGTTATATTCACCTATTTTTGCAATACTAGCTTGGTCTACGGCAGGATTAACCGCATTTTATATGTTGCG
GATCTATTTACTTACTTTTTGAAGGACATTTAAACGTTAATTTTCAAAAATTACAGTGGAAAAAAGAATACC
CCTTCTATTCAATATCTCTATGGGGTAAAGAAGGTTTCAAAAATAAGTAACAAAAACCTTTCATTGGTAA
CTTTATTAATAAATGAAAAAGAATGGACGTGCTTCTTTTTTTTCAAATAAAGTATATAAAAATTGATGAGAA
TGTAACAAATATGATCCAACCTTTCTTTCTATTCCACATTTTGGAAATACCAAGACTTATTCCTATCCT
TATGAATCGGATAAATACTATGTTATTTCCCAATACTTATATTTGATTATTTACTTTGTTTGGATTCT
TAGGAATTCCTTTTTAACCAAGACGCGGTTAATTTGGATATATTATCCAAATGGTTAACCCTGCTATAAA
TCTTTACATAAAAATTCAAAACAATTCATAGATTGGTATGAATTTTGTAAAAGATGCAGTTTTTTTCAGTC
AGTATAGCCTTTTTTCGGAATATTTATAGCATTTTTTTATATAAACCTGTTTATTCATCTTTTCAAAAAT
TGGACTTAATTAATTCATTTGTTAAAAAGGGTCTTAAGAGAATTTTTCTGACAAAATAAAAAATAGTAT
ATATGATTGGTCATATAATCGGGGTTACATAGACGCTTTTATGGAACATTTCTACTGGGGGATGCGC
AAATTTGGCCGAATTTGGCTCATTTTTTTGATAGACGAATAATTGATGGAATTCAAAATGGAGTTGGTCTTT
TGAGTTCTTTGTAGCAGAGGTTATTAATCAGTAGGGGGTGGGCGTATTTCTTCTTATCTGTTCTTTA
TTTT

Ziziphus lotus

>gi|76363096|gb|DQ146587.1| *Ziziphus lotus* 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

AACCTGCCAGCAGAACGACCGGCGAACCCGTGAAAAACACACGGGGGGGCTCGCGGCCCTCGTCCCGG
TGCCCCCTTCGGCCGAGGGCGCATCCCGCGCCCCGCGCGGCTGCGGCTTTCCCGGCCGTACAAACGA
ACCCCGGCGCAAAACCGCGCAAGGAACACCTAACGAATTTGGCATTACCCCCCGCCTCCGAGATACGT
TGCGCGGTCGGGTGCGCGTCTGATTCTGTATTCTATATGTCAAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG
GCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATC
GAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAAGCCGTTAGGCCGAGGGCACGCTGCGCTGGGCGTACACAACG
TTGCCCCCCCAACCCGACCCCGTCCGGGGAAAGGAGGGGGCGGATGCTGGCCTCCCGTGTGCCACGG
TCCCGCGCTGGTGCAAACGCGGGTCCCCTGCGACAGTGCCCGAGCAATCGGTGGTTGTCCATCCCTCGG
CTCCCCGCTGCGTGCAGGATCGCTGTCGCGGCGCCAGAGACCCCGGTGCGCGCCCGCTGCGGCGTCTT
CCAACGCGACCCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAA

Tableau 20 : Contribution des taxons des trois premiers axes de l'AFC

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Adenocarpus decorticans</i>	A0	-0,33579372	-0,94827807	-0,69071194
<i>Adonis annua</i>	A1	-0,43619845	0,34288651	-0,05376872
<i>Adonis dentata</i>	A2	-0,65927595	0,11966866	-0,07725469
<i>Aegilops triuncialis</i>	A3	-0,63752385	0,19178008	-0,06897784
<i>Aegilops ventricosa</i>	A4	0,34327975	0,45766742	-0,79289826
<i>Aria cupaniana</i>	A5	-0,30177165	-1,00410495	-0,7559809
<i>Aria cupaniana subsp. genuina</i>	A6	1,75643459	1,78455263	3,74863899
<i>Ajuga chamaepestis</i>	A7	0,0266877	-0,33945054	2,4402036
<i>Ajuga iva</i>	A8	-0,38876102	0,33161895	-0,05240106
<i>Allium molle subsp. massaessylum</i>	A9	-0,14099368	-0,51355939	-0,57737431
<i>Allium nigrum</i>	A10	-0,4525012	-0,28664179	1,15017922
<i>Allium roseum</i>	A11	-0,58526387	-0,49890851	-0,41145036
<i>Allium triquetrum</i>	A12	-0,52043576	0,09671578	0,26318871
<i>Alyssum campestre</i>	A13	-0,71500513	0,08658249	-0,08631371
<i>Alyssum granatense</i>	A14	-0,53455488	-0,53062104	-0,41351926
<i>Alyssum serpyllifolium</i>	A15	0,93947237	2,03553655	-0,91675287
<i>Alyssum spinosum</i>	A16	0,34946078	-2,15077163	-1,42539592
<i>Ammoides verticillata</i>	A17	-0,63324341	0,26725902	-0,12116343
<i>Ampelodesmos mauritanica</i>	A18	0,73536663	1,39711916	1,2112292
<i>Anacyclus clavatus</i>	A19	-0,71388727	0,07802091	-0,05384122
<i>Anagallis arvensis subsp. latifolia</i>	A20	-0,51399648	-0,24625617	0,46751694
<i>Anagallis arvensis subsp. phoenicea</i>	A21	-0,63556192	0,02983513	-0,0979397
<i>Anagyris foetida</i>	A22	-0,37255993	-0,55630065	1,58383756
<i>Anarrhinum fruticosum</i>	A23	-0,28663032	0,78775076	-0,36468285
<i>Annarrhinum pedatum</i>	A24	-0,45606835	-0,34903441	1,52331192
<i>Androsace maxima</i>	A26	-0,44288295	-0,06430312	0,73999941
<i>Anthemis punctata</i>	A27	-0,61730827	-0,11473426	0,25205738
<i>Anthyllis tetraphylla</i>	A28	-0,62551257	0,36714838	-0,20233636
<i>Anthyllis vulneraria</i>	A29	-0,29480774	-1,04257341	-0,7523042
<i>Aphyllantes monspelinsis</i>	A30	-0,27124804	-0,28153473	2,59573696

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Arabis alpina</i>	A31	-0,50931465	-0,62845727	-0,49140882
<i>Arabis auriculata</i>	A32	-0,65248006	0,05030954	-0,09170694
<i>Arabis verna</i>	A33	0,98346543	-1,76104221	-2,29543296
<i>Arbutus unedo</i>	A34	-0,68635713	0,11443195	-0,08190214
<i>Arenaria aggregata</i>	A35	0,19564069	-1,09572104	0,39272524
<i>Arenaria grandiflora</i>	A36	-0,75973887	0,07629981	-0,21335644
<i>Arenaria serpyllifolia</i>	A37	0,59184229	-0,62592843	-0,7474169
<i>Arisarum vulgare</i>	A38	0,20405282	0,54917435	-0,80400613
<i>Aristolochia longa</i>	A39	-0,65623986	0,15286268	-0,08724482
<i>Artemisia herba-alba</i>	A40	-0,36502419	-0,7863395	-0,72679815
<i>Asparagus acutifolius</i>	A41	1,08677599	1,08140589	1,87186128
<i>Asparagus albus</i>	A42	-0,36409638	-0,15254115	-0,26436851
<i>Asparagus stipularis</i>	A43	-0,64809414	-0,26619847	-0,28166582
<i>Asperula arvensis</i>	A44	0,95505702	-2,84026001	-2,01737723
<i>Asperula hirsuta</i>	A45	0,02377801	-1,67351966	-1,16497013
<i>Asphodelus microcarpus</i>	A46	-0,42606677	-0,66240057	-0,6146871
<i>Asteriscus maritimus</i>	A47	1,98964982	-2,62724077	4,24490664
<i>Asteriscus pygmaeus</i>	A48	2,32491118	-3,11625222	-0,85823006
<i>Asterolinum linum-stellatum</i>	A49	0,36286718	1,69996992	-0,61180413
<i>Astragalus armatus</i>	A50	-0,75356348	0,13349935	-0,15747902
<i>Asragalus incanus</i>	A51	0,60684923	1,52825539	-0,19773214
<i>Atractylis cancellata</i>	A52	2,72707254	2,19309627	4,53941266
<i>Atractylis humilis</i>	A53	-0,55164146	-0,22430128	1,1036723
<i>Atriplex halimus</i>	A54	-0,30091253	0,32557468	-0,20955782
<i>Avena sterilis</i>	A55	-0,56725474	-0,35329969	1,17570409
<i>Balansae glaberrimae</i>	B0	-0,04770601	0,65326344	0,13805307
<i>Ballota hirsuta</i>	B1	3,48094497	-2,2668064	1,12730867
<i>Bellis annua</i>	B2	-0,41207292	-0,34356912	1,78308659
<i>Bellis silverstris</i>	B3	-0,29242464	0,03156016	0,58046762
<i>Biscutella didyma</i>	B4	-0,70227213	-0,08039319	0,38227362
<i>Brachypodium distachyon</i>	B5	-0,59647143	-0,2393738	1,05377944
<i>Brassica nigra</i>	B6	-0,72778195	0,01109341	-0,06997535
<i>Briza maxima</i>	B7	1,30175595	-3,43150085	0,00597788

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Bromus madritensis</i>	B8	-0,44785721	-0,70988024	-0,51449623
<i>Bromus rubens</i>	B9	-0,27983956	-0,73727851	0,64263308
<i>Bromus squarrosus</i>	B10	-0,63043922	-0,24325183	0,9133867
<i>Bromus tectorum</i>	B11	-0,56374526	-0,28986408	-0,31256155
<i>Bunium alpinum</i>	B12	-0,48751463	-0,34478228	-0,35704244
<i>Bupleurum balansae var. balansae</i>	B13	0,14271252	-0,44244044	-0,6158524
<i>Bupleurum rigidum</i>	B14	0,1297318	-1,51290364	-0,40151654
<i>Calendula arvensis</i>	C0	-0,58053063	-0,03473589	-0,21727203
<i>Calicotome intermedia</i>	C1	-0,69389801	-0,14444865	-0,24545282
<i>Campanula dichotoma</i>	C2	0,12510552	-0,61891085	-0,96972373
<i>Capsella bursa-pastoris</i>	C3	-0,74888705	-0,13900454	-0,00929559
<i>Carduus pycnocephalus</i>	C4	-0,66231948	-0,08228695	-0,25026765
<i>Carex halleriana</i>	C5	1,65618735	-1,92577247	1,95308604
<i>Carlina lanata</i>	C6	-0,56942641	0,34471961	-0,15355267
<i>Carthamus caeruleus</i>	C7	-0,48428246	-0,44578362	-0,34944565
<i>Carthamus lanatus</i>	C8	-0,75726045	0,07539179	-0,126869
<i>Carthamus pectinatus</i>	C9	-0,31979808	0,26336691	-0,03261508
<i>Catananche caerulea</i>	C10	0,48243856	1,6523052	-0,52709826
<i>Catananche lutea</i>	C11	-0,58335041	-0,34690544	-0,2905731
<i>Celtis australis</i>	C12	-0,45831489	0,01168267	-0,32710151
<i>Centaurea acaulis</i>	C13	0,08654545	-0,17811381	-0,46229389
<i>Centaurea lagascae</i>	C14	-0,41374513	0,61241783	-0,2871893
<i>Centaurea incana</i>	C15	0,16671841	-0,8606205	-1,18025996
<i>Centaurea involucrata</i>	C16	-0,65857699	0,1063624	-0,03974782
<i>Centaurea paviflora</i>	C17	-0,22016829	-0,07405804	1,33411777
<i>Centaurea pullata</i>	C18	-0,28955094	-1,03725227	-0,75131555
<i>Centaurea solstitialis</i>	C19	-0,68418205	-0,10191343	0,32691802
<i>Centaurea tenuifolia</i>	C20	-0,19364229	-0,65313793	0,19014232
<i>Cephalaria leucantha</i>	C21	-0,37088241	-0,43002394	-0,53447035
<i>Ceratocephalus falcatus</i>	C22	-0,2943681	0,57484972	-0,20205632
<i>Cerastium pentandrum</i>	C23	-0,69179349	0,14775563	-0,1190406
<i>Ceratonia siliqua</i>	C24	0,43992414	-0,5520991	-0,98698598
<i>Cerintho major</i>	C25	0,44254586	-0,35452664	3,52427823

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Chamaerops humilis subsp.argentea</i>	C26	1,37071387	-3,70776278	1,90830596
<i>Chrysanthemum coronarium</i>	C27	-0,63467148	-0,12717475	-0,25703737
<i>Chrysanthemum grandiflorum</i>	C28	-0,27718647	0,97576279	-0,45447522
<i>Chrysanthemum paludosum</i>	C29	2,71755066	-2,26108023	2,37058425
<i>Cichorium intybus</i>	C30	0,09253145	1,34837803	-0,48138055
<i>Cirsium vulgare</i>	C31	-0,6299391	0,20464157	-0,23371011
<i>Cistus albidus</i>	C32	-0,31909197	-0,91386859	-0,66858965
<i>Cistus ladaniferus</i>	C33	-0,66311258	-0,25580248	-0,27581982
<i>Cistus monspeliensis</i>	C34	3,73109705	-0,53745038	-3,00745882
<i>Cistus salvifolius</i>	C35	0,53045723	1,66252131	-0,93339815
<i>Cistus villosus</i>	C36	0,59341667	2,067559	-0,56037058
<i>Clematis cirrhosa</i>	C37	1,09502495	-0,9293066	-0,68453976
<i>Clematis flammula</i>	C38	-0,76467753	0,04884579	-0,14938106
<i>Colutea arborescens</i>	C39	-0,19089256	0,75687073	-0,26582976
<i>Convolvulus althaeoides</i>	C40	-0,7076365	0,07738316	-0,12682333
<i>Coronilla juncea</i>	C41	-0,45408111	-0,23259891	1,42181551
<i>Coronilla minima</i>	C42	1,16528137	0,54816709	-0,34379433
<i>Coronilla scorpiodes</i>	C43	-0,1463335	-0,86839154	-0,76477749
<i>Crataegus oxyacantha</i>	C44	-0,14894377	-1,22092979	-0,41815829
<i>Cupressus sempervirens</i>	C45	-0,52242453	0,11643245	-0,13457794
<i>Cynoglossum cheirifolium</i>	C46	-0,65154611	0,06376444	-0,04751426
<i>Cynosurus elegans</i>	C47	-0,2933595	0,81642661	-0,37609024
<i>Cytisus triflorus</i>	C48	-0,54254826	0,17412582	-0,07202091
<i>Dactylis glomerata</i>	D0	-0,57184049	0,44063719	-0,26768086
<i>Daphne gnidium</i>	D1	-0,50587684	-0,22435651	1,23577992
<i>Daucus carota</i>	D2	2,03825022	-1,58541358	0,179572
<i>Daucus muricatus</i>	D3	0,73949246	2,66678381	-0,98344335
<i>Delphinium peregrinum</i>	D4	2,72368602	-1,91541444	-2,92517648
<i>Dianthus caryophyllus</i>	D5	0,19846257	-1,48794717	-1,20463355
<i>Echinaria capitata</i>	E0	-0,54536069	0,30660446	-0,0758614
<i>Echinops spinosus</i>	E1	-0,38293595	0,50931221	0,01750933
<i>Echium parviflorum</i>	E2	-0,3737186	-0,66786761	1,91941944
<i>Echium flavum</i>	E3	0,83922545	1,69311411	0,49507357

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Echium humile</i>	E4	-0,77239899	0,0336096	-0,12528724
<i>Echium parviflorum</i>	E5	-0,1337435	0,72762395	0,03055685
<i>Echium vulgare</i>	E6	-0,51181832	0,23368684	-0,13226189
<i>Elichrysum stoechas</i>	E7	-0,47871746	-0,57132101	-0,46107074
<i>Ephedra fragilis</i>	E8	0,56989205	1,92951963	-0,60754354
<i>Erica arborea</i>	E9	-0,69960032	0,09273669	-0,09617863
<i>Erinacea anthyllis</i>	E10	-0,54796943	-0,28081187	1,12875078
<i>Erodium guttatum</i>	E11	-0,13263295	0,4408571	-0,04008299
<i>Erodium moschatum</i>	E12	-0,45757328	-0,74212896	-0,59368949
<i>Eryngium campesire</i>	E13	-0,5099649	0,2620876	-0,11189858
<i>Eryngium maritimum</i>	E14	-0,73964464	-0,0834755	-0,13364942
<i>Eryngium tricuspdatum</i>	E15	-0,76212342	-0,07962395	-0,13523886
<i>Euphorbia exigua</i>	E16	0,97918742	2,61818716	-0,77595073
<i>Euphorbia falcata</i>	E17	-0,42728619	0,55987529	-0,27785129
<i>Euphorbia nicaeensis</i>	E18	-0,67149886	0,08295715	-0,20314632
<i>Euphorbia sulcata</i>	E19	0,11542449	-0,52354277	-0,56650048
<i>Evax argentea</i>	E20	-0,66011573	0,23002081	-0,20359195
<i>Fagonia cretica</i>	F0	1,59757586	-1,3077041	-0,57112561
<i>Fedia cornucopiae</i>	F1	0,18453398	0,89898484	0,27124116
<i>Ferula communis</i>	F2	-0,76981418	-0,00033198	0,06924817
<i>Festuca atlantica</i>	F3	0,81149298	-2,07079085	-1,1659174
<i>Festuca scaberrimae</i>	F4	0,27149349	-0,76403675	0,66717692
<i>Festuca caerulescens</i>	F5	-0,36749939	-0,2964165	-0,42627013
<i>Festuca triflora</i>	F6	-0,23694147	0,44558389	0,30292186
<i>Foeniculum vulgare</i>	F7	4,25872845	-0,59182837	-1,62695629
<i>Fraxinus angustifolia</i>	F8	-0,54165278	-0,37163734	0,67589191
<i>Fumana fontanesii</i>	F9	-0,4883179	-0,11176201	-0,39187827
<i>Fumana thymifolia</i>	F10	-0,25555447	-0,37806941	-0,36921664
<i>Fumaria caoreolata</i>	F11	-0,65594741	-0,07328667	-0,15668347
<i>Gagea arvensis</i>	G0	-0,75742807	-0,0153897	0,05605477
<i>Galium aparine</i>	G1	-0,74595634	0,06225621	-0,15981075
<i>Galium parisiense</i>	G2	-0,68494018	0,09337242	-0,0943505
<i>Galium rotundifolium</i>	G3	0,22100972	0,74192653	-0,02840909

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Galium scabrum</i>	G4	-0,20748925	0,52116886	-0,43501582
<i>Genista atlantica</i>	G5	1,04151012	0,472167	2,24128821
<i>Genista cinerea</i>	G6	-0,31247498	-1,01513212	-0,72166172
<i>Genista cinerea subsp.ramosissima</i>	G7	-0,49806589	0,31028924	-0,04313708
<i>Genista erioclada</i>	G8	-0,76092852	0,0118804	-0,10830151
<i>Genista spartioides</i>	G9	-0,55482238	-0,42859759	-0,44469008
<i>Genista tricuspidata</i>	G10	0,78190669	2,84665123	-1,00061747
<i>Gennaria diphylla</i>	G11	-0,6070684	-0,2935303	-0,2789389
<i>Geranium molle</i>	G12	-0,71777634	0,05371716	-0,09992405
<i>Geranium robertianum</i>	G13	-0,58023219	0,07020386	0,18897754
<i>Globularia alypum</i>	G14	0,36930268	0,9250908	1,00699432
<i>Glyceria maxima</i>	G15	-0,14617132	-0,56144604	-0,73270663
<i>Halimium halimifolium</i>	H0	-0,76684968	0,01757765	-0,12026091
<i>Hedera helix</i>	H1	-0,49513134	-0,60717377	-0,45997581
<i>Hedysarum coronarium</i>	H2	0,06149011	1,39706402	-0,63529442
<i>Hedysarum flexuosum</i>	H3	0,18278734	-0,84339496	0,022167
<i>Helianthemum cinereum</i>	H4	0,09715331	0,67173293	0,06770904
<i>Helianthemum cinereum subsp.rubellum</i>	H5	2,19437045	4,23012191	-0,9567238
<i>Helianthemum croceum</i>	H6	0,40651393	0,72870647	-0,32319509
<i>Helianthemum helinthemoides</i>	H7	-0,05595489	-1,59212788	0,9958698
<i>Helianthemum hirtum</i>	H8	-0,26726514	0,04607901	-0,49153705
<i>Helianthemum organifolium</i>	H9	-0,72856856	0,02535831	-0,0879901
<i>Helianthemum pilosum</i>	H10	0,40716505	1,53749162	-0,4469313
<i>Helianthemum polium</i>	H11	-0,72157026	-0,16956801	-0,20034994
<i>Helianthemum virgatum</i>	H12	-0,29159236	-0,39497216	-0,46231174
<i>Helianthemum racemosum</i>	H13	-0,59491552	-0,019937	0,53920767
<i>Herniaria hirsuta</i>	H14	-0,66811557	0,11719209	-0,07508249
<i>Herniaria fontanesii</i>	H15	0,01924846	1,11364224	-0,27086004
<i>Hippocrepis multisiliquosa</i>	H16	-0,7595914	0,06585497	-0,08688632
<i>Hippocrepis ciliata</i>	H17	-0,5083052	-0,1197656	1,11181213
<i>Hordeum murinum</i>	H18	-0,77290348	0,01030679	0,11645531
<i>Hornungia petraea</i>	H19	-0,71453619	0,1076924	-0,05948991
<i>Hypochoeris achyrophorus</i>	H20	1,19895108	0,97257347	3,75279976

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Hypochoeris radicata</i>	H21	2,46358936	2,04105549	-1,9379468
<i>Inula montana</i>	I0	-0,67088187	0,10045453	-0,04201115
<i>Iris tingitana</i>	I1	-0,6625983	0,14300068	-0,11112384
<i>Jasminum fruticans</i>	J0	-0,71913649	0,0895863	0,01360365
<i>Juniperus oxycedrus subsp. rufescens ou oxycedrus</i>	J1	-0,75726045	0,07539179	-0,126869
<i>Koeleria vallesiana</i>	K0	-0,70477425	-0,13480586	0,35065571
<i>Lagurus ovatus</i>	L0	-0,34189135	-1,02017331	-0,69032428
<i>Lamarckia aurea</i>	L1	-0,64251515	0,14221743	-0,03753984
<i>Lamium amplexicaule</i>	L2	-0,40889955	-0,45746402	-0,54351707
<i>Lathyrus sphaericus</i>	L3	-0,48825766	0,23174124	-0,07203296
<i>Lavandula dentata</i>	L4	-0,7452229	0,06452623	-0,09743654
<i>Lavandula multifida</i>	L5	-0,66212957	0,13614397	-0,11385769
<i>Lavandula stoechas</i>	L6	-0,48245013	-0,3343289	1,53685994
<i>Lavatera maritima</i>	L7	-0,52722425	0,18331003	-0,0629926
<i>Legoussia falcata</i>	L8	-0,31627893	-0,89672301	-0,66262626
<i>Leontodon hispidulus</i>	L9	1,34798393	1,01564382	-1,63533611
<i>Leuzea conifera</i>	L10	0,23208812	1,40587873	-0,54684269
<i>Linaria gharbensis</i>	L11	1,32515923	-1,65534965	-1,71311285
<i>Linaria heterophylla</i>	L12	4,36169352	-2,14163971	0,91294094
<i>Linaria reflexa</i>	L13	0,80764075	-2,83733326	0,09784225
<i>Linum corymbiferum</i>	L14	-0,03760604	-0,6640091	3,49227902
<i>Linum strictum</i>	L15	-0,69112375	0,03528236	0,3415383
<i>Linum suffruticosum</i>	L16	-0,57393479	0,47648375	-0,21750255
<i>Lithospermum apulum</i>	L17	1,90200956	0,89978383	0,10763608
<i>Lithospermum arvens</i>	L18	0,5757805	-1,6794422	1,11841752
<i>Lobularia maritima</i>	L19	-0,39140571	-0,78495178	-0,60466035
<i>Lonicera etrusca</i>	L20	1,56190973	1,35421627	3,37686732
<i>Lonicera implexa</i>	L21	1,12102226	0,74277338	0,407132
<i>Lotus edulis</i>	L22	3,62810994	0,01780496	-0,89269054
<i>Malva sylvestris</i>	M0	-0,79854933	0,01729698	-0,10079293
<i>Marrubium vulgare</i>	M1	-0,79854933	0,01729698	-0,10079293
<i>Medicago minima</i>	M2	1,15257753	1,77452039	-1,25896093

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Medicago rugosa</i>	M3	-0,45344837	-0,30385521	1,30535702
<i>Melica major</i>	M4	-0,39168706	0,66518896	-0,30850104
<i>Melilotus sulcata</i>	M5	-0,7424823	-0,08172115	-0,16626208
<i>Micromeria inodora</i>	M6	-0,62680049	0,20185214	-0,14280761
<i>Micropus bombycinus</i>	M7	-0,57119828	0,33366364	-0,10532405
<i>Minuartia campestris</i>	M8	0,6875406	-0,68517085	0,35206833
<i>Minuartia montana</i>	M9	1,72261921	-1,94978273	0,43599309
<i>Muscari comosum</i>	M10	-0,18822029	-0,4564378	-0,56267222
<i>Muscarineglectum</i>	M11	-0,47189415	0,34662245	-0,12669315
<i>Nepeta multibracteata</i>	N0	-0,66406466	0,04789256	-0,23476344
<i>Nigella damascena</i>	N1	0,21218934	0,56514362	1,36316728
<i>Odontites purpurea</i>	O0	-0,57522385	0,35371161	-0,26453513
<i>Olea europaea subsp. silvestris ou europaea</i>	O1	-0,12007206	1,25188795	-0,49329431
<i>Olea europaea var. oleaster</i>	O2	-0,61636039	0,11684122	-0,09730851
<i>Onobrychis alba</i>	O3	0,76590196	-0,01503373	-0,84411017
<i>Ononis natrix</i>	O4	-0,75848462	0,07303842	-0,07675685
<i>Origanum glandulosum</i>	O5	-0,67566348	-0,07732615	0,33391502
<i>Origanum hirtum</i>	O6	-0,59799854	-0,2987084	-0,30494811
<i>Ornithogallum umbellatum</i>	O7	-0,45191541	0,25417014	-0,03804698
<i>Orobanche alba</i>	O8	-0,36051533	0,37935834	-0,11905981
<i>Osyris alba</i>	O9	-0,39677124	-0,82962586	-0,59593717
<i>Pallenis spinosa</i>	P0	-0,66883361	-0,17310681	0,62630891
<i>Papaver hybridum</i>	P1	0,42805785	1,02632207	-0,5527962
<i>Papaver rhoeas</i>	P2	0,64757904	-0,76004355	-0,79266933
<i>Paronychia argentea</i>	P3	0,34519767	1,92106165	-0,71103174
<i>Phagnalon saxatile</i>	P4	4,06267794	-0,79605173	-0,7836489
<i>Phillyrea angustifolia</i>	P5	-0,69216146	0,14263465	-0,10808961
<i>Phillyrea angustifolia subsp. latifolia</i>	P6	1,28959101	0,1768097	2,94914049
<i>Phlomis herba venti</i>	P7	2,57282506	-2,74578511	-1,42163618
<i>Pinus halepensis</i>	P8	-0,58076546	0,21601663	-0,0722218
<i>Pinus pinea</i>	P9	-0,68506254	-0,09665648	0,48398674
<i>Pistacia atlantica</i>	P10	-0,61545432	0,17000299	-0,07896344
<i>Pistacia lentiscus</i>	P11	-0,75742578	0,00795714	-0,03158668

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Pistacia terebinthus</i>	P12	-0,73423143	0,05317809	-0,11702303
<i>Plantago albicans</i>	P13	-0,13972387	0,96237164	-0,45812791
<i>Plantago lagopus</i>	P14	0,50821944	-0,4500557	-0,81733451
<i>Plantago ovata</i>	P15	1,07410067	-1,19404125	0,39781249
<i>Plantago psyllium</i>	P16	-0,34523805	-0,81416108	-0,64564349
<i>Plantago serraria</i>	P17	3,31494557	-1,0967409	-2,82668474
<i>Prasium majus</i>	P18	0,51084157	0,87461028	-0,79260733
<i>Pulicaria odora</i>	P19	-0,72472142	-0,03716891	0,11758456
<i>Quercus coccifera</i>	Q0	0,43345709	1,09954514	-0,0251053
<i>Quercus faginea subsp. tlemcenensis</i>	Q1	0,49697724	0,28795204	2,86853714
<i>Quercus ilex subsp. rotundifoliae ou ballota</i>	Q2	-0,7240548	0,09533035	-0,10799946
<i>Quercus suber</i>	Q3	-0,65764933	-0,29371695	-0,27889261
<i>Ranunculus bulbosus</i>	R0	-0,44413097	0,37764808	-0,07486204
<i>Ranunculus gramineus</i>	R1	-0,26827916	0,94944645	-0,4176875
<i>Ranunculus spicatus</i>	R2	-0,25730046	-0,06124519	0,83361357
<i>Raphanus raphanistrum</i>	R3	-0,5723016	-0,35263953	0,84107523
<i>Reichardia picroides</i>	R4	-0,76841756	-0,02935196	0,02664997
<i>Reseda alba</i>	R5	-0,66679698	0,1819301	-0,14474021
<i>Reseda luteola</i>	R6	3,05092618	1,13152565	1,60259399
<i>Reseda phyteuma subsp. phyteuma</i>	R7	4,55153332	1,67766534	2,64698327
<i>Rhamnus alternus subsp. alternus</i>	R8	-0,28589671	-0,97336405	-0,72716086
<i>Rhamnus lycioides subsp. oleoides</i>	R9	0,58552225	-0,30980089	-1,08333261
<i>Rosa sempervirens</i>	R10	-0,18121594	0,56359115	0,70618435
<i>Rosmarinus officinalis</i>	R11	-0,0735019	0,42080932	-0,33003928
<i>Rosmarinus tournefortii</i>	R12	-0,24295007	0,33759022	-0,33934293
<i>Rubia laevis</i>	R13	0,39747016	-0,92659678	0,05055836
<i>Rubia peregrina</i>	R14	-0,4091798	-0,84050966	-0,57067755
<i>Rubus ulmifolius</i>	R15	-0,76799286	0,04202363	-0,05080991
<i>Ruscus aculeatus</i>	R16	3,7014726	0,13014103	-0,8393683
<i>Ruscus hypophyllum</i>	R17	0,8543852	0,37333749	1,86654796
<i>Ruta chalepensis</i>	R18	-0,74067614	-0,14065298	-0,02296768
<i>Salvia officinalis</i>	S0	0,93210809	0,09359886	-1,3413692
<i>Salvia verbenaca</i>	S1	-0,67222345	-0,1820341	0,58553941

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Sanguisorba minor</i>	S2	-0,6571297	-0,1717909	0,64842677
<i>Satureja graeca</i>	S3	-0,42438441	0,62978992	-0,3083054
<i>Satureja rotundifolia</i>	S4	-0,3601722	0,26027615	0,3378854
<i>Satureja vulgaris</i>	S5	-0,62084937	-0,2301853	0,95832346
<i>Scabiosa stellata</i>	S6	1,55862866	-0,86708838	-2,2699761
<i>Scandix pecten-veneris</i>	S7	-0,48101952	-0,41130795	-0,26881719
<i>Schismus barbatus</i>	S8	-0,52038426	-0,23933211	1,19156392
<i>Scolymus grandiflorus</i>	S9	-0,73805144	0,04453379	-0,12850434
<i>Scolymus hispanicus</i>	S10	-0,71598423	0,08193388	0,10620468
<i>Scolymus maculatus</i>	S11	-0,63022992	0,19512527	-0,07837008
<i>Scorpiurus muricatus</i>	S12	-0,75805734	0,06369207	-0,09692566
<i>Scorsonera undulata</i>	S13	-0,7655765	0,02613707	-0,11725602
<i>Sedum acre</i>	S14	0,20042332	0,40362886	-0,71787497
<i>Sedum sediforme</i>	S15	-0,49058922	-0,16349027	1,02386234
<i>Senecio vulgaris</i>	S16	-0,63443436	0,03112381	-0,04717907
<i>Sideritis montana</i>	S17	-0,66026132	0,16103389	-0,11821022
<i>Silene tridentata</i>	S18	-0,71777634	0,05371716	-0,09992405
<i>Silene vulgaris</i>	S19	-0,58023219	0,07020386	0,18897754
<i>Sinapis alba</i>	S20	0,36930268	0,9250908	1,00699432
<i>Sinapis arvensis</i>	S21	-0,14617132	-0,56144604	-0,73270663
<i>Smilax aspera</i>	S22	-0,76684968	0,01757765	-0,12026091
<i>Solenanthus lanatus</i>	S23	-0,49513134	-0,60717377	-0,45997581
<i>Stachelina dubia</i>	S24	0,06149011	1,39706402	-0,63529442
<i>Stellaria media</i>	S25	0,18278734	-0,84339496	0,022167
<i>Stipa tenacissima</i>	S26	0,09715331	0,67173293	0,06770904
<i>Tetraclinis articulata</i>	T0	2,19437045	4,23012191	-0,9567238
<i>Tetragonolobus purpureus</i>	T1	0,40651393	0,72870647	-0,32319509
<i>Teucrium fruticans</i>	T2	-0,05595489	-1,59212788	0,9958698
<i>Teucrium polium</i>	T3	-0,26726514	0,04607901	-0,49153705
<i>Teucrium pseudoscorodonia</i>	T4	-0,72856856	0,02535831	-0,0879901
<i>Thapsia garganica</i>	T5	0,40716505	1,53749162	-0,4469313
<i>Thlapsi perfoliatum</i>	T6	-0,72157026	-0,16956801	-0,20034994
<i>Thymelea nitida</i>	T7	-0,29159236	-0,39497216	-0,46231174

Relevé n°/TAXONS	Code	Axe1	Axe2	Axe3
<i>Thymelea virgata</i>	T8	-0,59491552	-0,019937	0,53920767
<i>Thymus ciliatus</i>	T9	-0,66811557	0,11719209	-0,07508249
<i>Thymus munbyanus</i>	T10	0,01924846	1,11364224	-0,27086004
<i>Trifolium angustifolium</i>	T11	-0,7595914	0,06585497	-0,08688632
<i>Trifolium campestre</i>	T12	-0,5083052	-0,1197656	1,11181213
<i>Trifolium scabrum</i>	T13	-0,77290348	0,01030679	0,11645531
<i>Trifolium stellatum</i>	T14	-0,71453619	0,1076924	-0,05948991
<i>Triticum sativum</i>	T15	1,19895108	0,97257347	3,75279976
<i>Tuberaria guttata</i>	T16	2,46358936	2,04105549	-1,9379468
<i>Tuberaria vulgaris</i>	T17	-0,67088187	0,10045453	-0,04201115
<i>Ulex boivini</i>	U0	-0,6625983	0,14300068	-0,11112384
<i>Urginea maritima</i>	U1	2,19437045	4,23012191	-0,9567238
<i>Vaccaria pyramidala</i>	V0	0,40651393	0,72870647	-0,32319509
<i>Valerianella tuberosa</i>	V1	-0,05595489	-1,59212788	0,9958698
<i>Vella annus</i>	V2	-0,26726514	0,04607901	-0,49153705
<i>Veronica arvensis</i>	V3	-0,72856856	0,02535831	-0,0879901
<i>Virbunum tinus</i>	V4	0,40716505	1,53749162	-0,4469313
<i>Vicia sativa</i>	V5	-0,72157026	-0,16956801	-0,20034994
<i>Viola silvestris</i>	V6	-0,29159236	-0,39497216	-0,46231174
<i>Vulpia geniculata</i>	V7	-0,59491552	-0,019937	0,53920767
<i>Xanthium spinosum</i>	X0	-0,66811557	0,11719209	-0,07508249
<i>Xeranthemum inapertum</i>	X1	0,01924846	1,11364224	-0,27086004
<i>Ziziphus lotus</i>	Z0	-0,66576588	-0,13345867	-0,24891803

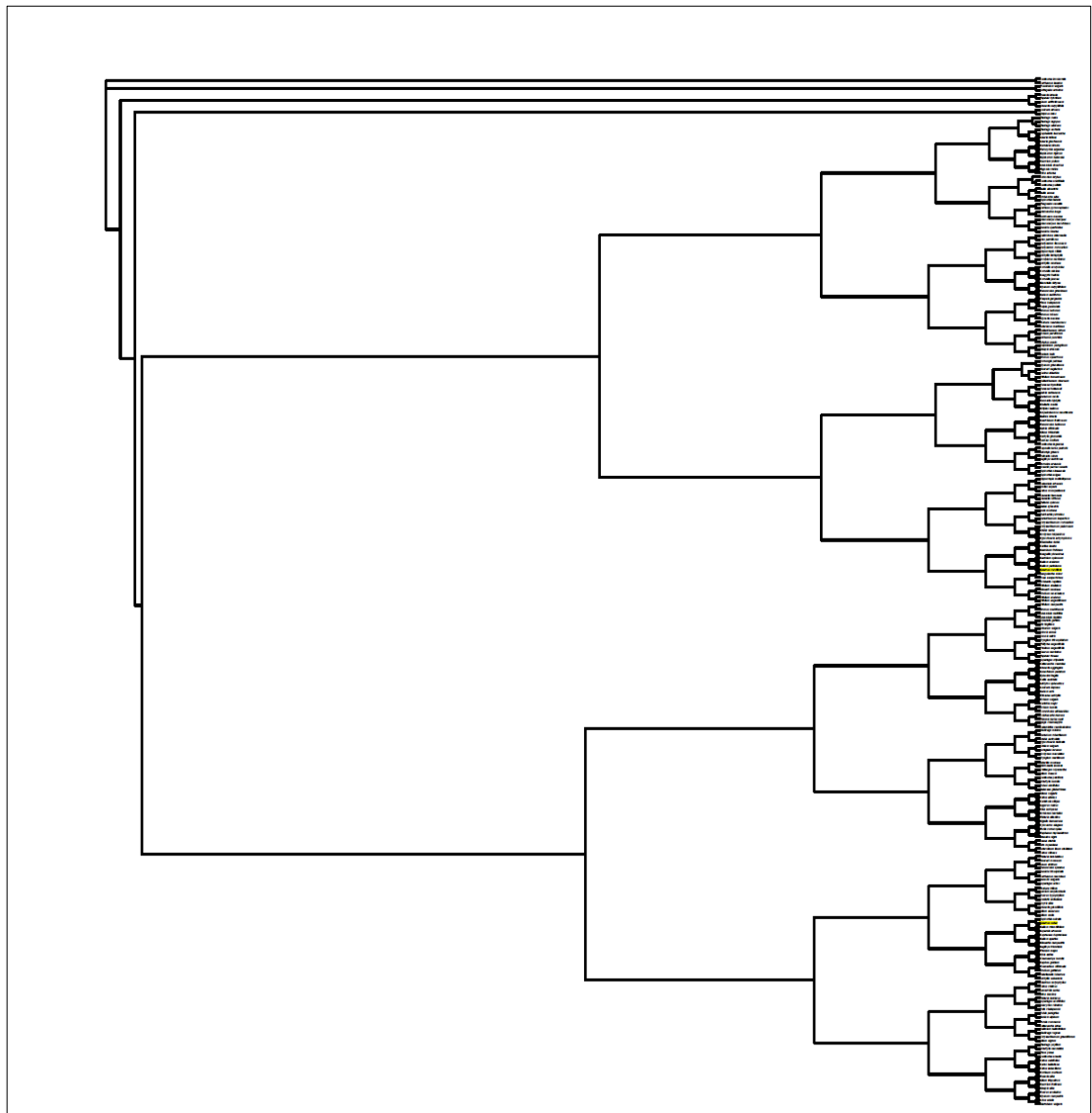


Fig.25: l'arbre phylogénétique issu de logiciel *R* selon La méthode de *Neighbor-Joining (NJ)*

دراسة بيئة و phylogénétique لبعض التجمعات النباتية لجبال تلمسان (غرب الجزائر).

المخلص: يهدف هذا العمل الى دراسة بيئة و phylogénétique لبعض التجمعات النباتية لجبال تلمسان (غرب الجزائر). ولهذا السبب قمنا جديا باجراء دراسات نباتية , دراسة التربة و دراسة phylogénétique على 6 محطات والتي تتميز بخصائص جغرافية ومناخية مختلفة. اثبتت الدراسات النباتية وجود تنوع نباتي كبير, حيث تم احصاء 349 نوع. كما سلطنا الضوء على تفسير هيكل الغطاء النباتي عن طريق تحليل عوامل المراسلات (AFC). واخيرا قمنا بدراسة phylogénétique لمختلف التجمعات النباتية الموجودة حاليا بالمنطقة (جبال تلمسان) وهذا باستخدام طريقة Neighbor-Joining وبرنامج R.

في الختام خلصت الدراسة التي قمنا بها الى معرفة اهمية الغطاء النباتي و التنوع البيوجيوجرافي وكذلك نوعية التربة, في ظل كل المتغيرات المناخية و تأثير الانسان والحيوان والذي يؤدي الى تدهور الغطاء النباتي في هذه المنطقة و جب وضع استراتيجيات للمحافظة على الثروة الغابية.

الكلمات المفتاحية: جبال تلمسان (غرب الجزائر), phylogénétique , التجمعات النباتية, AFC, تأثير الانسان و الحيوان,

Étude écologique et phylogénétique de quelques formations végétales des Monts de Tlemcen (Ouest Algérien)

Résumé : Ce travail est consacré à l'étude écologique et phylogénétique de quelques formations végétales des Monts de Tlemcen (Ouest Algérien). Nous avons mené de front une étude floristique, pédologique et phylogénétique sur 8 stations présentant des caractéristiques géographiques et climatiques différentes. L'étude de la végétation a été réalisée par une démarche typiquement phyto-écologique dont les formations végétales rencontrées offraient une grande diversité : 349 espèces ont été identifiées. L'interprétation de la structure du tapis végétal est mise en évidence par une analyse factorielle des correspondances (AFC). Enfin, nous avons réalisé une étude phylogénétique des différentes formations végétales existant actuellement dans notre zone d'étude, et ce à l'aide de la méthode de Neighbor-Joining et du logiciel R. En conclusion, l'étude souligne l'intérêt remarquable que présente la végétation des Monts de Tlemcen du point de vue de leurs significations écologiques, biogéographiques et évolutives, ainsi qu'en matière de potentialités édaphiques. Vu l'importance de la dégradation dans cette zone qui est d'origine humaine et climatique, il est nécessaire de mettre en place une politique de conservation de ce patrimoine forestier.

Mots clés : Monts de Tlemcen (Ouest Algerien) - phylogénétique – AFC - formations végétales – Impact anthropozoogène.

Ecological study and phylogenetic analysis of a few plant formations of the Monts de Tlemcen (West Algeria)

Summary: This work is devoted to ecological and phylogenetic study of some plant formations of the Monts de Tlemcen (West Algeria). We spearheaded a flora, soil and phylogenetic study of 8 stations with different geographical and climatic characteristics. The vegetation survey was carried out by a typical phyto-ecological approach which encountered vegetation provided a great diversity: 349 species have been identified. The interpretation of the vegetation's structure is highlighted by a correspondence analysis (AFC). In the end, we conducted a phylogenetic study of different existing vegetation present in our study area, and this, using the Neighbor-Joining method and the software R. In conclusion, the study highlights the remarkable interest of the vegetation of the mountains of Tlemcen, from the viewpoint of their ecological, biogeographic and evolutionary meanings as in edaphic material potentialities. Given the importance of degradation in that area which is of human origin and climate, it is necessary to master in place a policy of conservation of this forest heritage.

Key words: Monts de Tlemcen (West Algerian) - phylogenetic - AFC - vegetation - anthropozoogene Impact