

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 Sciences de la Terre et de l'Univers

Département d'Ecologie

Intitulé du Laboratoire de recherche : N°13 Ecologie et gestion des écosystèmes naturels

MEMOIRE

Présenté par :

Mlle Zenagui Nesrine

En vue de l'obtention du

Diplôme de MASTER

En : Ecologie

Thème :

Synthèse phylogénétique des communautés végétales dans les matorrals des monts de Tlemcen.

Soutenu le : 02/07/2017, devant le jury composé de :

<u>Président</u>	M. Benabadji	Noury	Professeur	Université de Tlemcen.
<u>Encadreur</u>	M. Ghezlaoui	Bahae-Ddine	M.C.A	Université de Tlemcen.
<u>Examineur</u>	M. Bouchikhi	Tani Zoheir	M.C.A	Université de Tlemcen.

ملخص:

تعتبر منطقة تلمسان (غرب الجزائر) خزان كبير من التنوع البيولوجي النباتي. ولكن هذه المنطقة قد خضعت لضغوط النشاط البشري والحيواني مما أدى إلى تحطم الغابات.

تم تنفيذ هذا العمل على مستوى Matorrals للمنحدر الجنوبي لمنطقة تلمسان شمال غرب الجزائر. في هذه الدراسة اعتمدنا على المعايير النباتية والبيئية والجغرافية الحيوية.

مقارنة النسب البيولوجية يدل على أهمية تواجد النباتات التي تتحمل الظروف السيئة مما يعكس اضطراب الغطاء النباتي ففتحول إلى اراضي قاحلة.

يتم توسيع هذا البحث من قبل توليفة النشوء والتطور بفضل البرنامج MEGA 0.06 وطريقة neighbour-joining الذي سمح بتسليط الضوء على العوامل البيئية التي ميزت تطور هذه الأصناف في التكيف مع تغير المناخ الذي تمر به المنطقة.

الكلمات المفتاحية: النشوء والتطور، Thérophytes، تلمسان، Matorrals، شبه قاحلة.

RESUME :

La région de Tlemcen (Algerie occidentale) est un grand réservoir de la biodiversité végétale. Mais cette région a subi une pression anthropozoogène importante conduisant à la déforestation et la dematorralisation.

Ce travail a été réalisé au niveau des matorrals du versant sud de la région de Tlemcen au nord-ouest d'Algérie. Dans cette étude nous avons adoptés des critères floristiques, écologiques et biogéographiques.

La comparaison des spectres biologiques montre l'importance des Thérophytes. Cette thérophytisation témoigne la perturbation des formations végétales des certaines écosystèmes qui se transforme en pelouse.

Cette recherche est étoffée par une synthèse phylogénétique par le logiciel MEGA 0.06 et la méthode neighbour-joining qui a permis de mettre en exergue les facteurs écologiques qui ont jalonné l'évolution de ces taxons en adaptation avec les changements climatiques qu'a connu la région.

MOTS CLES : Phylogénie, Thérophytes, Tlemcen, Matorrals, Semi-arid.

ABSTRACT:

The region of Tlemcen (Western Algeria) is a great reservoir of plant biodiversity. But this region has undergone significant anthropozoogenic pressure leading to deforestation and dematerialisation.

This work was carried out at the matorrals level of the southern slope of the Tlemcen region in the north-west of Algeria. In this study we adopted floristic, ecological and biogeographical criteria.

The comparison of biological spectra shows the importance of Therophytes. This therophytisation demonstrates the disruption of plant formations of some ecosystems that turns into lawn.

This research is supplemented by a phylogenetic synthesis using the MEGA 0.06 software and the neighboring joining method, which highlighted the ecological factors that marked the evolution of these taxa in adaptation to the climate change in the region.

KEY WORDS: Phylogeny, Therophytes, Tlemcen, Matorrals, Semi-arid.

Dédicace

*Avant tout je remercier Dieu le tout puissant et
miséricordieux de m'avoir donné la force et la patience
d'accomplir ce modeste travail.*

*Je dédie ce mémoire à celle qui m'a donnée la vie, le symbole
de tendresse, qui s'est sacrifiée pour mon bonheur et ma
réussite, à ma très chère mère... À mon père, école de mon
enfance qui a été mon ombre durant toute les années des
études, et qui a veillé tout au long de ma vie à
m'encourager, à me donner l'aide et à me protéger. Je les
remercie du fond du cœur d'être présents pour moi ;
À mes sœurs : Doha, Issraa, Alaa, Manare et ma tante
Amel ;
À mes amis(es) : Imène, Nihad, Rabab, Fatima, Djihad,
Latifa, et tous mes amis(es) avec lesquelles j'ai partagé mes
meilleures années d'étude ;
À tous les membres de ma famille ZENAGUI ;
À tous ceux qui m'ont aidé et encouragé pour l'élaboration
de ce modeste travail.
Que le Dieu les garde et les protège.*

Douaa.

Remerciements

*Je tiens tout d'abord à remercier Monsieur **GHEZLAOUI Bahae-Ddine** pour son encadrement, ses conseils, ses critiques constructives, ses qualités humaines et scientifiques qui m'ont amplement aidé à réaliser ce travail. Veuillez trouver ici, Monsieur, l'expression de ma reconnaissance et de mes Remerciements les plus sincères.*

Je tiens également à remercier les membres du jury qui m'a fait l'honneur de leur présence puissant et m'ont apporté leur jugement d'experts.

*Monsieur **BENABADJI Noury**, Professeur au Département de Biologie, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, des Sciences de la Terre et de l'Univers, département d'Ecologie et Environnement de l'Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen pour avoir accepté de présider le jury.*

*Monsieur **BOUCHIKHI TANI Zoheir**, maitre de conférences à la Faculté des Sciences de la Vie et de la Nature et des Sciences de la Terre et de l'Univers, département d'Ecologie et Environnement de l'Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen qui a bien voulu examiner ce travail.*

Enfin, je tiens également à remercier tous nos enseignants et les personnes qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce travail.

TABLE DES MATIERES.

	Page
Résumé	
DEDICACES	
REMERCIEMENT	
TABLE DES MATIERES	
INTRODUCTION GENERALE.....	1
CHAPITRE I : ANALYSE BIBELIOGRAPHIQUE.	
I.1. MEDITERRANEE.....	4
I.2. EN AFRIQUE.....	8
I.3. AU MAGHREB.....	10
I.4. EN ALGERIE.....	11
I.5. EN ORANIE.....	13
I.6. LE CAS DE TLEMCCEN.....	13
CHAPITRE I : MILIEU PHYSIQUE.	
II.1. Situation géographique.....	16
II.2. Aperçus géographique et géomorphologique.....	19
II.2.1. Les monts de Tlemccen.....	19
II.2.1.1 Nord des monts de Tlemccen.....	20
II.2.1.2 Sud des monts de Tlemccen.....	20
II.2.2. Les hautes plaines steppiques.....	20
II.3 Hydrologie.....	21
II.3.1 Les monts de Tlemccen.....	21
II.3.2 Les hautes plaines steppiques.....	22
II.4 Pédologie.....	22
II.4.1. Sols des monts de Tlemccen.....	22
II.4.1.1. Sols fersiallitiques (sols rouges méditerranéens).....	22
II.4.1.2. Sols lessivés et podzoliques.....	23
II.4.2. Les hautes plaines steppiques.....	23
II.5. Les choix des stations.....	24
II.5.1. Description des stations.....	24
II.5.1.1. Station n°01 de Tlemccen.....	24

II.5.1.2. Station n°02 de Hafir.....	25
II.5.1.3. Station n°03 de Sebdou.....	27
II.5.1.4. Station n°04 de Sidi El-Djilali.....	27

CHAPITRE III : ETUDE BIOCLIMATIQUE.

INTRODUCTION.....	29
III.1. Méthodologie.....	30
III.2. Facteurs climatiques.....	31
III.2.1. Précipitations.....	31
III.2.1.1. Régimes pluviométriques.....	32
❖ Régime mensuelle.....	32
❖ Régimes saisonniers.....	35
III.2.2. Température.....	37
III.2.2.1. Températures moyennes mensuelles.....	37
• Température moyenne minimale du mois le plus froid « m ».....	39
• Température moyenne maximale du mois le plus chaud « M ».....	39
III.2.2.2 Amplitudes thermiques, continentalité.....	40
❖ Amplitudes thermiques.....	40
❖ Indice de continentalité.....	40
III.2.3. Autre facteurs climatiques.....	41
III.2.3.1. Le vent.....	41
III.2.3.2. La neige.....	42
III.3. Synthèse bioclimatique.....	42
III.3.1. Classification des ambiances bioclimatiques en fonction de "t" et "m".....	42
III.3.2. Diagramme Ombrothermique de Bagnouls et Gaussen.....	43
III.3.3. Indice d'aridité DE MARTONNE.....	45
III.3.4. Quotient pluviothermique d'Emberger.....	46
CONCLUSION.....	49

CHAPITRE IV : APPROCHE FLORISTIQUE.

INTRODUCTION.....	50
IV.1.Echantillonnage.....	51
❖ Définition de l'échantillonnage.....	51
❖ La taille de l'échantillon.....	51

❖ Types d'échantillonnage.....	51
IV.2. Méthodologie.....	52
IV.2.1. Méthode de l'aire minimale.....	52
IV.2.2. Les critères analytique.....	54
▪ Echelle d'abondance-dominance (BRAUN-BLANQUET <i>et al.</i> , 1952).....	54
▪ Echelle de sociabilité (BRAUN-BLANQUET <i>et al.</i> , 1952).....	55
IV.3. Composition systématique.....	56
IV.4. Caractérisation biologique.....	61
➤ Type biologique.....	61
➤ Le spectre biologique.....	62
IV.5. Indice de perturbation.....	66
IV.6. Caractérisation morphologique.....	67
IV.7. Caractérisations biogéographiques.....	69
CONCLUSION.....	82
CHAPITRE V : ANALYSE PHYLOGENETIQUE.	
INTRODUCTION.....	83
V.1.Des généralités.....	83
V.2. De la généalogie à la phylogénie.....	84
V.2.1. De Lamarck à Haeckel.....	84
V.2.2. L'arbre phylogénétique.....	85
V.3. Classification des espèces.....	85
V.3.1. Historique.....	85
V.3.2. Les principes et les méthodes de la systématique.....	88
V.3.2.1. Le cladisme.....	89
V.3.2.2. Notion d'homologie et d'homoplasie.....	90
V.3.2.3. Parcimonie.....	91
V.4. La phylogénie moléculaire.....	92
V.4.1. Construction d'arbres phylogénétiques.....	93
V.4.2. Les molécules utilisées.....	93
V.5. Classification phénétique : Moléculaire.....	94

• Méthode UPGMA.....	96
• Méthode du Neighbor-Joining (N.J).....	96
• Les mesures de bootstrap.....	97
• Les méthodes cladistiques.....	98
V.6. Méthodologie.....	99
V.7. Résultats.....	100
V.8. Discussion.....	100
➤ Le cladogramme 01 : (Station de Tlemcen).....	101
➤ Le cladogramme 02 : (Station de Hafir).....	104
➤ Le cladogramme 03 : (Station de Sebdou).....	111
➤ Le cladogramme 04 : (Station de Sidi-Djilali).....	114
CONCLUSION.....	116
CONCLUSION GENERALE.....	118
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	120

ANNEXE

Liste des figures :

		Page
Figure 01	Carte de situation géographique des stations d'étude (d'après Google Maps 2017).	17
Figure 02	Situation géographique de la zone d'étude (D'après : MEDJAHDI B. et al.2013).	18
Figure 03	Points-chauds (hotspots) régionaux de biodiversité végétale de la région méditerranéenne (d'après Médail & Quézel 1997, complété).	19
Figure 04	Log lithostratigraphique synthétique des monts de tlemcen (BENEST et al 1999).	24
Figure 05	Répartition des précipitations moyennes mensuelles dans les trois stations météorologiques.	34
Figure 06	Régimes saisonniers des précipitations pour les trois stations.	36
Figure 07	moyennes mensuelles des températures pour les trois stations météorologiques.	39
Figure 08	Diagramme ombrothermique des trois stations (Hafir, Saf-saf, Sebdou).	44

Figure 09	Abaque pour le calcul de l'indice d'aridité de De Martonne.	46
Figure 10	Climagramme pluviothermique d'Emberger.	48
Figure 11	Le système emboité pour déterminé l'aire minimale (MUELLER-DOMBOIS et ELLENBERG ; 1974).	53
Figure 12	Détermination de l'aire minimale par établissement de la courbe aire-espèces (sources : LACOSTE et SALANON, 2001).	54
Figure 13	Répartition par familles de la zone d'étude.	57
Figure 14	Répartition par familles des stations Tlemcen et Hafir.	58
Figure 15	Répartition par familles des stations Sebdou et Sidi-Djilali.	59
Figure 16	Classification des types biologiques de Raunkiaer.	62
Figure 17	Pourcentages des types biologiques de quatre stations (Tlemcen, Hafir, Sebdou, Sidi-Djilali).	63
Figure 18	Pourcentage des types biologiques de la zone d'étude.	64
Figure 19	Pourcentage des types morphologiques de la zone d'étude.	67
Figure 20	Pourcentage des types morphologiques des stations d'études (Tlemcen, Hafir, Sebdou, Sidi-Djilali).	68
Figure 21	Répartition des types biogéographiques de zone d'étude.	71
Figure 22	Répartition des types biogéographiques (stations Tlemcen et Hafir).	72
Figure 23	Répartition des types biogéographiques des stations d'étude Sebdou et Sidi-Djilali.	73
Figure 24	Structure d'un arbre phylogénétique.	89
Figure 25	Structure des groupes mono-, para-et polyphylétiques.	90
Figure 26	Différent catégorie de ressemblance (Homologie, convergence, réversion).	91
Figure 27	Structure d'arbre phylogénétique bootstrapé.	98

ANNEXE.

Figure 28	Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Tlemcen d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).	
Figure 29	Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station d'Hafir d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).	
Figure 30	Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Sebdou d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).	
Figure 31	Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Sidi-Djilali d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).	

Liste des tableaux :

		Page
Tableau 01	Les coordonnées géographiques des stations d'études.	16
Tableau 02	Données géographiques des stations météorologiques retenues.	31
Tableau 03	Précipitations moyennes mensuelles et annuelles.	33
Tableau 04	Régimes pluviométriques saisonniers des stations météorologiques.	35
Tableau 05	Températures moyennes mensuelles et annuelles.	37
Tableau 06	Moyenne des températures maximales et minimales des trois stations.	40
Tableau 07	Indice de continentalité de DEBRACH.	41
Tableau 08	Etages de végétation et type du climat.	43
Tableau 09	Indice d'aridité de De Martonne.	45
Tableau 10	Quotient pluviothermique d'Emberger.	47
Tableau 11	Compositions par familles dans les quatre stations.	55
Tableau 12	Pourcentage des types biologiques dans les quatre stations.	62
Tableau 13	Indice de perturbation des stations étudiées.	66
Tableau 14	Pourcentage des types morphologiques.	67
Tableau 15	pourcentage des types biogéographiques.	70
Tableau 16	Inventaire exhaustif de la zone d'étude.	74

Liste des photos :

		Page
Photo 01	Station de Tlemcen.	25
Photo 02 et 03	Station de Hafir.	26
Photo 04	Station de Sebdou.	27
Photo 05	Station de Sidi-Djilali.	28

Signification des abréviations utilisées :

(1), (2), (3) Interview Mohammed Reguid 2010 Conservateur des forêts.

ONM : Office National de la Météorologie.

Types biologiques :

Ph : Phanérophytes.

Ch : Chamaephytes.

Th : Thérophytes.

He : Hémicryptophytes.

Ge : Géophytes.

Types morphologiques :

H.A : Herbacée annuelle ;

H.V : Herbacée vivace ;

L.V : Ligneux vivace.

Types biogéographiques :

Alt-Circum-Med : Atlantique Circum-Méditerranéen ;

Alt-Méd: Atlantique Méditerranéen ;

Can-Med : Canarien-Méditerranéen ;

Circumbor : Circumboréal ;

Circum-Med : Circum-Méditerranéen ;

Cosm: Cosmopolite ;

End: Endémique ;

End-Ag-Mar: Endémique Algérie-Maroc ;

End-NA : Endémique Nord-Africain ;

Eur : Européen ;

Eur-Méd : Européen-Méditerranéen ;

Euras : Eurasiatique ;

Eur-As : Européen-Asiatique ;

Euras-N-A-Trip : Eurasiatique -Nord-Africain-Tripolitaine ;

Euras-Aj-Sept : Eurasiatique

Euras-Med : Eurasiatique- Méditerranéen ;

Eur-Mérid-N-A : Européen- Méridional Nord-Africain ;

Eury-Méd : -Méditerranéen

Ibero-Mar : Ibéro- Marocain ;

Ibero-Maur : Ibéro-Mauritanien ;

Ibero-Maurit-Malt : Ibéro-Mauritanien

Macar-Med: Macaronésien- Méditerranéen ;

Macar-Med-Irano-Tour: Macaronésien- Méditerranéen -Irano-Touranien ;

Med: Méditerranéen ;

Med-Atl: Méditerranéen- Atlantique ;

Med-Irano-Tour : Méditerranéen-Irano-Touranien ;

N-A-Trip: Nord-Africain Tripolitaine ;

N-A: Nord-Africain ;

Paleo-Subtrop : Paléo-Sub-Tropical;

Paleo-Temp: Paléotempéré ;

Sah: Saharien ;

Sub-Cosm : Sub-Cosmopolite;
S-Med-Sah: Sud-Méditerranéen-Saharien ;
Sub-Med: Sub-Méditerranéen;
W-Med : Ouest-Méditerranéen.

Signification des abréviations utilisées de la synthèse phylogénétique :

BP : les valeurs de bootstrap.

Clade : groupe de classification correspondant à un taxon monophylétique.

ITS : Internal Transcribed Spacer.

Monophylétique : un groupe d'individus est dit monophylétique quand il contient tous les descendants d'un ancêtre commun.

Nœud : point de rencontre de deux branches.

INTRODUCTION GENERALE.

INTRODUCTION GENERALE :

La couverture végétale constitue une des composantes principales des milieux naturels. La végétation joue un rôle fondamental dans la structure et le fonctionnement des écosystèmes dont elle constitue une expression du potentiel biologique.

La biodiversité, terme avancé dans la communauté scientifique lors du premier Forum National sur la Diversité Biologique (Washington, 1986), fait référence au nombre et à la variété de formes des organismes vivants, ainsi qu'à leurs attributs écologiques et leur contenu génétique. Elle constitue un enjeu social, politique, économique, scientifique et éthique.

Sur une superficie totale de 9017.69 Km², la wilaya de Tlemcen couvre une superficie forestière totale de l'ordre de 199 488 ha (1), dont 137 217 ha (2) de forêt et le reste composé de maquis et broussaille.

Les forêts claires occupent approximativement 43 000 ha (3) et représentent près de 20% de la superficie forestière. Ces formations sont localisées dans les Monts de Tlemcen versant sud, Meurbah, Djabel Assès et Ouled Nehar.

Les monts de Tlemcen font partie du patrimoine forestier national algérien, ces derniers offrent un modèle d'étude très intéressant pour la diversité des paysages et la remarquable répartition de la couverture végétale conditionnée par un nombre important de facteurs écologiques ; **TINTHOIN (1948)**.

DAHMAN (1996) signale que l'analyse de la richesse floristique des différents groupements, de leurs caractères biologiques et chronologiques permettrait de mettre en évidence leur originalité floristique, leur état de conservation et, par conséquent, leur valeur patrimoniale. La connaissance des particularités biologiques et écologiques des espèces de même que l'identification des facteurs historiques et actuels à l'origine des fluctuations de la flore sont indispensables, à toute action de conservation de la biodiversité.

Selon **LOISEL (1978)**, la végétation est le résultat de l'intégration des facteurs floristiques, climatiques, géologiques, historiques, géomorphologiques et édaphiques.

D'un point de vue purement biogéographique la flore méditerranéenne actuelle correspond à divers ensembles hétérogènes liés à la paléo-histoire de la région déclarent **QUEZEL (1985), QUEZEL et al. (1980).**

Le paysage forestier et pré forestier connaît des transformations rapides régressives liées aux différents processus de dégradations. A ce sujet ; **BONIN et al (1980)** mentionnent qu'il est infiniment probable que cette évolution régressive de ces écosystèmes (forêts, pré-forêts et matorrals), soit engagée et peut devenir irréversible. (**TOMASSELLI ; 1976**) et (**QUEZEL ; 1981**)

QUEZEL (1976), souligne que les forêts méditerranéennes se rapportaient aux matorrals et se rencontrent aux étages arides, et semi-arides et recouvrent de vastes étendues. En Oranie et sur les monts de Tlemcen, un peuplement particulier occupe une place importante dans les phases dynamiques de la couverture végétale, les formations végétales sont représentées essentiellement par les matorrals dégradés.

Selon **GERMAIN (1952)**, les influences anthropiques ne changent pas le fond floristique en lui-même, mais si elles les réduisent parfois ; elles se traduisent surtout par les apports des plantes rudérales, culturales et nitrophiles mais aussi par des plantes épineuse et/ou toxique.

Selon **BOUAZZA et BENABADJI (2001)** .Ces derniers (**2007**) soulignent aussi que, au niveau de Djebel Mékaidou (sud de Sebdou), il y a une trentaine d'années on observait un taillis de chêne vert riche en espèces ligneuses (une vingtaine d'espèces d'arbustes et de lianes).L'inventaire floristiques de 2004 dévoile la disparition du chêne vert et la quasi-élimination des arbustes (3especies recensées seulement) et le développement d'une steppe à *Stipa tenacissima* (alfa) ou dominant les espèces végétales annuelles.

La biodiversité au niveau d'un paysage est donc la résultante des processus de perturbation, de succession et de l'organisation spatiale des gradients environnementaux qui en découle ; **FROISE (1999).**

Cette étude se proposait de réaliser la connaissance de diversité génétique multi-espèces d'arbres et d'arbustes, dans le but de caractériser les communautés végétales du versant sud de la région de Tlemcen ;

Nous allons présenter ce travail en cinq chapitres :

- Analyse bibliographique.
- Milieu physique.
- Etude bioclimatique.
- Approche floristique.
- Synthèse phylogénétique.

**CHAPITRE I : ETUDE
BIBLIOGRAPHIQUE.**

I.1. MEDITERRANEE :

Estimée à 25000 espèces ou 30000 espèces et sous espèces, la richesse floristique de la région méditerranéenne équivaut à environ 10% des végétaux supérieurs du globe présents sur seulement 1.6% de la surface terrestre ; **MEDAIL & QUEZEL (1997)**.

Les paysages méditerranéens offrent un modèle d'étude de l'évolution floristique et végétale dont la variabilité et leurs différences restent très remarquables. La végétation permet de caractériser l'état d'un écosystème et engendre ses modifications naturelles ou provoquées car elle est la meilleure résultante du climat et des sols.

Divers travaux récents ont attiré l'attention des biologistes et des généticiens sur l'intérêt remarquable que présentent les forêts méditerranéennes, du point de vue de leur richesse spécifique végétale, tant au niveau des essences qui les constituent que des espèces qui participent au cortège des habitats qu'elles individualisent ; **QUEZEL P (1974) ; QUEZEL P (1974)**.

Le bassin méditerranéen a été décrit comme l'une des régions les plus riches et les plus complexes sur les plans géologique, biologique et culturel ; **BLONDEL et al(2010)**. Par sa diversité biologique et son degré d'endémicité élevés, il constitue l'un des 34 "points chauds" de la planète ; **MYERS et al(2000)**. Toutefois, nulle part ailleurs, les milieux naturels n'ont été aussi modifiés qu'en région méditerranéenne ; la perte et la dégradation des habitats y figurent parmi les menaces les plus sérieuses d'érosion de la biodiversité ; **RISERVATO et al (2009)**. Cette pression anthropique est nettement plus intense en Afrique du Nord ; **GARCIA et al(2010)** et il est prévu qu'elle s'intensifie dans la perspective d'un réchauffement climatique qui exacerbera l'aridité de la région ; **HULME et al(2001)**. Ces changements globaux ne sont pas sans conséquences sur la santé publique, **DAILY et P.R. EHRlich (1996)**, **S.W. LINDSAY et M.H. BIRLEY(1996)**, aussi est-il urgent d'identifier les menaces et d'élaborer des réponses adéquates pour conserver la biodiversité et pérenniser les différents services des écosystèmes ; **W.R. TURNER et al(2007)**.

Selon **QUEZEL et al (1980)**, l'étude et la préservation de la biodiversité du bassin méditerranéen présente un grand intérêt pour sa grande richesse liée à l'hétérogénéité de facteurs historiques, paléogéographiques, paléo-climatiques, écologiques et géologiques qui le caractérisent, ainsi que l'impact sécuritaire anthropique.

Les études de paléoécologie et de phylogéographie confirment bien que les zones refuges forment des territoires-clés pour expliquer l'organisation et l'originalité de la biodiversité méditerranéenne.

Ces refuges abritent des espèces reliques et des lignées végétales anciennes, et ils se localisent notamment : (i) dans certaines régions méridionales épargnées par le front glaciaire, notamment les grandes péninsules (Ibérie, Italie, Balkans, Anatolie) et les îles et (ii) dans les secteurs où la topographie (massifs, isolés, gorges, falaises, vallons côtiers) et/ou le climat local particulier (importante, humidité, atmosphérique) ont facilité la persistance de ces flores anciennes ; un des exemples les plus remarquables est celui des vallons côtiers humides et chauds d'Andalousie méridionale qui abritent des populations végétales reliques d'origine tertiaire (ex : *Rhododendron ponticum*, *Prunus lusitanica*, *Psilotum nudum*) ; vestiges des forêts laurifoliées du Tertiaire.

L'étude d'un jeu de données génétiques des populations méditerranéennes de plus de quatre-vingt espèces a permis l'identification et la délimitation d'une cinquantaine de zones refuges péri-méditerranéennes, **MEDAILI & DIADEMA (2009)**.

Trente-trois sont situées dans la partie occidentale du bassin et dix-neuf à l'Est. Il existe une congruence spatiale significative entre ces cinquante-deux refuges et les zones majeures de biodiversité méditerranéenne : la totalité des territoires à fort taux d'endémisme végétal est incluse dans les refuges identifiés et la moitié des refuges est englobée dans les dix points-chauds régionaux de richesse floristique. Ces résultats suggèrent que des mécanismes évolutifs et biogéographiques similaires ont eu une influence déterminante sur la biodiversité actuelle, et expliquent les congruences entre secteurs riches en endémiques et zones d'originalité génétique. Jusqu'à l'avènement de la société industrielle les écosystèmes du nord et du sud de la méditerranée occidentale ont subi des impacts anthropiques et des pratiques agro-sylvo-pastorales pluri-séculaires, qui ont conduit à des formations économiques et sociales radicales survenues ont engendré de nouvelles dynamiques paysagères avec de nombreux changements de structure et de compositions spécifiques pour de nombreux types d'écosystèmes (pelouses, prairies, matorrals, forêt). La fracture majeure dans l'utilisation des milieux méditerranéens entre le nord et le sud date de la fin de la première guerre mondiale et, depuis les évolutions observées sont radicalement différentes ; **BARBERO et al(1990)** ; **MAZZOLENI et al(2004)**.

La région méditerranéenne est l'un des 34 points chauds du monde (hot spots), représente une diversité biologique exceptionnelle soulignée récemment face à la crise actuelle d'extinction d'espèces due à des changements globaux et les facteurs anthroozoogènes menacent cet héritage biologique unique **BLONDEL et MEDAIL(2005)**.

La région méditerranéenne est l'une des 25 points chauds pour biodiversité de la planète, ces « Points chauds » se caractérisent à la fois par des niveaux exceptionnels d'endémisme végétal et des niveaux critiques de pertes d'habitats (d'au moins 70%), ils constituent dès lors, l'objet principal des efforts de conservation ; **NADIN (2008)**.

La flore méditerranéenne actuelle est formée d'un mélange complexe d'espèces aux origines biogéographiques variées et plus ou moins anciennes. Elle est le résultat de différenciations locales à partir d'espèces ancestrales, et de multiples migrations de végétaux, répétées au fil du temps. L'histoire géologique particulièrement mouvementée de cette région et les fortes variations climatiques survenues depuis 2 millions d'années (Ma) constituent des facteurs historiques clés pour expliquer cette biodiversité très hétérogène, **THOMPSON (2005)**.

La diversité végétale des forêts méditerranéennes, beaucoup plus accusée que celle des forêts européennes, s'explique par des facteurs paléogéographiques ; **VERLAQUE et al(1997)** et historiques mais aussi par des critères écologiques actuels ; **QUEZEL (1985)**. Par ailleurs, le monde méditerranéen, plus que toute autre région du monde, offre pour sa flore et pour ses paysages majeurs, d'étroites interrelations avec les activités humaines qui l'ont façonné depuis près de 10 000 ans, **THIRGOOD (1981)** Pons et **QUEZEL (1985)**.

Les communautés forestières analysées ont été sélectionnées sur la base: (i) des divers étages de végétation: infra-méditerranéen, therrno-méd., méso-méd., supra-méd., montagnard-méd., oro-méd., et alti-méd., **QUEZEL (1974) QUEZEL & BARBERO (1982), (1985)**, (ii) du bioclimat (aride, semi-aride, sub-humide et humide) établi selon **LA CLASIFICACION D'EMMBERGER (1939)** affinée par **DAGET (1977)**, (iii) des essences forestières dominantes qui structurent les peuplements, (iv) de la nature du substrat, et (v) de la situation géographique. Afin de garantir au maximum une bonne homogénéité des données, les communautés retenues sont quasi-exclusivement celles étudiées et définies sur le pourtour méditerranéen depuis une trentaine d'années par trois des auteurs (M. B., R. L. & P. Q.) (En particulier: **ABI-SALEH & al (1976) AIME & al (1986) BARBERO (1970), BARBERO**

& LOISEL (1983), BARBERO & Quezel (1976), (1979), (1980), (1986), (1994), BARBERO & al. (1971), (1976), (1981), (1982), BOYER & al. (1983), El HAMROUNI & LOISEL (1979), LOISEL (1976), QUEZEL & BARBERO (1986), (1988), QUEZEL & al. (1987), (1992) ou par leur équipe, **GRUBER (1967) GAMISONS (1976) (1978), (1979), (1988), (1991), DAHMANI-MEGREROUCHE (1998), El HAMROUNI (1994)**. Les peuplements sélectionnés se situent en Afrique du Nord (42), Syrie-Liban (21), Grèce (22), Crète (9), Chypre (9), Corse (12), et France continentale méditerranéenne (30), soit un total de 145 communautés forestières, pré-forestières ou pré-steppiques. Cet échantillonnage autorise des comparaisons entre les groupements (i) de Méditerranée occidentale et orientale, (ii) de Méditerranée septentrionale et méridionale, mais aussi (iii) entre les situations continentales et insulaires. N'ont pas été considérées ici les forêts de Macaronésie, car ces peuplements à dominante de laurifoliés, bien que de souche essentiellement méditerranéenne ou méridionale **QUEZEL (1995)**, aient une organisation sylvigénétique fort différente **SANTOS-GUERRA (1990)**.

L'ensemble des relevés a été effectué selon la méthode phytosociologique développée par **BRAUN-BLANQUET (1932)**, et sur des surfaces généralement voisines de 100 m². Pour chaque communauté, ont été dénombrés : (i) le nombre de taxons (espèces et sous-espèces), (ii) le nombre d'endémiques *sensu lato* (soit les endémiques et les sub-endémiques de la région considérée) c'est-à-dire les taxons à répartition restreinte ou morcelée dans la même unité biogéographique, et (iii) la richesse en ligneux dominants et associés, en se limitant aux phanéropytes de taille potentielle égale ou supérieure à 2 m (lianes exclues).

La nomenclature suivie est généralement celle proposée par le "Med-Checklist", **GREUTER & al. (1984-1989)**, sauf indication contraire.

C'est aussi que la région méditerranéenne est considérée parmi les régions les plus peuplées du monde, ce qui rend ce patrimoine biologique vulnérable et fragile face à un climat changeant ; **QUEZEL et MEDAIL(2003)**.

La conservation, des forêts et de la végétation forestière du bassin méditerranéen, constitue un problème complexe du fait de l'hétérogénéité des situations et des multiples usages et pressions anthropiques pratiqués par les diverses entités culturelles de la Méditerranée depuis des millénaires, **QUEZEL& MEDAIL (2003)**.

I.2. EN AFRIQUE :

L'Afrique du Nord présente une multitude de paysages et de milieux diversifiés. Cette diversité est liée principalement à son climat. On peut identifier de nombreux types d'écosystèmes : côtiers, insulaires, montagneux, désertiques, oasiens et de zones humides. Les composantes de ces écosystèmes se sont constituées et développées sous des conditions bioclimatiques très différentes des conditions présentes.

Les milliers d'espèces végétales nord Africaines constituent pour la plupart des ressources génétiques dont certains sont des cas de spéciation à l'échelle planétaire. Certains sont d'intérêt économique pour être cultivables, oléagineuses, fourragères, aromatiques, médicinales et ornementales.

La situation actuelle est qualifiée de dramatique dans les divers pays d'Afrique du Nord et seuls des programmes ambitieux de gestion écologique intégrée permettront de sauver les lambeaux de forêts qui subsistent, ou de préserver quelques zones qui sont encore restées miraculeusement à l'abri de ces destructions, **QUEZEL & MEDAIL, (2003)**.

La flore de l'Afrique nord occidentale méditerranéenne est relativement bien connue **MAIRE R., (1952)**, pour son analyse historique. L'Afrique du Nord a joué également un rôle important dans l'introduction et la naturalisation d'espèces exotiques, arbres surtout. Le palmier dattier d'origine encore discutée **ZOHARY et al. (1993)**

D'après **QUEZEL (1983)**, la flore de l'Afrique méditerranéenne est diversifiée sur le plan phytogéographique suite à des modifications climatiques depuis le Miocène ce qui a provoqué la migration de la flore tropicale.

L'introduction d'espèces arbustives fourragères, souvent exotiques, en plantations monospécifiques, a en général été préférée à la réintroduction d'espèces autochtones. Ainsi, près d'un million d'hectares ont été plantés en Cactus (*Opuntia ficus-indica*, *Atriplex halimus* et *Acacia saligna* dans le nord de l'Afrique selon **Le HOUEROU (1995)**.

QUEZEL(1983) explique cette importante diversité biogéographique de l'Afrique méditerranéenne par les modifications climatiques durement subies par cette région depuis le Miocène et qui ont entraîné des migrations de flores tropicales et extratropicales dont on retrouve actuellement quelques vestiges.

Les matorrals à xérophytes épineux en coussinets (1957), caractérisent, en Afrique du Nord, les étages montagnards et oro-méditerranéens, où ils constituent, localement au moins, des stades de dégradation des formations à Thurifère, à Cèdre voire à Chêne vert. Les matorrals sur substrat siliceux, sont souvent désignés sous le terme de maquis. Ils peuvent dériver des divers types de forêts, par dégradation naturelle ou plus souvent anthropique ; ils en persistent des lambeaux appréciables, sur substrat calcaires occupent des surfaces énormes en Afrique du Nord, et individualisent de multiples groupements **QUEZEL P., (2000)**.

Les lignées méso-mégathermes xérophiles s'incluent dans un ensemble africain actuellement bien développé en Afrique sèche et en particulier dans la corne orientale et le rif, mais aussi dans la portion sud-occidentale de la péninsule arabique. Elles sont à peine présentes dans la paléo flore circum-méditerranéenne au moins pour les arbres : *Acacia*...**DRANCAENA (1988)**, voire **ARGANIA (1985)**. **DYKSTERHUIS (1994)**, **NOY-MEIR et al. (1989)**, **MILCHUNAS et LAUENROTH (1993)**, **MILTON et al. (1994)** et **ANDERSON et BRISKE (1995)** ; ajoutent que la transformation des steppes arborées et herbacées au profit des steppes à ligneux bas se produit dans les écosystèmes d'Afrique du Nord depuis plusieurs décennies déjà ; ce qui témoigne d'une dégradation avancée des terres de parcours et donc des services de fourniture de nourriture. Les steppes ou brousses typiques de la zone sahélienne présentent çà et là les manifestations du remplacement des déclin des espèces fourragères, en particulier des graminées pérennes et croissance des espèces peu ou non palatables. Ce phénomène de remplacement des espèces le long d'un gradient de dégradation est bien connu et a été étudié à de nombreuses reprises.

Dans le nord de l'Afrique, la régénération des parcours a été, durant les quatre dernières décennies, le défi à relever pour de nombreuses actions d'aménagement comme pour des travaux de recherche expérimentale sur la restauration. Le développement de l'écologie de la restauration a permis, à travers l'approche « restauration-réhabilitation réaffectation » **ARONSON J. et al (1995)**, de comprendre les processus dynamiques de la dégradation comme de la reconstitution des écosystèmes.

I.3. AU MAGHREB :

Les matorrals peuvent avoir un schéma progressif ou régressif et dans les conditions actuelles, les actions anthropozoogènes privilégient grandement le processus de dégradation.

Celle-ci est particulièrement évidente dans le Maghreb semi-aride, selon **BARBERO et al. (1995)**, où elle conduit à une extension des formations à pelouses annuelles voire à une prolifération des espèces toxiques ou épineuse non consommées par le bétail.

Le **HOUEROU (1985)**, évoquant cette dynamique, note que les caractéristiques phytosociologiques des forêts de pin d'Alep arides se retrouvent dans les steppes d'alfa sous l'isohyète 200mm aussi bien en Tunisie qu'en Algérie ou en Lybie. La végétation primitive des steppes arides, ajoute **HADDOUCHE I. (2009)**, n'a donc pas été partout steppique contrairement à ce qu'on le pense.

D'après **QUEZEL (2000)** ; Les stades de dégradation des formations arborées comprennent essentiellement des formations chamaephytiques, extrêmement développées au Maghreb ; qu'il s'agisse de matorrals secondaires à la dégradation forestière, très variés et très riches floristiquement, ou en bioclimat aride et semi-aride, de steppes beaucoup plus uniformes et généralement dominées du point de vue physiologique par une ou un petit nombre d'espèces.

Des pelouses d'espèces vivaces, ou annuelles, dérivent le plus souvent de la dégradation de ces formations. Il **QUEZEL P. (2000)** ajoute que les matorrals constituent les structures de dégradation de végétation sans doute les plus remarquables du Maghreb, en raison de leur richesse floristique, et en endémiques, en particulier dans certaines régions jouant un véritable rôle de centre de formation d'espèces, notamment le Rif, les Atlas marocains et le littoral oranais. Leur structure varie en fonction des substrats. Sur silice, ils s'organisent essentiellement autour des Cistaceae et des Ericaceae, et sur calcaire autour des Lamiaceae (*Rosmarinus* surtout) voire des Fabacées.

QUEZEL et al. (1994) signalent que « la flore et la végétation méditerranéenne occupent une grande partie des pays du Maghreb, Sahara exclu, c'est-à-dire environ 700000Km² s'étendant du Maroc à la Tunisie, sur une bande de territoire large de 400 à 700 Km, située entre les rivages de l'Atlantique, la Méditerranée occidentale et le golfe de Gabès.

Ses limites méridionales correspondent à son contact avec la région Saharo-Arabe ; c'est-à-dire, pour Capot-rey Capot-rey R.; (1953), au niveau de l'isohyète des 100 mm, encore que, à l'heure actuelle, celui des 150 mm soit plus significatif du point de vue écologique et biologique.

Quercus suber colonise des surfaces importantes au Maghreb, occupe essentiellement le thermo-méditerranéen et partiellement le méso-méditerranéen, la majeure partie des terrains primitifs, notamment dans le Plateau Central Marocain, le Rif, la Kabylie et la Kroumirie ajoute **QUEZEL P. (2002)**.

I.4. EN ALGERIE :

L'Algérie présente une richesse floristique importante. Sa flore est estimée à 3994, le nombre de taxons endémiques est de 464 (387 espèces, 53 sous-espèces et 24 variétés), soit 11.61 % des plantes vasculaires algériennes (Radford E.A., Catullo G., Montmollin B., 2011.). Plus de trois quarts (77.9%) des taxons endémiques stricts d'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 E., BENHOUS., (2007.)**.

L'Algérie possède une des flores les plus diversifiées et les plus originales du bassin méditerranéen. Cette flore compte 3 139 espèces réparties dans près de 150 familles parmi lesquelles 653 espèces sont endémiques, soit un taux d'endémisme d'environ 12,6 %. En ne considérant que le secteur phytogéographique oranais, celui-ci conserve environ 1 780 espèces végétales du total de la flore algérienne soit environ 57 % de la flore du pays, mais 95 % de la flore méditerranéenne maghrébine (cette dernière comptant 1 865 espèces selon **QUEZEL (2002)**).

Environ 14 % (250 espèces) de ces éléments floristiques sont répertoriés au niveau de la flore de **QUEZEL & SANTA (1962-1963)** comme strictement inféodés aux parcelles cultivées.

D'autre part en Algérie occidentale notamment, à partir des matorrals, on peut le résumer comme suit. A la matorralisation liée à la dégradation des structures forestières et préforestières, succède vite une dématorralisation avec disparition des ligneux autres que les résineux et apparition d'espèces annonçant la steppisation. Celle-ci est caractérisée sur les

massifs montagneux par le développement de *Stipa tenecissima* de *Artemesia herba halba* et parfois, plus au sud de *Noaea mucronata* et *Lygeumm spartum*, suivant le type de sol.

Cependant malgré l'importance de thérophytes, les chmaephytes gardent une place importante dans les formations végétales. Ils sont les plus fréquent dans les matorrals et mieux adaptés à l'aridité **QUEZEL (2002)**.

DAHMANI (1996) souligne que les chaméphytes sont plus fréquentes dans les matorrals. Leur nombre reste toutefois moins important que celui des thérophytes et des hémicryptophytes sauf en milieu nettement aride comme dans le cas de la chênaie méridionale du Sud d'Aflou (Atlas Saharien), où les chaméphytes jouent le rôle le plus important après les thérophytes. Les géophytes sont partout les moins bien représentées « 10% » avec une légère supériorité dans les formations forestières, préforestières et matorrals par rapport aux pelouses et matorrals xériques « 5% » Leur nature et leur signification sont toutefois différentes selon le cas. Les pelouses sont essentiellement thérophytiques et hémicryptophytiques. Les nanophanérophytes et chaméphytes n'apparaissent que sporadiquement.

D'après **HADDOUCHE (2009)** la végétation de la région de Naama est formée en grande partie par des espèces vivaces ligneuses (chmaephytes) ou graminéennes. Arbustive ou buissonnante, elle est discontinue formant des touffes couvrant 10 à 80% de la surface du sol. C'est une végétation basse et traque une hauteur variable ente 10 et 60 cm. Ces espèces vivaces sont particulièrement adaptées aux conditions climatiques et édaphiques arides. Un grand nombre d'entre elle gardent leur verdure en saison sèche.

Les rigueurs climatiques et l'instabilité structurale du sol (substrat sablonneux, 50%) favorisent le développement des espèces à cycle de vie court. **AIDOUD (1983)**, signale que dans les hauts plateaux algériens, l'augmentation des thérophytes est en relation avec un gradient croissant d'aridité. **BARBERO et al. (2001)** montrent que la thérophytisation est considérée comme le stade ultime de dégradation des différents écosystèmes avec la dominance des espèces subnitratophiles liées aux surpâturages. Cet appauvrissement du tapis végétal se traduit par la disparition progressive des phanérophytes et l'extension des chamaephytes.

I.5. EN ORANIE :

HADJADJ AOUL (1995) signale une avancée du matorral qui a pris la place des forêts sur 220 000 ha. Les matorrals de l'Oranie sont moins riches en endémiques, probablement en raison de leur dégradation plus poussée et des conditions climatiques plus arides. Les endémiques qui subsistent sont surtout des chamaephytes et des nanophanérophyles.

L'Oranie, région naturellement la moins arrosée et la moins boisée de toute l'Algérie septentrionale connaît la déforestation la plus intense. Il y a à peine un siècle, des rapports attestent que cette région possédait une armature végétale ligneuse honorable ou de nature à assurer l'équilibre écologique et même économique.

QUEZEL et al. (1992) précisent que : « de 1915 à 1989, près de 450 000 ha de formations forestières ont été détruits et reconvertis par défrichage et que c'est dans l'étage semi-aride que l'agression des parcours est la plus intense car la majorité des peuplements sont ouverts et la biomasse consommable se concentre dans la strate herbacée ».

Stipa tenacissima et d'autres espèces steppiques pré-sahariennes sont présentes même sur les côtes d'Oranie, où elles constituent des faciès de dégradation. Ces formations végétales qui constituent le caractère le plus original de l'Algérie occidentale, communément appelées steppe à *Stipa tenacissima*, bien que caractéristiques du bioclimat aride supérieur où elles sont fréquentes, existent également au sous-étage inférieur dans le Chott El-Gharbi. Ces steppes d'alfa constituent, tel que cela a été depuis longtemps suggéré, une séquence transitoire de la forêt à la steppe à chamaephytes ; cela est signalé par plusieurs chercheurs et nous ne citerons que quelques-uns d'entre eux **DJEBAILIS et al. (1982)**, **ACHOUR-KADI-HANIFI et al. (1992)** et **QUEZEL et al. (1992)**.

I.6. LE CAS DE TLEMCCEN :

La région de Tlemcen est donc composée de trois sous ensemble : les monts des Trara au Nord, le bassin de Tlemcen entre les deux massifs et au Sud les Monts de Tlemcen, **DESPOIS et RAYNAL (1972)**.

Dans la région de Tlemcen, le patrimoine forestier, comme celui des autres zones méditerranéennes, a connu depuis des décennies une continuelle régression due à une action

conjuguée de l'homme (déboisement, surpâturage) et du climat (sécheresse estivale, irrégularité des pluies, averses violentes). Une telle évolution a provoqué la substitution d'une végétation mésophytique d'origine, par une végétation xérophytique à des degrés les plus divers. Parmi les travaux les plus récents réalisés sur la végétation et l'influence anthropozoiique dans l'Oranie et la région de Tlemcen, citons ceux de **ALCARAZ (1982)**, **BENABDELLI (1983)**, **BENABADJI (1995)**, **BOUAZZA (1995)**, **AINAD-TABET (1996)**, **BOUAZZA et BENABADJI (1998,2001) et (2002) et BESTAOUI et al. (2007)**. **BOUAZZA et BENABADJI (2001)** signalent qu'il existe également sur les monts de Tlemcen (Traras et Sidi Djilali) un autre type de matorral appartenant à la même unité syntaxonomique : l'association à *Helianthemum pilosum* et *Thymus ciliatus*. Il s'agit de formations ligneuses basses avec alfa, diss, romarin, thym et asphodèle. Elles occupent les intervalles ente les taillis et les matorrals à chêne vert et diss, avec ou sans alfa. Elles occupent parfois l'ampelodesmaie (formation herbeuse à diss) ou la chamaeropaie (formation ouverte à palmier nain). Cette formation à alfa et romarin réunit notamment, outre ces espèces, *Hedysarum aculeolatum*, *Asperula hirsuta*, *Helianthemum rubellum*... Il s'agit d'un groupement dérivant de la dégradation des groupements à chêne vert, pin d'Alep, romarin, globulaire et alfa. A son nivau, les espèces du matorral se raréfient et sont remplacées par des thérophytes plus ou moins nitrophiles. Quelques rares vestiges forestiers persistent néanmoins (chêne vert, filaire), mais sont représentés par de très rares individus.

La répartition biogéographique de l'ensemble des essences forestières de la zone permet d'avancer le caractère xérophile de cette dernière. Les principales formations sont des chênaies de Chêne vert (*Quercus ilex*) plus ou moins dégradées. Aux altitudes, allant de 900 à 1500 m des monts nord occidentaux, le Chêne zeen (*Quercus canariensis*), le chêne vert (*Quercus ilex*) et le Chêne liège (*Quercus suber*) sont présents. Le Pin d'Alep (*Pinus halepensis*) est localisé dans les altitudes intermédiaires entre 800 et 900 m et le Thuya est concentré dans les parties basses des Monts de Tlemcen. Mais, avec la péjoration du climat, le thuya remonte plus en altitude ; selon **LE TREUCH, (1995)**.

AYACHE et al (2008) soulignent que la flore de la région apparaît, sur le plan phytogéographique, comme un ensemble hétérogène lié à la diversité des climats et des substrats qu'elle occupe ainsi qu'aux facteurs historiques. L'importance progressive de l'élément plurirégional témoignerait de l'importance de l'action anthropique dans l'uniformisation et la banalisation de la flore.

Avec plusieurs d'hectares de ces espaces pré-forestiers, c'est déjà le cas de Hafir, Béni-Saf, Oran, Maghnia et Sidi-Djilali, qui sont aujourd'hui matorralisés voire thérophytisés. Ces forêts « fossilisées, encore comptabilisées dans les statistiques forestières, masquent en partie l'accélération de la régression des écosystèmes forestiers sur toute l'Afrique du nord **QUEZEL (2000)**.

Dans un autre travail, **BESTAOUI (2009)** ajoute que l'impact humain par la coupe, les incendies et le pâturage importants sur ce type de milieu (monts de Tlemcen) ne facilite pas l'individualisation des groupements. En effet, partout l'ouverture des milieux entraîne la pénétration plus ou moins intense des espèces de matorrals *Rosmarineta officinalis* et de pelouse, ce qui ne facilite pas les diagnoses qui restent encore un sujet d'actualité.

CHAPITRE II :
MILIEU PHYSIQUE.

II.1. Situation géographique :

Notre étude porte sur les matorrals du versant sud de la région de Tlemcen. La région de Tlemcen s'étend sur une superficie de 9.018 km². Elle est située à l'extrême Nord-Ouest de l'Algérie. Elle limitée géographiquement :

- Au Nord par la mer Méditerranée.
- Au Nord-Est par Ain-témouchent.
- À l'Est par Sidi Bel-Abbes.
- À l'Ouest par la frontière Algéro-Marrocaïne.
- Au Sud par Nàama.

La région de Tlemcen est comprise entre 34° et 35° 40' de latitude Ouest. Elle présente une unité géographique qui lui donne une place de grande importance non seulement en Oranie mais aussi en Algérie.

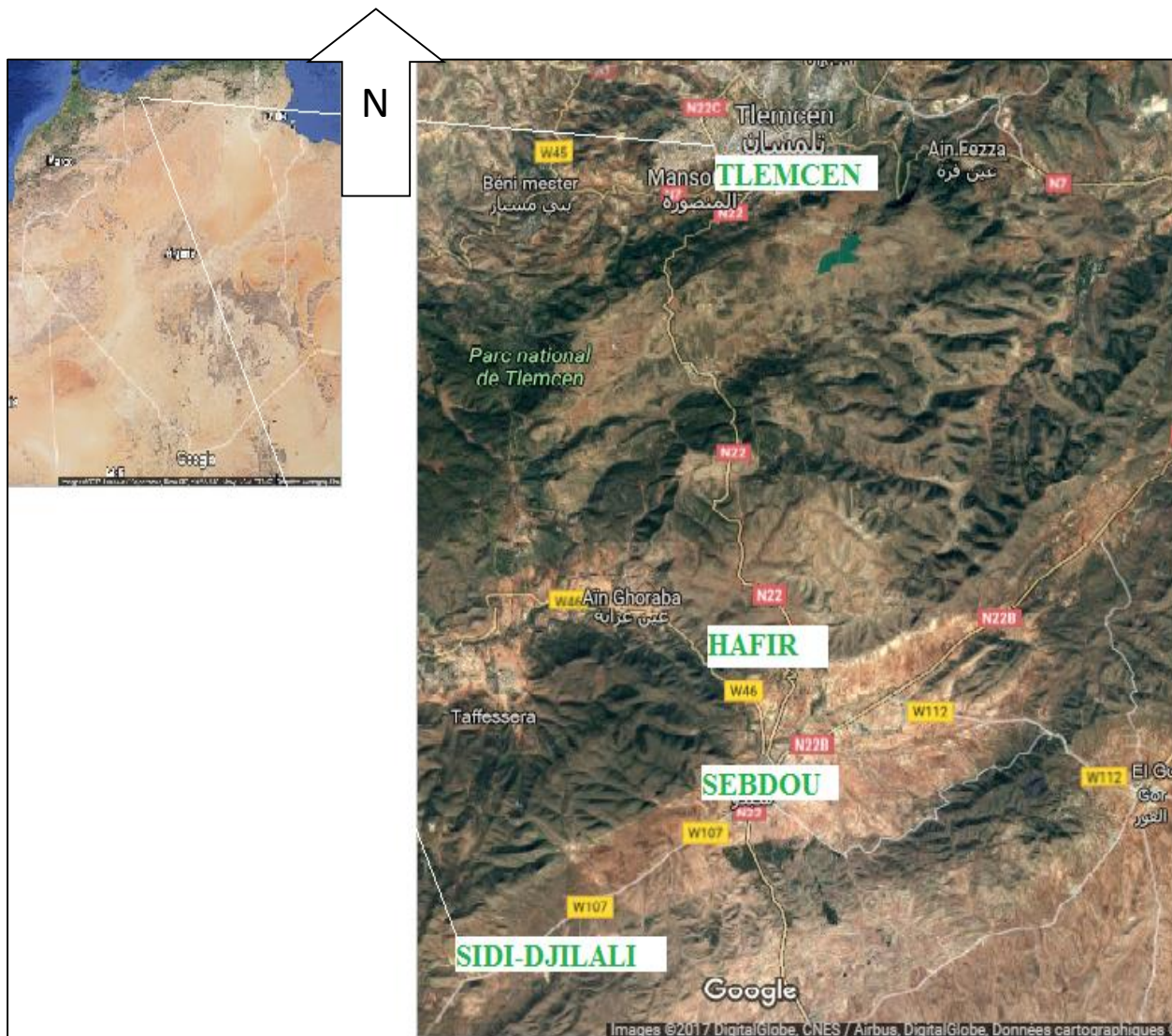
Pour notre étude on a choisi quatre stations :

- TLEMCEN ;
- HAFIR ;
- SEBDOU ;
- SIDI-DJILALI.

Tableau n° 1 : Les coordonnées géographiques des stations d'études.

Stations	Latitude	Longitude	Altitude
Tlemcen.	34°40' N	1°30' W	960 m.
Hafir.	34°47' N	1°26' W	1272 m.
Sebdou.	34°38' N	1°20' W	890 m.
Sidi-Djilali.	34°43' N	1°57' W	1282 m.

(Source: Carte topographique, Google, 2017)



5 Km

Figure n° 01 : Carte de situation géographique des stations d'étude. (D'après : Google Maps 2017).

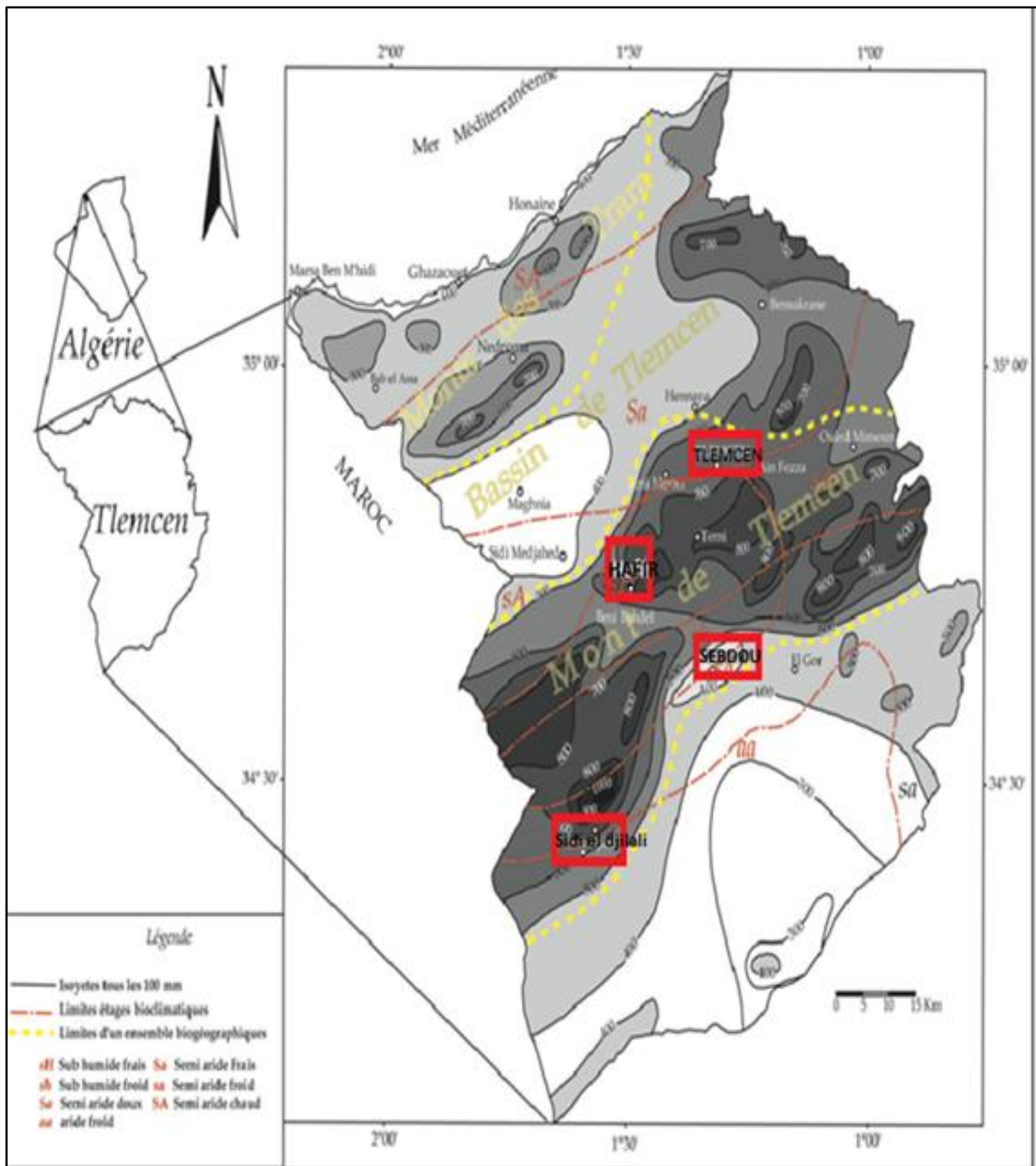


Figure n° 02 : Situation géographique de la zone d'étude. (D'après : MEDJAHDI B. et al.2013).

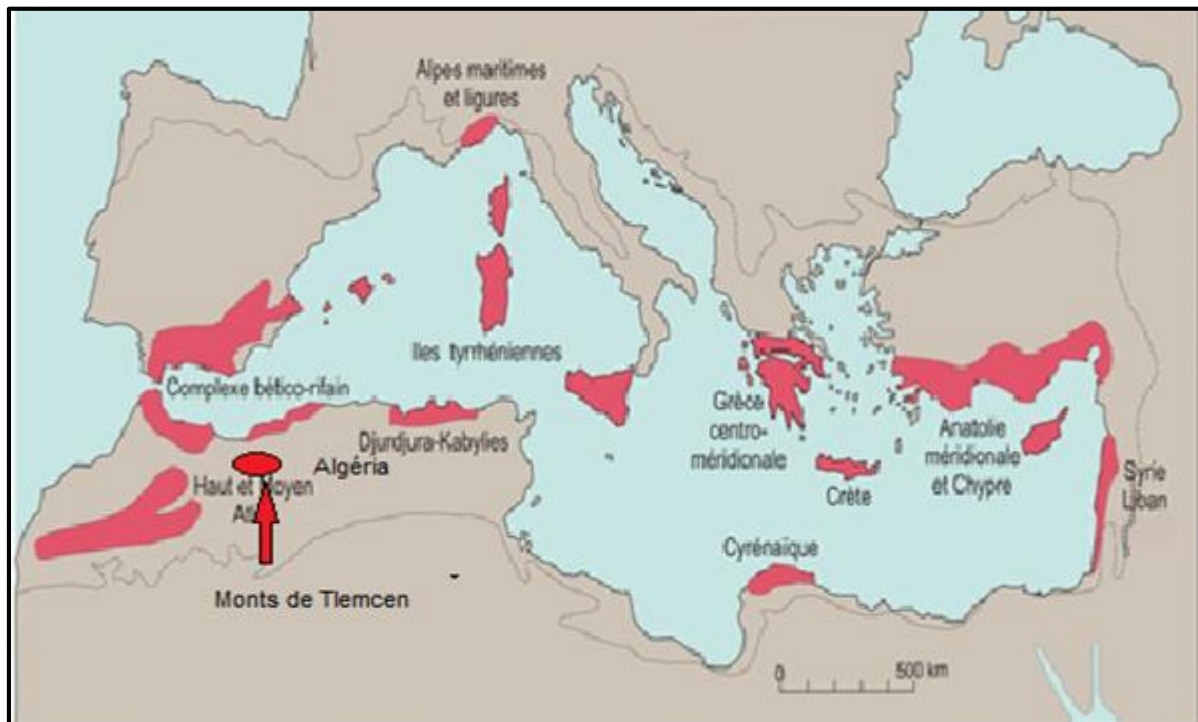


Figure n°03 : Points-chauds (hotspots) régionaux de biodiversité végétale de la région méditerranéenne. (D'après : Médail & Quézel 1997, complété).

II.2. Aperçus géographique et géomorphologique :

La région d'étude se localise dans la partie occidentale de l'Algérie, d'autre part elle est traversée par la route nationale N°22 reliant le Nord au Sud, caractérisant :

- Les monts de Tlemcen ;
- et ces hautes plaines steppiques.

II.2.1. Les monts de Tlemcen :

BENMENSOUR (2008), signalé que à l'échelle stratigraphique établie à partir des travaux de **DOUMERGUE (1910)** ; **AUCLAIR et BICHLER (1967)** ; et **BENEST, (1972, 1981, et 1985)**. La base des appellations stratigraphique est celle de **BENEST, BENSALAH, BOUABDELLAH, et OUARADAS (1999)** ; La série présente de bas en haut :

1. Les grés de Boumediene (Oxfordien supérieur-Kimméridgien supérieur p.p)
2. Les calcaires de Zarifet (Kimméridgien supérieur).

3. Les Dolomies de Tlemcen (Kimméridgien terminal).
4. Les marno-calcaires de Raourai (Tithonien basal).
5. Les calcaires de Lato.
6. Les Dolomies de Terni (Tithonien inférieur).
7. Les marno-calcaires de Hariga (Tithonien supérieur).
8. Les marno-calcaires de Ouled Mimoune (Tithonien supérieur à Berriasien basal).
9. Les argiles de lamoricière (Berriasien moyen à Valanginien).
10. Les grés de Berthelot (Hauterivien à Berriasien inférieur).

GRECO J (1966) avait noté qu'il existe toujours une érosion dite naturelle. Elle est en général très faible et variable avec les formations végétales, elle est forte sous les forêts denses que sous les prairies (steppe). Les monts de Tlemcen occupent une position particulière formés de reliefs accidentés à forte pente (plus de 20%). Ces monts sont couverts d'un tapis végétal assez dense ; l'érosion y est plus ou moins faible à l'exception de quelques îlots comme la zone d'El Khemis où la roche-mère affleure.

II.2.1.1 Nord des monts de Tlemcen :

Au nord des monts de Tlemcen le Jurassique s'enfouit très rapidement sous des épaisseurs importantes du Miocène essentiellement marneux. Ceci a été mis en évidence par diverses études géophysiques par sondages électriques menées dans la région **ALGEO (1979)**.

II.2.1.2 Sud des monts de Tlemcen :

Selon **COLLIGNON (1986)**, le versant sud des monts est une succession de plateaux s'élevant en escalier jusqu'à des altitudes de 1800 m, le Jurassique disparaît aussi sous les dépôts néogènes essentiellement conglomératiques appelées conglomérats des hauts plateaux.

II.2.2. Les hautes plaines steppiques :

BENSALAH M. (2005) signale que les formations détritiques continentales couvrent de vastes étendues dans les Hautes Plaines oranaises au Sud des Monts de Tlemcen et sont datées de l'Eocène moyen-supérieur et du Miocène supérieur. Ainsi, analysant les formations éocènes,

BENSALAH M. (1989) et BENEST *et al.* (1995) ont individualisé 3 aires principales de dépôts typiques de la zonation alluvial fans.

- Une zone proximale ou fluvio-torrentielle ;
- Une zone intermédiaire ou d'inondation ;
- Une zone distale (sebkha).

II.3. Hydrologie :

Les seules prospections effectuées avant 1970 sont celles du barrage Meffrouch et une profonde reconnaissance dans la région de Beni Bahdel. Les prospections ont ensuite touché les piémonts sud des monts de Tlemcen où les ressources en eau ont toujours été faibles **BENSAOULA et al (2003)**. Dès les années 80, le développement industriel ainsi que la démographie de la région de Tlemcen ont poussé les autorités locales à multiplier les prospections par forages pour mobiliser une ressource en eau plus grande. Ceci explique la montée en flèche du nombre de mètres linéaires forés entre 1980 et 2000. La situation devient alors plus stable car les débits mobilisés sont assez suffisants pour subvenir aux besoins de la population.

II.3.1 Les monts de Tlemcen :

Le bassin versant de la Tafna, s'étend sur la totalité de la wilaya de Tlemcen sur une superficie de 7245 km². Globalement, **BOUANANI A. (2000)** l'a subdivisé en trois grandes parties :

- Partie orientale avec comme principaux affluents l'oued Isser et l'oued Sikkak) ;
- Partie occidentale comprenant la Haute Tafna (Oued Sebdou et Oued Khemis) et l'Oued Mouilah ;
- Partie septentrionale : qui débute pratiquement du village Tafna et s'étend jusqu'à la plage de Rachgoun, embouchure de la Tafna sur la mer. Les oueds Boukiou, Boumessaoud et Zitoun sont les principaux affluents de cette partie.

MEGNOUNIF et al, (1999) ont noté que les Monts constituent une barrière aux masses d'air chargées d'humidité provenant du Nord à travers la Méditerranée.

BENSAOULA et al, (2003) ajoutent que les ressources en eau aux piémonts sud des monts de Tlemcen ont toujours été faibles.

II.3.2 Les hautes plaines steppiques :

L'hydrologie de la zone steppique est constituée d'oueds qui ne coulent qu'en période de crue.

On distingue 03 écoulements des eaux :

- Un écoulement vers le Nord par la vallée de Mekker (Nord-Est d'El -Gor) ;
- Un écoulement vers l'Ouest : les eaux arrivent de djebel Mekkaïdou, passent par Magoura pour rejoindre la vallée de la Moulouya ;
- Un écoulement endoréique au centre où les eaux convergent vers Dayat El Ferd près d'El-Aouedj **MEZIANE (2004)**.

II.4. Pédologie :

Le sol est l'élément principal de l'environnement et règle la répartition de la végétation, il se développe en fonction de la nature de la roche-mère, la topographie et les caractéristiques du climat.

Il faut noter que «les sols restent presque toujours dans les conditions climatiques Méditerranéennes, sous la dépendance de la roche-mère qui leur a donné naissance en raison de leur impuissance à modifier radicalement le substratum géologique, **Nahal (1984) ; QUEZELet Barbero (1985)**.

II.4.1. Sols des monts de Tlemcen :

Selon **BRICHETEAU J. (1954)**, les sols sont en général assez profonds, ceci est observé toujours en position de pente. Ces sols sont en général plus ou moins profonds de type brun forestier sur lequel se développent les grandes structures végétales de l'Ouest de l'Algérie. Cette végétation croît sur les sols.

II.4.1.1. Sols fersiallitiques (sols rouges méditerranéens) :

Ils sont largement répandus sur les monts de Tlemcen et se rencontrent principalement sur les parties assez bien arrosées. Ce sont des sols riches en fer et en silice. Ils sont

considérés comme anciens et dont l'évolution est accomplie sous forêt caducifolié en condition fraîche et humide. Leur rubéfaction correspond à une phase plus chaude à végétation sclérophylle et donne des sols rouges fersialitiques ou terra rosa. Ce type de sols apparaît lié à la présence de la roche-mère calcaire ou dolomitique dure et compacte.

II.4.1.2. Sols lessivés et podzoliques :

Ils sont caractérisés par une faible profondeur et un lessivage assez accentué C'est principalement la perméabilité de la roche-mère et la présence d'un humus acide qui ont favorisé la formation de ce type de sols selon **MESLI-BESTAOUI K. (2009)**.

AINAD-TABET M. (1996) ajoute : « quant aux sols marrons, ils sont fréquemment localisés dans des zones de piémont relativement sèches et à pluviométrie faible, au pied de montagnes calcaires fortement érodées

II.4.2. Les hautes plaines steppiques :

Les caractères généraux des sols des hautes plaines steppiques ont été dégagés des travaux de **AUBERT (1978) ; POUGET (1980) ; DURAND (1954) et (1958) ; RUELLAN (1970) ; HALITIM (1988) ; DJEBILI (1984) ; BENABADJI (1991) ; (1995) ; BOUAZZA. (1991) et (1995) ; BENABADJI *et al.* (1996) ; BOUAZZA *et al.* (2004) et BENABADJI *et al.* (2004) ; DUCHAUFOR (1976)** classe les sols de la zone steppique en :

- Sols peu évolués (regosols, lithosols) ;
- Sols calcimagnésiques (rendzine grise) ;
- Sols isohumiques ;
- Sols brunifères (sols halomorphes).

MAZOUR et ROOSE (1993) signalent que l'érosion augmente avec les années et avec l'agressivité des pluies : on peut donc s'attendre à une majoration de l'érodibilité des sols de Tlemcen. L'érosion a été la plus forte sur sol fersialitique (5 à 20t/ha/an), moyenne sur les sols vertiques gris (E = 0.5 à 6 t/ha/an) et faible sur les sols bruns calcaires (E = 0.5 à 3.6 t/ha/an) et les rendzines (E < 2t/ha/an).

Le classement des sols en fonction des risques (par ordre décroissant) est donc un peu différent :

- Risques de ruissellement : vertisols, sols fersialitiques, sols bruns calcaires, rendzine ;
- Risques d'érosion en nappe : sols fersialitiques, vertisols, sols bruns calcaires, rendzine

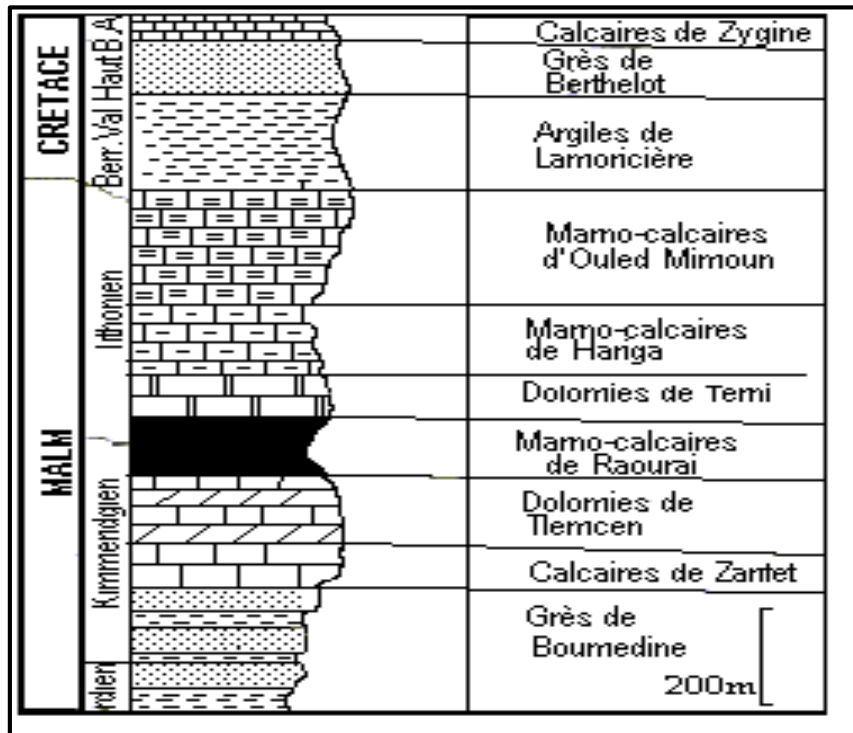


Figure n° 04 : Log lithostratigraphique synthétique des monts de Tlemcen, (D'après : BENEST et al 1999).

II.5. Les choix des stations :

Les stations qui on a choisi représentent les formations des matorrals qui fait l'objet de notre étude, donc nous avons pu choisir (04) stations représentatives dans la zone d'étude :

II.5.1. Description des stations :

II.5.1.1. Station n°01 de Tlemcen :

A côté de Tlemcen au chemin de wilaya n°107 reliant Tlemcen à Sebduou situé notre zone d'étude s'élève à l'altitude 960 m.

La végétation de cette station est constituée essentiellement par *Olea europea*, *Quercus ilex*, *Thymus ciliatus*, *Ampelodesma mauritanicum*, *Chamaerops humilis*...



Photo n° 01 : Station de Tlemcen. (Zenagui N, 2017).

II.5.1. 2. Station n°02 Hafir :

La forêt se trouve dans sa totalité au sein de la Wilaya de Tlemcen, à cheval sur deux communes, la commune de Sebra et la commune d'Ain Ghoraba. Notre station située approximativement à 1172 m d'altitude.

En générale la forêt de Hafir est composée essentiellement de peuplements naturels de chêne liège. On aperçoit que des rares traces de régénération naturelle, malgré l'existence d'un sol gréseux profond. Le reste du massif est occupé par des peuplements de chêne vert, de chêne zeen et de taillis de Thuya. La série méso- méditerranéenne du chêne liège est fortement représentée à Hafir.

Notre station d'étude caractérisée par la présence de *Quercus ilex*, *Quercus coccifera*, *pistacia atlantica*, *Olea europea*...; la strate arbustive est représentée par *Rosmarinus officinalis*. *Thymus ciliatus*, *Ulex bovinii*... ; la strate herbacée représenté par *Plantago logopus*, *Paronychia argentea*, *Reseda alba*...



Photo n°02 : Station de Hafir. (Zenagui N, 2017).



Photo n°03 : Station de Hafir. (Zenagui N, 2017).

II.5.1.3. Station n°03 de Sebdou :

Cette station est un matorral dégradé, située au sud de Tlemcen et s'élève à une altitude d'environ 1027 m. Le taux de recouvrement par la végétation est estimé à 30 à 35 %.

Sur le plan floristique, on note la présence de *Quercus ilex* et *Pinus halepensis*, une strate arbustive comprenant *stipa tenacissima*, *Rosmarinus officinalis* et une strate herbacée diversifiée qui domine la station.



Photo n°04 : Station de Sebdou. (Zenagui N, 2017).

II.5.1.4. Station n°04 de Sidi El-Djilali :

A côté de Sidi Djilali à la droite du chemin de wilaya n°107 reliant Sebdou à Sidi-Djilali se situe notre station avec une exposition Nord Est et une altitude approximative de 1282 m, par un taux de recouvrement estimé à 40%, caractérisé par :

Dans la strate arborée, bien qu'elle soit dégradée par l'action antropozoogène, on remarque une présence de *Juniperus Oxycedrus* et de *Quercus ilex* ; la strate arbustive est représentée par *Rosmarinus officinalis* ; la strate herbacée représenté par *Plantago logopus*.



Photo n° 05 : Station de Sidi-Djilali. (Zenagui N, 2017)

CHAPITRE II :
ETUDE BIOCLIMATIQUE.

INTRODUCTION :

Le climat est ensemble des facteurs du milieu qui intervient en écologie, tels que la température, le vent, l'humidité, les précipitations, etc. Les paramètres climatiques sont directement responsables de la répartition et du développement des plantes ; comme ils interviennent fortement dans la formation et l'évolution du sol.

Le climat joue un rôle essentiel dans la détermination de la répartition des plantes.

EMBERGEUR (1971) a particulièrement souligné ce rôle en ce qui concerne la végétation méditerranéenne. Ses recherches l'on conduit à une méthode originale de caractérisation de ce que nous appellerons : Le Bioclimat ; **DAHANE (2012)**.

DAGET (1977) confirme qu'il y a toujours un contraste très net entre les saisons : l'une estivale longue et sèche, l'autre hivernale courte peu froide et humide à précipitations violentes et de courtes durées.

Le bioclimat méditerranéen est défini à partir de la distribution annuelle des températures et des précipitations, la saison chaude, l'été, étant également la saison sèche **QUEZEL P. et MEDAIL F., (2003)**. Il a été établi que le domaine bioclimatique méditerranéen de type actuel existe depuis le Pliocène moyen **SUC J-P., (1984) et SUC J-P. & POPESCU S.M., (2006)**.

Le climat en région méditerranéenne est un facteur déterminant en raison de son importance dans l'établissement, l'organisation et le maintien des écosystèmes **AIDOUD, (1997)**.

D'après **DE. MARTONNE (1926), TURRIL W.B (1929), GAUSSEN (1954), WALTER et al (1960), MONEY et al (1973), BENABADJI (1991, 1995), BOUAZZA (1991 ,1995)** le climat méditerranéen est caractérisé par un été sec et un hiver doux.

BARBERO et QUEZEL. ; BARBERO M., LOISEL R. et QUEZEL P., 1982 ont caractérisé bioclimatiquement la végétation forestière sur le pourtour méditerranéen. Ils abordent la notion d'étage de végétation en tenant compte des facteurs climatiques majeurs et en particulier la température moyenne annuelle et qui permet de traduire par ses variations les successions globales altitudinales et latitudinales de la végétation. Les auteurs signalent les

variations secondaires qui se produisent en fonction de l'augmentation de la xéricité qui induisent le passage aux forêts pré-steppiques.

Les études bioclimatiques sur l'Oranie et sur la région de Tlemcen sont nombreuses, il convient de citer les plus récentes : **QUEZEL et al(1980), ALCARAZ (1983), DJEBAILI(1984), DAHMANI (1984), AIME (1991), HADJAJ (1995), BENABADJI et BOUAZZA (2000), HASNAOUI (1998, 2008), MEZIANE (2004,2010), MERZOUK (2010)...**

Le climat de la région de Tlemcen est de type méditerranéen est confirmé par plusieurs auteurs. Plusieurs travaux antérieurs **BENABADJI (1991, 1995) ; BOUAZZA (1991,1995) et BOUAZZA et BENABADJI (2007)** ont permis de rappeler et de préciser, que le climat du versant sud de la région de Tlemcen est de type méditerranéen semi-aride et aride.

Les facteurs qui influent sur le climat de la région de Tlemcen sont :

- La situation géographique,
- L'exposition,
- La position charnière entre Sahara et la mer Méditerranéen,
- L'altitude.

III.1. Méthodologie :

- **Le choix de stations météorologiques :**

Le climat régional est défini à l'aide des données climatiques enregistrées par les trois stations météorologiques installées dans la région d'étude (Hafir, Saf-saf, Sebdou).

Le choix de ces stations correspond à la prise en compte de la variation géographique régionale tant au point de vue de l'altitude ou de la distance par rapport à la mer ; mais aussi les positions topographiques qui sont assez diversifiées (**Tab n° 2**) ;

Tableau n° 2 : Données géographiques des stations météorologiques retenues.

Stations	Latitude (N)	Longitude (W)	Altitude (m)
Hafir	34°47'	1°26'	1270.
Saf-Saf	34°52'	1°17'	592.
Sebdou	32°42'	1°18'	1100.

III.2. Facteurs climatiques :

La croissance des végétaux dépend de deux facteurs essentiels **HALIMI (1980) :**

- L'intensité et la durée du froid (dormance hivernale).
- La durée de la sécheresse estivale (maturation).
- La pluie et la température sont la charnière du climat **BARI et al (1970).**

Pour mieux appréhender le bioclimat de la zone d'étude deux paramètres essentiels sont pris en considération, à savoir les précipitations et la température.

EMBERGER (1939) montre que les données bioclimatiques influentes considérablement sur l'individualisation des peuplements végétaux. Deux principaux paramètres sont pris en considération, les précipitations et les températures.

III.2.1. Précipitations :

DJEBAILI (1978), la pluviosité est définie comme étant le facteur primordial qui permet de déterminer le type du climat.

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

III.2.1.1. Régimes pluviométriques :

Pour **BELGAT(2001)**, l'intensité des pluies et leurs fréquences jouent un rôle prépondérant sur :

- La stabilité ou l'instabilité des sols, combinés au facteur physique du sol, elles peuvent favoriser ou défavoriser la stabilité structurale du sol.

- Elles agissent sur la solubilité et la migration des nutriments dans le sol. En conséquence elles participent à la répartition spatiale des espèces.
- Elles accélèrent ou elles bloquent l'évolution des matériaux organiques et minéraux, et elles interviennent dans la formation des sols.

La connaissance de la moyenne annuelle de la pluie est d'un grand intérêt, mais pour compléter les études de la distribution de la pluie, il faut y ajouter celle du régime pluviométrique, c'est-à-dire la manière dont cette quantité totale de pluie se répartie entre les différentes saisons **ANGOT (1916)**.

Selon **HALIMI (1980)**, les régimes pluviométriques se trouvent sous l'influence de deux groupes de facteurs :

1. **Les facteurs géographiques** : altitude, latitude, distance à la mer, orientation des versants.
2. **Les facteurs météorologiques** : masse d'air, centre d'action, trajectoires des dépressions.

❖ Régime mensuelle :

La latitude et l'altitude des stations ont une liaison directe avec l'importance et la fréquence des pluies. Ceci a été confirmé par **CHAABANE (1993)**. Ce dernier précise que le gradient pluviométrique est décroissant d'Est en Ouest. Cela est dû au fait que les nuages chargés de pluie qui viennent de l'Atlantique sont arrêtés ou déviés vers l'Est par la Sierra Nevada en Espagne et aussi par la barrière constituée par les hautes montagnes du Maroc qui ne laissent passer que les nuages les plus hauts.

Tableau n° 03 : Précipitations moyennes mensuelles et annuelles.

Stations	J	F	M	A	M	J	Jt	At	S	O	N	D	P.Annuelle (mm)
Hafir 1980-2010.	66,96	76,00	62,07	53,45	40,14	8,65	7,21	9,52	19,52	25,94	53,84	60,68	483,98
Saf-saf 1986-2013.	41,9	47,1	50,1	35,1	29	6,3	1,2	3,8	14,8	25,5	49	40,9	344,7
Sebdou 1980-2016.	48,59	49,35	43,86	32,29	33,13	10,72	4,79	7,7	19,38	29,62	45,02	44,81	369,26

Source (O.N.M).

A partir de précipitation de trois stations météorologiques (Hafir (1980-2010), Saf-saf (1986-2013) et Sebdou (1980-2016)) on a estimé que les mois de juillet et août sont les plus secs. Les précipitations estivales sont très faibles, n'excèdent pas 10 mm.

Enfin, la station de Hafir est exceptionnelle par la différence des précipitations par rapport les autres stations.

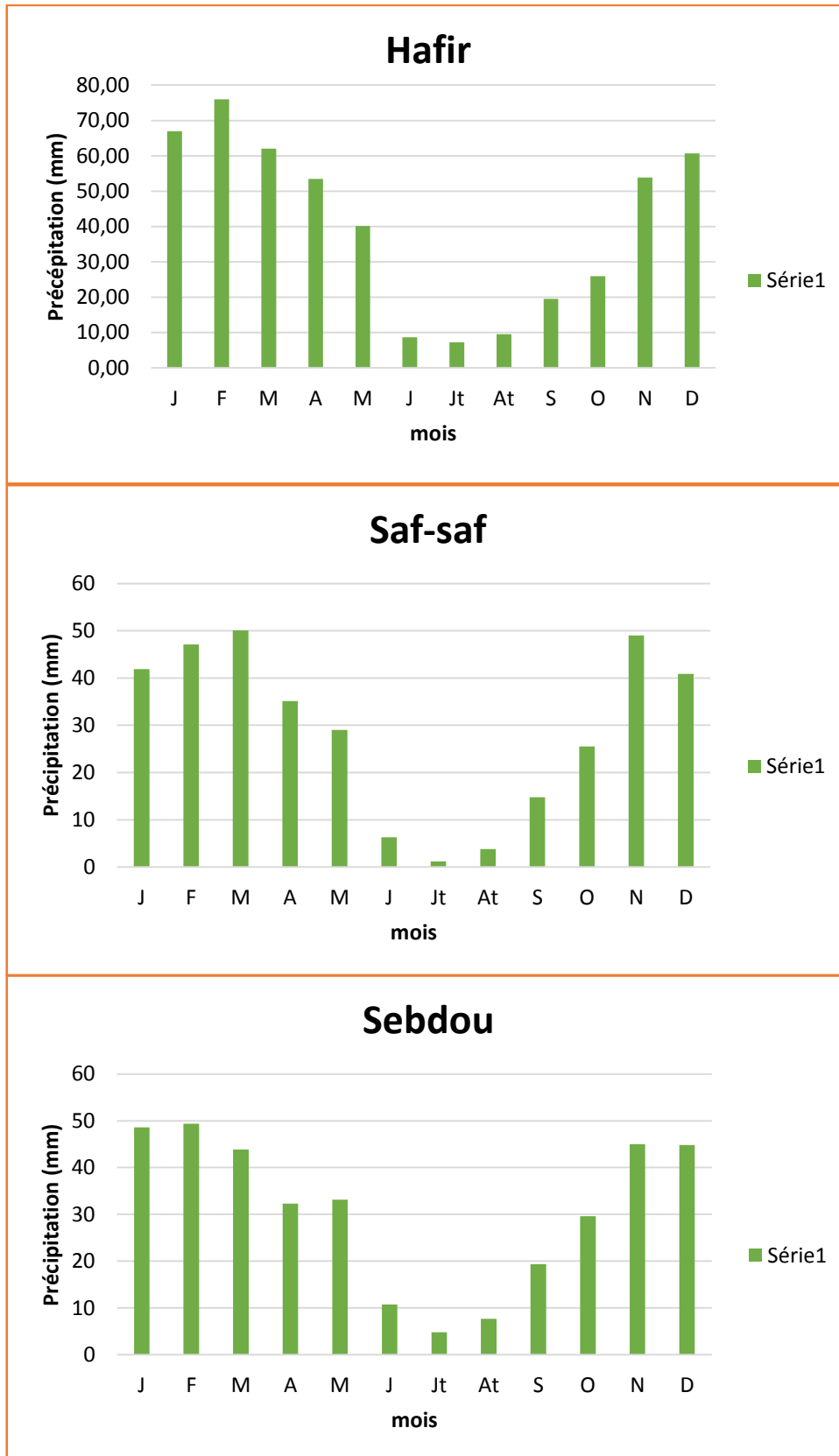


Figure n° 05 : Répartition des précipitations moyennes mensuelles dans les trois stations météorologiques.

❖ **Régimes saisonniers :**

Définie par **CHAABANE A (1993)**, la méthode consiste à un aménagement des saisons par ordre décroissant de pluviosité, ce qui permet de définir un indicatif saisonnier de chaque station. Cette répartition saisonnière est particulièrement importante pour le développement des annuelles dont le rôle est souvent prédominant dans la physiologie de la végétation.

$$Csr = Ps \times 4 / Pa$$

Avec :

- Ps : précipitations saisonnières
- Pa : précipitations annuelles
- Crs : Coefficient relatif saisonnier de **MUSSET**

Selon **CORRE J (1961)**, si les pluies d'automne et de printemps sont suffisantes, elles seront florissantes, si par contre la quantité tombée pendant ces deux saisons est faible, leur extension sera médiocre.

Tableau n° 04 : Régimes pluviométriques saisonniers des stations météorologiques.

saisons Stations	Hiver (H)	Printemps (P)	Eté (E)	Automne (A)	type de régime
Hafir 1980-2010	203,6	155,7	25,38	99,3	HPAE
Saf-saf 1986-2013	129,9	114,2	11,3	89,3	HPAE
Sebdou 1980-2016	142,8	109,3	23,21	94,02	HPAE

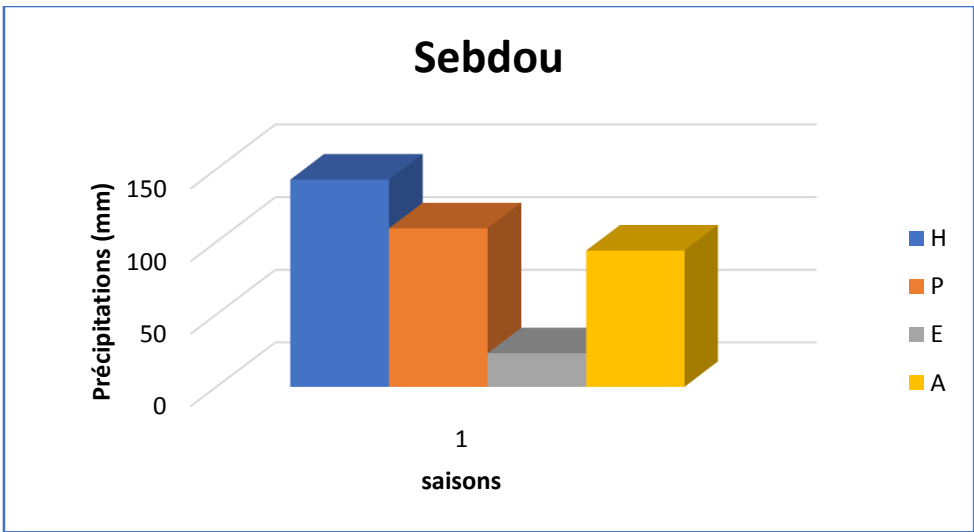
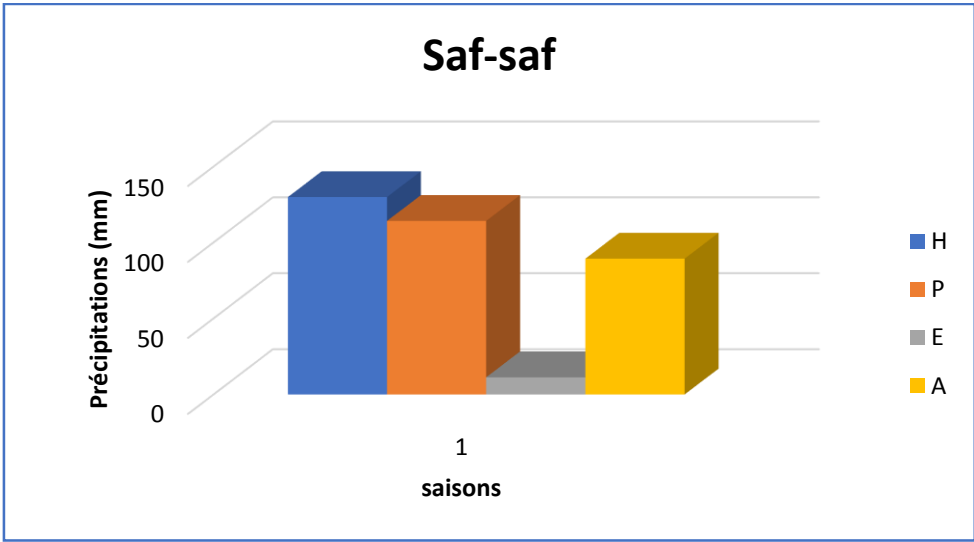
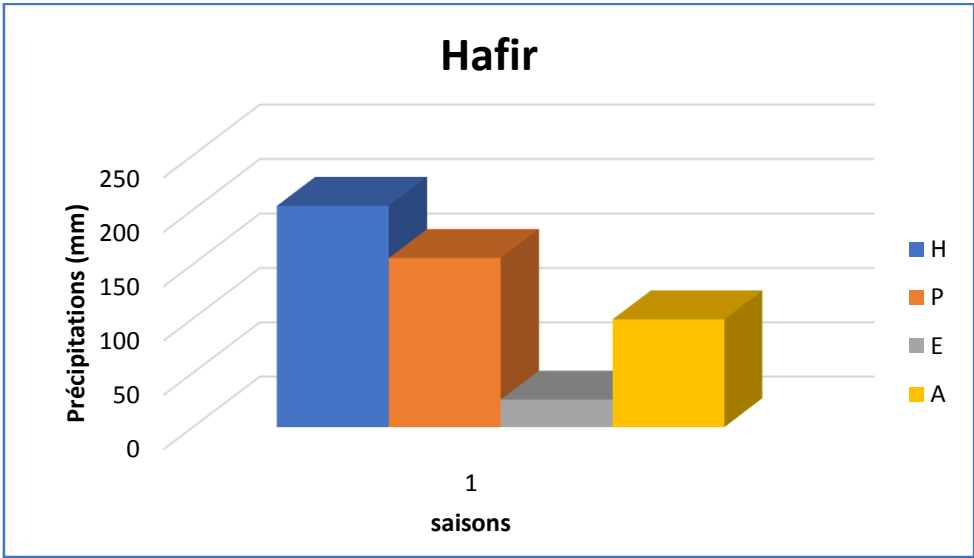


Figure n° 06 : Régimes saisonniers des précipitations pour les trois stations.

D'après nos résultats (**Tab.n°4, Fig.n°6**) nous constatons que le régime saisonnier est de type HPAE Ceci indique que l'hiver et le printemps restent toujours pluvieux. Mais avec un apport plus important de pluies en saison d'Hiver. La saison estivale est toujours sèche.

III.2.2. Température :

La température est le second facteur constitutif du climat influant sur le développement de la végétation. Les températures moyennes annuelles ont une influence considérable sur l'aridité du climat. Ce sont les températures extrêmes plus que les moyennes qui ont une influence sur la végétation, sauf si elles sont exceptionnelles et de courte durée **GRECO J (1966)**.

La température moyenne annuelle influe considérablement sur l'aridité du climat.

La caractérisation de la température en un lieu donné se fait à partir de quatre variables au minimum à savoir :

- Les températures moyennes mensuelles ;
- Les températures maximales ;
- Les températures minimales ;
- L'écart thermique.

III.2.2.1. Températures moyennes mensuelles :

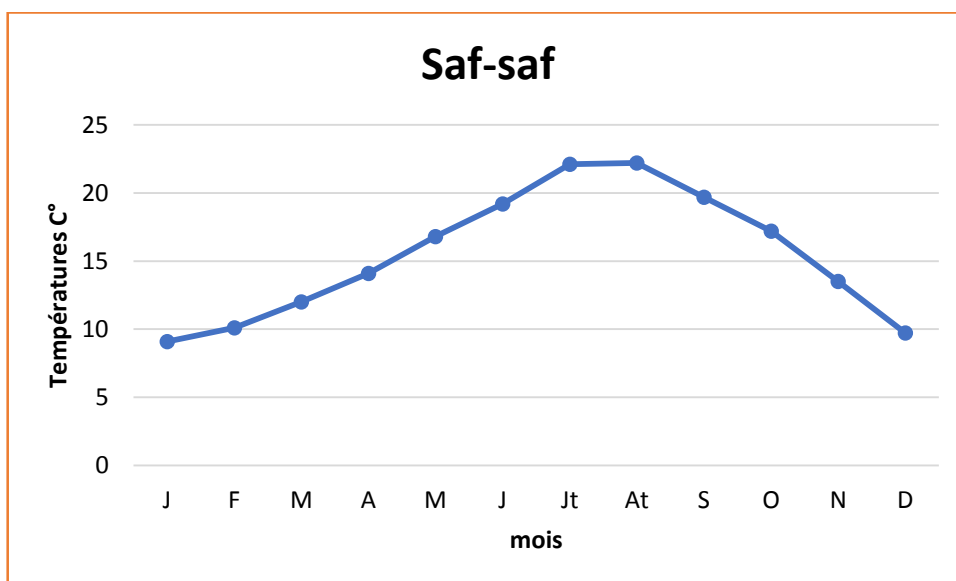
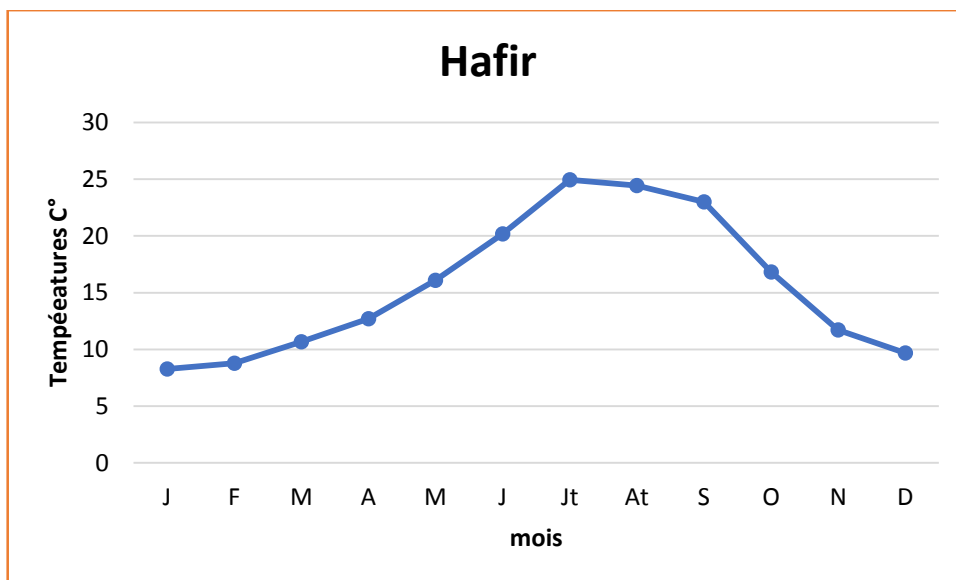
Tableau n° 05 : Températures moyennes mensuelles et annuelles.

Mois	J	F	M	A	M	J	Jt	At	S	O	N	D	T (°C)
Stations													Moyenne
Hafir 1980-2010	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 1986-2013	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
Sebdou 1980-2016	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

A partir de (**Tab n°5**), pour les trois stations, le mois de janvier est le plus froid alors que août est le mois le plus chaud. Les températures varient entre 6,48°C à Sebdu et 9.1°C à Saf-saf pour la nouvelle période.

La période la plus froide s'étale de décembre à mars. **HADJADJ AOUEL (1995)** entend par saison froide, la période pendant laquelle les températures sont les plus basses de l'année et où les températures moyennes sont inférieures à 10°C.

Les mois juillet et août sont considérés comme les mois les plus chauds de l'année.



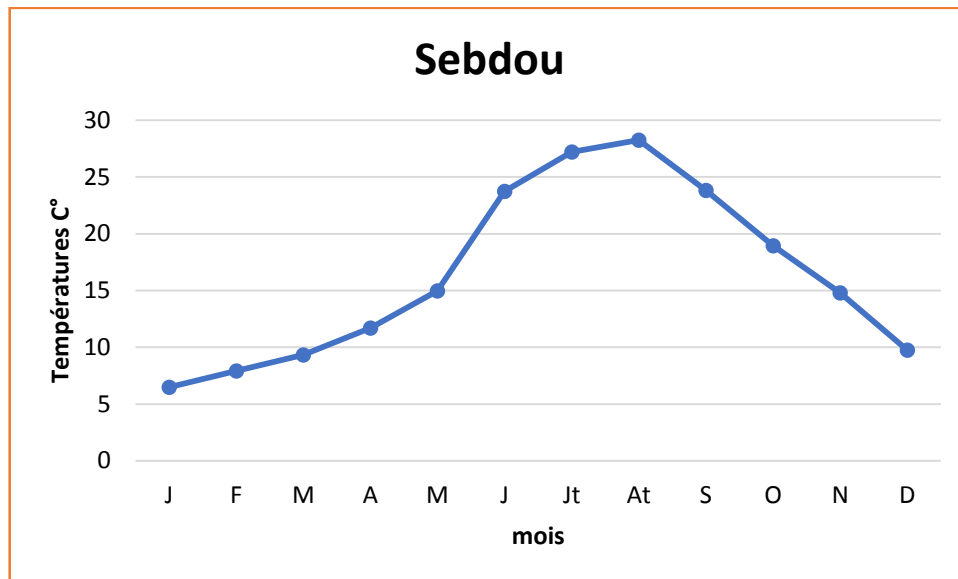


Figure n°07 : moyennes mensuelles des températures pour les trois stations météorologiques.

○ **Température moyenne minimale du mois le plus froid « m » :**

D'après les valeurs de température mesurable dans les trois stations étudiées on a estimé le mois le plus rigoureux est janvier et la période la plus froide est la période hivernale (décembre, janvier et février).

A partir des valeurs statistiques climatiques (Température) des stations météorologiques (Hafir, Saf-saf et Sebdou) on a estimé que la moyenne des températures minimale du mois le plus froid est (3,20 °C) pour Hafir et (2,9 °C) pour Saf-saf et (3,2 °C) pour Sebdou devant la nouvelle période.

○ **Température moyenne maximale du mois le plus chaud « M » :**

Le maxima thermique « M » peut constituer un facteur limitant pour les plantes.

La moyenne des températures maximales du mois le plus chaud « M » varie avec la continentalité.

L'analyse des facteurs climatiques des stations météorologiques montrent que les températures les plus élevées sont enregistrées au mois d'août pour la station de Hafir (32,35 °C), pour Saf-saf (31,1 °C) et pour Sebdou (32,35 °C) pour la nouvelle période.

Tableau n° 06 : Moyenne des températures maximales et minimales des trois stations.

Stations	M (°C)	m (°C)
Hafir 1980-2010	32,35	3,2
Saf-saf 1986-2013	31,1	2,9
Sebdou 1980-2016	32,35	3,2

III.2.2.2 Amplitudes thermiques, continentalité :

❖ Amplitudes thermiques :

L'amplitude thermique a une influence certaine sur la végétation, elle a une action directe sur le cycle biologique du couvert végétal.

Elle est définie par la différence des maxima extrêmes d'une part et les minima extrêmes d'autre part. Sa valeur est écologiquement importante à connaître ; car elle présente la limite thermique extrême à laquelle chaque année les végétaux doivent résister **DJEBAILI (1984)**.

❖ Indice de continentalité :

D'après **DEBRACH (1959)**, quatre types de climats peuvent être calculés à partir de **M** et **m**.

- $M - m < 15^{\circ}\text{C}$: climat insulaire ;
- $15^{\circ}\text{C} < M - m < 25^{\circ}\text{C}$: climat littoral ;
- $25^{\circ}\text{C} < M - m < 35^{\circ}\text{C}$: climat semi continental ;
- $M - m > 35^{\circ}\text{C}$: climat continental.

Tableau n° 07 : Indice de continentalité de DEBRACH.

Stations	M (°C)	m (°C)	Amplitudes thermiques M-m	Type du climat
Hafir 1980-2010	32,35	3,2	29,15	Semi continental.
Saf-saf 1986-2013	31,2	2,9	28,3	Semi continental.
Sebdou 1980-2016	32,35	3,2	29,15	Semi continental.

Selon la classification de **DEBRACH (1959)**, les trois stations possède un climat semi continental pour la nouvelle période.

Cette semi continentalité entraine l'installation des espèces Chamaephytes et Phanerophytes caractérisées notamment par les espèces suivantes : *Thymus ciliatus*, *Rosmarinus officinalis*, *Quercus ilex*.

III.2.3. Autre facteurs climatiques :

III.2.3.1. Le vent :

Les vents estivaux de terre, caractérisés par une grande violence et un fort pouvoir desséchant, tel que le sirocco au Maghreb, font tomber l'humidité atmosphérique à moins de

30 % et contribuent à propager les incendies en transportant des étincelles et surtout des brandons sur de grandes distances. Par ailleurs, l'action du vent accélère l'évapotranspiration, accentue l'aptitude des végétaux à s'enflammer et facilite la propagation des incendies ; **QUEZEL et MEDAIL (2003)**.

C'est le sirocco qui intervient de 15 jours environ au Nord à 22 jours au Sud. Ce courant chaud, toujours sec, est une des causes principales de la quasi-stérilité des hautes

plaines. Le sirocco est plus fréquent à l'Est (30 j) qu'à l'Ouest 15 j/an en moyenne, il souffle surtout en été, son maximum de fréquence à lieu en juillet **DJEBAILI (1984)**.

III.2.3.2. La neige :

Au-dessus de 600-700 m, la neige apparaît presque régulièrement chaque hiver où elle fond très rapidement. Ce n'est que sur les sommets au-delà de 1000 m que l'enneigement peut durer ; **HADJADJ-AOUL (1995)**.

D'après ; **DJEBAILI (1978)** dans les hautes plaines, La neige ne dépasse guère 10 cm.

III.3. Synthèse bioclimatique :

Une combinaison des données pluviométriques et des températures, est très intéressante pour caractériser l'influence du climat de la région.

III.3.1. Classification des ambiances bioclimatiques en fonction de "t" et "m" :

RIVAS et MARTNEZ (1981) utilise la température moyenne annuelle "t" avec la température moyenne des minima comme critère de définition des étages de végétation.

- **Thermo-méditerranéen** : $T > 16^{\circ}\text{C}$ et $m > +3^{\circ}\text{C}$.
- **Méso-méditerranéen** : $12^{\circ}\text{C} < T < 16^{\circ}\text{C}$ et $0^{\circ}\text{C} < m < +3^{\circ}\text{C}$.
- **Supra-méditerranéen** : $8^{\circ}\text{C} < T < 12^{\circ}\text{C}$ et $-32^{\circ}\text{C} < m < 0^{\circ}\text{C}$.

A partir de cette échelle, nous avons affecté à chaque station son étage de végétation correspondant (**Tab n°8**).

Tableau n° 08 : Etages de végétation et type du climat.

Stations	T (°C)	m (°C)	Etage de végétation
Hafir 1980-2010	15,61	3,2	Méso-méditerranéen.
Saf-saf 1986-2013	15,48	2,9	Méso-méditerranéen.
Sebdou 1980-2016	16,41	3,2	Thermo-méditerranéen.

III.3.2. Diagramme Ombrothermique de Bagnouls et Gaussen :

De nombreux travaux **DE MARTONNE (1926)**, **CIAGOBE (1961)**, ont proposé diverses formules pour caractériser la saison sèche qui joue un rôle capital dans la distribution de la végétation, notamment par sa durée et son intensité selon **BAGNOULS et GAUSSEN (1953)**.

Selon **BAGNOULS et GAUSSEN (1953)**, un mois est dit biologiquement sec si, "le total mensuel des précipitations exprimées en millimètres est égal ou inférieur au double de la température moyenne, exprimée en degrés centigrades" ; cette formule ($P \leq 2T$) permet de construire des diagrammes ombrothermiques traduisant la durée de la saison sèche d'après les intersections des deux courbes.

D'après les trois diagrammes ombrothermiques de Bagnouls et Gaussen des trois stations météorologiques (Hafir, Sebdou et Saf-saf.) (**Fig 08**), la saison sèche est exprimée de mois d'avril au mois d'octobre.

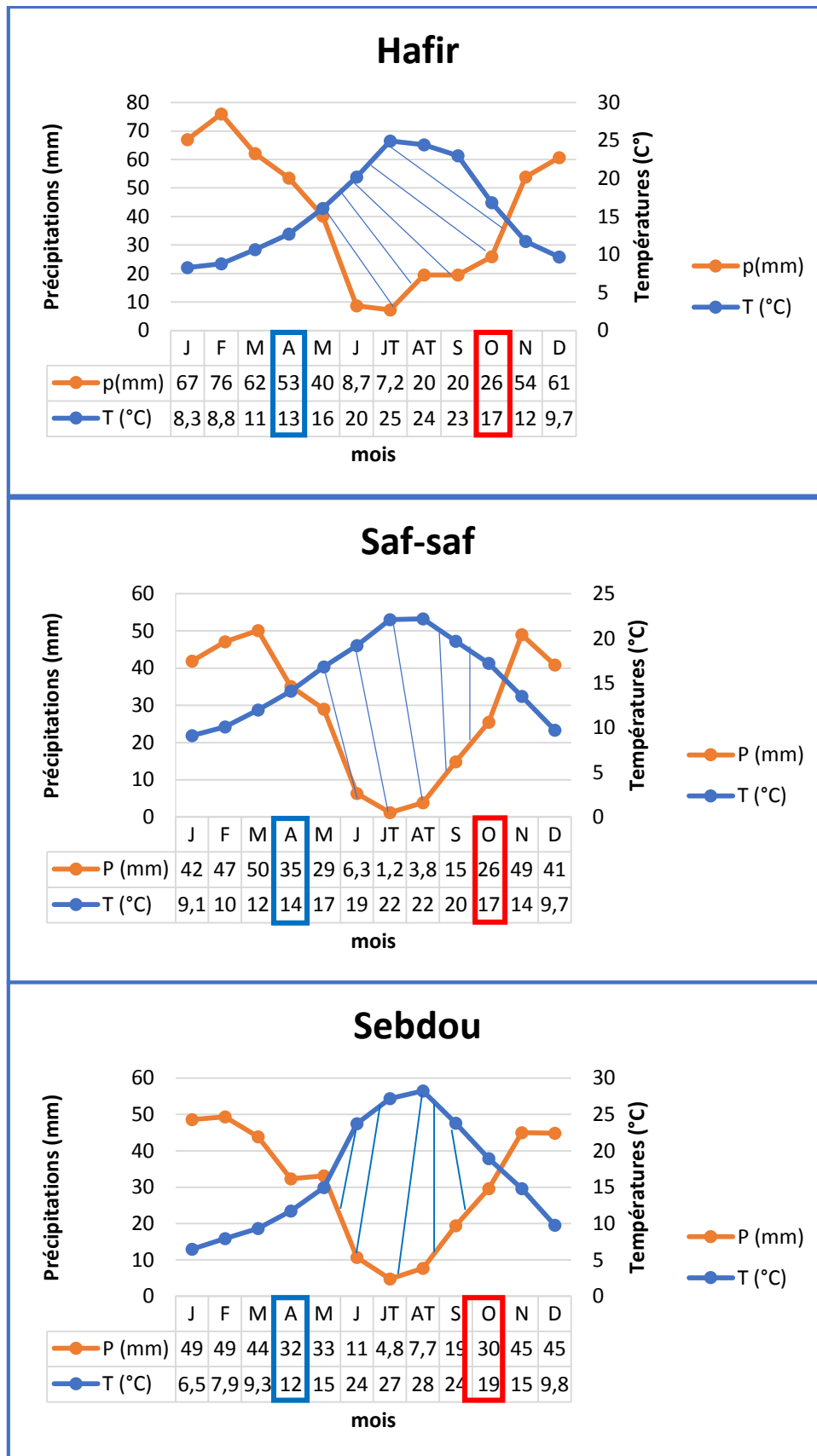


Figure n° 08 : Diagramme ombrothermique des trois stations (Hafir, Saf-saf, Sebdu).

III.3.3. Indice d'aridité DE MARTONNE :

En se basant sur des considérations essentiellement géographiques, **DE MARTONNE (1927)** a défini l'aridité du climat par la formule qui suit :

$$I = P / (T + 10)$$

Avec :

- P : la pluviométrie moyenne annuelle (mm).
- T : la température moyenne annuelle (°C).

Tableau n° 09 : Indice d'aridité de De Martonne.

Stations	P (mm)	T (°C) + 10	Indice de DE MARTONNE (mm/°C)
Hafir 1980-2010	483,98	25,61	18,9
Saf-saf 1986-2013	344,7	25,48	13,53
Sebdou 1980-2016	369,26	26,41	13,98

L'aridité augmente quand la valeur de l'indice diminue. Au niveau mondial, De Martonne a proposé six grands types de macroclimats allant des zones désertiques arides ($I < 5$) aux zones humides à forêt prépondérante ($I > 40$).

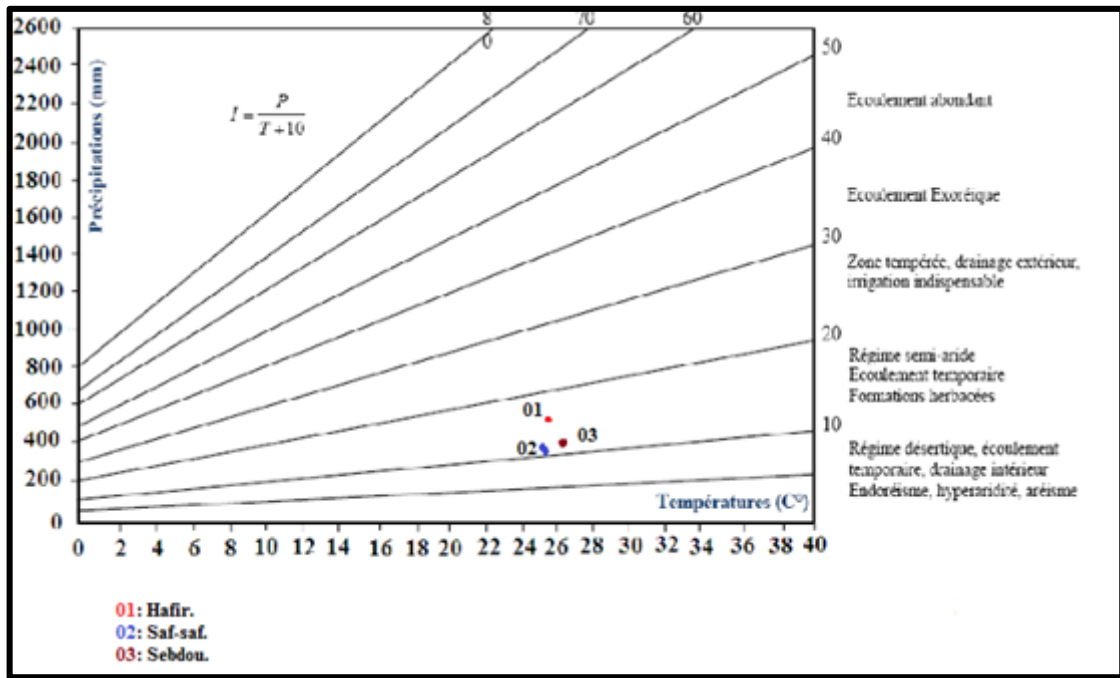


Figure n° 09 : Abaque pour le calcul de l'indice d'aridité de De Martonne.

III.3.4. Quotient pluviothermique d'Emberger :

L'indice d'Emberger prend en compte les précipitations annuelles P, la moyenne des maxima de température du mois le plus chaud (M en °C) et la moyenne des minima de température du mois le plus froid (m en °C) **EMBERGER (1955)**.

Il est particulièrement adapté aux régions méditerranéennes dans lesquelles il permet de distinguer différents étages climatiques. Dans ces régions, Emberger a remarqué que l'amplitude thermique (M-m) est un facteur important de la répartition des végétaux. L'indice d'Emberger Q₂ est donné par la formule :

$$Q_2 = 2000 P / (M^2 - m^2)$$

Ou :

Le quotient pluviométrique d'Emberger est déterminé selon la formule suivante (STEWART, 1969).

$$Q_3 = 3,34 P / M - m$$

Avec :

- P : moyenne des précipitations annuelles (mm),
- M : moyenne des maxima du mois le plus chaud ($^{\circ}\text{K} = ^{\circ}\text{C} + 273,2$),
- m : moyenne des minima du mois le plus froid ($^{\circ}\text{K} = ^{\circ}\text{C} + 273,2$).

Tableau n°10 : Quotient pluviométrique d'Emberger.

Stations	P (mm)	M ($^{\circ}\text{K}$)	m ($^{\circ}\text{K}$)	Q ₂	Etage bioclimatique
Hafir 1980-2010	483,98	305,35	276,4	55,45	Semi-aride à hiver frais.
Saf-saf 1986-2013	344,7	304,4	276,1	40,68	Semi-aride à hiver frais.
Sebdou 1980-2016	369,26	305,35	276,4	55,45	Semi-aride à hiver frais.

Nous avons calculé le (Q₂) des stations considérées (Tab n°10), ensuite nous avons installé chaque station sur le climagramme pluviométrique d'Emberger (Fig n°09).

La lecture du climagramme pluviométrique classe les trois stations Hafir et Saf-saf et Sebdou à l'étage semi-aride à hiver frais.

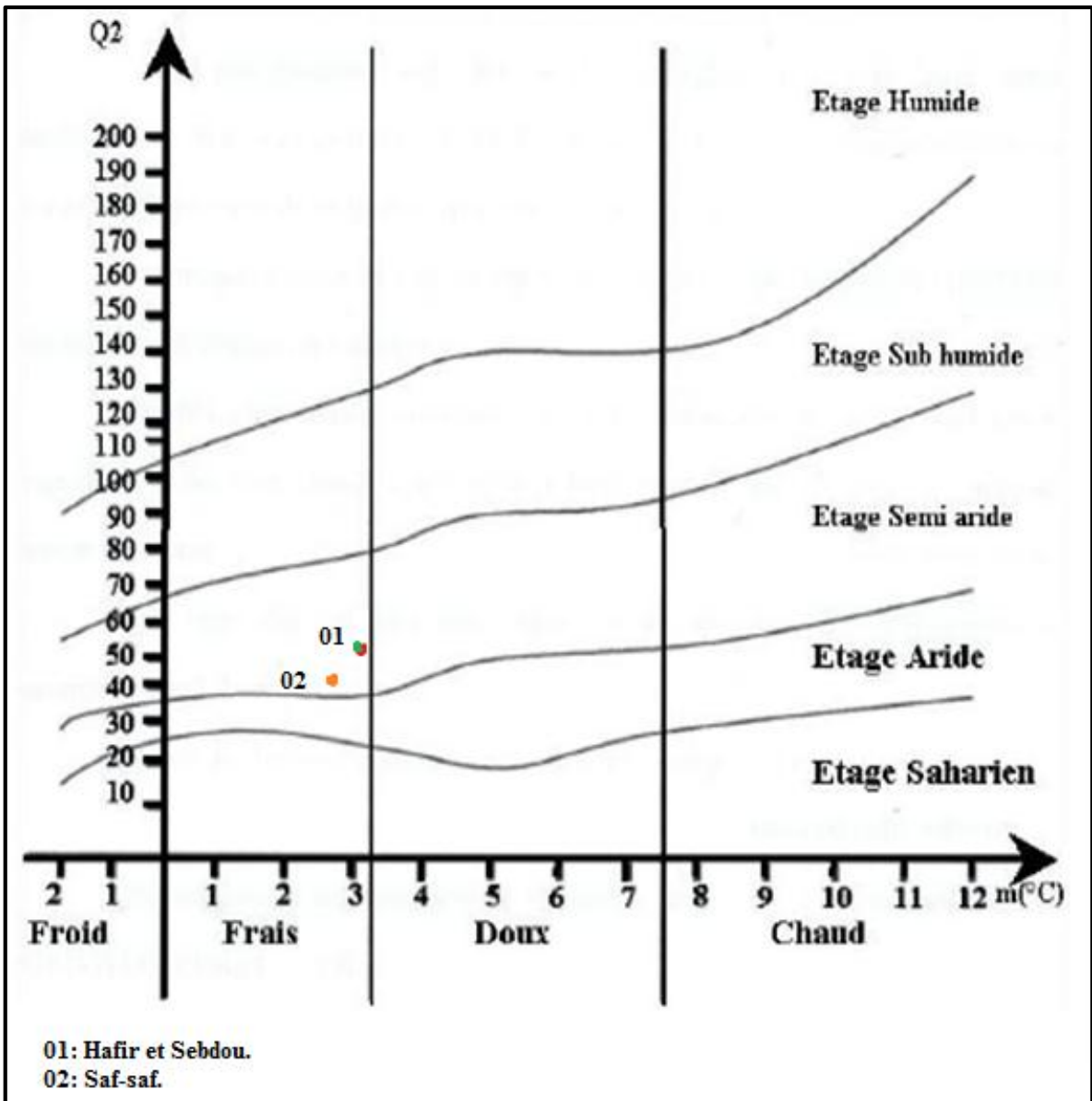


Figure n° 10 : Climagramme pluviothermique d'Emberger.

CONCLUSION :

Des études récentes (**LIONELLO et al., 2006**) ; sur les changements globaux, ont montré que la région méditerranéenne pouvait être soumise à des variations climatiques complexes.

D'après **VELEZ (1999)** les conditions climatiques ont été particulièrement défavorables au cours des années 80, caractérisées par des sécheresses, extrêmement graves, qui ont fortement affecté l'ensemble des pays du bassin méditerranéen, en particulier le Maroc, l'Algérie, le Portugal, l'Espagne et la France.

L'exploitation des données a mis en évidence la saison sèche qui débute généralement en mai et se prolonge à octobre. Les précipitations saisonnières montrent que globalement les saisons automnales (**A**) et hivernales (**H**) sont les plus arrosées.

BENABADJI et BOUAZZA (2000) soulignent que l'accroissement des processus anthropiques (pastoralisme, agriculture) constitue avec les variations climatiques les facteurs de dégradation du sol et de la végétation.

Pour **HOUEROU (1971)** les conséquences du climat sont à l'origine de l'un des mécanismes essentiels de la dégradation de la végétation méditerranéenne en géné

CHAPITRE IV :
APPROCHE FLORISTIQUE.

INTRODUCTION :

La diversité végétale méditerranéenne est le produit pour beaucoup, d'une utilisation traditionnelle et harmonieuse du milieu par l'homme **QUEZEL (1999)**.

Les écosystèmes de l'Afrique du Nord ont été marqués par l'impact drastique et croissant des activités humaines. Les écosystèmes ont été fortement perturbés au cours des dernières décennies sous l'effet d'une longue histoire d'exploitation intensive des ressources naturelles. **LE-HOUEROU (1995) et AIDOU (1983)**.

La végétation de la région de Tlemcen (la zone d'étude) se présente, dans la majorité des cas, sous forme de matorrals plus ou moins dégradés dont le cortège floristique tend à être homogénéisé par l'influence anthropique. Les stades forestiers plus ou moins stable sont très rares.

D'après **BOUAZZA et al. (1998)**, les zones pré-forestières et steppiques sont le théâtre d'un déséquilibre écologique néfaste et continu qui résulte de la très forte charge qu'elles subissent, d'une part, et de leur faible production d'autre part.

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)**.

L'analyse de la richesse floristique des différents groupements et leurs caractères biologiques et morphologiques permet de mettre en évidence leurs originalités floristiques leurs états de conservation et leurs valeurs patrimoine **DAHMANI (1997)**.

L'étude de la végétation concerne la description des groupements de leurs conditions situationnelles. La végétation est définie comme un ensemble de plantes réunies dans une même station par suite d'exigences écologiques identiques ou voisines **CHERIF (2012)**.

Donc la végétation demeure toujours l'expression la mieux combinée et la plus significative des facteurs climatiques, édaphique et les pressions de l'homme ; **CHERIF (2012)**.

Nous entamons dans cette partie une étude de la flore inventoriée dans les différentes stations de même que nous étudierons sur le plan morphologique, biologique et phytogéographique les espèces inventoriées.

Les stations d'études qui on a choisi est caractérisée par une diversité floristique liée à la conjugaison des facteurs écologiques qui sont aussi très variés.

IV.1.Echantillonnage :

DAGNELIE (1970) Définit l'échantillonnage comme « un ensemble d'opérations qui ont pour objet de prélever dans une population des individus devant constituer l'échantillon».

❖ Définition de l'échantillonnage :

L'échantillonnage est l'examen d'une partie des sujets de la population dont plusieurs échantillons peuvent être constitués. L'échantillon en lui-même n'est pas intéressant, ce sont les conclusions sur la population que l'on peut tirer de son observation qui en font l'intérêt (Inférence).

❖ La taille de l'échantillon

Elle se repose notamment sur :

1. La variabilité des caractéristiques que l'on mesure.
2. La taille de la population.
3. Les méthodes d'échantillonnage et d'estimation.

❖ Types d'échantillonnage :

On distingue plusieurs types d'échantillonnage :

- **Echantillonnage aléatoire simple :** Ce type consiste à choisir des individus de telle sorte que chaque membre de la population a une chance égale de figurer dans l'échantillon. Ce choix peut se faire avec remise (un individu peut être choisi plusieurs fois) ou sans remise (un individu déjà choisi ne peut l'être de nouveau, c'est le cas habituel).
- **Echantillonnage systématique :** L'échantillonnage systématique est une méthode qui exige aussi l'existence d'une liste de la population (chaque individu est numéroté de 1 jusqu'à N).
- **Echantillonnage stratifié :** Dans ce cas on a une démarche de sélection :
 - On subdivise la population en strates (groupes relativement homogènes) qui sont mutuellement exclusives.
 - Proportionnellement à son importance dans la population, on calcule combien il faut

d'individus au sein de l'échantillon pour représenter chaque strate.

- Dans chacune des strates, on choisit au hasard le nombre nécessaire d'individus.

- **Echantillonnage en grappes** : L'échantillonnage en grappes entraîne la division de la population en groupes (grappes). On sélectionne au hasard un certain nombre de grappes (unités primaires) pour représenter la population, Ainsi que tous les individus des grappes choisies (**RONDEUX, 1999**).

IV.2. Méthodologie :

DELPECH et al. (1985) définit la communauté végétale comme suivant « Ensemble de végétaux, structuré et généralement homogène, occupant une station ». Utilisé de longue date en phytosociologie, et plus tard en typologie des stations, ce concept est habituel aux forestiers. Il repose sur la notion d'homogénéité et d'aire minimale « sur laquelle la quasi-totalité des espèces de la communauté végétale sont représentées » (**DELPECH et al, 1985**).

IV.2.1. Méthode de l'aire minimale :

Il faut que la surface du relevé soit au moins égale à "l'aire minimale", ou autrement dit "une surface suffisamment grande pour contenir la quasi-totalité des espèces présentes sur l'individu d'association" ; **GUINOCHET (1973)**.

Dans un relevé, toutes les espèces doivent être notées, aucune ne peut être négligée. Néanmoins, il convient de remarquer avec **GUINOCHET (1955)** que beaucoup s'imaginent que plus un relevé comporte d'espèces (est «riche»), meilleur il est ; c'est au contraire souvent un indice qu'il porte sur plusieurs individus d'association et qu'il est, par conséquent, mauvais.

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)**.

L'aire minimale est conçue comme l'aire sur laquelle la quasi-totalité des espèces de la communauté végétale est représentée **MICHAL (2006)**. C'est une approche classique qui repose sur la méthode des surfaces emboîtées. Les placettes dans ce système ont une unité

primaire de 01 m², et chaque nouvelle placette est double de surface de la précédente et ainsi de suite. Les placettes impaires (1, 3, 5, 7 et 9) ont une forme carrée, et les placettes paires (2, 4, 6 et 8) ont une forme rectangulaire.

Cette aire minimale est définie à l'aide de la "courbe aire-espèce" (cf. **GOUNOT, 1969 ; GODRON, 1971 ; WERGER, 1972 ; MORAVEC, 1973 ; GUINOCHE, 1973**). Dans la pratique, la valeur de l'aire minimale s'apprécie assez facilement ; elle est sensiblement constante pour les divers relevés d'un groupement déterminé, mais varie beaucoup d'un groupement à l'autre ; **OZENDA (1982)**. Cette aire est de l'ordre de 100 à 400 m² pour les groupements forestiers, de 50 à 100 m² pour les formations de matorral ; **BENABID (1984)**, de 20 à 50 m² pour les groupements de prairies, de pelouses et d'fermes et quelques mètres carrés seulement pour les plus denses et homogènes ; **OZENDA (1982)**.

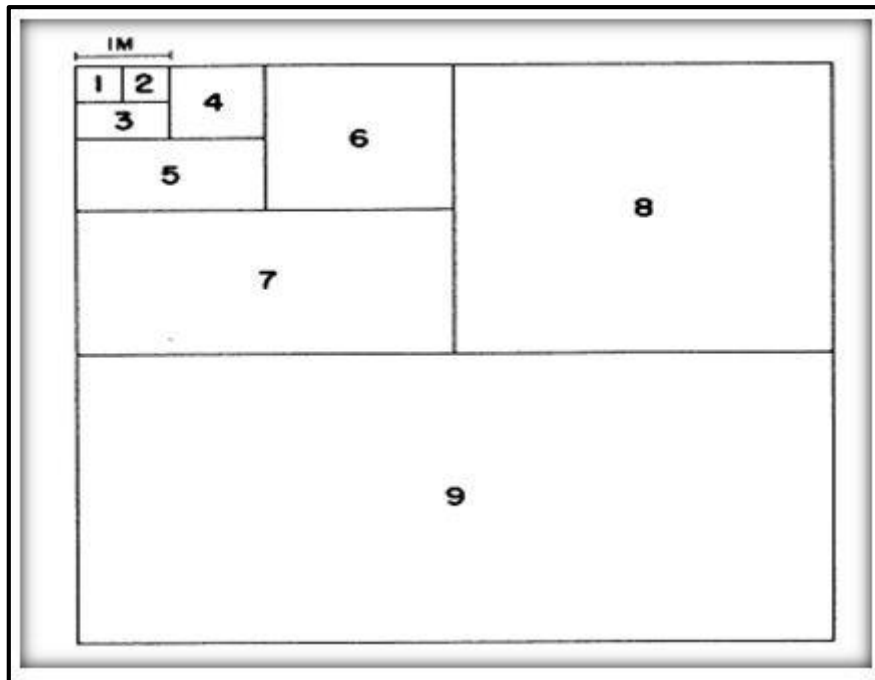


Figure n° 11 : Le système emboîté pour déterminé l'aire minimale (MUELLER-DOMBOIS et ELLENBERG ; 1974)

Plateau

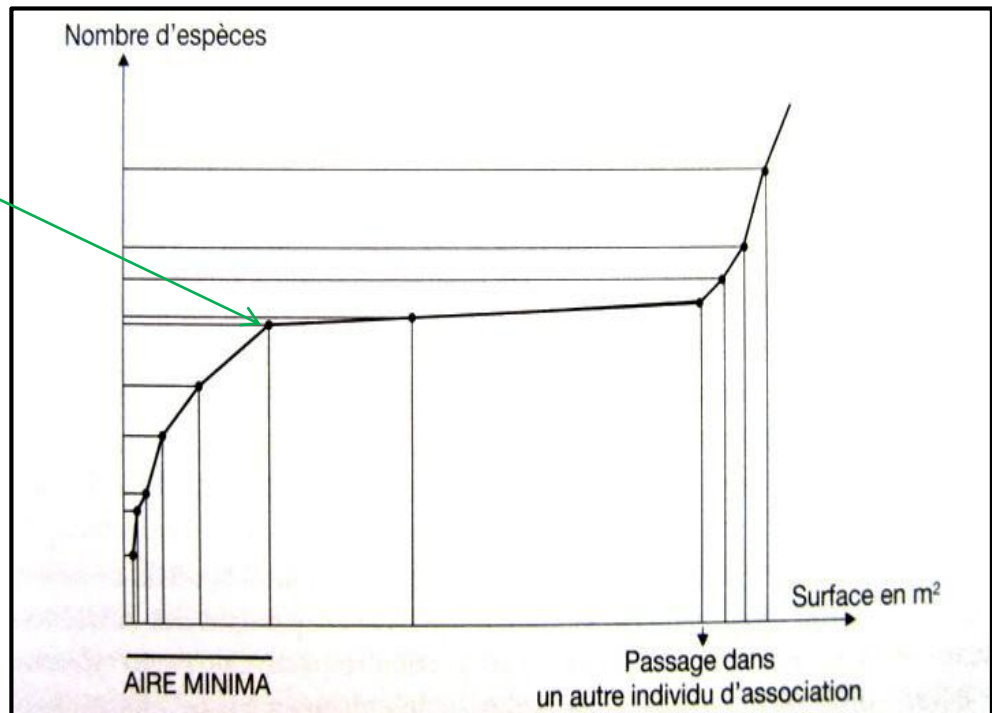


Figure n°12 : Détermination de l'aire minimale par établissement de la courbe aire-espèces (sources : LACOSTE et SALANON, 2001)

IV.2.2. Les critères analytique :

Les espèces présentes dans chacun des relevés sont affectées de deux coefficients, le premier exprimant leur abondance-dominance (estimation du nombre d'individus et surface de recouvrement), le second leur sociabilité (mode de répartition des individus sur la surface étudiée).

▪ **Echelle d'abondance-dominance (BRAUN-BLANQUET *et al.*, 1952) :**

Chaque relevé de végétation consiste à faire un inventaire exhaustif de toutes les espèces végétales rencontrées selon les strates. Pour donner une image plus fidèle de la végétation réelle, chaque espèce est accompagnée d'un indice d'abondance-dominance allant de 1 à 5 sur l'échelle de Braun Blanquet :

- + : individus rares (ou très rares) et recouvrement très faible ;
- 1 : individus assez abondants, mais recouvrement faible ;
- 2 : individus très abondants, recouvrement au moins 1/20 ;
- 3 : nombre d'individus quelconque, recouvrement 1/4 à 1/2 ;
- 4 : nombre d'individus quelconque, recouvrement 1/2 à 3/4 ;
- 5 : nombre d'individus quelconque, recouvrement plus de 3/4.

Soulignons, que l'étude de la composition floristique reste purement qualitative tant qu'on utilise que le critère présence-absence, elle devient semi-quantitative dès qu'on travaille en abondance-dominance ou en % de recouvrement (**DE FOUCAULT, 1980 ; GILLET *et al*, 1991**).

▪ **Echelle de sociabilité (BRAUN-BLANQUET *et al*, 1952) :**

- 1 : individus isolés
- 2 : en groupes
- 3 : en troupes
- 4 : en petites colonies
- 5 : en peuplements denses

SAUVAGE (1951) et BARTOLI (1966) soulignent l'imprécision de cette échelle. Ce caractère analytique est effectivement plus subjectif que celui de l'abondance-dominance car il n'a pas la même signification pour chaque espèce (**RAMEAU, 1988**). En pratique, la sociabilité est souvent en relation avec le type biologique des espèces et possède donc une valeur informative moindre que le coefficient de recouvrement (abondance-dominance); c'est pourquoi certains auteurs ne l'utilisent plus (**GEHU & RIVAS-MARTINEZ, 1981; OZENDA, 198**

IV.3. Composition systématique :

Tableau n°11 : Compositions par familles dans les quatre stations.

Stations Familles	Tlemcen		Hafir		Sebdou		Sidi-Djilal		Zone d'étude	
	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%
Anacardiaceés	1	1,72	0	0	1	1,92	0	0	2	0,89
Aracées	1	1,72	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Aristolochiacées	1	1,72	0	0	0	0	0	0	1	0,44
Apiacées	3	5,17	5	3,16	1	1,92	1	1,66	7	3,13
Astéracées	11	18,96	23	14,55	10	19,23	14	23,33	42	18,83
Boraginacées	0	0	6	3,79	0	0	1	1,66	6	2,69
Brassicacées	1	1,72	5	3,16	1	1,92	4	6,66	6	2,69
Caprifoliacées	0	0	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Caryophyllacées	1	1,72	3	1,89	1	1,92	5	8,33	6	2,69
Cistacées	1	1,72	8	5,06	2	3,84	1	1,66	10	4,48
Crassulacées	0	0	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Cupressacées	0	0	0	0	0	0	1	1,66	1	0,69

Convolvulacées	1	1,72	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Chénopodiacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Dipsacacées	1	1,72	2	1,26	1	1,92	1	1,66	2	0,89
Euphorbiacées	0	0	4	2,53	1	1,92	1	1,66	4	1,79
Ericacées	0	0	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Fabacées	2	3,44	17	10,75	4	7,69	5	8,33	25	11,21
Fagacées	1	1,72	3	1,89	1	1,92	1	1,66	3	1,34
Géraniacées	1	1,72	2	1,26	0	0	2	3,33	2	0,89
Globulariacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Iridacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Juncacées	1	1,72	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Lamiacées	5	8,62	10	6,32	6	11,52	7	11,66	17	7,62
Liliacées	4	6,89	11	6,96	2	3,84	1	1,66	11	4,93
Linacées	1	1,72	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Malvacées	1	1,72	3	1,89	0	0	1	1,66	4	1,79
Orchidacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Oléacées	2	3,44	3	1,89	0	0	0	0	3	1,34
Oxalidacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Palmacées	1	1,72	1	0,63	1	1,92	0	0	1	0,69
Papavéracées	1	1,72	1	0,63	0	0	1	1,66	1	0,69
Plantaginacées	1	1,72	3	1,89	1	1,92	3	5	4	1,79
Poacées	5	8,62	11	6,96	12	23,07	7	11,66	17	7,62
Pinacées	0	0	1	0,63	1	1,92	0	0	1	0,69
Primulacées	1	1,72	1	0,63	1	1,92	0	0	1	0,69
Renonculacées	1	1,72	2	1,89	1	1,92	1	1,66	3	1,34
Résédacées	0	0	2	1,89	1	1,92	2	3,33	3	1,34
Rubiacées	1	1,72	5	3,16	0	0	0	0	4	1,79
Rutacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Rhamnacées	1	1,72	1	0,63	1	1,92	0	0	2	0,89
Rosacées	1	1,72	2	1,26	0	0	0	0	2	0,89
Salicacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Scrofulariacées	0	0	3	1,89	0	0	0	0	3	1,34
Solanacées	1	1,72	0	0	0	0	0	0	1	0,69
Thymeleacées	1	1,72	1	0,63	2	3,84	0	0	2	0,89
Urticacées	1	1,72	0	0	0	0	0	0	1	0,69
Valérianacées	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,69
Total	58	100	158	100	52	100	60	100	223	100

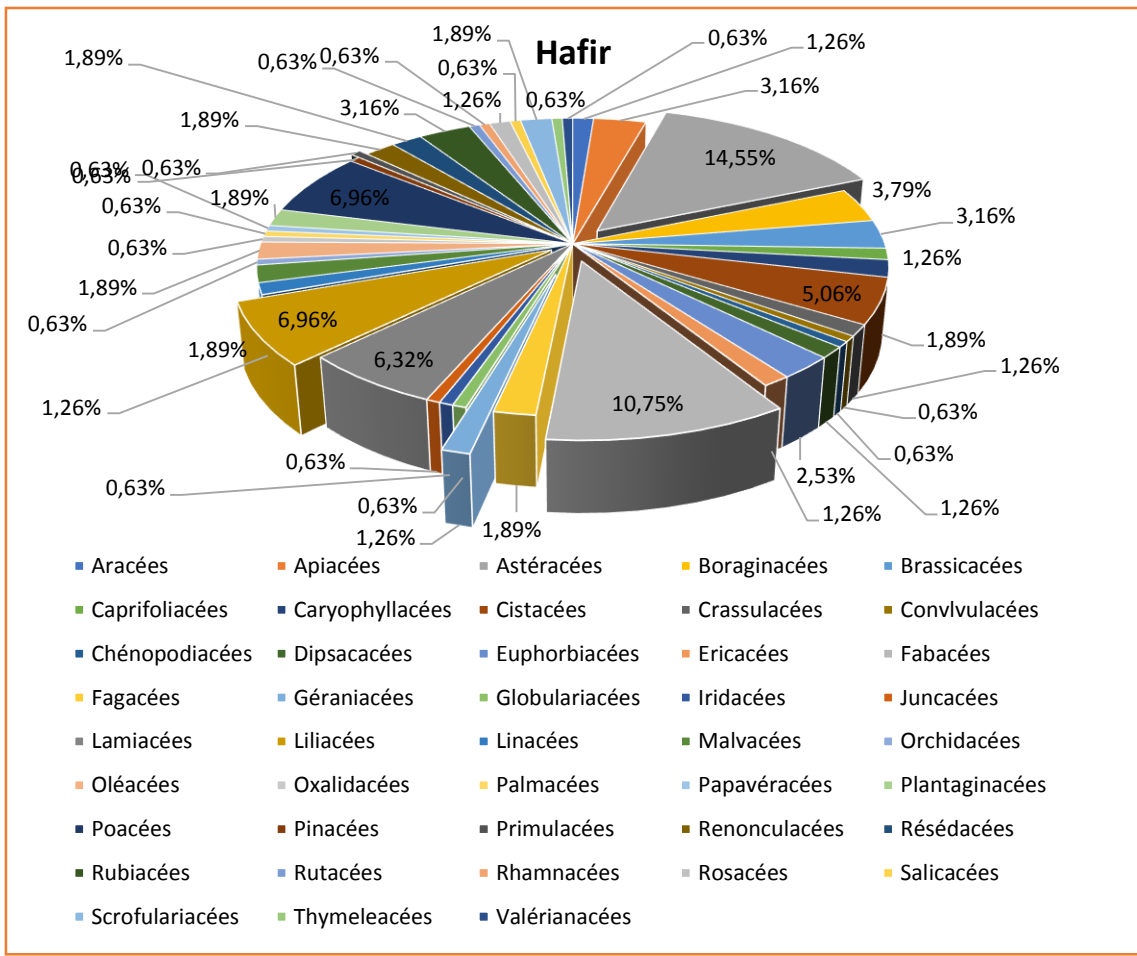
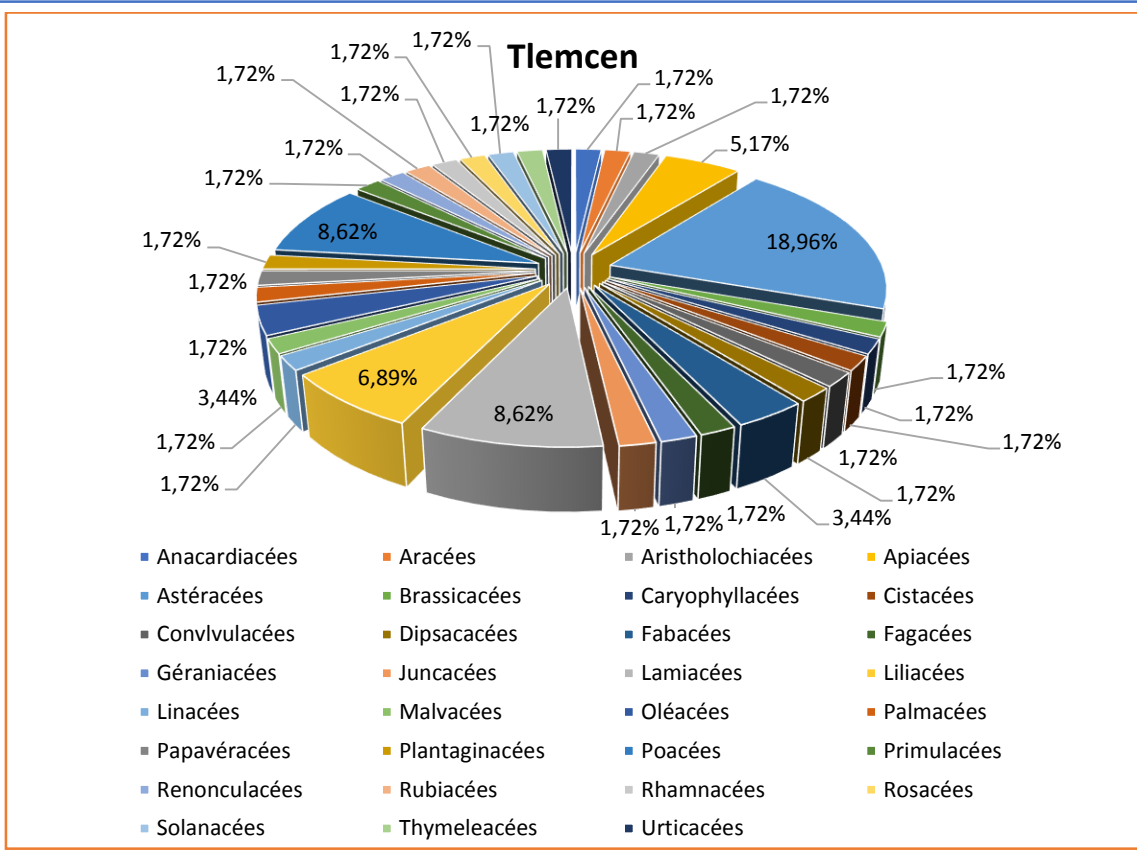


Figure n°14 : Répartition par familles des stations Tlemcen et Hafir.

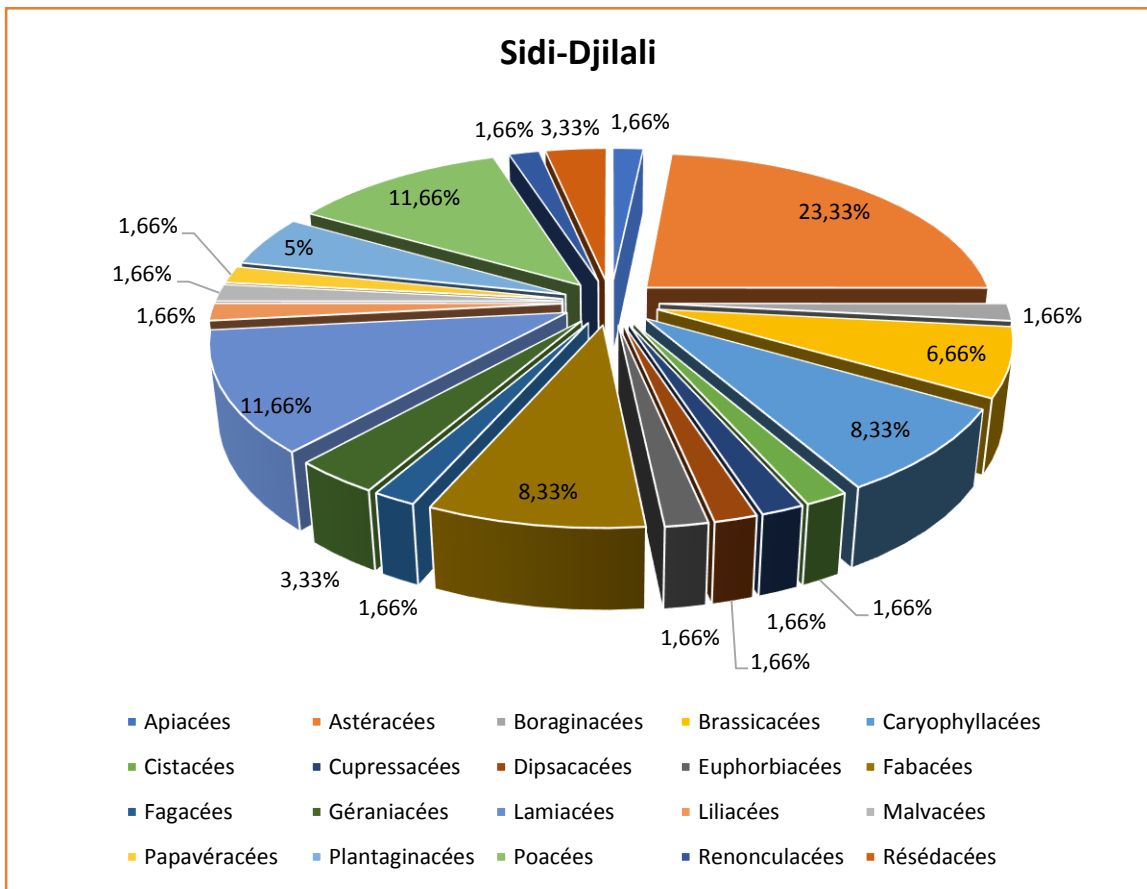
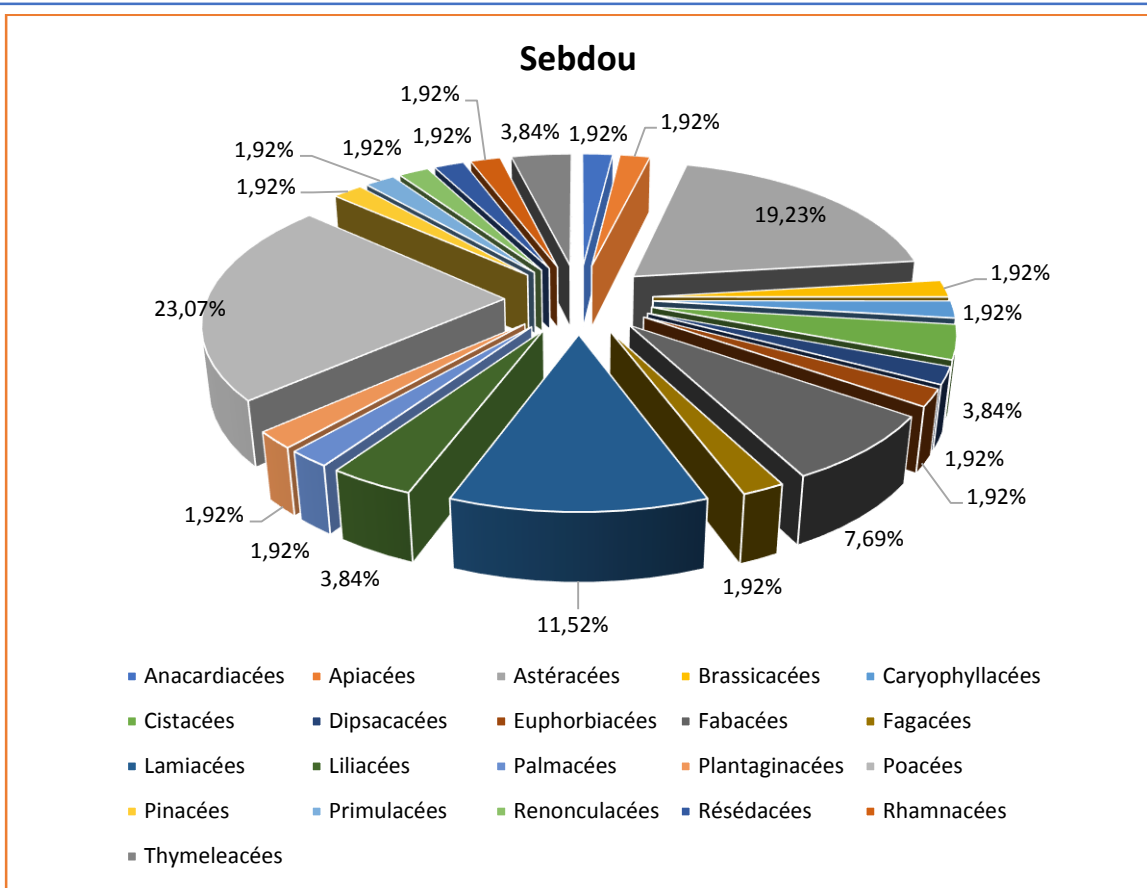


Figure n°15 : Répartition par familles des stations Sebdou et Sidi-Djilali.

Au niveau de la zone d'étude, le cortège floristique réalisé a permis de comptabiliser 223 espèces appartenant à 48 familles. La répartition des familles est hétérogène.

Les Astéracées, les Lamiacées et les Poacées dominent les quatre stations d'étude (Tlemcen, Hafir, Sebdou, Sidi-Djilali).

Les autres familles ont un pourcentage faible à très faible et qui sont généralement mono-génériques (Chénopodiacées, Pinacées) et parfois même mono-spécifiques (Palmacées, Crassulacées, Orchidacées, Rutacées, Rosacées...)

- Station de Tlemcen (N°01) :

La famille la plus dominante de cette station est celle des Astéracées qui est au nombre de (8 espèces) suivie par la présence des Poacées et Lamiacées (5 espèces), les autres familles ont très faible pourcentage.

- Station de Hafir (N°02) :

La famille la plus répandus dans cette station c'est aussi la famille qui la plus répandus dans le règne végétale les Astéracées au nombre (23 espèces) suivie par les Fabacées au nombre (17 espèces), puis les familles de Liliacées et Poacées par présentation de (11 espèces), et Lamiacées au nombre (10 espèces), et le Cistacées (8 espèces), les autres familles ont un pourcentage faible à très faible.

- Station de Sebdou (N°03) :

Dans cette station les Poacées noté une forte contribution au nombre (12 espèces), suivie par les Astéracées (10 espèces), puis les Lamiacées (6 espèces), les autres familles ont un pourcentage faible à très faible.

- Station de Sidi-Djilali (N°04)

La famille la plus dominante de cette station est celle des Astéracées au nombre (14 espèces), suivie par les Poacées et Lamiacées par (7 espèces), puis les Fabacées et les Caryophyllacées par (5 espèces), les autres familles présentent par très faible pourcentage.

D'une façon générale, les résultats obtenus montrent que les interactions entre la végétation, les facteurs climatiques et les reliefs jouent un rôle prépondérant dans la dynamique des peuplements végétaux.

IV.4. Caractérisation biologique :

➤ **Type biologique :**

Au cours de leur évolution, les milieux se transforment par modification progressive de leur flore constitutive.

Chaque formation végétale présente une physionomie relativement homogène, due à la dominance d'une (ou plusieurs) forme biologique.

En effet, les divers stades d'une série évolutive possèdent des caractéristiques environnementales qui sélectionnent des végétaux ayant un type d'organisation morphologique et biologique adapté (durée de vie et façon de passer la saison défavorable).

- **Phanérophyte(PH) : (Phanéros = visible, phyte = plante)**

Ce type biologique regroupe les arbres et les arbustes dont les bourgeons se situent au-dessus de 50 cm par rapport au sol (ex : Saule, Camélia...),

- **Chaméphyte(CH) : (Chami = à terre)**

Ce type biologique regroupe des arbustes et des vivaces dont les bourgeons se situent en-dessous de 50 cm par rapport au sol (Ex : Bruyère, Millepertuis...),

- **Hémicryptophyte(HE) : (crypto = caché)**

Ce type biologique regroupe les vivaces dont les organes permettant de passer la mauvaise saison (bulbe, rhizome...) se développent au niveau du sol alors que la partie aérienne disparaît (ex : Iris, Carotte...).

- **Géophyte(GE) :**

Ce type biologique regroupe les vivaces dont les organes permettant de passer la mauvaise saison (bulbe, rhizome...) se développent dans le sol alors que la partie aérienne disparaît (ex : Safran, Pomme de terre...).

- **Thérophyte(TH) : (theros = été)**

Ce type biologique regroupe les annuelles qui se conservent uniquement sous forme de graines (ex : Laitue, Pétunia...).

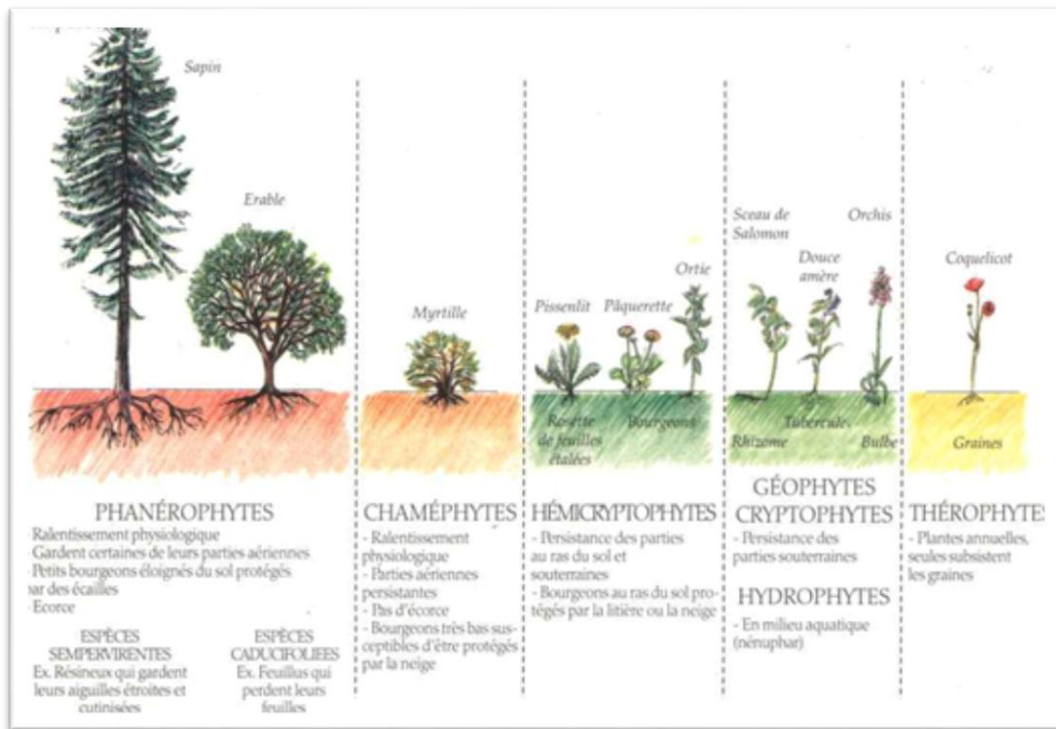


Figure n°16 : Classification des types biologiques de Raunkiaer.

➤ **Le spectre biologique :**

Le spectre biologique selon **GAUSSEN et al (1982)** est le pourcentage des divers types biologiques.

RAMADE (1984) recommande l'utilisation du spectre biologique en tant qu'indicateur de la distribution des autres caractères morphologiques et probablement des caractères physiologiques.

Tableau n°12 : Pourcentages des types biologiques dans les quatre stations.

Types Biologiques	Zone d'étude		Tlemcen		Hafir		Sebdou		Sidi-Djilali	
	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%
Phanérophytes	17	7,62	6	10.35	13	8.23	3	5.77	2	3.33
Chamaephytes	49	42,61	12	20.69	37	23.42	11	21.15	11	18.33
Hémicryptophytes	21	9,41	8	13.79	14	8.86	3	5.77	4	6.66
Géophytes	21	9,41	6	10.35	19	12.02	6	11.53	1	1.66
Thérophytes	115	51,56	26	44.83	75	47.47	29	55.76	42	70
Total	223	100	58	100	158	100	52	100	60	100

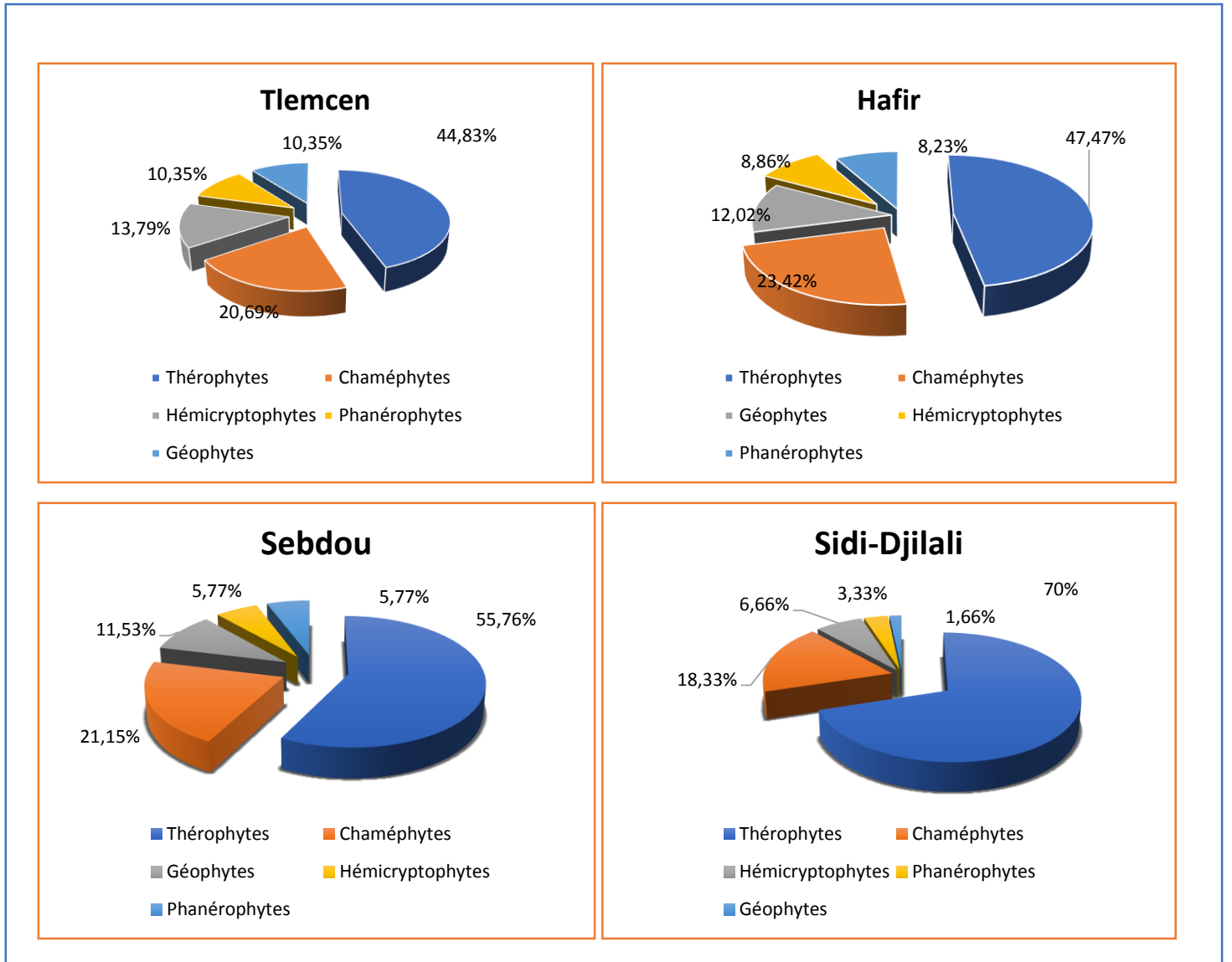


Figure n°17 : Pourcentage des types biologiques de quatre stations (Tlemcen, Hafir, Sebdou, Sidi-Djilali).

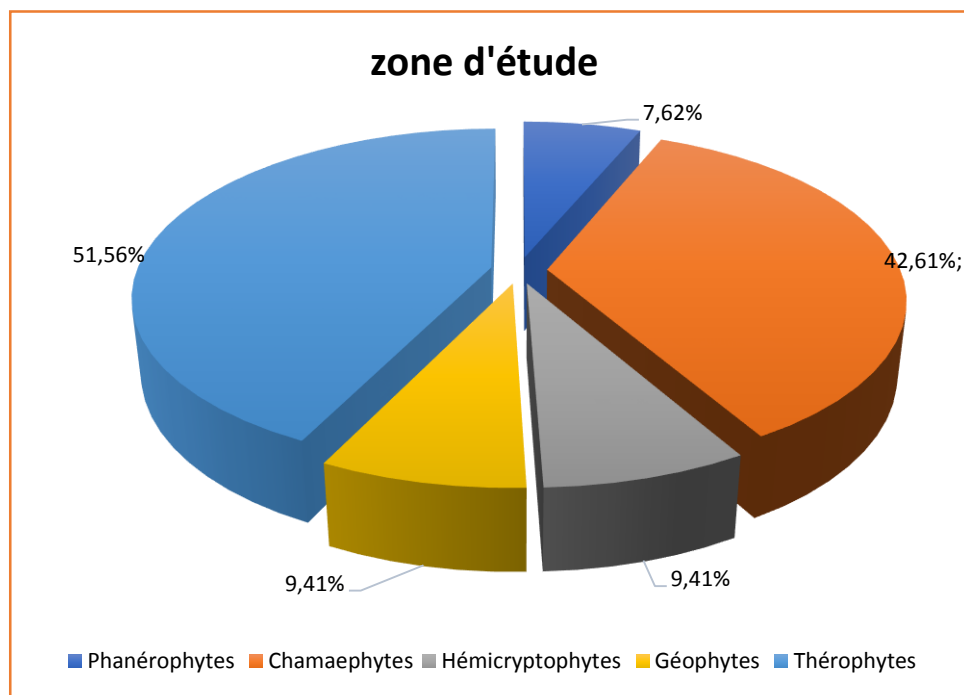


Figure n°18 : Pourcentage des types biologiques de la zone d'étude.

Les types biologiques sont conditionnés par les facteurs du milieu et c'est la dominance de l'un ou de l'autre qui donne le nom à la formation végétale. Celle-ci est donc l'expression physiologique qui reflète les conditions du milieu.

Le dénombrement des espèces des monts de Tlemcen par type biologique a été effectué sur la totalité des espèces de chaque station.

Le tableau ci-dessus montre la répartition des types biologiques par station qui est très hétérogène :

- ❖ Station n°1: Tlemcen : TH > CH > HE > GE = PH.
- ❖ Station n°2: Hafir : TH > CH > GE > HE > Ph.
- ❖ Station n°3: sebdou : TH > CH > HE > PH > GE.
- ❖ Station n°4: Sidi-Djilali : TH > CH > HE > PH > GE.
- ❖ Zone d'étude: TH > CH > HE = GE > PH.

DAGET (1980) pense que, de toute façon, le taux de théophytes est lié, quelle que soit l'échelle de l'analyse et le niveau de perception adopté, à l'ouverture de la végétation et l'humidité globale du milieu.

FLORET et al (1982) signale que plus un écosystème est influencé par l'homme, plus les thérophytes y prennent de l'importance.

Dans notre zone d'étude, chaque type de formation montre que la proportion la plus élevée est celle des thérophytes ce qui confirme l'impact de l'homme sur ces milieux.

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.

Malgré la dominance des thérophytes, les Chamaephytes gardent une proportion particulièrement importante au niveau des stations étudiées, **DAHMANI (1996)** souligne que les Chamaephytes, qui sont généralement plus fréquentes dans les matorrals et plus spécialement, dans les matorrals alticoles surtout sur calcaire (xéricité édaphique) et les matorrals xériques en situation méridionale.

Le Chamaerops humilis est une espèce Chamaeptytique qui témoigne le stade de dégradation d'une forêt (matorral).

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.

Enfin les phanérophytes sont les moins représentées, dans l'ensemble 7,62 % (sauf à la station de Sidi-Djilali) traduisent les changements d'état du milieu sous l'action de facteurs écologiques et surtout anthropozoïques.

Selon **KOECHLIN(1961)**, les types biologiques constituent des indices de la stratégie de vie des espèces.

Quant aux Phanérophytes sont les moins abondants dans la zone d'étude, ils sont en nombre de 06 : *Withania frutescens*, *Ziziphus lotus*, *Phillyrea angustifolia*, *Olea europea*, *Quercus ilex*, *Pistacia lentiscus* à Tlemcen.

14 espèces à Hafir à savoir : *Quercus ilex*, *Populus alba*, *Quercus suber*, *Olea europea*, *Pinus halepensis*....

La station de Sebdou représenté par *Thapsia garganica*, *Salvia officinalis* et *Ampelodesma mauritanicum*.

La station de Sidi-Djilali représenté par le *Quercus ilex* et *Lactuca viminea*.

IV.5. Indice de perturbation :

L'indice de perturbation calculé permet de quantifier la thérophytisation d'un milieu (**LOISEL et al 1993**).

$$IP = \frac{\text{Nombre de chamaephytes} + \text{Nombre de thérophytes}}{\text{Nombre total des espèces}}$$

Tableau n°13 : Indice de perturbation des stations étudiées.

Stations	Tlemcen	Hafir	Sebdou	Sidi-Djilali	Zone d'étude
Indice de perturbation	65%	71%	76%	88%	73%

Cet indice a été calculé à partir du nombre d'espèces grâce aux 223 relevés réalisés sur le terrain. Pour notre cas, l'indice de perturbation, étant de l'ordre de 73 % pour toute la zone étudiée, montre la forte dégradation des formations végétales engendrée par l'action de l'homme (défrichage, 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.

IV.6. Caractérisation morphologique :

La forte dégradation agit sur la régénération des espèces. La non régénération des vivaces entraîne ainsi des modifications qui donnent des parcours non résilients, ainsi que des changements dans la production potentielle et la composition botanique **WILSON (1986)**.

Tableau n°14 : Pourcentage des types morphologiques.

Types morphologiques	Tlemcen		Hafir		Sebdou		Sidi-Djilali		Zone d'étude	
	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%	Nmbr	%
Herbacées annuelles	27	46.55	90	56.96	30	57.69	42	70	123	55,15
Herbacées vivaces	23	39.66	50	31.64	17	32.69	15	25	64	28,7
Ligneuses vivaces	8	13.79	28	17.72	5	9.61	3	5	33	14,8
Total	58	100	158	100	52	100	60	100	223	100

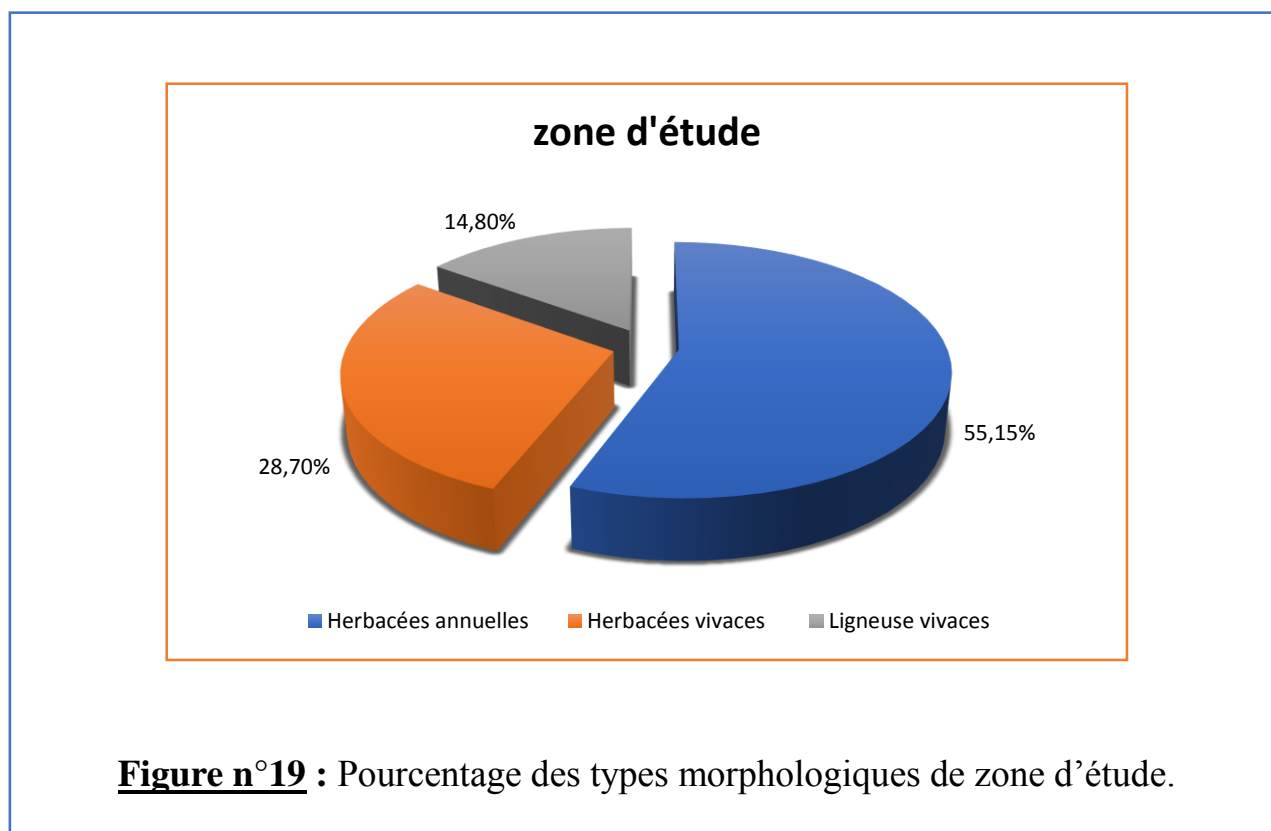


Figure n°19 : Pourcentage des types morphologiques de zone d'étude.

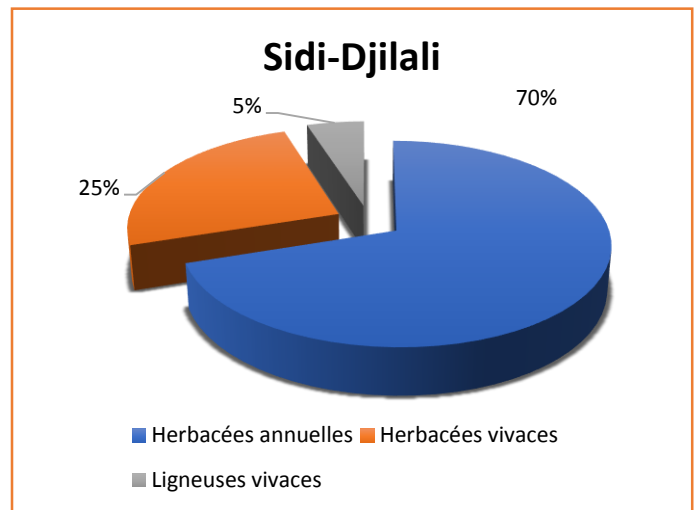
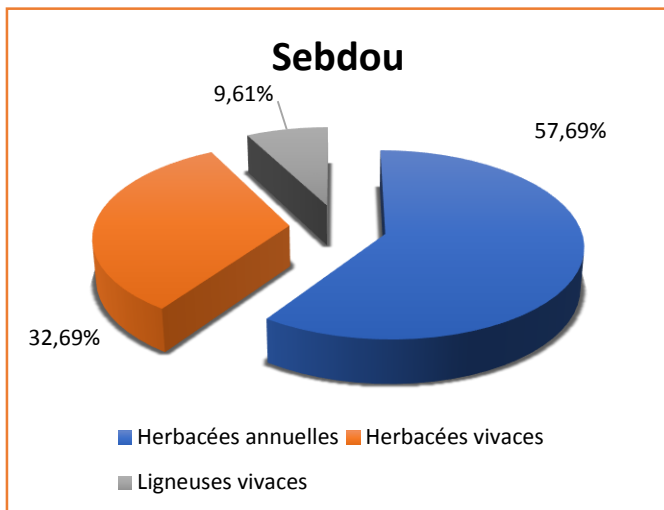
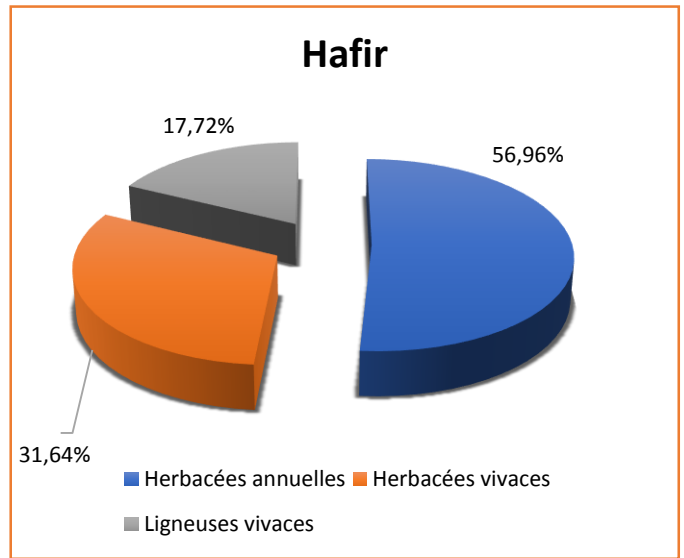
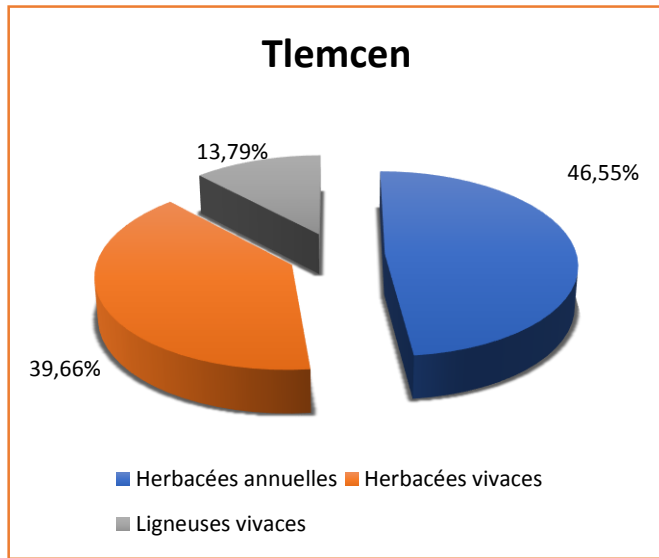


Figure n°20 : Pourcentage des types morphologiques des stations d'études (Tlemcen, Hafir, Sebdou, Sidi-Djilali).

De point de vue morphologique, les formations végétales de la zone d'étude sont marquées par l'hétérogénéité entre les ligneux et les herbacées, et entre les vivaces et les annuelles.

Nos recherches ont révélé la dominance des espèces herbacées annuelles avec un pourcentage (55,15%), les herbacées vivaces (28,7%) en deuxième position, et enfin les ligneux vivaces avec (14,8%) ; Cette dominance reflète l'exposition de cette végétation à l'action anthropique.

IV.7. Caractérisations biogéographiques :

La phytogéographie étudie la répartition des espèces végétales à la surface du globe selon **LACOSTE et al (1969)**. Les raisons pour lesquelles une espèce ne dépasse pas les limites de son aire géographique peuvent être variées : le climat, le sol, l'histoire ou l'isolement par des obstacles naturels.

L'élément phytogéographique correspond à « l'expression floristique et phytosociologique d'un territoire étendu bien défini ; il englobe les espèces et les collectivités phytogéographiques caractéristiques d'une région ou d'un domaine déterminés » d'après **BRAUN-BLANQUET (1919)**.

L'étude phytogéographique constitue également un véritable modèle pour interpréter le phénomène de régression ; **OLIVIER et al (1995)**.

Tableau n° 15 : pourcentage des types biogéographiques.

Types biogéographiques	Stations								Zone d'étude	
	Tlemcen		Hafir		Sebdou		Sidi-Djilali			
	Nbr	%	Nbr	%	Nbr	%	Nbr	%	Nbr	%
Med.	20	34,48	58	36,07	14	26,92	25	41,66	80	35,87
Euras.	1	1,72	7	4,43	1	1,92	3	5	9	4,03
Paleo-Temp.	2	3,44	6	3,80	3	5,76	4	6,66	8	3,58
Med-Atl.	2	3,44	5	3,16	1	1,92	1	1,66	6	2,69
Ibéro-Maur.	3	5,17	2	1,26	2	3,84	2	3,33	7	3,13
Cosmo.	2	3,44	3	1,89	1	1,92	0	0	4	1,79
Med-Irano-Tour.	1	1,72	2	1,26	2	3,84	3	5	4	1,79
Macar-Med.	2	3,44	2	1,26	1	1,92	1	1,66	3	1,34
End-N-A.	1	1,72	1	0,63	3	5,76	0	0	5	2,24
Macar-Med-Irano-Tour.	1	1,72	1	0,63	0	0	1	1,66	1	0,44
Circum-Bor.	1	1,72	1	0,63	0	0	1	1,66	1	0,44
Sah-Med.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Canar-Med-Ethiop-Inde.	0	0	1	0,63	0	0	1	1,66	1	0,44
N.A.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
N-A-Trip.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Alg-Tun.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
W-As.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Sah.	1	1,72	1	0,63	1	1,92	1	1,66	1	0,44
Canar-Eth-Merid-N-A.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
w-Med.	7	12,06	21	13,22	5	9,61	4	6,66	24	10,76
Euro-Med.	4	6,89	9	5,69	3	5,76	1	1,66	14	6,27
Circum-Med.	4	6,89	2	1,26	2	3,84	2	3,33	10	4,48
Sub-Cosmo.	2	3,44	4	2,53	2	3,84	0	0	3	1,34
Euras-Med.	0	0	3	1,89	0	0	1	1,66	3	1,34
Paléo-Sub-Trop.	0	0	2	1,26	2	3,84	1	1,66	2	0,89
Canar-Med.	0	0	2	1,26	1	1,92	0	0	2	0,89
Eur.	0	0	2	1,26	1	1,92	0	0	3	1,34
End.	0	0	2	1,26	1	1,92	2	3,33	3	1,34
Thermo-Sub.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Alt-Med.	0	0	1	0,63	1	1,92	1	1,66	1	1,34
Canar-Auras-Afr-Sep.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Med-Ethiopie.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Euras-N-A-Trip.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
Sub-Med.	0	0	1	0,63	1	1,92	1	1,66	3	1,34
S-Med-Sah.	0	0	1	0,63	0	0	1	1,66	1	0,44
Ibéro-N-A-Sicile.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
N-A-Trip.	0	0	1	0,63	0	0	0	0	1	0,44
End-Alg-Mar.	0	0	0	0	1	1,92	0	0	1	0,44
Espagne.	0	0	0	0	1	1,92	0	0	1	0,44
Sah-Sud-Med.	1	1,72	0	0	0	0	0	0	1	0,44

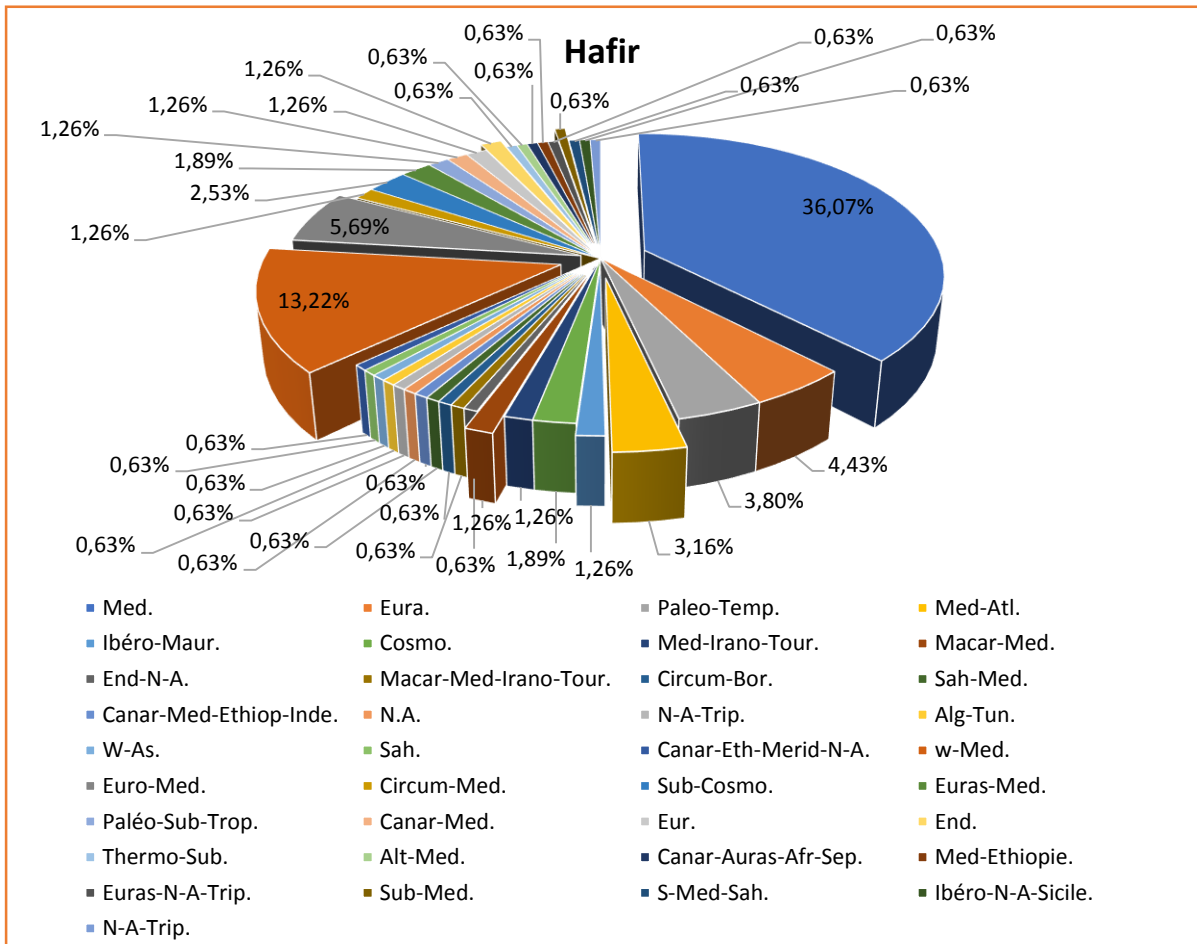
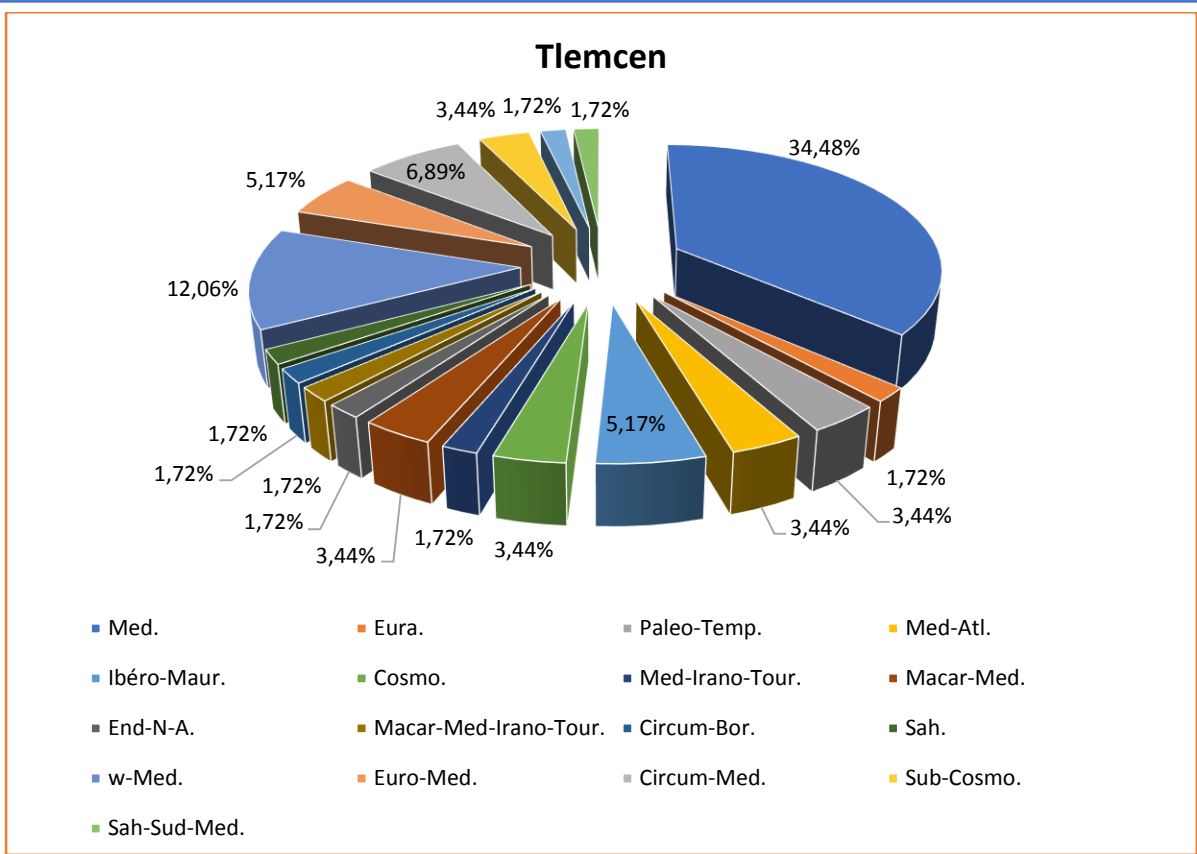


Figure n°22 : Répartition des types biogéographiques (stations Tlemcen et Hafir).

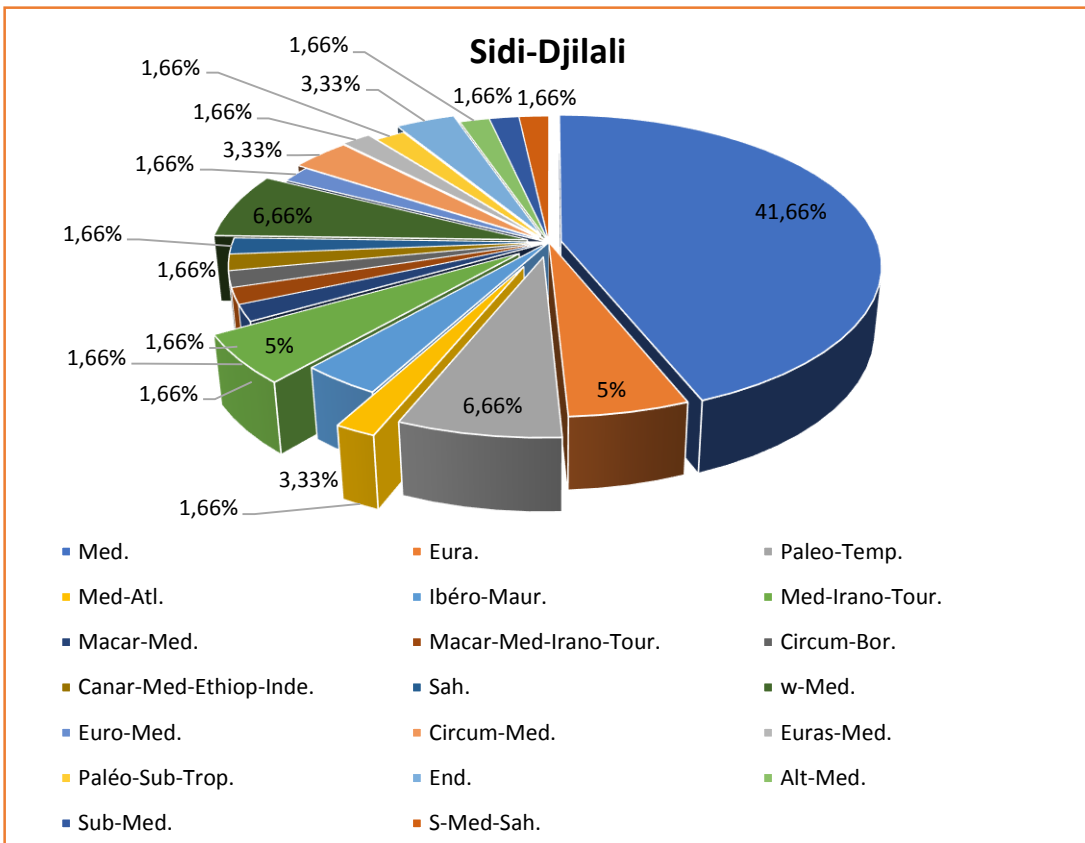
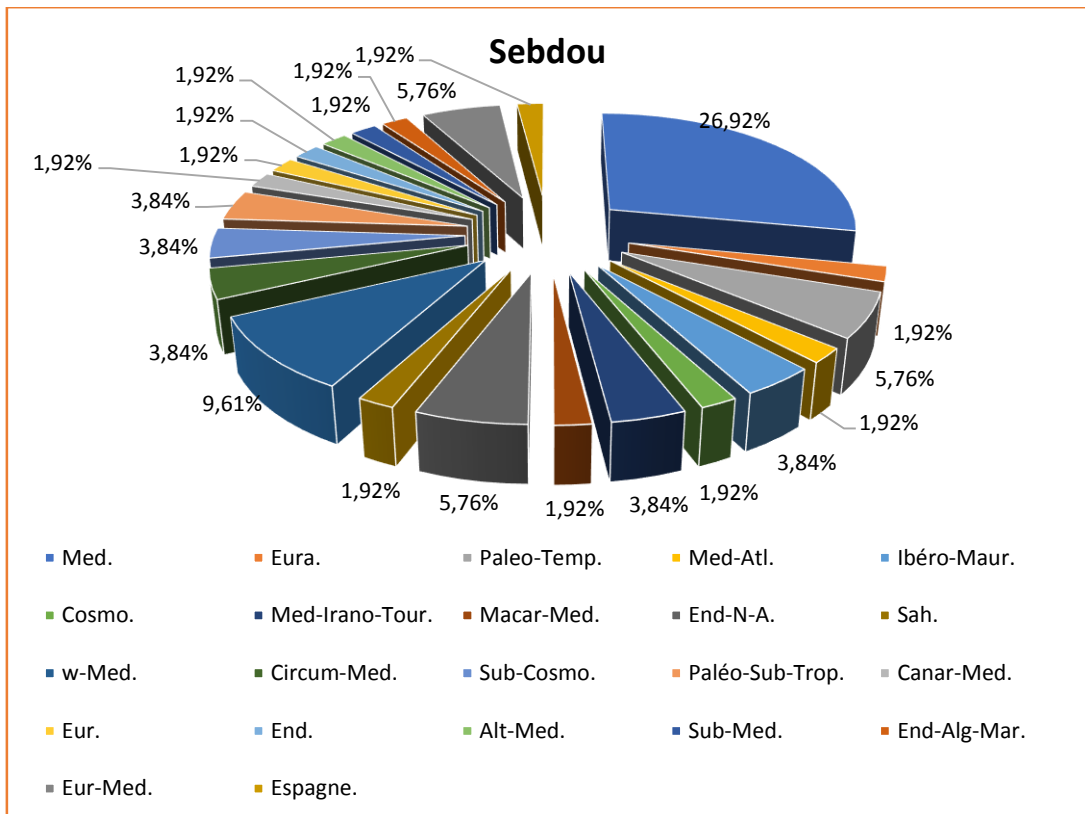


Figure n°23 : Répartition des types biogéographiques des stations d'étude Sebdou et Sidi-Djilali.

L'analyse biogéographique de la zone d'étude montre une prédominance des espèces de type biogéographiques méditerranéennes avec un pourcentage de 35,87%, ensuite l'élément West-méditerranéennes de 10,76% et Européen- Méditerranéen vient en troisième position.

Les éléments les plus importants dans la zone d'étude sont Méditerranéens (35,87%) ; West- méditerranéen (10,76%) ; Européen- Méditerranéen (6,27%° ; et l'élément Eurasiatiques (4,03%).

Le taux des autres éléments biogéographiques est très peu représenté. 50% des espèces Paleo-Subtropicale, Circum-méditerranéen, Eurasiatique-Méditerranéen sont mentionnées comme rares à très rares par **QUEZEL et al (1962-1963)**.

Tableau n°16 : Inventaire exhaustif de la zone d'étude.

Taxon	Famille	Type biologique	Type morphologique	Type géomorphologique
<i>Ampelodesma mauritanicum</i>	Poacées	LV	Ch	Med.
<i>Avena sterilis</i>	Poacées	HA	Th	Macr-Med-Irano-Tour.
<i>Dactylis glomerata</i>	Poacées	HV	He	Paleo-Temp.
<i>Briza minor</i>	Poacées	HA	Th	Thermo-Subcosmo.
<i>Bromus madretensis</i>	Poacées	HA	Th	Euro-Med.
<i>Bromus rubens</i>	Poacées	HA	Th	Paleo-Sub-Trop.
<i>Brachypodium distachyum</i>	Poacées	HA	Th	Paleo-Sub-Trop.
<i>Agropyron repens</i>	Poacées	HV	Ge	Circum-Med.
<i>Aegilops ventricosa</i>	Poacées	HA	Th	W-Med.
<i>Aegilops triuncialis</i>	Poacées	HA	Th	Med-Irano-Tour.
<i>Hodeum murinum</i>	Poacées	HA	Th	Circum-Bor.
<i>Stipa tenacissima</i>	Poacées	HV	Ge	W-Med
<i>Lygeum spartum</i>	Poacées	HV	Ge	Ibero-Maur
<i>Echinaria capitata</i>	Poacées	HV	Ge	W-Med

<i>Poa bulbosa</i>	Poacées	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Avena alba</i>	Poacées	HA	Th	Med.Irano.Tour
<i>Schismus barbatus</i>	Poacées	HA	Th	Macar-Med
<i>Chamaerops humilis</i>	Palmacées	HV	Ch	W-Med.
<i>Arisarum vulgare</i>	Aracées	HA	Ge	Circum-Med.
<i>Arum italicum</i>	Aracées	HV	Ge	Med-Atlan.
<i>Pistacia lentiscus</i>	Anacardiacees	LV	Ph	Circul-Bor.
<i>Pistacia atlántica</i>	Anacardiacees	LV	Ph	End-N-A.
<i>Juncus maritimus</i>	Juncacées	HV	Ge	Sub-Cosmo.
<i>Asphodelus microcarpus</i>	Liliacées	HV	Ge	Canar-Med.
<i>Urginea maritime</i>	Liliacées	HV	Ge	Canar-Med.
<i>Ornithogalum umbellatum</i>	Liliacées	HV	Ge	Atl-Med.
<i>Muscari neglectum</i>	Liliacées	HV	Ge	Eur-med.
<i>Asparagus albus</i>	Liliacées	HV	Ge	W-Med.
<i>Asparagus stipularis</i>	Liliacées	HV	Ge	Macar-Med. Med.
<i>Asparagus acutifolius</i>	Liliacées	HV	Ge	Canar-Med-Ethiop.
<i>Smilax aspera</i>	Liliacées	HV	Ge	Inde
<i>Allium sub-hirsutum</i>	Liliacées	HV	Ge	Med-Ethiopie
<i>Allium nigrum</i>	Liliacées	HV	Ge	Med.
<i>Allium roseum</i>	Liliacées	HV	Ge	Med.
<i>Gladiolus segetum</i>	Iridacées	HA	Ge	Med.
<i>Orchis maculate</i>	Orchidacées	HA	Ge	Med.
<i>Populus alba</i>	Salicacées	LV	Ph	Eur.
<i>Quercus coccifera</i>	Fagacées	LV	Ph	Paleo-Temp.
<i>Quercus ilex</i>	Fagacées	LV	Ph	W-Med.
<i>Quercus suber</i>	Fagacées	LV	Ph	Med.
<i>Pinus halepensis</i>	Pinacées	LV	Ph	W-Med.
<i>Chenopodium album</i>	Chénopodiacees	HA	Th	Med.
<i>Paronychia argentea</i>	Caryophyllacées	HV	He	Cosmop.

<i>Cerastium dichotomum</i>	Caryophyllacées	HA	Th	Med.
<i>Herniaria hirsuta</i>	Caryophyllacées	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Minuartia montana</i>	Caryophyllacées	HA	Th	Med.
<i>Velezia rigida</i>	Caryophyllacées	HA	Th	Med.
<i>Silene colorata</i>	Caryophyllacées	HA	Th	Med-Iran-Tour.
<i>Adonis annua</i>	Renonculacées	HA	Th	Med.
<i>Adonis dentata</i>	Renonculacées	HA	Th	Med.
<i>Ceratocephalus falcatus</i>	Renonculacées	HA	Th	Med-Irano-Tour.
<i>Ranunculus bullatus</i>	Renonculacées	HV	He	Euras.
<i>Papaver rhoeas</i>	Papaveracées	HA	Th	Med.
<i>Biscutella didyma</i>	Brassicacées	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Lobularia maritima</i>	Brassicacées	HA	Th	Med.
<i>Alyssum campestre</i>	Brassicacées	HA	Th	Med.
<i>Raphanus raphanistrum</i>	Brassicacées	HA	Th	Med.
<i>Sinapis arvensis</i>	Brassicacées	HA	Th	Med.
<i>Brassica nigra</i>	Brassicacées	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Reseda alba</i>	Résédacées	HA	Th	Euras.
<i>Reseda luteola</i>	Résédacées	HA	Th	Euras.
<i>Reseda phyteuma</i>	Résédacées	HV	Ch	Med.
<i>Sedum tenuifolium</i>	Crassulacées	HV	Ge	Euras.
<i>Sedum Rubens</i>	Crassulacées	HA	Th	Euro-Med.
<i>Sedum acre</i>	Crassulacées	HV	He	W-Med.
<i>Rosa sempervirens</i>	Rosacées	LV	Ph	Med.
<i>Rubus ulmifolius</i>	Rosacées	HV	Ch	Med-Atl.
<i>Crateagus oxycantha</i>	Rosacées	LV	Ph	Med.
<i>Ulex europeus</i>	Fabacées	HA	Ch	Euro-Med.
<i>Ulex bovinii</i>	Fabacées	HA	Ch	Eur.

<i>Ulex parviflorus</i>	Fabacées	HA	Ch	Ibero-Mar.
<i>Ononis spinosa</i>	Fabacées	LV	Ch	W-Med.
<i>Calycotome villosa</i>	Fabacées	LV	Ch	Eur-As.
<i>Cytisus triflorus</i>	Fabacées	HV	Ch	W-Med.
<i>Lotus ornithopodioides</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Lotus hispidus</i>	Fabacées	HA	Th	Med-Atl.
<i>Scorpiurus muricatus</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Medicago italica</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Psoralea bituminosa</i>	Fabacées	LV	Ch	Med.
<i>Trifolium tomentosum</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Trifolium angustifolium</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Trifolium arvense</i>	Fabacées	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Trifolium stellatum</i>	Fabacées	HV	Th	Med.
<i>Anthyllis tetraphylla</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Anthyllis vulneraria</i>	Fabacées	HA	Th	Euro-Med.
<i>Vicia sicula</i>	Fabacées	HA	Th	W-Med.
<i>Hippocrepis multisiliquosa</i>	Fabacées	HA	Th	Med.
<i>Medicago orbicularis</i>	Fabacées	HA	Th	E-Med.
<i>Medicago rugosa</i>	Fabacées	HA	Th	Med
<i>Mellilotis sulkata</i>	Fabacées	HA	Th	Med
<i>Astragalus armatus</i>	Fabacées	HV	Ch	End-N-A
<i>Calycotome spinosa</i>	Fabacées	LV	Ch	W-Med
<i>Medicago minima</i>	Fabacées	HA	Th	Euro-Med
<i>Erodium guttatum</i>	Géraniacées	HA	Th	Sah-med.
<i>Erodium moschatum</i>	Géraniacées	HA	Th	Med.
<i>Oxalis corniculata</i>	Oxalidacées	HA	Ge	Cosmop.
<i>Linum strictum</i>	Linacées	HA	Th	Med.
<i>Linum usitatissimum</i>	Linacées	HA	Th	Med.

<i>Ruta chalepensis</i>	Rutacées	HV	Ch	Med.
<i>Euphorbia dendroides</i>	Euphorbiacées	LV	Ch	Med.
<i>Euphorbia peplis</i>	Euphorbiacées	HA	Th	Med-Atlan.
<i>Euphorbia nicaensis</i>	Euphorbiacées	LV	Ch	W-Med.
<i>Euphorbia paralias</i>	Euphorbiacées	LV	Ch	Med-Atlan.
<i>Euphorbia exigua</i>	Euphorbiacées	HA	Th	Med-Eur
<i>Rhamnus lycioides</i>	Rhamnacées	LV	Ch	W-Med.
<i>Ziziphus lotus</i>	Rhamnacées	LV	Ph	Ibero-Maur.
<i>Althaea hirsute</i>	Malvacées	HA	Th	Med.
<i>Malva sylvestris</i>	Malvacées	HA	Th	Euras.
<i>Malva aegyptiaca</i>	Malvacées	HA	Th	Sah-Sud-Med.
<i>Lavatera marítima</i>	Malvacées	HV	Ch	W-Med.
<i>Daphne gnidium</i>	Thymeleacées	HV	Ch	Med.
<i>Thymelea hirsuta</i>	Thymeleacées	HV	Ch	Med.
<i>Eryngium maritimum</i>	Apiacées	HV	Ch	Euro-Med.
<i>Eryngium tricuspdatum</i>	Apiacées	HV	Ch	W-Med.
<i>Eryngium campestre</i>	Apiacées	HA	Th	Euro-Med.
<i>Thapsia garganica</i>	Apiacées	HA	Th	Euras.
<i>Daucus carota</i>	Apiacées	HA	Th	Med.
<i>Ammoides verticillata</i>	Apiacées	HA	Th	Med.
<i>Ammi visnaga</i>	Apiacées	HA	Th	Med.
<i>Cistus albidus</i>	Cistacées	HA	Th	W-Med.
<i>Cistus ladaniferus</i>	Cistacées	LV	Ch	Ibero-Maur.
<i>Cistus villosus</i>	Cistacées	LV	Ch	Med.
<i>Cistus salvifolius</i>	Cistacées	LV	Ch	Euras-Med.
<i>Cistus monspeliensis</i>	Cistacées	LV	Ch	Med.
<i>Tuberaria guttata</i>	Cistacées	HA	Th	Med.

<i>Helianthemum helianthemoides</i>	Cistacées	HA	Th	End-NA.
<i>Helianthemum ledifolium</i>	Cistacées	HV	Ch	NA.
<i>Helianthemum hirtum</i>	Cistacées	HA	Th	Canar-Euras—Afr-Sept.
<i>Arbutus unedo</i>	Ericacées	LV	Ch	Med.
<i>Erica arborea</i>	Ericacées	LV	Ph	Med.
<i>Anagallis arvensis</i>	Primulacées	HA	Th	Sub-Cosmop.
<i>Jasminum fruticans</i>	Oléacées	HV	Ph	Med.
<i>Olea europea</i>	Oléacées	LV	Ph	Med.
<i>Phillyrea angustifolia</i>	Oléacées	LV	Ph	Med.
<i>Convolvulus althaeoides</i>	Convolvulacées	HA	Th	Macar-Med.
<i>Cerinthe major</i>	Borraginacées	HA	Th	Med.
<i>Echium vulgare</i>	Borraginacées	HV	He	Med.
<i>Borago officinalis</i>	Borraginacées	HA	Th	W-Med.
<i>Cynoglossum cheirifolium</i>	Borraginacées	HA	Th	Med.
<i>Cynoglossum clandestinum</i>	Borraginacées	HA	Th	W-Med.
<i>Anchusa azurea</i>	Borraginacées	HA	Th	Eur-Med.
<i>Ajuga chamaepitys</i>	Lamiacées	HA	Th	Euras-med.
<i>Teucrium fruticans</i>	Lamiacées	LV	Ch	Med.
<i>Teucrium polium</i>	Lamiacées	HV	Ch	Euro-Med.
<i>Lavandula stoechas</i>	Lamiacées	LV	Ch	Med.
<i>Salvia verbenaca</i>	Lamiacées	HA	Th	Med-Atl.
<i>Sideritis montana</i>	Lamiacées	HA	Th	Med.
<i>Marrubium vulgare</i>	Lamiacées	HV	He	Cosmo.
<i>Prasium majus</i>	Lamiacées	LV	Ch	Med.
<i>Thymus ciliates</i>	Lamiacées	HV	Ch	End-NA.
<i>Satureja calamintha</i>	Lamiacées	HV	He	Euras.
<i>Ballota hirsute</i>	Lamiacées	HV	He	Iber-Maur.

<i>Veronica p�ersica</i>	Scrofulariac�ees	HA	Th	W-As.
<i>Linaria reflexa</i>	Scrofulariac�ees	HA	Th	Circummed.
<i>Bellardia trixago</i>	Scrofulariac�ees	HA	Th	Med.
<i>Globularia alypum</i>	Globulariac�ees	HA	Th	Med.
<i>Plantago serraria</i>	Plantaginac�ees	HA	Th	W-Med.
<i>Plantago albicans</i>	Plantaginac�ees	HA	Th	Med.
<i>Plantago lagopus</i>	Plantaginac�ees	HV	He	Med
<i>Rubia peregrina</i>	Rubiacees	HV	He	Med-Atl.
<i>Galium verum</i>	Rubiacees	HV	Th	Euras.
<i>Galium verticillatum</i>	Rubiacees	HA	Th	Med.
<i>Galium aparine</i>	Rubiacees	HA	Th	Paleo-Temp.
<i>Asperula hirsuta</i>	Rubiacees	HA	Th	W-Med.
<i>Lonicera implexa</i>	Caprifoliacees	LV	Ph	Med.
<i>Viburnum tinus</i>	Caprifoliacees	HV	Ch	Med.
<i>Fedia cornucopiae</i>	Valerianacees	HA	Th	Med.
<i>Cephalaria leucantha</i>	Dipsacacees	HV	Ch	W-Med.
<i>Scabiosa stellata</i>	Dipsacacees	HV	Th	W-Med.
<i>Bellis sylvestris</i>	Ast�eracees	HA	Th	Circummed.
<i>Bellis annua</i>	Ast�eracees	HA	Th	Circummed.
<i>Micropus bombycinus</i>	Ast�eracees	HA	Th	Euras-NA-Trop.
<i>Evax argentea</i>	Ast�eracees	HA	Th	NA-Trip.
<i>Inula montana</i>	Ast�eracees	HV	He	W-Med-Sub-Atl.
<i>Inula viscosa</i>	Ast�eracees	HV	CH	Circum-Med.
<i>Pallenis spinosa</i>	Ast�eracees	HV	Ch	Euro-Med.
<i>Senecio vulgaris</i>	Ast�eracees	HV	Ch	Sub-Cosmop.
<i>Calendula arvensis</i>	Ast�eracees	HA	Th	Sub-Med.
<i>Chrysanthemum grandiflorum</i>	Ast�eracees	HA	Th	End.
<i>Echinops spinosus</i>	Ast�eracees	HV	He	S-Med-Sah.
<i>Carlina racemosa</i>	Ast�eracees	HA	Th	Ibero-NA-Sicile.

<i>Atractylis cancellata</i>	Astéracées	HA	Th	Circum-med.
<i>Atractylis gummifera</i>	Astéracées	HV	Ch	Med.
<i>Atractylis humilis</i>	Astéracées	HV	Ch	Ibero-Maur
<i>Carduus pycnocephalus</i>	Astéracées	HA	Th	Euras-Med.
<i>Centaurea parviflora</i>	Astéracées	HV	He	Alg-Tun.
<i>Centaurea pungens</i>	Astéracées	HV	He	Sah.
<i>Carthamus caeruleus</i>	Astéracées	HV	He	Med.
<i>Hypochoeris radicata</i>	Astéracées	HV	He	End.
<i>Sonchus arvensis</i>	Astéracées	HV	Ch	Sub-Cosmo.
<i>Reichardia tingitana</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Asteriscus maritimus</i>	Astéracées	HA	Ch	Canar-Eu-Merid-NA.
<i>Catananche coerulea</i>	Astéracées	HA	Th	W-Med.
<i>Picris echioides</i>	Astéracées	HA	Th	Euro-Med.
<i>Atractylis carduus</i>	Astéracées	HA	Th	Circum Med.
<i>Centaurea granatensis</i>	Astéracées	HV	He	W-Med.
<i>Carthamus Coeruleus</i>	Astéracées	HV	He	Med.
<i>Cathananche lutea</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Centaurea incana</i>	Astéracées	HV	Ch	Ibero-Maur.
<i>Centaurea pullata</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Chrysanthemum coronarium</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Tragopogon porrifolius</i>	Astéracées	HA	Th	Circum-Med.
<i>Hedypnois cretica</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Koeleria blansae</i>	Astéracées	HA	Th	Ende
<i>Senecio cineraria</i>	Astéracées	HV	Ch	Euro-Med.
<i>Calendula bicolor</i>	Astéracées	HA	Th	Sub-Med.
<i>Scolymus hispanicus</i>	Astéracées	HV	He	Med.
<i>Centaurea involucrata</i>	Astéracées	HA	Th	End-Alg-Ma.
<i>Centaurea pullata</i>	Astéracées	HA	Th	Med.
<i>Centaurea melitensis</i>	Astéracées	HA	Th	Circum-Med.
<i>Lactuca virosa</i>	Astéracées	HV	CH	Med.

CONCLUSION :

La richesse de notre zone d'étude est marquée par la dominance des Astéracées suivie par des Fabacées, des Poacées et des Lamiacées, reconnues par leur résistance à la rigueur des conditions climatique.

Dans tous les types biologiques, les thérophytes montrent l'importance par un taux le plus élevé (51,56%), ce qui témoigne une forte action anthropique.

Le schéma général du type biologique, dans les stations, est :

TH > CH > HE = GE > PH.

Les phanérophytes occupent la dernière position, vu leur faible recouvrement.

La répartition biogéographique montre la dominance de l'élément Méditerranéen (35,87%).

L'indice de perturbation reste élevé (73 %), ceci montre nettement la souffrance de cette région et la forte pression anthropique exercée

**CHAPITRE V : SYNTHÈSE
PHYLOGÉNÉTIQUE.**

INTRODUCTION :

Tous les êtres vivants descendent d'un ancêtre commun.

Sur une période d'au moins 3.8 milliards d'années le premier être vivant sur terre n'a cessé de se séparer en espèces différentes.

Les êtres vivants évoluent à partir d'un ancêtre commun par une suite de mutations suivies de spéciations.

Tout au long de l'évolution, les gènes accumulent des mutations. Lorsqu'elles sont neutres ou bénéfiques à l'organisme elles sont transmises d'une génération à l'autre.

La phylogénie est l'étude des relations de parenté entre êtres vivants :

- entre individus (niveau généalogique ; seule une généalogie individuelle peut répondre à la question « qui est l'ancêtre de qui ? », tandis qu'une phylogénie de groupe peut répondre à la question « qui est le plus proche parent de qui ? ») ;
- entre populations (à l'intérieur d'une même espèce qui, pour simplifier, peut se résumer à une population dont les membres sont interféconds : niveau intraspécifique) ;
- entre espèces (niveau interspécifique).

En phylogénèse interspécifique, un arbre (dendrogramme) est élaboré :

- soit par phénétique (phénogramme), la longueur des branches représentant la distance génétique entre taxons ;
- soit par cladistique (cladogramme), où l'on place sur les branches les événements évolutifs (états dérivés de caractères homologues) ayant eu lieu dans chaque lignée.

Le but de la **phylogénie** est de classifier les êtres vivants. Cette classification est basée sur les liens de parentés entre espèces, seul critère réellement scientifique et utile d'un point de vue biologique.

V.1.Des généralités :

La phylogénie ou phylogénèse est l'histoire évolutive des êtres vivants ou ayant vécu.

1866 – **Haeckel** introduit le terme « phylogénie ».

1966 – **Hennig** présente les fondements de la systématique phylogénétique ou cladistique. « *Nothing in biology makes sense except in the light of evolution.* » (**Theodosius Dobzhansky, 1973**).

1981 – Wiley développe la théorie de la systématique phylogénétique.

Phylogénie = Evolution + Taxonomie

Le début des phylogénies moléculaires basées sur l'analyse comparée de séquences remonte aux années 60, aux travaux de **Zuckerlandl et Pauling (1965)** et **Fitch et Margoliash (1967)** sur les séquences protéiques de cytochrome c et de globines. Mais la véritable révolution moléculaire en phylogénie commence dans les années **1990**, suite à l'invention de la PCR et au développement des techniques de séquençage. Depuis, les données moléculaires ont profondément modifié notre vision de l'arbre du vivant.

V.2. De la généalogie à la phylogénie :

GENEALOGIE / PHYLOGENIE

Généalogie : relations de descendance : qui descend de qui ? (Ancêtres identifiés).

Phylogénie : relations de parenté : qui est plus apparenté à qui ? (Ancêtres hypothétiques).

V.2.1. De Lamarck à Haeckel :

Le terme « phylogénie » fut inventé par **Ernst Haeckel** en **1866** pour définir l'enchaînement des espèces animales et végétales au cours du temps. Jusqu'alors le concept était exprimé par le terme « généalogie ». Ce n'est que dans la dernière édition de l'origine des espèces (**1872**) que **Charles Darwin** introduisit le mot **phylogeny** avec la définition suivante : les lignes généalogiques de tous les êtres organisés. Le mot est resté. Nous définirons la phylogénie comme « le cours historique de la descendance des êtres organisés ».

Haeckel lui-même avait défini la phylogénie comme l'histoire du développement paléontologique des organismes par analogie avec l'ontogénie ou histoire du développement individuel. Les termes « développement » et « évolution » sont tous deux issus de l'embryologie. Pour qualifier les transformations organiques situées dans le temps géologique, le mot « évolution » supplanta progressivement à la fin du XIXe siècle celui de « développement » **Haeckel** fut l'un des artisans de ce succès qui se fit au détriment de

« transformisme », terme synonyme d' « évolutionnisme » et qui reste le plus souvent associé à l'oeuvre de J.-B. Monet de **Lamarck**, quoique ce dernier ne l'utilisât jamais.

V.2.2. L'arbre phylogénétique :

Aujourd'hui, les arbres phylogénétiques sont des **cladogrammes**, c'est-à-dire des arbres où tous les groupes présentés sont des **clades** (= **groupes monophylétiques** = groupes comprenant un ancêtre et tous ses descendants).

Les **ancêtres** y sont toujours **hypothétiques** (les fossiles sont traités comme les taxons actuels), tant il est improbable de tomber exactement des sus dans les archives géologiques (attention, ces ancêtres existent mais la probabilité pour que des individus de la population à l'origine d'un groupe aient été fossilisés est extrêmement faible, de même que la probabilité pour que, de surcroît, un paléontologue tombe dessus). Ces arbres fondent aujourd'hui la classification qu'on nomme **classification phylogénétique** ou **classification cladistique**.

- Arbres phylogénétiques
- Les arbres sont des graphes connexes acycliques,
- Nœuds = unités taxonomiques(UT),
- Opérationnelles (UTO) = A, B, C, D, E = **feuilles de l'arbre**,
- Hypothétiques (UTH) =F, G, H, I = **nœuds internes**,
- Branches,
- Internes = succession d'organismes reliant deux UTH,
- Externes = succession d'organismes reliant entre UTH et UTO,
- Topologie (forme) de l'arbre = Ensemble des branchements de l'arbre (nœuds + branches),
- Racine = ancêtre commun le plus récent à tous les UTO.

V.3. Classification des espèces :

V.3.1. Historique :

A reposé longtemps sur :

- le seul aspect morphologique (ex : thalles et cormus),
- le mode de vie,
- les modalités de reproduction sexuée etc...

Andrea Cesalpino (1519- 1603) comme naturaliste, il reconnut le sexe dans les fleurs et inventa la première méthode de botanique : il fondait sa classification sur la forme de la

fleur, du fruit et sur le nombre des graines (**De plantis libri XVI ; Florence; (1583)**; 1 500 espèces décrites et classées). Il rejette les systèmes de classification basés sur des critères artificiels (comme le goût, les utilisations médicinales ou l'ordre alphabétique) et tente de trouver un système naturel.

La classification de Andrea Cesalpino :

- Arbres ; arbustes ; herbes,
- Arbres avec :
 - idem pour arbustes et herbes,
 - une graine par fruit,
 - deux loges pour les graines,
 - trois loges pour les graines,
 - quatre loges pour les graines,
- plus de quatre loges.

Les deux grands principes :

- (1) Classification par division,
- (2) Classification par agglomération.

John Ray (1627-1705) ; naturaliste anglais, invente le concept d'espèce selon la ressemblance morphologique des plantes. *Historia plantarum* (1686) : 18 000 espèces ; première mention de Mono et Dicotylédones !

Pierre Magnol (1638-1715), botaniste français (Montpellier), invente le concept de famille pour les plantes. (Charles Plumier, 1646-1704, lui dédit le genre *Magnolia*)

Joseph Pitton de Tournefort (1656-1708), botaniste français, propose de réunir les espèces en genre. Pour lui, le genre est l'unité de base de la classification. Les espèces sont des variétés du genre. Sa classification est encore classique : arbres ; arbustes ; herbes. Il utilise ensuite la corolle : apétales, monopétales, polypétales.

Carl von Linné (1707-1778), naturaliste suédois, codifie les niveaux hiérarchiques proposés initialement et propose une nomenclature binomiale. La classification de Linné est fixiste. Elle intégrait monde vivant et minéral. Elle était hiérarchisée avec **7 rangs** (nombre supposé parfait à l'époque – classification = ordre divin). Maintenant, on a multiplié les rangs intermédiaires.

RÈGNE ; EMBRANCHEMENT (sous-embranchement, super-classe) ; **CLASS** (sous-classe, infra-classe, cohorte, super-ordre) ; **ORDRE** (sous-ordre, infra-ordre, super-famille) ; **FAMILLE** (sous-famille, tribu) ; **GENRE** (sous-genre) ; **ESPÈCE**.

Les systèmes et méthodes sont nombreux, mais, dans la majorité des cas, les grandes familles sont retrouvées.

Cela supportait l'idée d'une **classification naturelle**, un ordre intrinsèque de la Nature, une création divine

Il y a alors un effort considérable pour rendre naturelles les classifications existantes. Les caractères utilisés sont moins nombreux, mais choisis avec soin.

Classification botanique des Jussieu et animale de Cuvier : fin du 18^e siècle.

Début 19^e siècle : émergence de la notion d'évolution des espèces. Pour **Darwin (1809-1882)**, les individus se ressemblent non pas en raison d'une « instruction » divine, mais en raison d'une pression environnementale et de la sélection naturelle.

La classification a progressivement intégré la **phylogénie (Darwin, 1859)** dont l'objet est la recherche de la **généalogie des espèces**.

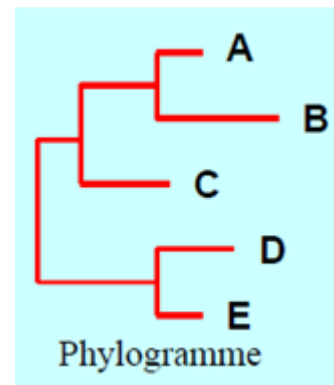
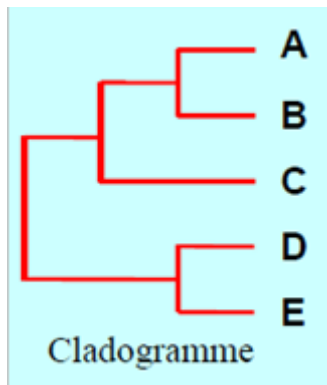
L'arbre généalogique lui-même, traduisant les liens de parenté constitue une classification, **la classification naturelle**.

Le terme de phylogénie est inventé par **Ernst Haeckel** en **1866** pour définir l'enchaînement des espèces animales et végétales au cours du temps. Jusqu'alors le concept était exprimé par le terme de généalogie.

Willy Hennig (1903-1976) fonde en **1950** la cladistique, méthode qui permet de faire de la systématique phylogénétique, cladistique est devenu synonyme de systématique phylogénétique.

V.3.2. les principes et les méthodes de la systématique :

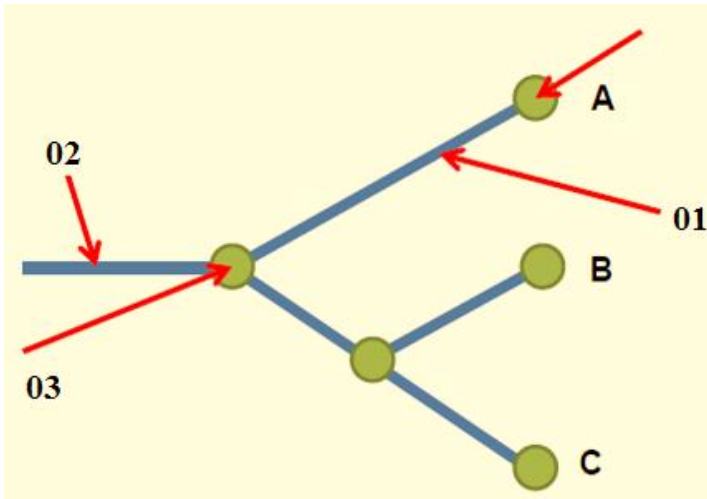
Un arbre phylogénétique est une représentation graphique de la phylogenèse d'un groupe de taxa. Les nœuds externes représentent les unités taxonomiques et les branches définissent les relations entre les taxa en terme de descendance. Les nœuds internes représentent des ancêtres hypothétiques.



- **Le cladogramme** est un dendrogramme exprimant les relations phylogénétiques entre plusieurs taxa et construit à partir d'une analyse cladistique.
- **Le phylogramme** est un dendrogramme exprimant les relations phylogénétiques entre plusieurs taxa et dont la longueur des branches est proportionnelle aux distances séparant les séquences, exprimées en nombre de substitutions par site.

➤ **Éléments de vocabulaire associé aux cladogrammes :**

Degré de parenté : deux taxons de l'arbre sont d'autant plus apparentés que le nombre de nœuds les connectant est faible (= qu'ils sont proches sur l'arbre). Les groupes liés par un seul nœud sont nommés **groupes-frères (ex. B et C)**



01- Branche : lien de parenté qui figure l'évolution et la divergence depuis l'ancêtre commun à A, B et C.

02- Racine : origine de l'arbre figurant l'origine évolutive des taxons étudiés (cette origine peut être inconnue, on produit alors un arbre non raciné).

03- Nœud : ancêtre commun (hypothétique) qui possède toutes les caractéristiques définissant le groupe ABC.

Figure n°24 : Structure d'un arbre phylogénétique.

V.3.2.1. Le cladisme :

Le cladisme (du grec clados = rameau) classe les organismes d'après l'ordre d'émergence des ramifications dans un arbre phylogénétique.

La position de l'ancêtre donne une direction à l'arbre et permet de définir les groupes monophylétiques, paraphylétiques et polyphylétiques.

Figure 7. a : un groupe monophylétique comprend un ancêtre et tous ses descendants. DE et CDE sont tous deux des groupes monophylétiques. **b :** Le groupe paraphylétique comprend un ancêtre et une partie seulement de ses descendants. L'un des membres du groupe (ici D) est plus proche d'un taxon hors du groupe (E) qu'il ne l'est de ses collatéraux dans le groupe (C). **c :** Le groupe polyphylétique comprend des membres (ici BD) sans ancêtre commun dans le groupe.

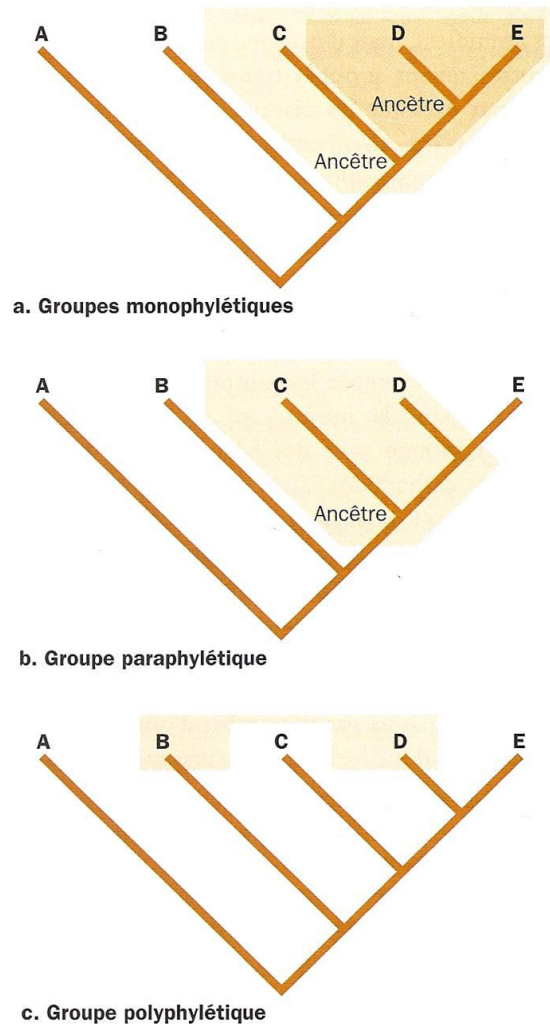


Figure n°25 : structure des groupes mono-, para-et polyphylétiques.
D'après LECOINTRE & LEGUYADER (2009).

- Un groupe **monophylétique** comprend un taxon ancestral et tous ses descendants.
- Un groupe **paraphylétique** : groupe contenant l'espèce ancestrale et une partie seulement de ses descendants. Groupe caractérisé par au moins une simplésiomorphie.
- Un groupe **polyphylétique** comprend un certain nombre d'espèces, mais pas leur ancêtre commun.

V.3.2.2. Notion d'homologie et d'homoplasie :

Chaque branche de l'arbre (ou cladogramme) est définie par des **homologies** nouvelles, propres aux diverses espèces de la branche émergente.

L'**homologie** est une ressemblance attribuable à une ascendance commune.

OWEN (1843) ; «Le même organe sous toutes les variétés de forme et de fonction ».

Pour les cladistes (**HENNIG 1950** qui en a posé les bases, puis **ELDREDGE** et **CRACRAFT 1980**, **WILEY 1981** ; **NELSON** et **PLATNICK 1981** ; **SCHOCH 1986** ; **MATILE et al 1987** ; **d'UDEKEM-GEVERS 1990**), le concept d'homologie lui-même doit clarifier en distinguant les caractères dans un état ancestral (plésiomorphes) de ceux qui sont dans un état dérivé (apomorphes) et sont les seuls à refléter une origine commune.

FITCH (2000) ; Homologie est la relation de deux caractères qui sont descendus, généralement avec divergence, d'un caractère ancestral commun.

Homologie :

- Si les structures/caractères sont hérités d'un ancêtre commun, il y a homologie de descendance ou **homologie secondaire**
- Si les structures/caractères sont dites homologues car elles se trouvent à la même place dans un plan d'organisation (en connexion avec les mêmes structures voisines, quelles que soient leurs formes et fonctions), il y a **homologie primaire**

L'**homoplasie** est l'occurrence d'un caractère dans des lignées (groupes) non apparentées. Il y a deux formes différentes d'homoplasie, la convergence (parallélisme) et la réversion.

Convergence : apparition de caractères analogues due à une évolution convergente dans des groupes systématiquement différents.

Réversion : le retour d'un caractère à un état ancestral.

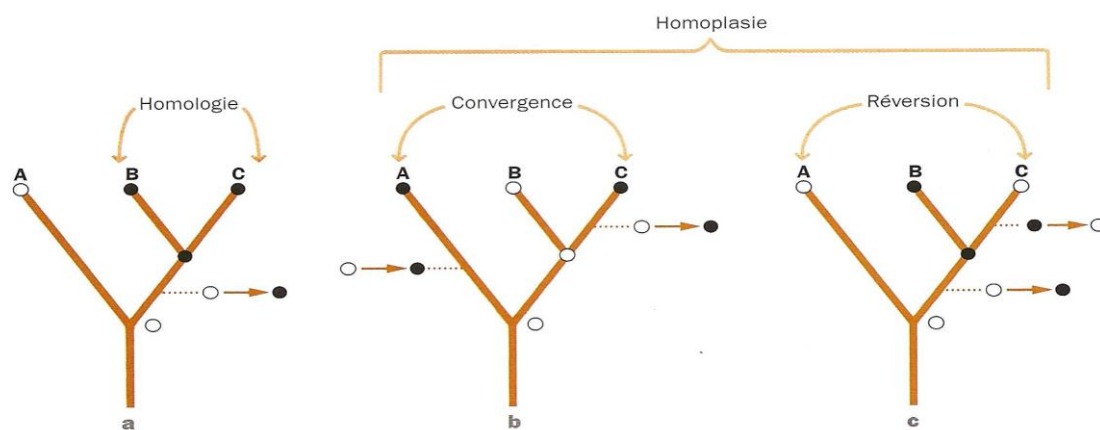


Figure 4. Différentes catégories de ressemblance. **4a** : ressemblance due à l'homologie secondaire ; **4b** : ressemblance due à une convergence ; **4c** : ressemblance due à une réversion. Un rond blanc représente l'état primitif d'un caractère, un rond noir son état évolué, la flèche le sens de la transformation.

Figure n°26 : Différent catégorie de ressemblance (Homologie, convergence, réversion).

D'après LECOINTRE & LEGUYADER(2009).

V.3.2.3. Parcimonie :

À tout seigneur, tout honneur, les méthodes de parcimonie sont les plus simples à expliquer et les premières à avoir été utilisées en phylogénie. L'idée générale des méthodes de

parcimonie est due à **CAVALLI** et **SAFARZO (1965)**, lorsqu'ils ont déclaré qu'on doit privilégier l'arbre d'évolution qui «nécessite le moins de quantité d'évolution» : on cherche l'arbre qui nécessite le moins d'événements (mutation, substitution, . . .) pour aboutir à nos données. Le critère à minimiser est donc le nombre d'événements évolutifs. On doit en plus être capable, à topologie fixée, de compter ce nombre d'événements et de chercher parmi tous les arbres, celui qui le minimise.

La méthode de parcimonie (MP, Maximum Parsimony method) permet la construction de l'arbre évolutif le plus court. La méthode prend en compte les événements mutationnels (substitution, insertion/délétion) survenus sur les sites dits informatifs. Un site est dit informatif si pour la position considérée il existe au moins deux nucléotides différents et que chacun d'eux est présent au moins une fois. Les cladogrammes sont alors construits avec des longueurs de branches correspondant à la somme d'événements mutationnels pour un site donné. L'arbre choisi est le plus court, soit celui qui nécessite le moins de changements. **DIJOUX L. (2009)**.

V.4. La phylogénie moléculaire :

La **phylogénétique moléculaire** est l'utilisation de séquences de macromolécules biologiques pour obtenir des informations sur l'histoire évolutive des organismes vivants, et notamment sur leurs liens de parenté (leur phylogénie). C'est un important outil d'étude parmi ceux de l'évolution moléculaire. Le produit d'une analyse de phylogénétique moléculaire est soit un arbre phylogénétique, soit un graphe du réseau phylogénétique.

Les macromolécules biologiques telles que l'ADN, l'ARN ou les protéines sont des composants fondamentaux de tous les êtres vivants. Ces molécules sont des polymères constitués de l'enchaînement de briques moléculaires de base (les monomères) dont la succession constitue la séquence primaire. Ainsi, l'ADN peut être considéré comme un texte écrit dans un alphabet à 4 lettres, les nucléotides : Adénosine (A), Thymidine (T), Guanosine (G) et Cytidine (C) et les protéines comme un texte écrit dans un alphabet à 20 lettres, les 20 acides aminés.

Elle s'appuie sur le principe suivant lequel les séquences biologiques des organismes vivants évoluent sous l'influence de mutations successives qui s'accumulent au cours du temps et font l'objet de processus de sélection naturelle. La parenté entre les organismes vivants est reflétée par le niveau de similarité des séquences primaires de leur ADN et de leurs protéines.

Des espèces très proches ont un ancêtre commun récent, et donc peu de mutations ont eu le temps de se produire depuis qu'elles ont divergé.

Jusqu'à une date assez récente, la séquence primaire des molécules biologiques n'était pas directement accessible. Cependant, au cours des 20 dernières années, l'avènement de la PCR et du séquençage de l'ADN par la méthode de Sanger ont permis un développement très important de cette approche, ce qui a eu pour conséquence de profondément remanier la vision traditionnelle de la classification des organismes. Malgré les problèmes qu'elle a pu rencontrer, la phylogénétique moléculaire a ainsi permis de redonner un nouveau souffle à la science taxonomique en permettant de mieux comprendre l'évolution de certains traits morphologiques des organismes.

Par ailleurs, la phylogénétique moléculaire peut être associée de domaines tels que la médecine légale ou les tests génétiques.

V.4.1. Construction d'arbres phylogénétiques :

La mise en œuvre d'un arbre en phylogénétique moléculaire passe par trois étapes :

La construction du jeu de données incluant les séquences de un ou plusieurs gènes marqueurs dans un certain nombre de taxons d'intérêts. Ces séquences peuvent être nucléotidiques ou bien protéiques (acides aminés) si la portion d'ADN utilisée est codante.

L'alignement des séquences de ce jeu de données pour obtenir une matrice de position homologues, c'est-à-dire qui dérivent chacune d'une position ancestrale commune. Cette étape passe généralement l'utilisation d'un programme d'alignement de séquences mais les imperfections des algorithmes requièrent bien souvent une édition manuelle des alignements, ainsi qu'une élimination des positions ambiguës.

L'inférence phylogénétique proprement dite par l'analyse de cette matrice de positions grâce à un programme implémentant un algorithme de reconstruction phylogénétique.

V.4.2. Les molécules utilisées :

- **La comparaison de séquences d'ADN.**

1. Dans les régions codantes, et pour des objets proches, les changements synonymes possibles facilement peuvent apporter beaucoup d'informations.

2. On peut utiliser soit les régions codantes soit les régions non codantes, suivant la profondeur des arbres recherches.

. Les séquences des gènes des d'ARN ribosomiques (ARNr).

. Les séquences IGS (grands espaceurs intergéniques) et ITS (petits espaceurs transcrits) des ARNr.

. Les mêmes séquences dans la mitochondrie.

. Des régions hyper variables du génome mitochondrial.

. Les séquences de cytochrome C.

. Les séquences de la ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase.

. Les séquences du facteur d'élongation alpha (tuf).

- **La comparaison des séquences de protéines.**

Un code a 20 caractères qui augmentent le rapport signal sur bruit (homoplasies).

Il existe des ambiguïtés liées à la dégénérescence du code génétique.

Avant de commencer le travail il faut choisir le marqueur moléculaire approprié au groupe taxonomique étudié. Quelques exemples :

- Phylogénie de bactéries (16S rDNA)
- Phylogénie d'eucaryotes (18S rDNA, actine, EF1, RPB1)
- **Dans notre cas : Phylogénie de plantes (rbcL, 18S rDNA)**
- Phylogénie d'animaux

Niveau phylum, classe, ordre (18S rDNA, génome mt)

Niveau famille (RAG2, 12S, 16S mt)

Niveau genre (ITS, protéines mt)

Niveau intra-spécifique (D-Loop, introns)

V.5. Classification phénétique : Moléculaire

La classification moléculaire repose sur des mesures de la ressemblance des fragments d'ADN ou ARN (appariements, etc); donc c'est une méthode phénétique.

La comparaison des génomes de deux espèces constitue la mesure la plus directe de la proximité phylogénétique. Les séquences de base homologues correspondent à celles héritées d'un ancêtre commun.

La systématique est devenue phylogénétique-moléculaire.

Il existe 3 méthodes de comparaison :

- l'hybridation ADN-ADN,
- la cartographie de restriction,
- le séquençage de l'ADN

(La plus précise des méthodes, mais aussi la plus fastidieuse)

❖ Comment « marche » une hybridation ADN-ADN ?

Quand on fait bouillir double hélice d'ADN ; les ponts hydrogènes (les liaisons les plus faibles) se rompent.

Quand la température baisse, le mouvement des brins est aléatoire dans la solution et les séquences complémentaires s'associent (ponts hydrogènes) par appariement des bases complémentaires (Adénine-Thymine ; Cytosine-Guanine).

A basse température, il y a beaucoup de mésalliance. Par contre, à 60°, il faut qu'il y ait au moins 80% de base complémentaires pour qu'il y ait appariement stable. La destruction des brins nouvellement appariés est fonction du nombre de liaisons hydrogène existant entre eux : plus la température est faible (facile de détruire), moins les brins sont appariés.

Si un des brins a été marqué radioactivement, la mesure de la quantité de radioactivité en fonction de la température de dénaturation des brins nouvellement appariés est donc une mesure du degré d'appariement.

La différence entre les molécules d'ADN de deux espèces est un indice de leur éloignement généalogique, si on admet que l'ADN évolue à un rythme moyen identique dans chaque lignée étudiée. Vrai pour les oiseaux (**SIBLEY & AHLQYIST, 1986**, Pour La Science).

Toutefois, récemment, des mesures faites sur l'ADN mitochondrial ont permis de montrer que sur un court laps de temps (quelques générations), le taux de mutation pouvait être beaucoup plus important qu'on ne le suppose et qu'il pouvait donc apparaître des

phénomènes d'hétéroplasmie : deux séquences d'ADNmt différentes chez le même individu (GIBBONS, 1998, La Recherche). Les rythmes rapides ne peuvent concerner que le court terme et les rythmes plus lents pour le long terme. Cela ne remettrait pas en cause toutes les études faites sur le long terme, ex : colonisation de l'Amérique, etc. GIBBONS (1998).

Actuellement, les développements des techniques d'analyse permettent le séquençage rapide du génome (au moins en partie).

Les caractères observés sont les **séquences** de nucléotides (acides aminés). La ressemblance est évaluée par une distance entre taxon = le pourcentage de nucléotides (acides aminés) différents entre les deux espèces.

➤ **A partir d'une matrice distance plusieurs méthodes sont disponibles pour construire un arbre :**

- **Méthode UPGMA** : (Unweighted Pair Group Method using Averages) :

La plus simple, mais nécessite que les séquences évoluent à la même vitesse sur toutes les branches de l'arbre (vitesse de mutation).

Cette méthode est utilisée pour reconstruire des arbres phylogénétiques si les séquences ne sont pas trop divergentes. UPGMA utilise un algorithme de clustérisation séquentiel dans lequel les relations sont identifiées dans l'ordre de leur similarité et la reconstruction de l'arbre se fait pas à pas grâce à cet ordre. Il y a d'abord identification des deux séquences les plus proches et ce groupe est ensuite traité comme un tout, puis on recherche la séquence la plus proche et ainsi de suite jusqu'à ce qu'il n'y ait plus que deux groupes.

- **Méthode du Neighbor-Joining (N.J)** :

La plus élaborée ; ne nécessite pas une hypothèse de constance de la vitesse.

Cette méthode introduit un critère de minimisation de la longueur total de l'arbre. Elle conduit à un seul arbre, mais ne choisit pas d'agglomérer nécessairement au départ les espèces les plus proches. C'est la méthode de distances la plus souvent utilisée. Elle assume que les

distances sont proches de l'additivité, mais pas ultramétrique, donc elle n'implique pas l'hypothèse d'horloge moléculaire. La méthode NJ consiste à calculer les longueurs des branches, telles que les distances déduites de l'arbre soient les plus proches de distances mesurées entre les séquences ; et ensuite à calculer la longueur de l'arbre, égale à la somme des longueurs de ses branches.

La méthode des distances avec la construction d'un arbre selon la méthode **Neighbor Joining (NJ)** ou méthode du plus proche voisin (**SAITOU et NEI, 1987**). Cette méthode consiste à établir une matrice de distance entre chaque paire de séquences et de construire un arbre phylogénétique à partir de cette matrice en respectant le principe de parcimonie. Les paires de séquences d'unité taxonomique sont regroupées successivement selon leur similarité pour obtenir l'arbre phylogénétique le plus parcimonieux. **DIJOUX L. (2009)**.

- **Les mesures de bootstrap :**

Il est possible d'estimer statistiquement le niveau de confiance d'un arbre phylogénétique produit par les méthodes du plus proche voisin (NJ), du maximum de parcimonie (MP) et du maximum de vraisemblance (ML) grâce à la méthode du bootstrap (**Felsenstein 2004**). La méthode du bootstrap a pour but d'estimer le niveau de confiance des relations entre taxons prédites par les méthodes de reconstruction phylogénétique. Le principe du bootstrap est de ré-échantillonner la matrice originale en remplaçant les caractères. Ceci revient à couper la matrice de données en colonnes individuelles de données et à en sélectionner une au hasard qui deviendra le premier caractère d'une nouvelle matrice de données. La colonne sélectionnée est ensuite remise dans le groupe de colonnes issues de la première matrice et une nouvelle colonne de données est tirée au hasard. Le processus est répété jusqu'à ce que la nouvelle matrice soit de la même taille que la matrice originale. Certains caractères pourront donc être sélectionnés plusieurs fois alors que d'autres ne seront pas sélectionnés du tout. Ce processus de bootstrap est répété plusieurs fois, généralement entre 100 et 1000 fois, et des phylogénies sont reconstruites à chaque fois. Une fois la procédure de bootstrap terminée, un arbre consensus est construit à partir des arbres optimaux générés par chacun des 100 ou 1000 bootstraps. Le support de bootstrap indiqué, en pourcentage, pour chaque noeud de l'arbre consensus correspond au nombre de fois où ce noeud a été reconstruit durant la procédure de bootstrap.

C'est la méthode la plus souvent utilisée pour tester la fiabilité des branches internes. Le bootstrap consiste à effectuer un tirage des sites au hasard avec remise. C'est la méthode la plus souvent utilisée pour tester la fiabilité des branches internes. Le bootstrap consiste à effectuer un tirage des sites au hasard avec remise. Chaque réplication produit un nouvel alignement « artificiel » qui est utilisé pour construire un arbre « artificiel ». Pour chaque branche interne, on calcule le pourcentage d'arbres « artificiels » contenant cette branche. On considère généralement que les branches définies par une valeur de > 90% sont fiables.

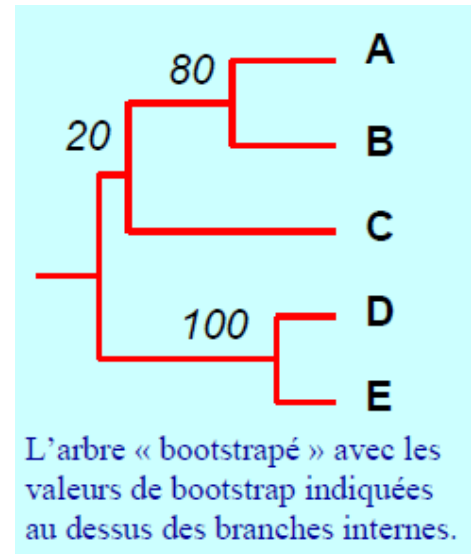


Figure n°27 : structure d'arbre phylogénétique bootstrapé.

- A côté des méthodes **UPGMA** ou **Neighbor-Joining**, il existe de nombreuses autres méthodes de construction d'arbres. Le principe est toujours le même :
 - (1) Séquençage des nucléotides ;
 - (2) Alignement des séquences ;
 - (3) Analyse des alignements.

Dans les premières méthodes, les distances sont calculées pour former des matrices. Des méthodes probabilistes fonctionnent sans matrice de distance, mais en établissant des hypothèses sur les probabilités de passage d'un nucléotide à un autre.

- **Les méthodes cladistiques :**

Les méthodes cladistiques peuvent s'appliquer à des données de séquence, mais les méthodes probabilistes ne fonctionnent que sur les données de séquence (les caractères morphologiques sont « intégrés » et ne permettent pas le calcul d'une probabilité).

Différences de fond avec la méthode cladistique :

- (1) les caractères observés (des séquences) ne sont pas polarisés (état primitif ou évolué).
- (2) les cladogrammes issus de classification moléculaire ne permettent pas d'identifier les homologies et les homoplasies.

Similarités avec la méthode cladistique :

- (1) construction d'un arbre établissant des parentés entre espèces ou taxons.
- (2) les conflits entre arbres morphologiques **et** arbres moléculaires = conflit entre arbres morphologiques **ou** arbres moléculaires.
- (3) nécessité de recourir à des méthodes de **consensus**.

V.6. Méthodologie :

- Dans notre travail, parmi les bases de données des séquences nucléotidiques on a choisis la **GenBank** sous l'identifiant **gb|accession|locus**, d'après le site (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>),

La **GenBank** est une banque de séquences d'ADN, comprenant toutes les séquences nucléotides publiquement disponibles et leur traduction en protéines.

- On relève le fichier **FASTA** des expressions génétiques à partir de site GenBank de chaque taxon. (**voir l'annexe**).

Format FASTAT : le format de fichier le plus répandu car très simple et l'un des plus pratiques.

C'est une séquence au format FASTA commence par une ligne de titre (nom, définition), suivie par les lignes de la séquence. La ligne de titre se distingue de la séquence par un symbole plus grand que (">") en début de ligne. La longueur de cette ligne ne doit pas excéder 200 caractères. Il est recommandé de mettre la séquence sous forme de lignes de 80 caractères maximum.

Leur valeur : fasta.

- Grâce au logiciel **MEGA 0.06** (Molecular Evolutionary Genetis Analysis version 6.0) avec la méthode **Neighbor-Joining (N.J)** (**TAMURA et al. 2013**), nous avons pu traiter les séquences de nucléotides pour obtenir l'arbre phylogénétique des espèces de chaque station d'étude. Les phylogénies de relation de voisin des séquences furent construites à l'aide du logiciel MEGA 0.06 (**TAMURA et al. 2013**). Pour estimer la robustesse des noeuds, les valeurs des bootstraps (**BP**) (**FELSENSTEIN 1985**) ont été calculées avec 1 000 répliques pour les analyses **N.J** et **MP** et 100 répliques pour l'analyse ML.

Seules les valeurs de bootstrap supérieures à 50 % sont rapportées, les nœuds sont considérés comme faiblement soutenus en dessous de cette valeur seuil, moyennement soutenus (BP= [50-70%]), bien soutenus (BP= [70-80%]) ou robustes (BP > 80%), **DIJOUX L. (2009)**.

- D'autre logiciel pour traiter les séquences de nucléotide par exemple MEGA3 et MEGA4 :

Les reconstructions phylogénétiques ont été réalisées à partir de plusieurs méthodes, certaines basées sur les distances comme la méthode du plus proche voisin (Neighbour Joining: NJ, logiciel MEGA3, **KUMAR et al. 2004**), d'autres sur l'état de caractères avec des méthodes de parcimonie (Maximum Parsimony: MP, logiciel MEGA3, **KUMAR et al. 2004**), deux méthodes probabilistes ont également été testées, méthode du Maximum de vraisemblance (Maximum Likelihood: ML, logiciel PhyML,) et la méthode de l'inférence Bayésienne (Bayesian Inference: BI, logiciel Mr Bayes). (**MATTIO L. 2008**)

Trois méthodes de reconstruction phylogénétiques ont été appliquées aux alignements finaux : Neighborjoining (NJ) et Maximum Parsimony (MP) grâce au logiciel MEGA4 (**TAMURA et al. 2007**) et Maximum Likelihood (ML) grâce au logiciel PHYML (**GUINDON et GASCUEL 2003**). **DIJOUX L. (2009)**.

V.7. Résultats :

Les résultats sont exprimées sous forme un cladogramme pour chaque station d'étude. Chaque cladogramme de notre résultats obtenu comprend un ensemble des clades correspondant les valeurs de bootstrap variant entre faible soutenu à robuste.

Voir annexe.

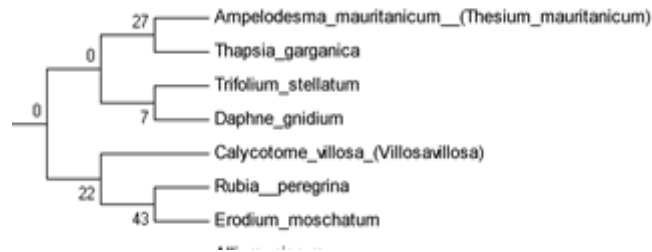
V.8. Discussion :

Chaque clade des arbres phylogénétiques de chaque station d'étude représentant une collection d'espèces avec des caractères communs. L'étude phylogénie nrDNA ITS réalisée ici montre un haut niveau de congruence avec reconstruction de phylogénie par **HORANDL et al. (2005)** et **PAUN et al. (2005)**.

➤ **Le cladogramme 01 : (Station de Tlemcen)**

Ce cladogramme représente 58 espèces de la station de Tlemcen qui compte 08 clades.

• **Clade 01 :**



Pour le premier clade de l'arbre phylogénétique de la station de Tlemcen on a 7 espèces ; les valeurs de bootstrap sont très faibles soutenu de $BP \leq 24\%$; ces taxons présentent une physionomie du matorral arbustif, ils sont généralement formés par des Chamaephytes parmi ces dernière l'*Ampelodesma mauritanicum* cet espèce correspond aux stade de dégradation et *Calycotome villosa* qui se développent dans une ambiance bioclimatique sub-humide inférieure à semi-aride supérieure, avec *Erodium moschatum* qui se développe dans les conditions favorables à leur épanouissement.

• **Clade 02 :**



Ce clade se compose de deux espèces qui forment un groupe monophylétique de très faiblement soutenu $BP = 7\%$; ces espèces sont des géophytes ; un de ces deux espèces appartient à la famille des Liliacées (*Allium nigrum*), tandis que l'autre appartient à la famille des Aracées (*Arisarum vulgare*) ; Du point de vue agronomique, dans un sol peu travaillé les géophytes et les espèces à multiplication végétative préférentielle sont nettement abondantes ; **DELPECH (1980).**

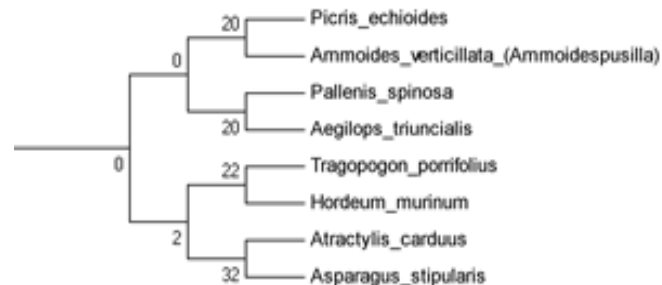
• **Clade 03 :**



Ce clade constituée 3 espèces, les valeurs de bootstrap diminuées de $BP \leq 17\%$, ce groupement végétale représentent de formation herbacée, pour la première espèce *Asparagus*

acutifolius de la famille des Liliacées, qui est une origine Européen ; la deuxième espèce *Inula viscosa* se regroupe avec la troisième espèce *Atractylis humilis* pour former un groupe monophylétique qui ont de la même famille des Astéracées.

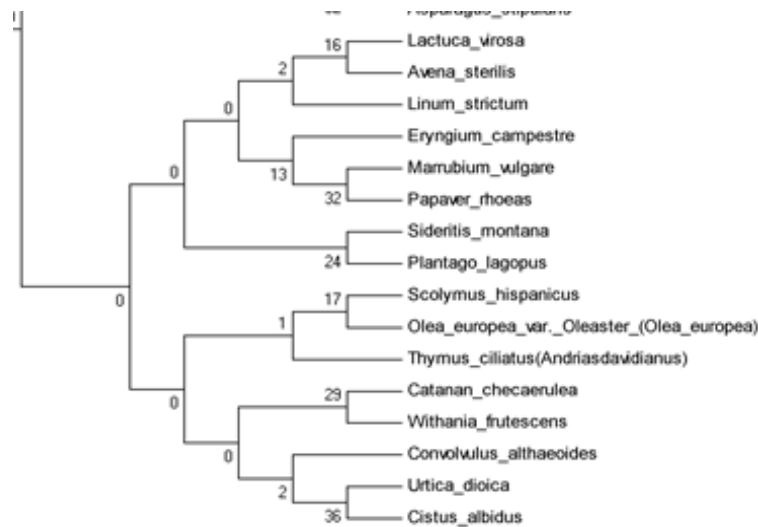
- **Clade 04 :**



Ce clade contient 8 espèces forment de 4 groupes monophylétiques, les valeurs de bootstrap sont de faiblement soutenus $BP \leq 32\%$ ce clade formés par des espèces herbacées se caractérisent par des taxons thérophytiques telles que : *Picris echioides*, *Tragopogon porriifolius*, *Ammoides verticilatta*, qui est une espèce endémique à l'Afrique du Nord. dans le cas de thérophisation **DAGET (1980)** pense que, de toute façon, le taux de thérophytes est lié, quelle que soit l'échelle de l'analyse et le niveau de perception adopté, à l'ouverture de la végétation et à l'humidité globale du milieu. Aussi **DAGET (1980)**, **BARBERO et al (1990)** s'accordent pour présenter la « thérophytie » 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 :

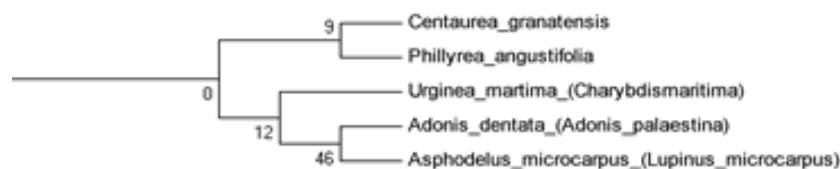
1. Soit à l'adaptation à la contrainte du froid hivernal ou à la sécheresse estivale ;
2. Soit aux perturbations du milieu par le pâturage, les cultures etc...

- **Clade 05 :**



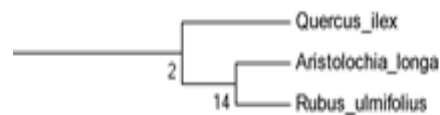
Les valeurs de bootstrap sont très faibles soutenu $BP \leq 36\%$; ce clade représente 16 espèces dominées par les espèces herbacées qui présentent une formation des matorrals, dans ce clade on trouve *Olea europea* qui est une espèce phanerophytique qui ont une origine méditerranéenne, cet espèce façonne 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 ; *Wittania frutescens* on le rencontre généralement dans les zones où le système de compensation hydrique reste prépondérant pour sa survie ; signalé par **BOUAZZA et al (2001)** ; à ce clade la formation de pelouse signalé par la présence de *Plantago logopus* et *Papavers rhoeas* ; aussi on remarque *Avena stirilis* et *Thymus ciliatus* qui caractérisent les steppes à l'étage bioclimatique aride moyenne et supérieur.

- **Clade 06 :**



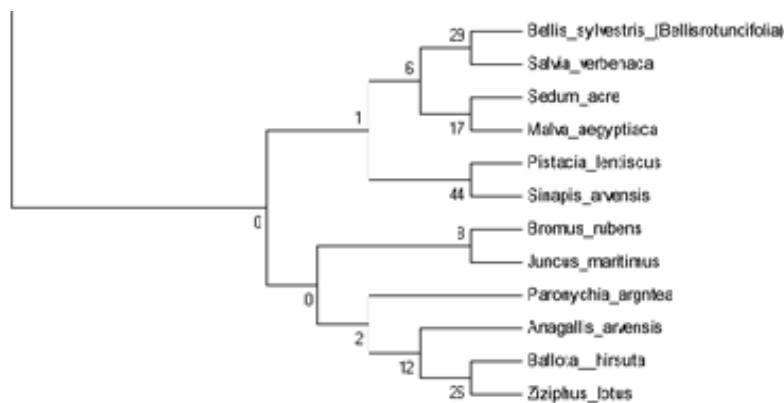
Ce clade contient 5 espèces de taux de similarité inférieur à 46%, ce groupement présentent par *Urginea maritima* et *Asphodelus microcarpus* qui révèlent un milieu dégradé, indiquent un gradient croissant d'anthropisation.

- **Clade 07 :**



Ce clade se compose de 3 espèces ; les valeurs de bootstrap sont très faible soutenu de BP ≤ 14%, on remarque deux herbacées qui forme un groupe monophylétique *Aristolochia longa* et son descendant *Rubus ulmifolius*. Ce clade aussi caractériser par *Quercus ilex* c'est une espèce phanérophytique qui représenté le matorral méditerranéenne.

- **Clade 08 :**



Ce clade contient 12 espèces de taux de similarité inférieure à 44%, ce groupement végétal caractérisé par la présence des espèces herbacées sauf 2 espèces *Pistacia lentiscus* et *Ziziphus lotus* sont des arbustes qui se développent en zone méditerranéenne. Ce clade aussi se regroupe des espèces thérophytiques telles que : *Bellis sylvestris* ; *Selvia verbinaca* ; *Malva aegyptiaca* ; *Pistacia lentiscus* ; *Bromus rubens* ; *Anagallis arvensis* et *Ballota hirsuta* ; ce type biologique serait très probablement le terme ultime de l'évolution végétale, et il représente l'expression actuelle de l'adaptation aux habitats productifs et perturbés ; **GRIME (1977)**. Le nombre des phanérophytes, des hémicryptophytes et des géophytes régresse avec l'aridité et l'ouverture du milieu, tandis que celui des thérophytes et des chamaephytes progresse, signale **KADI-HANIFI (1976)**.

➤ **Le cladogramme 02 : (Station de Hafir)**

158 espèces présenter le cladogramme de la station de HAFIR obtenu comprend un ensemble des clades de 01 à 08.

exemple les ovins qui apprécient les espèces annuelles qui traduit un degré de perturbation important ; parmi les espèces présentes : *Anagallis arvensis*, *Salvia verbeneca*, *Malva sylvestris*, *Reseda alba*, *Papaver rhoeas* ; Ces annuelles, à cycle court, qui correspond le plus souvent à celui de la culture en place, sont bien adaptées à la répétition des façons culturales. Cette dualité dans l'origine de l'extension des thérophytes qui distinguent deux types d'habitats pour les annuelles des pelouses méditerranéennes :

-les habitats xériques où les thérophytes se comportent comme des stress-tolérantes au sens de **GRIME (1977)**.

- les habitats productifs et perturbés où les thérophytes se comportent plutôt comme des rudérales au sens de **GRIME (1977)**.

Sous-clade (B) :



Cependant le deuxième sous-clade formé par 12 espèces, a forte à diminution des valeurs de bootstrap dans sous-clade allant de robuste $85\% \leq BP \leq 99\%$ jusqu'à faiblement soutenus $1\% \leq BP \leq 44\%$; on remarque une forte contribution des groupes monophylétiques ; les Astéracées (*Bellis*, *Chrysanthemum*, *Hypochoeris*) et les Fabacées (*Lotus hispidus*, *Anthyllis vulneraria*) imposé sa présence dans ce groupement, aussi on observe un cortège floristique d'une formation herbacées basé par une dominance des thérophytes, et faible présence des géophytes et des hémécriphophytes cela peut s'expliquer par la pauvreté du sol en matières organiques. **LE HOUEROU (1979)**. Aussi ces deux types biologiques s'adaptent bien à l'aridité du climat.

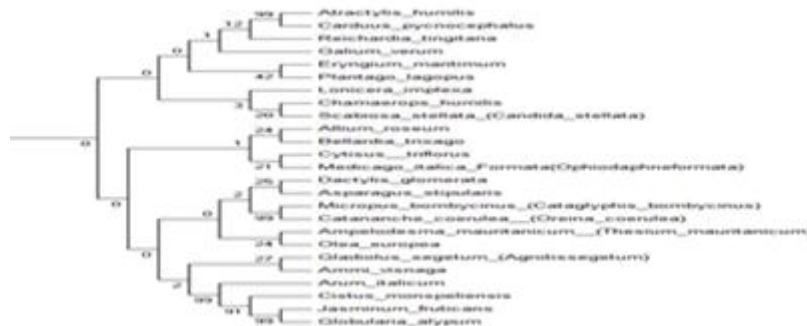
Sous-clade (C) :



Ce sous-clade composé de 5 espèces, les valeurs de bootstrap sont faible soutenu de $BP \leq 28\%$, ceci explique que les caractéristiques morphologiques de ce groupement végétale

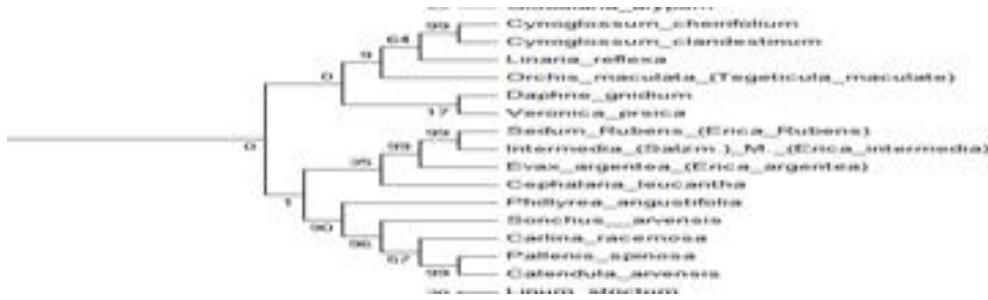
sont identiques ; on observe des taxons thérophytique annuelle telles que : *Daucus carota*, *Echium vulgare*, *Cerinth major*.

Sous-clade (D) :



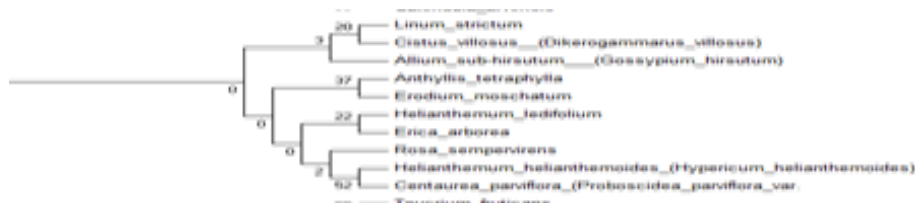
Ce sous-clade correspond 25 espèces ; on remarque une forte contribution des groupes monophylétiques ; par exemple le groupe sœur *Atractylis humilis* et *Carduus pycnocephalus* de BP = 99% ; qui sont similaire les deux sont de la même famille des Astéracées se développent dans les sols gravicole ; en générale les valeurs du bootstrap de sous-clade sont variées entre robuste BP ≥ 91% et faible soutenu 0 ≤ BP ≤ 25% ; ce groupement de sous-clade indique les étages climatiques humide, sub-humide et semi-aride ; on observe des phanérophytes telles que (*Olea europea*, *Lonicera implexa*, *Jasminum fruticans...*) ; la présence des thérophytes telles que (*Ammi visnaga*, *Micropus bombycinus..*), et des chameaphytes telles (*Chamaerops humilis*, *Ampelodesma mauritanicum*, *Cistus*, *Cytisus*, *Globularia*, *Eryngium*) au détriment des espèces caractéristiques d’une ambiance sylvatique et sont bien adaptés aux zone steppique, ces espèces thermophile méditerranéenne épineuse sont accessibles au troupeau ; **ALCARAZ (1982)** souligne que *Chamaerops humilis* L., témoin de l’ouverture de végétation favorisée par l’action anthropozoogène. En effet, cette espèce est un indicateur de dégradation des formations à chêne vert ; **QUEZEL et al. (1992)** ; finalement on peut dit Les Chamaephytes sont mieux adaptées que les Phanérophytes à la sécheresse car ces derniers sont plus xérophiles. **RAUNKIER (1905)** signalé que le pâturage favorise d’une manière globale les Chamaephytes souvent refusées par le troupeau. **BOUAZZA M. et al (2001)** considèrent que *Olea europea*, *Ceratonia siliqua* et *Chamaerops humilis* subsp. *argentea*. Il semble que *Ceratonia siliqua* et *Olea europea* soient dans leur biotope naturel, car l’ambiance sylvatique existe encore dans les stations situées aux piémonts de Tlemcen (Hafir par exemple).

- **Clade 02 :**



Clade composé par 15 espèces ; les valeurs de bootstrap sont robustes dans plusieurs nœuds $90\% \leq BP \leq 99\%$, cette robustesse diminue à moyenne soutenu $57\% \leq BP \leq 64\%$, et diminue plus, à très faible soutenu $0 \leq BP \leq 35\%$; ce clade représente une dominance des espèces annuelles, aussi la présence de la famille des Astéracées telles que (*Calendula*, *Pallenis*, *Carina*, *Sonchus* ..) parmi ces taxons il y a des espèces héliophiles et xérophyles. Selon DELABRAZE (1974), le feu modifie la structure du tapis végétal. Il favorise aussi la régénération d'espèces annuelles et il empêche le développement d'une strate arbustive assez dense.

- **Clade 03 :**



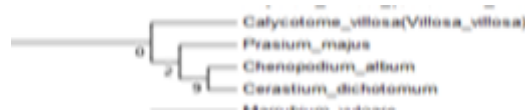
Ce clade constitue 10 espèce parmi ces espèce on à des chamaephytes telles que (*Cistus villosus*, *Erica arboria*) et des thérophytes telles que (*Linum strictum*, *Anthyllis tetraphylla*....) ; d'une part, les valeurs de bootstrap sont présentent moyennement soutenu pour le nœud de groupe monophylétique *Helianthemum helianthemoides* et *Centaurea parviflora* (BP=52%) sont des herbacées, se développent dans la région méditerranéenne ; d'autre part les valeurs de bootstrap sont très faibles soutenu de $BP \leq 37\%$; les espèces sont probablement identiques morphologiquement.

- **Clade 04 :**



Dans ce clade 12 espèces , une faible soutenu $0\% \leq BP \leq 43\%$ et on observe robuste sur deux nœuds de ce clade (99%) on remarque une forte contribution des Poacées telles que : *Avena sterilis*, *Briza minor*, *Agropyron repens*, *Hordeum murinum*... qui indique une dégradation au niveau de cette station ; on a des groupes monophylétique telles que *Teucrium fruticosum* et son descendant *Teucrium polium* les deux de la même famille Lamiacée qui se développent en zone méditerranéenne.

- **Clade 05 :**



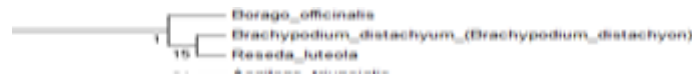
4 espèces dans ce clade ; la présence de *Calycotome villosa* indique que la région d'une physionomie du matorral arbustive ; les espèces annuelles *Chenopodium album* et *Cerastium dichotomum* qui formé un groupe monophylétique, dans ce cas **BARBERO et al (1990)** ; Signalé que, la dématorréalisation est particulièrement évidente dans le Maghreb semi-aride, où elle conduit à une extention des formations de pelouse à annuelle et souvent à une prolifération des espèces non appétant pour le bétail ; les valeurs de bootstrap sont très faible soutenu dans ce clade BP est inferieur a 9%.

- **Clade 06 :**



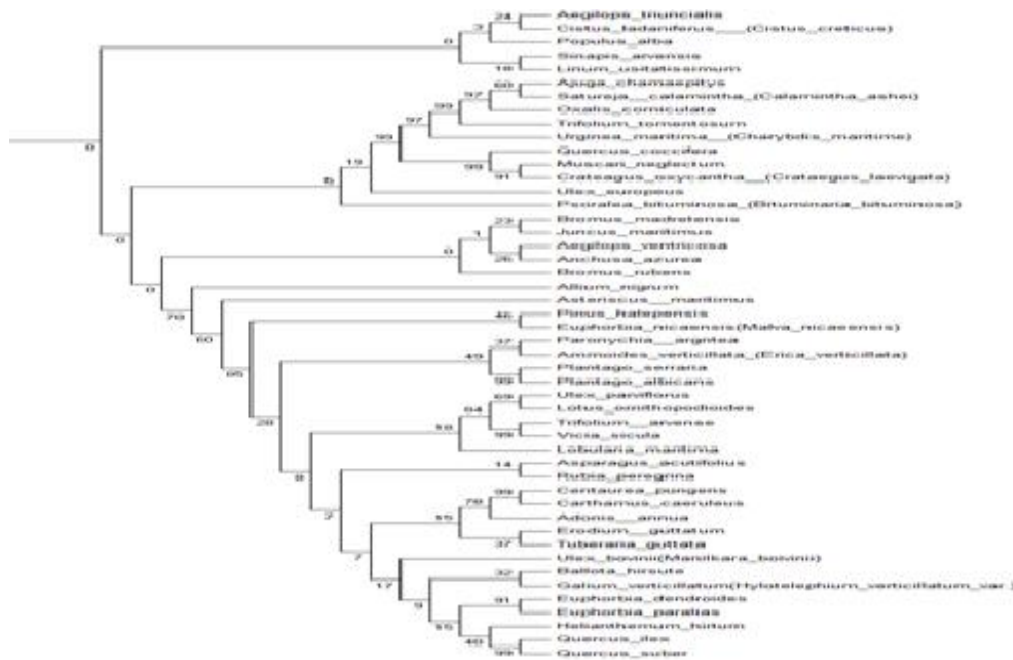
4 espèces dans ce clade qui est de taux de similarités robustes avec de BP = 99% , et aussi on remarque faible soutenus par (11%) de bootstrap ; sont des espèces vivaces dominés par des hémécriptophytes (*Marrubium*, *Inula*, *Eryngium*) qui sont des héliophiles et xérophiles sauf *Smilax aspera* qui est chameaphyte et c'est une espèce médicinale.

- **Clade 07 :**



Ce clade a faible soutien $1\% \leq BP \leq 15\%$; les trois espèces sont des thérophytes ; *Brachypodium distachyum* et *Reseda luteola* formé un groupe monophylétique, et *Borago officinalis* qui est une espèce héliophile préférence les milieux riche en nitrate.

- **Clade 08 :**

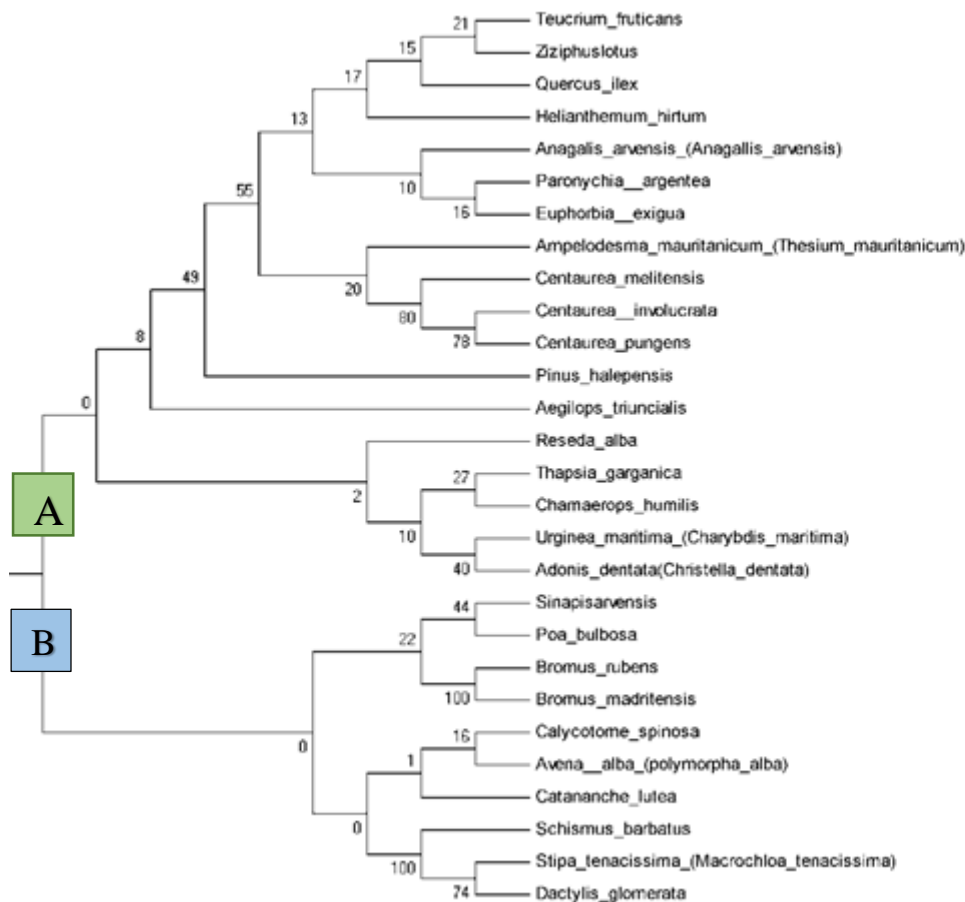


Ce clade contient 48 espèces qui constitue plusieurs groupes monophylétiques ; ce matorral est riche et varié représente des formations arborés et arbustives se développent à l'étage bioclimatique humide et jusqu'au semi-aride ; les valeurs du bootstrap est aussi variée entre augmentation et diminution, premièrement robuste $84\% \leq BP \leq 99\%$, ensuite bien soutenu $BP = 78\%$ et moyennement soutenus $60\% \leq BP \leq 69\%$ jusqu'à faiblement soutenus $0 \leq BP \leq 46\%$; la présence des phanérophytes telles que : (*Pinus halipensis*, *Quercus ilex*, *Quercus suber* ...) aux les chamaephytes telles que : (*Euphorbia palustis*, *Euphorbia dendroides*, *Ulex bovis*, *Helianthemum hirtum*...) et les thérophytes telles que : (*Bromus rubens*, *Aegiopsis triucialis*, *Sinapis arvensis*, *Plantago albicans*, *Lotus ornithopodioides*...), ce changement de la physionomie de la végétation est dû, d'une part a une forte anthropisation liée surtout au pâturage, aux coupes de bois, aux incendies favorisant l'accélération des processus d'érosion, et d'autre part, à une sécheresse récurrente et

persistante ; comme le souligne **CHERFI et al (2011)** ; On observe la présence de la géophyte *Urginea maritima* ; **BOUAZZA et al. (2001)** signalée que, cette espèce présente une amplitude écologique très large. Elle s'accommode de divers types de sols, à condition de disposer d'une humidité suffisante, son développement est spectaculaire. Aussi la présence de *Ulex boivini*, cette Fabaceae, signalée rare par **QUÉZEL et SANTA en 1962**, prend de plus en plus d'ampleur sur le versant Nord-Ouest des Monts de Tlemcen.

➤ **Le cladogramme 03 : (Station de Sebdou)**

• **Clade 01 :**



Pour le premier clade contient 28 espèces, il se compose de 2 sous-clade terminaux A et B ;

18 espèces dans le sous-clade (A) ; les valeurs de bootstrap de chaque nœud restent diminuées (BP<50%), excepté pour le groupe morphotype *Centaurea* de taux de similarité BP [78-80%] descendu de la famille des Astéracées, sont des espèces non épineuse, avec un fruit akène ; d'un autre coté on remarque les taxons *Quercus ilex* ; *Pinus halipensis*, *Ziziphus lotus*... qui caractérisent la région méditerranéen notamment dans notre station d'étude les

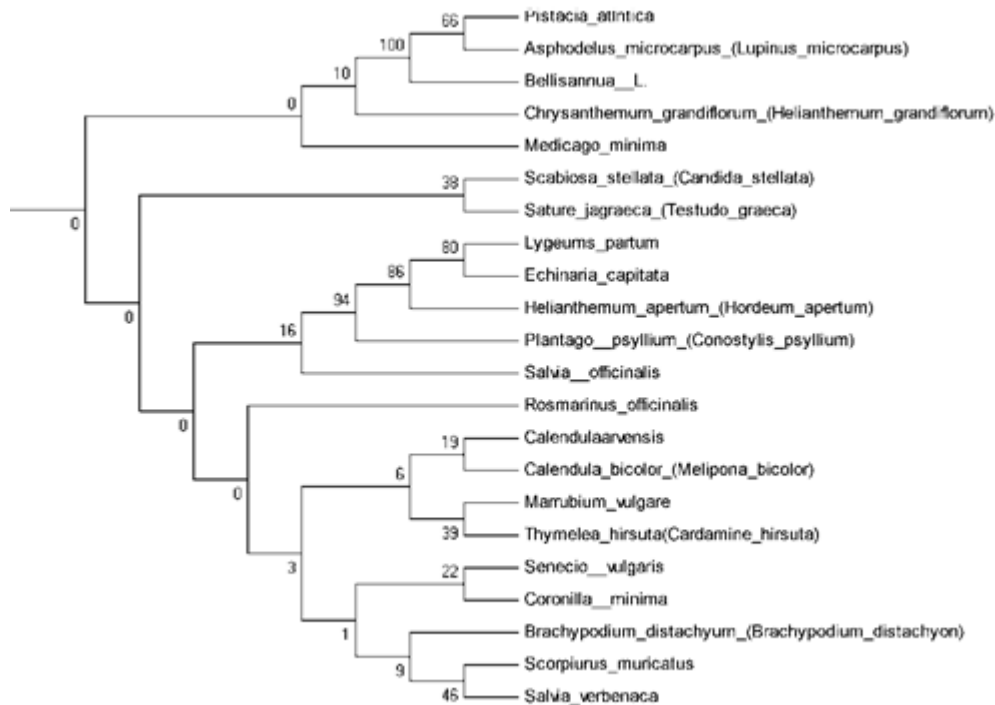
matorrals des monts de Tlemcen, ces espèces se développent dans l'étage bioclimatique sub-humide au semi-aride ; on remarque la présence des chamaephytes suivant qui sont accessibles au troupeau telles que *Urgenea maritima*, *Chamaerops humilis* témoin d'une ambiance thermophile. **QUEZEL et al. (1992)** précisent à ce sujet que les peuplements du méso-méditerranéen semi-aride constituent des groupements du type pré-forestier. Les groupements appartenant à ces unités sont fréquents dans la zone d'étude. Ils sont généralement formés de Chamaephytes et d'Hémicryptophytes développés sur substrat calcaire,

Cependant, 10 espèces dans le sous-clade (B), généralement on observe très faible soutenu des valeurs de bootstrap $0\% \leq BP \leq 44\%$; dans sous-clade nous montrent qu'il y a une formation de steppisation organisé par des espèces thérophytiques telles que *Stipa tenacissima* ; *Avena* ; on remarque aussi une formation de pelouse avec les espèces monophylétiques telles que *Bromus rubens* et *Bromus madritensis* qui sont des espèces xérophiles de la même famille des Poacées de taux de similarités robuste BP=100%, ce qui indique qu'ils possèdent les mêmes caractéristiques morphologiques. D'autre part, sous l'effet du surpâturage, le couvert végétal se dégrade fortement avec un grand développement de Poacées, déclaré par **BALHACINI et al (2013)**.

Au niveau du Djebel Mékaidou (sud de Sebdo), il était possible il y a une trentaine d'années d'observer un taillis de chêne vert riche en espèces ligneuses (une vingtaine d'espèces d'arbustes et de lianes). Un nouvel inventaire floristique réalisé en 2004 a permis de constater la disparition du chêne vert et la quasi élimination des arbustes (3 espèces recensées seulement) et le développement d'une steppe à *Stipa tenacissima* (alfa) où dominent les espèces végétales annuelle ; souligne par **GHEZLAOUI et al (2011)**.

D'après **LE FLOC'H (2001)**, un changement visible sur la physionomie des formations végétales est généralement le résultat des interventions anthropozoïque

- **Clade 02 :**

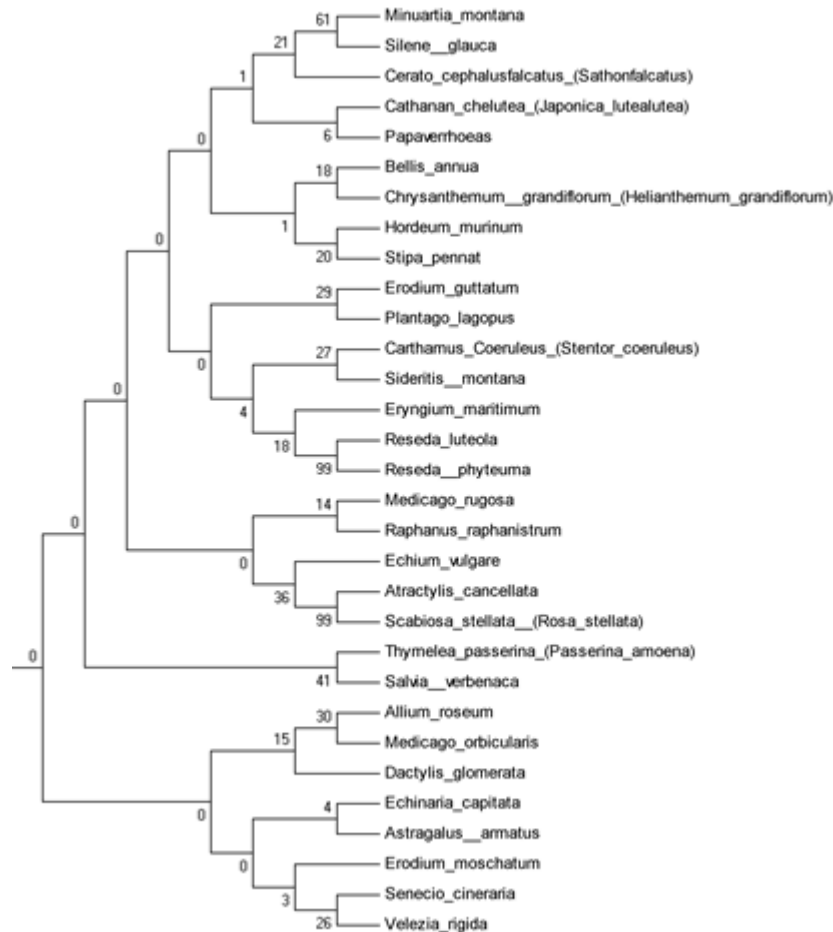


Ce clade présente 22 espèces ; qui compose par des groupes monophylétiques telles que *Marrubium vulgare* et leur descendant *Thymelea hirsuta* ; *Calendula arvensis* et *Calendula bicolor* les deux espèces appartiennent à la famille des Astéracées qui est l'une des familles les plus répandue dans le règne végétal ; les valeurs de bootstrap montrent une robustesses élevées pour les nœuds entre *plantago psyllium* et le groupe monophylétique *Lygeums partum* et leur descendant *Echinaria capitata* $80\% \leq BP \leq 100\%$; ce groupement développent à l'étage semi-aride qui confirme par la présence de *Pistacia atlantica*, d'autre part on a les taxons *Asphodelus microcarpus*, *Plantago*, *Medicago* qui présentent une formation du matorral dégradés avec des espèces post culturales des pelouses qui indique une action anthropique ; à ce sujet **QUEZEL (1976)**, souligne que les forêts méditerranéennes se rapportaient aux matorrals et se rencontrent aux étages arides, et semi-arides et recouvrent de vastes étendues, en Oranie et sur les monts de Tlemcen, un peuplement particulier occupe une place importante dans les phases dynamiques de la couverture végétale, les formations végétales sont représentées essentiellement par les matorrals dégradés.

➤ **Le cladogramme 04 : (Station de Sidi-Djilali)**

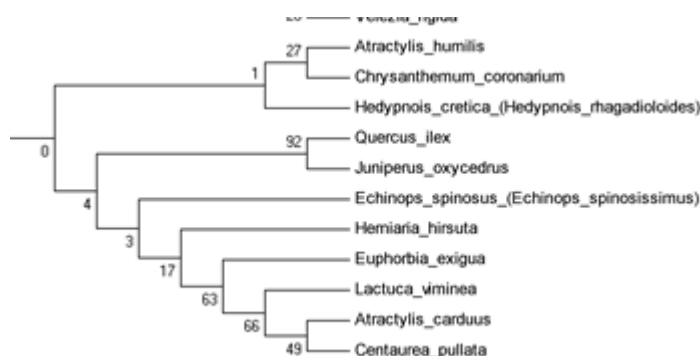
Cet arbre phylogénétique compose 60 espèces de la station Sidi-Djilali.

• **Clade 01 :**



Ce clade compose par 31 espèces ; ce groupement végétale constituée par des espèces herbacées thérophytiques telles que *Papave rhoeas*, *Bellis annus*, *Medicago orbicularis* ; qui présentent une formation des espèces post culturales des pelouses indique l’anthropisation dans cette région, 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 ; d’autre coté on remarque une forte diminution dans les valeurs de bootstrap $BP \leq 41\%$, excepté pour le groupe morphotype *reseda* qui sont des herbacées à petites fleurs odorantes appartenant de la famille Résédacées ; et le groupe monophylétique *Atractylis cancellata* et leur descendant *Scabiosa stellata* de $BP= 99\%$; ces espèces sont morphologiquement similaires l’une à l’autre, car leur valeur de bootstrap est robuste.

- **Clade 02 :**



Ce clade présente 11 espèces, on remarque la dominance de la famille des Astéracées telles que : *Centaurea*, *Atractylis*, *Echinops*, *Chrysanthemum*....; les valeurs de bootstrap allant de très faiblement soutenus de $0 \leq BP \leq 49\%$ vers moyennement soutenus a $BP=[63-69\%]$; d'autre cotés on remarque aussi la présence des phanérophytes (*Quercus ilex*, *Juniperus oxycedrus*) de taux de similarité très fort $BP=92\%$ sont des taxons xériques, arborées qui caractérisent le matorral méditerranéen, qui se développent à l'étage bioclimatique humide, dans ce cas d'après **ALCAREZ C (1991)**, le Génévrier oxycède constitue le compagnon le plus fréquent du Chêne vert, mais qu'il résiste, mieux que ce dernier, à la sécheresse et la dégradation, sur les Hauts Plateaux steppiques.

- **Clade 03 :**



Ce clade compose de 3 espèces ; les valeurs de bootstrap sont très faible $BP \leq 24\%$, ce groupement formé des espèces annuelles thérophytiques avec le groupe monophylétique *Bromus rubens* et leur descendant *Biscutella auriculata*, ces taxons indique la dégradation dans cette régions.

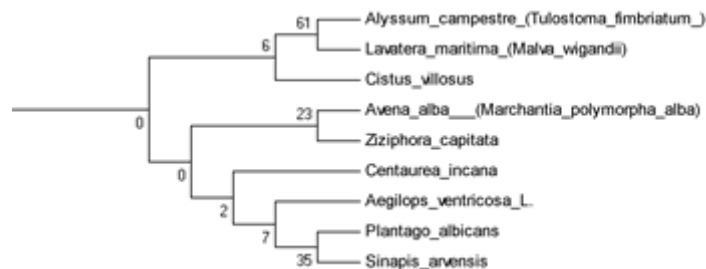
- **Clade 04 :**



2 espèces représentent ce clade, *Paronychia argentea* est une espèce de la famille Charyophyllacées qui se regroupe avec l'espèce *Rosmarinus officinalis* de la famille Lamiacées pour former un groupe monophylétique avec un faible soutenu $BP=13\%$; les deux

espèces sont des héliophiles qui sont adaptés aux conditions xériques indicatrice le surpâturage.

- **Clade 05 :**



9 espèces regroupent ce clade, les valeurs de bootstrap sont faibles $0\% \leq BP \leq 35\%$ sauf le groupe monophylétique *Alyssum campestre* et leur descendent *Lavatera maritima* qui sont à moyennement soutenus $BP = 61\%$; ce groupement végétale compose des thérophytes telles que : *Avena*, *Aegilops*, *Plantago*, *sinapis*... ces taxons nous montrent qu'il y a une formation de steppisation, dans ce cas **FLORET et al (1982)** signale que plus un écosystème est influencé par l'homme, plus les thérophytes y prennent de l'importance. Aussi on remarque la présence de *Cistus villosus* qui indique des formations ligneuses claires et basse.

CONCLUSION :

La biodiversité des matorrals des monts de Tlemcen se révèle intéressant que ce soit pour des études écologiques ou phylogénétiques.

D'après notre synthèse phylogénétique, nous montrent que la région d'étude représente une diversité des communautés végétales riches et variantes.

On remarque que la station de Hafir est la plus importante, où le cladogramme de cette station indique trois partie confirmer la présence d'un gradient physiologique de la végétation en très fort collération avec le climat et l'altitude :

- La première partie (a) de cladogramme contient des espèces post culturelles des pelouses méditerranéenne (mésoméditerranéenne).

- La deuxième partie (b) de cladogramme contient les espèces des matorrals dégradés appartenant à l'étage thermo-méditerranéen chauds (*Olea europea*, *Ampelodesma mauritanicum*,...)

- La troisième partie (c) de cladogramme compte les espèces de l'écosystème forestier dans l'étage bioclimatique humide (*Quercus ilex*, *Quercus suber*...).

Globalement le cladogramme de la station HAFIR se rattache aux variations des types biologiques. Ce cladogramme dominé par un taux fort élevé de thérophytie et l'importance des éléments d'origine méditerranéenne.

Cette flore Oranaise est caractérisée par la prépondérance, par ordre décroissant, des *Asteraceae*, *Fabaceae* et *Poaceae*,

Cependant, le cladogramme de station de Tlemcen se révèle une formation de matorral par la présence des taxons arborés telles que *Quercus ilex*, *Olea europea*, et des taxons arbustives basses les principales espèces formant ces groupements sont : *Asparagus acutifolius*, *Ziziphus lotus*... suivie par une dégradation par la présence de *Urginea maritima*...

Puis, les cladogrammes des stations de Sebdou et Sidi-Djilali représentent les matorrals non forestiers par la présence d'une association végétale du Pin d'Alep (*Pinus halepensis*) et du Chêne vert (*Quercus ilex*), avec le romarin (*Rosmarinus officinalis*), la globulaire (*Globularia alypum*), l'alfa (*Stipa tenacissima*) qui se substitue ici au diss (*Ampelodesma mauritanicum*).

Cette association représente deux formations :

- Forêt claire à *Pinus halepensis*, pauvre en espèces,
- Matorral à *Rosmarinus officinalis*, *globularia alypum* et *Stipa tenacissima*.

La présence de l'*Ampelodesma mauritanica*, *Dactylis glomerata* dans ce cladogramme marquent la dématorralisation de la zone d'étude (Sebdou).

La classe Ononido Rosmarineta **BRAUN-BLANQUET (1947)** est bien représentée, la présence de Romarin, du Doum, du Diss enseigne déjà sur la manifestation d'une certaine dégradation qui est, par ailleurs, représentée par des espèces comme l'asphodèle.

CONCLUSION GENERALE.

CONCLUSION GENERALE :

La région de Tlemcen offre un modèle d'étude très intéressant par sa diversité floristique et syntaxonomique, du moment que les monts de Tlemcen se classe comme 48^{ème} point sensible « Hot spot » dans le circum-méditerranéen. Le taux d'endémisme est très élevé vue les changements climatiques qu'a vécu la zone à travers l'histoire (glaciation, crise méssininienne....)

Notre étude s'articule sur une approche phylogénétique, par la méthode de parcimonie réalisée à l'échelle des matorrals des monts de Tlemcen, sur la base de données moléculaire (ITS) stockés dans la base de données de gènes internationale (Genbank).

Le logiciel gratuit MEGA 0.06 nous a permis de ranger en matrice les fasta des espèces que constitue la flore de la région (**TAMURA et al. 2013**). Ce traitement nous a permis d'avoir pour chaque station étudiée un arbre phylogénique dans lequel nous avons pu suivre l'évolution de chaque espèce dans son cladogramme terminal.

La zone de notre étude distingue par une diversité floristique composée de 223 espèces répartie en 48 familles. Les familles les mieux représentées sont les Asteracées, les Fabacées, les Poacées et Lamiacées avec respectivement (18,83%), (11,21%) et (7,62%). Ces quatre familles détiennent presque 46% de la richesse totale du site. Sur le plan floristique les conditions de régression (climat, homme) favorisent l'installation d'un endémisme qui apparait au niveau de ces matorrals à *Chamaerops humilis*. En outre un certain nombre d'espèces non endémique (*Quercus ilex*, *Daphne gnidium*, *Cératonia...*) façonne certains faciès encore présents en vestige et/ ou en relique (**HASNAOUI ; 1998**).

Le spectre biologique est typique de l'ambiance bioclimatique méditerranéenne avec une prédominance des Thérophytes (51,56%), des Chaméphytes (42,61%), les Géophytes et les Hémicryptophytes représentent avec (9,41%) et alors que les Phanérophytes ne sont que (7,62%), qui témoignent la présence d'une formation forestière ou pré forestière.

Les matorrals à sclérophytes qui rejettent des souches sont plus rares et remplacées par des Chamaephytes et sont remplacées par des Chamaephytes adaptés aux feux courants et répétitifs. **BARBERO (1995)**.

L'indice de perturbation (73%) révèle une dégradation du couvert végétal, dans ce cas les formations forestières remplacées par des espèces steppiques et herbacées qui sont très sensibles et menacées par les actions anthropiques.

En considérant les types morphologiques, la végétation de la région étudiée est dominée par les plantes herbacées (83,85%).

Sur le plan chorologique l'élément méditerranéen est partiellement prépondérant (36%). L'accroissement des activités anthropiques au niveau des versants sud des monts de Tlemcen (coupes, défrichement, surpâturage, carrières, incendies), associé aux péjorations climatiques engendrent des perturbations profondes des formations végétales en place.

A l'échelle de la synthèse phylogénétique la topologie des arbres (N.J) ont fait ressortir à chaque fois des regroupements monophylétiques et polyphylétiques significatifs d'interactions dépendantes de l'environnement végétatif.

L'étude de la structure et de la dynamique a révélé que l'état de dégradation des matorrals des monts de Tlemcen est assez avancé.



REFERENCES
BIBLIOGRAPHIQUES.

ADRIANA M. et HERRERA G., 2009- Etude de la diversité spécifique et phylogénétique de communautés de plantes ligneuses en forêt tropicale : Apport des séquences ADN dans l'identification des espèces et l'étude des communautés. Thèse. Doc. Univer Toulouse III – Paul Sabatier. Pp 2.

AIDOUD 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. +Ann.

AIDOUD A., 1997 - Fonctionnement des écosystèmes méditerranéens. Recueil des Conférences. Lab. Ecol. Vég. Univ. Rennes 1. France. 50 p

AIME S., 1991 – Etude écologique de la transition entre les bioclimats sub-humides, semi-arides et arides dans l'étage thermo- méditerranéen du tell Oranais (Algérie Nord Occidentale). Thèse. Doct. Es-Sci. Univ. Aix-Marseille III. 185p + annexes

AÏNAD-TABET M., 1996 - Analyse éco-floristiques des grandes structures de végétation dans les monts de Tlemcen. Thèse Magistère. Univ Abou-Bakr Belkaïd Tlemcen.

ALCARAZ CL., 1982 - La végétation de l'ouest algérien, thèse d'état. Univ. Perpignan. 415p et annexes.

ALCARAZ C., 1983- La Tetraclinaie sur terra-rossa en sous étage sub-humide inférieur chaud en Oranie (Ouest Algérien). Ecolo Méditer. Tome IX. Fax. Pp : 02-131.

ALCARAZ C., 1991 - Contribution à l'étude des groupements à *Quercus ilex* sur terra rossa des Monts du Tessala (Ouest algérien). Ecologia Mediterranea. xvii.

ALGEO, 1979 - Etude géoélectrique de la région de Tlemcen effectuée du 12/04 au 15/05/1979 pour la DEMRH.

ANDERSON V.J. and BRISKE D.D., 1995 - Herbivore-induced species replacement in grasslands: is it driven by herbivory tolerance or avoidance? Ecological Applications. 5 (4). Pp 1014-1024.

ANGOT A., 1916 - Traité élémentaire de météorologie. Edit Gauthier-Villars et Cie. Paris. 415 p.

ARONSON J., FLORET C., LE FLOC'H E., OVALLE C. et PONTANIER R., 1995 - Restauration et réhabilitation des écosystèmes dégradés en zones arides et semi-arides.

AUBERT G., 1978 - Méthodes d'analyses des sols. 2ème éd. Centre régional de Documentation Pédagogique. CRDP Marseille. 191 p

AYACHE F. et BOUAZZA M., 2008 - Les groupements forestiers, pré-forestiers et matorrals de la région de Tlemcen : diversité et endémisme. Technologies de l'environnement et développement durable.

- BAGNOULS F. et GAUSSEN H., 1953** - Saison sèche et indice xérothermique. Doc. Carte prote. veg. art.8. Toulouse, 47 p.me cycle. Univ. Houari Boumediène. Alger. 238 p + annexes.
- BRAUN-BLANQUET J., ROUSSINE N. & NEGRE R., 1952** - Les groupements végétaux de la France méditerranéenne.*Dir. Carte Gr. Vég. Afr. Nord*, CNRS, 292 p.
- BARBERO M., QUEZEL P. et LOISEL R., 1990-** Les apports de la phytoécologie dans l'interprétation des changements et perturbations induits par l'homme sur les écosystèmes forestiers méditerranéennes. Forêt Méditerranéenne. XII. pp194-215
- BARBERO M., LOISEL R. et QUEZEL P., 1995** - Les essences arborées des îles méditerranéennes : leur rôle écologique et paysager. *Ecol. Medit.*, 20 (1/2). Pp 53-69.
- BARBERO L., CORCKET E., DUTOIT T., et COZIC P., 2001** - Plant diversity and agro-ecological processes in calcareous grasslands of submediterranean French Prealps:
- BARTOLI Ch., 1966** -Etudes écologiques sur les associations forestières de la Haute-Maurienne.*Ann. Sc. For.*13(3), 433-751.
- BARY-LENGER A., EVRARD R. et BATHY P., 1979** - La forêt. Vaillant Carmine S. Imprimeur. Liège. 611 p.
- 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
- BELGAT S., 2001** - Le littoral Algérien : Climatologie, géopédologie, syntaxonomie, édaphologie et relation sol –végétation. Thèse. Doct. Sci. Agr. I.N.A. El Harrach. 261p.
- BENABADJI N., 1991-** Etude phyto-écologique de la steppe à *Artemisia herba –alba* au Sud de Sebdou (Oranie - Algérie). Thèse Doct. Es. Sci. Univ. Aix Marseille III. St Jérôme. 119 p+ annexes.
- BENABADJI N., 1995** – Etude phytoécologique de la steppe à *Artemisia herba-alba* Asso.Et à *Salsola vermiculata L.* au Sud de Sebdou (Oranie, Algérie). Thèse. Doct. Es-Sc. Univ. Tlemcen. 153 p + 150 p annexes.
- BENABADJI N., BOUAZZA M., METGE G. et LOISEL R., 1996** - Description et aspect des sols en région semi-aride au sud de Sebdou. Bull. Inst. Sc. n°20. Rabat. Maroc. Pp 77-86.
- BENABADJI N. et BOUAZZA M., 2000** - Contribution à une étude bioclimatique de la steppe à *Arthemisia herba alba* Asso. (Algérie occidentale). Cahier Sécheresse. II(2). Pp 117-123.

BENABADJI N. et BOUAZZA M., 2001 - L'impact de l'homme sur la forêt dans la région de Tlemcen. Méd. XXII. N° 3, Nov. pp 269-274

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 D. pp : 11 -19 Nord-Est.

BENABADJI N., BOUAZZA M., METGE G. et LOISEL R., 2004 - Les sols de la steppe à *Artemisia herba-alba* Asso au Sud de Sebdo (Oranie, Algérie). Synthèse. n°13. Pp 20-28.

BENABDELLI K., 1983 - Mise au point d'une méthodologie d'appréciation de la pression anthropozoogène sur la végétation dans le massif forestier de Télagh (Algérie). Thèse doctorat de 3ème cycle. Aix-marseille III. 183 p.

BENEST M., 1985 - Evolution de la plate-forme de l'Ouest algérien et du Marocain au cours du Jurassique supérieur et au début du Crétacé : stratigraphie, milieux de dépôt et dynamique sédimentaire. Thèse Doct. Sc. Lyon, Documents du Laboratoire de Géologie Lyon I. 95. 581 p.

BENEST M. et BENSALAH M., 1995 - L'Eocène continental dans l'avant-pays alpin d'Algérie : environnement et importance de la tectogenèse atlasique polyphasée. Bulletin du Service Géologique d'Algérie. 6 (1). Pp 41-59.

BENMANSOUR B., 2008 - La géologie de Tlemcen en Algérie (étude bibliographique) ; Laboratoire d'Ecologie Végétale, Département de biologie, Faculté des Sciences, Université Abou Bakr Belkaid – Tlemcen.

BENMEHDI I, HASNAOUI O, HACHEMI N, BOUAZZA M., 2013 Les incendies et l'état des groupements forestiers et pré-forestiers dans la région de Tlemcen. De l'Université Abou Bakr Belkaid – Tlemcen.

BENSAOULA F., BRICHITEAU J., 1954 - Esquisse pédologique de la région de Tlemcen - Terni. Pub. In Annales de l'Inst. Agricole et des services de recherche et d'expérimentations agricoles de l'Algérie.

BENSAOULA F., BENSALAH M., ADJIM M. et LACHACHI A., 2003 - L'apport des forages récents à la connaissance des aquifères karstiques des monts de Tlemcen. Séminaire national sur l'eau. Saïda. Octobre 2003.

BENSAOULA F., BENSALAH M., ADJIM M., 2005 - Les forages récents dans les aquifères karstiques des monts de Tlemcen. Larhyss Journal, 4 (2005) 7-15. Pp 9.

BENSALAH M., 1989 - L'Eocène continental d'Algérie. Importance de la tectogenèse dans la mise en place des sédiments et des processus d'épigénie dans leur transformation. Thèse Doctorat. Univ. LyonI. 147 p.

BENSALAH M., ADJIM M. et LACHACHI A., 2003 - L'apport des forages récents à la connaissance des aquifères karstiques des monts de Tlemcen. Séminaire national sur l'eau. Saïda. Octobre 2003.

BENSALAH M., 2005 - Les sédiments continentaux d'âge tertiaire dans les hautes plaines oranaises et le Tell tlemcénien (Algérie occidentale). Revista de la Sociada Geológica d'España. 18(3-4). Pp 163-165.

BLONDI E., KOENIGUERJ C. et PRIVIGILL C., 1985 - Bois fossiles et végétations arborescentes des régions méditerranéennes durant le Tertiaire. Giornale Botanico Italiano. 116, 3-4 : pp 167-196

BONIN G., GAMISANS J & GRUBER M., 1983 - Etude des successions dynamiques de la vegetation du massif de la Sainte-Baume (Provence). Ecol Medit., 9 (3-4), 129-171.

BOUANANI A., 2000 - Hydrologie, transport solide et modélisation. Etude de quelques sous-bassins de la Tafna (NW–Algérie) Doctorat d'état 13p.

BOUAZZA M., 1991 - Etude phytoécologique de la steppe à *Stipa tenacissima L.* au sud de Sebdou (Oranie, Algérie). Thèse doct. Univ. Aix-Marseille III. 119 p+annexes.

BOUAZZA M., 1995 - Etude phytoécologique des steppes à *Stipa tenacissima L.* et à *Lygeum spartum L.* au Sud de Sebdou (Oranie, Algérie). Thèse. Doct. ès-Sci. Univ. Tlemcen. 153 p + annexes.

BOUAZZA M. et BENABADJI N., 1998 - Composition floristique et pression anthropozoïque au Sud-Ouest de Tlemcen. *Rev. Sci. Techn. Constantine*. 10. pp 93-97.

BOUAZZA M, MAHBOUBI A, LOISEL R, BENABADJI N., 2001- BILAN DE LA FLORE DE LA REGION DE TLEMCEN (Oranie – Algérie) P 131-133 *t. XXII, n° 2, juin 2001.*

BOUAZZA M., BENABADJI N., LOISEL R. et METGE G., 2004 – Caractérisation des groupements steppiques à *Stipa tenacissima L.* Synthèse. n°13. Pp 52-60.

BOUAZZA M. et BENABADJI N., 2007 - L'impact de la sécheresse sur les massifs pré-forestières, Algérie Occidental, XXème siècle textes réunis et présentés par Andrée Corvol Forêt et Eau XIIIe - XXIe L'Harmattan. Pp 85-100.

BOUAZZA M. et BENABADJI N., 2010 - Changements climatiques et menaces sur la végétation en Algérie occidentale. Changement climatiques et biodiversité. Vuibert-Aspas. Paris. pp101-110.

BRAUN-BLANQUET J., 1919 - Essai sur les notions d'"élément" et de "territoire" phytogéographiques. Arch. Sc. Phys. Nat. Vol. 1. Genève,

BRAUN-BLANQUET J., 1947 - Les groupements végétaux supérieurs de la France, in Braun-Blanquet, Emberger et Molinier : Instructions pour l'établissement de la carte des groupements végétaux. Montpellier. Pp 19-32.

BRICHITEAU J., 1954 - Esquisse pédologique de la région de Tlemcen - Terni. Pub, in Annales de l'Inst. Agricole et des services de recherche et d'expérimentations agricoles de l'Algérie.

CARAVELLO G.U; CONARD S.G; FARINA A.; FERCHICHI A.; TAÏQUI L. 2012- MEDITERRANEA SERIE DE ESTUDIOS BIOLÓGICOS. Época II N° 23. Pp 174.

CASTRESANA.J, 2000 - Selection of Conserved Blocks from Multiple Alignments for Their Use in Phylogenetic Analysis. Molecular Biology and Evolution 17:540-552

CAVALLI L., et SFORZA L., 1965 and A. W. F. Edwards. Analysis of human evolution. Genetics today, pages 923–933.

CHAABANE A., 1993 - Etude de la végétation du littoral septentrional de la Tunisie : Typologie, Syntaxonomie et éléments d'aménagement. Thèse. Doct. Sci. Univ. Aix-Marseille III. 338 p.

CHERIF I., 2012. Contribution à une étude phytoécologique des groupements à *Tetraclinis articulata* du littoral de Honaine (Algérie occidentale).mém. magist.

CHERIFI K, MEHDADI Z, LATRECHE A, BOUIADJARA SEB., 2011. Impact de l'action anthropozoogène sur l'écosystème forestier du mont de Tessala (Algérie occidentale). Sécheresse 22 : 197-206. Doi : 10.1684/sec.2011.0310

COLLIGNON B., 1986 - Hydrologie appliquée des aquifères karstiques des monts de Tlemcen. Thèse de Doctorat. Univ. D'Avignon. Pp 33-105.

CORRE J., 1961 - Une zone de terrains salés en bordure de l'étang de Mauguio : Etude du milieu et de la végétation. Bull. Serv. Carte phytogéog. Montpellier. Série B. 6.2. pp 105 - 151.

CORRE E., 2013 - Introduction aux méthodes de phylogénie. Formation Biogenouest. Pp 11-15.

DAGET PH., 1977 - Le bioclimat méditerranéen, caractères généraux, méthodes de classification. *Végétation* 34,1. Pp : 1-20.

DAGET PH., 1980 - Sur les types biologiques botaniques en tant que stratégie adaptative, cas des thérophytes. In « Recherches d'écologie théorique ». Les stratégies adaptatives. Pp 89-114.

DAGNELIE P., 1970 - Théorie et méthode statistique. Vol. (2). Duclot. Gembloux.

DAHANE B., 2012. Incidence de l'Etat sanitaire des Arbres du *chêne liège* sur les accroissements annuels et la qualité du liège de deux subéraies oranaises : m'sila (w. Oran) et zarieffet (w. Tlemcen), thèse de doctorat en foresterie, Université de Tlemcen Algérie, 351 p

DAHMANI M., 1984- Contribution à l'étude des groupements de chêne vert des Monts de Tlemcen (Ouest Algérie). Approche phytosociologique et phyto-écologique.

DAHMANI M., 1996 - Diversité biologique et phytogéographique des chênaies vertes d'Algérie. *Ecologia Mediteranea* XXII. (3/4). Pp 19-38.

DARLU P. et TASSY P., - LA RECONSTRUCTION PHYLOGÉNÉTIQUE ; Concepts et méthodes. Pp 1.

DEBRACH J., 1959- Notes sur les climats du Maroc occidental, Maroc méridional, pp1122 -1134.

DELABRAZE P. et Valette J.C., "Etude de l'inflammabilité et combustibilité", *Consultation FAO sur les incendies des forêts méditerranéennes* (1974).

DELPECH R., 1980 - Informations apportées par les mauvaises herbes pour l'élaboration d'un diagnostic phytoécologique stationnel. – Pp. 251-261 in : 6ème Colloque International Ecologie et Biologie des mauvaises herbes, **1.** – Montpellier.

DELPECH R., DUMÉ G., GALMICHE P., 1985 - Typologie des stations forestières. Vocabulaire. — Paris : IDF, 1985. — 243 p.

DE MARTONNE E., 1926 - une nouvelle fonction climatologie : l'indice d'aridité. La météo. P : 449-459.

DJEBAILI S., 1978- Recherches phyto-écologiques sur la végétation des hauts plaines, steppiques de l'Atlas Saharien Algérien. Thèse Doct. Sc et Tech du Languedoc. Montpellier. 299 p + annexes.

DJEBAILI S., ACHOUR H., AIDOUF F. et KHELIFI H., 1982 – groupe écologiques édaphiques dans les formations steppiques du sud–Oranais. Bulletin d'écologie terrestre. Biocénose. N°1. Pp 7-59.

DJEBAILI S., 1984- Steppe Algérienne, phytosociologie et écologie O.P.U. Alger. 127p.

DIJOUX L., 2009- Analyse de la diversité du genre *Halimeda* en Nouvelle-Calédonie : Analyses morphologiques et ADN. M2- Sciences De l'Univer, Environnement, Ecologie Mention Océanographie et Environnements Marins. Pp 16.

DURAND JH., 1954 - Les sols d'Algérie Alger S.E.S. 243p.

DURAND JH., 1958 - Les sols irrigables (étude pédologique). Alger.

DUCHAUFFOUR PH., 1976 - Atlas écologique des sols du Maroc. Ed Masson et Cie. Paris. 178p.

DYKSTERHUIS E-J., 1949 - Condition and management of rangeland based on quantitative ecology. Journal of Range Management. 2. pp 362-380.

EMBERGER L., 1930 - La végétation de la région Méditerranéenne. Essai d'une classification des groupements végétaux. Rev. Géol. Bot., 42. Pp : 341-404.

EMBERGER L., 1939 - Aperçu général sur la végétation du Maroc. Verof. Géol. Bot. Inst. Rubel, Zurich, 14. Pp : 40-157.

EMBERGER L., 1955 - Une classification biogéographique des climats. Rev. Trav.Labo. Bot. Zool. Fac. Sci. Montpellier. Pp 1-43.

FITCH, W. M. (2000). Homology a personal view on some of the problems. Trends Genet 16, 227-31.).

FELSENSTEIN, J., 1985. Confidence-limits on phylogenies – An approach using the bootstrap. Evolution. 39, 783-791.

FLORET C. et PONTANIER R ; 1982 – L'aridité en Tunisie présaharienne.Climat, sol végétation et aménagement. Mémoire de thèse. Travaux et documents de l'O.R.S.T.O.M. Paris. 544p.

FOUCAULT B., 1980 - Les prairies du bocage virois (Basse-Normandie, France). Typologie phytosociologique et essai de reconstitution des séries évolutives herbagères.*Doc. Phytosoc.*, N.S., 5, 1-109.

- GEHU J.-M. & RIVAS-MARTINEZ S., 1981** - Notions fondamentales de Phytosociologie. Ber. Intern. Symp., Syntaxonomie, 1-33.
- GERMAIN R., 1952** - Les associations végétales de la plaine de la Ruzizi (Congo belge) en relation avec le milieu. INEAC. Sér. Scientifique 52. 321p.
- GILLET F., FOUCAULT B. de & JULVE Ph., 1991** - La phytosociologie synusiale intégrée : objets et concepts. *Candollea*, 46, 315-340.
- GODRON M., 1971** - Comparaison d'une courbe aire-espèces et de son modèle. *Oecol. Plant.*, 6, 189- 193.
- GRECO J., 1966** - L'érosion, la défense et la restauration des sols, le reboisement en Algérie. Pub. Univ. Agr. Révolution Agraire. Algérie.
- GRIME, J. P. 1977**: Evidence for the existence of three primary strategies in plants and its relevance to ecological and evolutionary theory. – *Amer. Nat.* 111: 1169-1194
- GUINOCHET M., 1955** - Logique et dynamique du peuplement végétal. Masson éd., Paris, 144 p.
- GUINOCHET M., 1973** - La phytosociologie. Collection d'écologie I. Masson éd., Paris, 227 p.
- GUINDON, S., GASCUEL, O., 2003**. A simple, fast and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology*, 52, 696-704.
- GUILLAUME L., 2005** - Les rapports entre la classification du vivant et la théorie de l'Evolution ; Conférence de **Guillaume L.** Professeur au Muséum national d'histoire naturelle.
- HADDOUCHE I., 2009** - La télédétection et la dynamique des paysages en milieu aride et semi-aride en Algérie. Thèse Doct. Univ Abou-Bakr Belkaid. Tlemcen. Pp 20-49.
- HADJADJ-AOUEL S., 1995** - Les peuplements du Thuya de Berbérie (*Tetraclinis articulata Vahl*. Master) en Algérie. Phyto-écologie, syntaxonomie, potentialités sylvicoles. Thèse doct. ès-Sci. Univ. Aix -Marseille III. Pp 155-159 + annexes.
- HALIMI A., 1980**- L'Atlas Blideen- Climat et étages végétaux. O.P.U. Alger. 484 p.
- HALITIM A., 1988** - Sols des régions arides d'Algérie. O.P.U. Alger.
- HASNAOUI O., 1998**- Etude des groupements à *Chamaerops humilis* Subsp *argentea*, dans la région de Tlemcen. Thèse de Magistère. Uni. Abou Bakr Belkaid Tlemcen. Pp : 14-80+ annexes.

HASNAOUI O., 2008- contribution à l'étude de la *Chamaerops* de la région de Tlemcen. Thèse de Doct. Uni. Abou Bakr Belkaid Tlemcen. Pp 20-70 + annexes.

JEAN Tanguy., 2014- Classifications et phylogénie des êtres vivants. Master 1 MEEF.SVT. Univer de Nantes. Pp 8-47.

KADI-HANIFI H. et LOISEL R., 1997 - Caractéristiques édaphiques des formations à *Stipa tenacissima* L. de l'Algérie en relation avec la dynamique de la végétation. Ecol. Medit. 23. pp 33-43

KOECHLIN J., 1961 - La végétation des savanes dans le sud de la République du Congo (Brazzaville). Mémoire ORSTOM. n°10. Paris. 310 p.

KUMAR, S., TAMURA, K. & NEI, M. 2004. MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment Briefings. *Bioinformatics* 5:150-63.

LACOSTE A. et SALANON R., 1969 - Eléments de biogéographie. Nathan. Paris. 189 P.

LECOINTRE, G. & H. LEGUYADER 2009 - *Classification phylogénétique du vivant*. Illustrations D. VISSET. Belin, Paris, 3eédition (1eédition2001).

LE FLOC'H E., 2001- Biodiversité et gestion pastorale en zones arides et semi-arides méditerranéennes de Nord de l'Afrique, *Bocconea* (13) : 223-237.

LE HOUEROU H.N., 1971 - Les bases écologiques de la production pastorale et fourragère en Algérie. F.A.O. Rome. 60 p.

LE HOUEROU H.N. -1979- La désertification des régions arides. *Rev. La recherche* 99: 336-334.

LE HOUEROU H.N., 1985 - Forage and fuel plants in the arid zone of North Africa, the Near and Middle East. *In: Wickens G.E. & Goodins J.R. (eds.). Plant for arid lands*. Royal Bot. Garden. Kew. Pp 117-141.

LE HOUEROU H.N., 1995 - Bioclimatologie et biogéographie des steppes arides du Nord de l'Afrique. Options Méditerranéennes Série B. Études et Recherches. 10. Pp 1-396.

LE TREUCH-BELAROUCI N., 1981 - Les reboisements en Algérie et leurs perspectives d'avenir. Tome I et II. Pp 31-35 et 154-174.

LE TREUCH-BELAROUCI N., 1995 - Réflexion autour du développement forestier : les zones à potentiel de production. Les objectifs. O.P.U. Alger. 69 p.

LIONELLO P., MALANOTTE -RIZZOLI P., BOSCOLO R., ALPERT P., ARTALE V. LI L., LUTERBACHER J., MAY W., TRIGO R., TSIMPLIS M., ULBRICH U, et XOPLAKI E., 2006 - The Mediterranean Climate: An Overview of the Main Characteristics and Issues. Introduction of the book "Mediterranean climate variability and predictability" edited by P. Lionello. Elsevier. pp 1-26.

LOPEZ-GARCIA & DAVID MOREIRA, 2008 - "Tracking microbial biodiversity through molecular and genomic ecology", *Research in Microbiology*, Vol.159, No.1, January-February 2008, p.67-73. DOI:10.1016/j.resmic.2007.11.019.

LOISEL R., 1978 - Phytosociologie et phytogéographie ; signification phytogéographique du Sud-Est méditerranéen continental Français. Docum. phytosociologiques, N.S. Vol II. Lille. Pp 302-314.

LOISEL R. et GAMILA H., 1993 - Traduction des effets du débroussaillage sur les écosystèmes forestiers et préforestier par un indice de perturbation. Ann Soc. Sci. Nat. Archéol. de Toulon du Var. pp 123-132.

MATTIO L., 2008- Taxonomie du genre Sargassum (Fucales, Phaeophyceae) en Nouvelle-Calédonie et dans le Pacifique Sud. Approches morphologique et moléculaire. Thèse de doctorat. Univer de Aix-Marseille II. Pp 77-78.

MAHENDRA MARIADASSOU, 2007- De la Robustesse des Arbres Phylogénétiques. Sous la direction de Avner Bar-Hen. Pp 2.

MAZOUR M. et ROOSE E., 1993 - Influence de la couverture végétale sur le ruissellement et l'érosion des sols sur parcelles d'érosion dans des bassins versants du Nord- Ouest de l'Algérie. Labo CES. Dept. Foresterie. Fac, des Sc. Université de Tlemcen. Algérie.

MEDJAHDI B., LETREUCH-BELAROUCI A., & PRELLI P., 2013 - ACTUALISATION DU CATALOGUE DES PTERIDOPHYTES DU NORD OUEST ALGERIEN (REGION DE TLEMCCEN). Université de Tlemcen. Algérie. Pp 35.

MEGNOUNIF A., BOUANANI A. Terfous A., et Baba Hamed K., 1999- Distributions statistiques de la pluviométrie et mise en évidence de l'influence du relief (cas des monts de Tlemcen, Nord ouest algérien). Rev. Sci & Tech n°12. Pp 77-80.

MERZOUK A., 2010- Contribution à l'étude phytoécologique et biomorphologique des peuplements végétaux halophiles de la région de Tlemcen occidentale de l'Oranie(Algérie). Thèse de Doct. Eco.Vég.Dép. Biol. Fcu. Scie. Univ. Abou Bakr Belkaid. Tlemcen. Pp: 14-66.

MESLI -BESTAOUI K., BOUAZZA M. et GODRON., 2007 - Étude des groupements végétaux des monts de Tlemcen et de leurs faciès de dégradation par deux approches : les profils écologiques et les liaisons interspécifiques (Oranie-Algérie). Sciences et Technologie c. N°25. Pp 71-78.

MESLI-BESTAOUI K., 2009 - Contribution à une étude écologique et dynamique de la végétation des monts de Tlemcen par une approche cartographique. Thèse Doct. Univ. Abou-Bakr Belkaïd Tlemcen. Pp 6-29.

MEZIANE H., 2004 – Contribution à l'étude des psammophytes de la région de Tlemcen (oranie, Algérie) thèse Mag Univ Abou Beker Belkaid Tlemcen 35-152p.

MEZIANE H., 2010- Contribution à l'étude des groupements psammophytes de la région de Tlemcen. Thèse de Doct. Eco.Vég.Dép. Biol. Fcu. Scie. Univ. Abou Bakr Belkaid Tlemcen. 230p.

MILCHUNAS D.G and LAUENROTH W.K., 1993 - Quantitative effects of grazing on vegetation and soils over a global range of environments. Ecological Monographs. 63. Pp 327-366.

MILTON S.J., DEAN W.R.J., PLESSIS M.A. and SIEGFRIED W.R., 1994 – A conceptual model of arid range land degradation. The escalating cost of declining productivity. Bioscience. 44 (2). pp 70-76.

MOONEY H.A., PARSONS D.G., et KUMMEROW J., 1973- Plant development in Mediterranean climates. In: technical report 73-6. Origin and structure of ecosystems. San. Diego. State University. Calif. 14 p.

MORAVEC J., 1973 -The determination of the minimal area of phytocenoses. *Folia Geobot. Phytotax.*, 8, 23-47

MOSTEFAI A., 2012- Contribution à une étude morphométrique de *Rosmarinus officinalis* L (Lamiacées) dans la région de Tlemcen. Thèse de master. Univ. Tlemcen.

MUELLER-DOMBOIS, D., AND H. ELLENBERG, 1974. Aims and Methods of Vegetation Ecology. John Wiley and Sons, New York.

NAHAL L., 1984 - Problèmes de désertification en région méditerranéenne. Dp. Sci. Sols.INRA. Paris-Grignon 14 : 71-103.

OZENDA P., 1982 - Les végétaux dans la biosphère. Doin éd.,Paris, 431 p.

PATRICE FRANCOUR ;- La Classification des espèces. EA 3156 « Gestion de la Biodiversité ». Université de Nice-Sophia Antipolis. Parc Valrose. 06108 Nice.

POUGET M., 1980 - Les relations sol-végétation dans les steppes sud-algéroises. Travaux et documents de L'O.R.S.T.O.M. n°16. 555 p.

QUEZEL P., 1957 - Peuplement végétal des hautes montagnes de l'Afrique du Nord. Editions Lechevalier - Paris.

QUEZEL P. et SANTA S., (1962 -1963) - Nouvelle flore de l'Algérie et des régions désertiques méridionales. C.N.R.S. Paris. 2 vols. 1170 p.

QUEZEL P., 1974 - Plant conservation in the Mediterranean area.

QUEZEL P., 1974 - Les forêts du pourtour méditerranéen. U.N.E.S.C.O. Groupe experts, projet M.A.B. 2, Paris.

QUEZEL P., 1976 - Les forêts du pourtour méditerranéen. In Forêts et maquis méditerranéens : écologie, conservation et aménagement. Note technique MAB, 2: 9 - 33. UNESCO, Paris.

QUEZEL P., 1978 - Analysis of the flora of Mediterranean and Saharan Africa. Missouri Bot Gard. 65, 2. Pp 411-416.

QUEZEL P., GANISANS J. et GRUBER M., 1980 - Biogéographie et mise en place des flores méditerranéennes. Naturalia Monspeliensia, Hors-série. Pp 41-51

QUEZEL P., 1981 - Les forêts du pourtour méditerranéen. Unesco Programme homme et biosphère. Comm. Nat. Fr. MAB. Pp 1-53.

QUEZEL P., 1983 - Flore et végétation de l'Afrique du Nord, leur signification en fonction de l'origine, de l'évolution et des migrations des flores et structures de végétation passées. Bothalia. 14. Pp 411-416.

QUEZEL P., 1985 - Definition of the Mediterranean region and the origin of its flora. In Gomez-Campo Edit. : Plant conservation in the Mediterranean area. Junk. Dordrecht. 9 p.

QUEZEL P., BARBERO M., BENABID A., LOIZEL R. et RIVA-MATINEZ S., 1992 - Contribution à la connaissance des matorrals du Maroc oriental. *Phytocoenologia* 21(1-2). Pp 117-174.

QUEZEL P., BARBERO M., BENABID A. et RIVAS-MARTINEZ S., 1994 – Le passage de la végétation méditerranéenne à la végétation saharienne sur le revers méridional du Haut-Atlas oriental (Maroc). *Phytocoenologia*. 22. pp 537-582.

QUEZEL P., 2000 - Réflexions sur l'évolution de la flore et de la végétation au Maghreb méditerranéen. Ibis Press. Paris, 117 p.

QUEZEL P. et MEDAIL F., 2003 - Écologie et biogéographie des forêts du bassin méditerranéen. Elsevier. Collection Environnement. Paris. 573 p.

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.

RAMEAU J.-C., 1988 - Le tapis végétal. Structuration dans l'espace et dans le temps, réponses aux perturbations, méthodes d'étude et intégrations écologiques. ENGREF, Centre de Nancy, 102 p. + annexes.

RAUNKIER, C. -1905- Types biologiques pour la géographie botanique, KLG. Danske Videnskabenes Selskabs, Farrhandl, 5: 347-437 dans ce cas (Raunkier, 1905) souligne que Le pâturage favorise d'une manière globale les Chamaephytes souvent refusées par le troupeau.

RAUNKIER, C.C., 1934 - The Life Forms of Plants and Statistical Plant Geography. (eds.), Oxford University Press. London.

RIVAS-MARTINEZ S., 1981 - Les étages bioclimatiques de la péninsule ibérique, *Annal. Gard. Bot. Madrid* 37 (2). Pp 251-268.

RUELLAN A., 1970 - Contribution à la connaissance des sols des régions méditerranéennes : Les sols à profil calcaire différencié des plaines de la basse Moulouya. Thèse doc. D'Etat. Univ. Strasbourg. 320 p.

SAPORTA G., 1988- Deuxième adjonction à la flore fossile d'Aix-en-Provence. Masson (Ed.). Paris. 296 p.

SAUVAGE Ch., 1951 - Remarques sur la notion de sociabilité. *Ann. Univ. Montpellier, Rec. Trav. Inst. Bot.*, 4, 82-91.

SUC J.-P., 1984 - Origin and evolution of the Mediterranean vegetation and climate in Europe. *Nature*. v. 307. pp 429-432.

SUC J.-P. & POPESCU S.M., 2006 - Pollen records and climatic cycles in the North Mediterranean region since 2.7 My. In M. J. Head & P. L. Gibbard éd, *Early-Middle Pleistocene Transition: The Land-Ocean Evidence*. GSL Special publications. Londres. 336 p.

TAMURA, K.D.J, NEI, M., KUMAR, S., 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analyses (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 1596-1599.

TAMURA, K., STECHER, G., PTERSON, D., FILIPSKI, A. et KUMAR, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* **30**: 2725–2729. doi:10.1093/molbev/mst197. PMID:24132122.

THINTHOIN R ; 1948 - Les aspects physiques du tell oranais. Essai demorphologie de pays semi aride : ouvrage publié avec les concours du C.N.R.S. Ed .L Fouqué .P 639.

TOMASSELLI R., 1976 - La dégradation du maquis méditerranéen In forêts et maquis méditerranéens. *Ecologie, conservation et aménagement*. Note technique MAB. 2. Unesco Paris. Pp 34-75.

VELEZ R., 1999 - Protection contre les incendies de forêt : principes et méthodes d'action. CIHEAM, Zaragoza. Options Méditerranéennes, Série B : Études et Recherches n°26. 118 p

WALTER H. et LIETH H., 1960 – Klimadiagram weltathas. Jerrafishar Iena. Ecologia Medit. Tome XVIII 1992. Univ. De droit, d'Economie et des Sciences d'Asie – Marseille III.

WERGER M.J.A., 1972 - Species area relationship and plot size : with some examples from South African vegetation. *Bothalia*, 10 (4), 583-594

WILSON A.D; 1986 –Principals of gazing management system in Rangelands under siege (Proc- 2d, international Regland congress-Adelaide, 1984). Pp : 221- 225.Australain cab. Siccanberra.

ZOHARY D and HOPF M., 1993 - Domestication of plants in the old World. Clarendon edit. Oxford.

Les sites internet :

EVOLUTION 2011 -www.ac-nice.fr/svt/prepagreg/IMG/pdf/Evolution_2011_a.pdf.

Introduction à la phylogénie, 2006 ;

<http://tomroud.cafesciences.org/2006/10/30/introduction-a-la-phylogenie/>.

Introduction à la phylogénie ; www.iro.umontreal.ca/~mabrouk/IFT3295/Intro-Phylogenie.pdf.

(Jan, Cédric, Juan et José) - De l'ADN à l'arbre du vivant. Un petit guide du hylogénéticien moléculaire. <https://www2.unil.ch/phylo/teaching/guide.pdf>.

<http://www.denaturaeanimus.fr/index.html>.

ANNEXE.

Fastat format des stations d'étude :

➤ **Fasta format de la station de Tlemcen :**

***Picris echioides* L.**

```
>DQ451730.1 Picris echioides maturase K (matK) gene, partial cds; plastid
AAAATCAATTCTTGCTTCAAAGGGGACGTTTCTTTTGTATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTC
TGGAAATCTTATTTTTACCTGTGGTCTCAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAACCATTCCC
TTGACTTTCTGGGTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAAAGCCTTCAATGGTACGCAGTCAAATGCTAGAAAA
TGCATTTATAAATTGAAAATGCTATTAAGAAGTTTGTAGACTATTGTTCCAATTATGCCTCTGATTGGATCA
TTGGCTAAATCTAAATTTTGTAAACACATTGGGGCATCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCTGATTTCTCAG
ATTATGATATTATTGACCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTTCTCATTATCATAGTGGATCTTCAAAA
AAAAAGAGTTTGTATCGAGTAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCTAGAAGTTTGGTCTGTAAGCAT
AAAAGTACTGTACGTGCTTTTTTGTAAAGATTCGGCTCGGAATTATTGGAAGAATTCTTTACGGAAGAAG
AACAAGTTTTTCCCTTGACCTTTCCGAGAGTTTCTTCCATTTTCGCGGAGGTTATCTAGAAGGCGGATTTG
TTATTTGGATATTATTTGTATCAATGATTTGGCCAATCATGAATGATTCGTTATGAAACCTTGATAAAT
TTCATCACTAAATAACAAAAAATAATGTAATAATGAAGAGCTAAAAAATAAATAAAAAAATTATTT
ATTTTGATTCTGAAATGTTGAGGTAGTATGTAGTAAGGATGAAATCAACTGAGTATTCAACCTTTCTTG
TCTAATGAAGGAAGTGTAGTTTTAGATGTATACAGAGGGAAAGC
```

***Pallenis spinosa* (L.) Cass.**

```
>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
ACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACTTAGCTGCTATTGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACTTT
GGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAATGCACTCTTGATAAAAAACAAGGGGCA
TTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTACTATTTGCCTTATATAGTTTTCTTTAAAAATAACAAGGGCTTCT
ATAATTTGGTTCGATCCGCGTGTCTTTCTTTGTATTCAATTTATATTTATATTCTAGGTTCTATATCCT
TTTCCCAATCTTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTCATTTCAATAGAAAATAGATAAAAAATGAAAATTTT
ACTTATTTATTACTTTGATTTTCTTATGCTCCTTTTTTTATGTTAATGGAAAAATAAAGTAATACTAGAT
AATACTAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTG
```

***Lactuca virosa* L.**

```
>LT722640.1 Lactuca virosa plastid DNA containing petB-petD IGS, specimen
voucher M. Cubr 47387 (B), isolate LAC-246
ATAGAGAAGAGATAGCATAGATCTTTTGAATTCATCATTATCACTTGGGGTAGGAACAATAGTATTTTA
TTGCTACAAGTATGGATTATTGAAAATAATAAGACATGTATTTGGATATTTCCCTTGAACCTCCGCAATAT
TTTTTATTTGACATAAATAGTTGAAGGGAATTTTCCGAAGAGAAAATGGATTATGGGAGTGTGTGACTTG
AACTATTGATTGGTCTGTGCAGATATCTGATTATCTGCCACATTTAATTCACAACCAAATGTGTCTTTGT
TCCAACCATCATGTAAGCCCATAACAGAGGATAGGCTGGTTCGCTTAAAGAGAATCTTTTCTATGATCAGA
TAGGAATCATGTCATACATGAGCAGGCTCCGTAAGATCTAGTTTACCTAACCTCAGATTGAATTTAATAG
TATACAAATGCATTCATTTTCTCTGCATTGATGCAATCTAGGATACTATCGGAGTGAAAAAGGGTCTTAA
AGAAGAACAGAGGCTAGGCTATATTAGTAACAAGTAAATCCTTTGTGTGTGTTTATAAAAAGGCTCTTTG
GGGATAAACACCAATCATAAGGTCTGAGACGACCCATAAAGCAATTGATCATATCACGATCTATTTTATA
AGCCTACTTGGGTATTGAGTATTTATTTATAAGAAGTAAATTTTTTGCCTCGATAGTTTCAACTCGAGA
AAAAAGAATCCAGTAAATTTTTTATTTTACTTACATAAAACCATTATATATCGTATATGTTTATATATC
GTATATGCGGGTGTCTAGATAACATATATTTTATATGGATTCAATTTGTTTCTTTTATTCTTGTCTGAGC
CGGATGATGAAAATTATCATGTCCGGTTTCTCCGGGGGATGGATCTATAAGAATTCGCTATCCCAAT
```

***Inula viscosa* (L.) Ait.**

```
>GU817476.1 Dittrichia viscosa isolate 1509 trnA-Lys (trnK) gene, partial
sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; plastid
GATTTGGGCCGATTTCTCAGATTCTGATATTATTGAGCGATTTGGGCGCATATACAGAAATCTTTCTCAT
TATAATAGTGGATCTTCAAAAAAAGAGTTTGTATCGAGTAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCTA
GAACTTTAGCTCGTAAGCATAAAAGTAGCGTACGTGCGTTTTTGTAAAGATTCGGTTCGGAATTATTGGA
AGAATCTTTACGGAAGAAGAACAAGTTTTTCCCTTGACCTTTCCAAGAGTTTCTTCTATTTCSGAAGG
TTATCTAGAAGGCGGATTTGGTATTTGGATATTGTTTGTATCAATGATTTGGCCAATCATGAATGATTTT
TTATGAAACGTTGTAATAAAAAATTGGATCACTAAAGAATCTAATAAAAAATAACAATGAAAAGCYAAAAA
```

AAAATGATTTATTTCTATTCTGAAAAGTYGATGTAGTATGTAGTAAGGATTMAATTC

***Catananche caerulea* L.**

>EU531675.1 *Catananche caerulea* isolate assem38.0.1 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TTTTTTGAGATCCACNTATGATAATGAGAAAAATTTCTGTATATACGCCCANAGCGGTCAATAATATCAG
AATCTGAGAAATCGGCCAAATCGCCTTACCAATAGGATGCCCAATGTGTTACAAAATTTAGATTTAGC
CAATGATCCAATCAAGGGCATAATTGGAACAATAGTCTCAAACCTCTTAATAGCATTTCGATTAGAAAT
GCATTTTCTAGCATTGACTGCGTACCATTGAAGGCGTTAGCCGCACACTTGAACGATAACCCAGAAAAGT
CAAGGGAATGATTGGATAATTGGTTTATATAAAATCCTTCCTGGTTGAGACCACAGGTAAAAATAAGATTT
CCAGAAATTGACAAAGTAATATTTCCATTTATTCATCAAAAAGAAACGTCCCTTTTGAAGCAAGAATTGAT
TTTCCTTGATACCTAACATAATGCATGAAAGGATCTTTGAACAAGCATAAAATTCCTTCAAAAAGCCCTGG
GAAAAACTTCTGCAAGATGCTCTATTTTTGCATAGAAATATATTCGTTCAATAAGGGCTCCAGAAGATGT
TGATCGTAAGTGAGAAGATTGGTTTTCGGAGAAAGAGGAAGCCAGATTCATATTCACATACATGAGAAGTA
TATAGGAAGAAGAATAGTCTGTGATTTCTTTTTGAAAAAGAAGAACTGGCTTTCTTTGAATTTGAAGTAA
TAAGACTATCCCAATTATGACACTCATGGAGAAAGAATCTTAATAAATGCAAAGAGGAAGCATCTTTTAT
CCAATAGCGAAGAGCCTGAACTAAG

Centaurea granatensis

>FJ459709.1 *Centaurea granatensis* clone 13 PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TACAAATGGATAAGACTTTGGTCTGATTGTATAGGATTTTTGAAGTAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCT
CTTGTTTTTATCAAGAGGGCGTTATTGCTCCTTTTTTTTATTTAGTAGTATTTACCTTACACAGTTCTTTA
AAAAAAGAAGGGGCTTTTCTAGTTTGGTTTCGATTAGCGTGTTTTATCTTTGTATTAATTTCTATTATAG
GTTTTATATATCCTTTTCCCAATCGTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTCATTTCAATCTAAAATAGATAA
AAATTATAATTTTATTATTATTGCTTTTTATTTTAGAAATAAGAAAGAAATAATATGCTCTTTTTTTTAT
GTTAATGGAAAAATAAAATATAG

***Tragopogon porrifolius* L.**

>L13647.1 *Tragopogon porrifolius* L. chloroplast ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase gene, complete cds

ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGCAAGTGTTGGATTCAAAGCTGGTGTTAAAGATTATAAAATGACTT
ATTATACTCCTGAATATGAAACCAAGGATACTGATATTTTTGGCAGCATTTCGAGTAACTCCTCAACCTGG
AGTTCGCGCTGAAGAAGCAGGGGCCGAGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGG
ACCGATGGACTTACGAGCCTTGATCGTTACAAAGGCCGATGCTATGGAATCGAGCCTGTTCTGGGAGAAG
AAAATCAATTTATTGCTTATGTAGCTTACCCATTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTT
TACTTCCATTGTAGGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGTGCTCTACGTCTGGAAGATTTGCGAATC
CCTACTGCGTATGTTAAAACCTTTCCAAGGTCACCGCATCCAAGTTGAGAGAGATAAAATGAACA
AGTATGGTCGTCCTGTTGGGATGTACTATTAACCTAAATGGGATTATCCGCTAAAAACTACGGTAG
AGCTGTTTTATGAATGTCTTCGTGGTGGCCTTGATTTTACTAAAGATGATGAGAACGTGAACTCCCAACCA
TTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTTATTTTGTGCCGAAGCTATTTTTAAATCACAAGCTGAAACAGGTG
AAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGTGAAGAAATGATGAAAAGGGCCATATTTGC
CAGAGAATTGGGAGTTCTATCGTAATGCATGACTACCTAACAGGGGATTCACTGCAAATACTCGCTTG
GCTCATTATTGCCGAGATAATGGCCTACTTCTTACATCCACCGCAATGCATGCAGTTATTGATAGAC
AGAAGAATCATGGTATACACTTTCGTGTACTAGCTAAAGCGTTACGTATGTCTGGTGGAGATCATATTCA
TTCCGGTACAGTAGTAGGTAACCTTGAAGGGGAAAGAGAAATCACTTTGGGCTTTGTTGATTTACTGCGT
GATGATTTTTATTGAAAAAGATAGAAGTCGCGGTATTTATTTACCCAAGACTGGGTCTCTCTACCAGGTG
TTCTGCCTGTAGCTTCGGGCGGTATTCACGTTTGGCATATGCCTGCCCTGACCGAGATCTTTGGGGATGA
TTCCGTAACAGTTCCGGTGGAGGAACCTTTAGGGCACCTTTGGGGAAATGCACCCGGTGCCGTAGCTAAT
CGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGCGACCTTGCTATTGAGGGTAATGAAA
TTATCCGTGAGGCTGCCAAATGGAGTCCTGAACTAGCTGCTGCGTGTGAAGTATGGAAGGAGATCAAAAT
TGAGTTAAGCCAGTGGATACTTTGGATCAATAA

***Scolymus hispanicus* L.**

>AF218332.1 *Scolymus hispanicus* NADH dehydrogenase (ndhF) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product
GATAGTTGGTGTATTACCTATTTTTGGAATAATTGCTTGGTCTACGGCGGGATTAACCGCATTTTATA
TGTGTCCGATCTATTTACTTACTTTTTGAAGGACATTTAAACGTTTCATTTTCAAAATTACAGTGGAAAACG
GAATACCCCTTCTATTCAATATCTCTATGGGGTAAAGAAGGTTGCGAAAATAAGTAAAAAACTTTTCGT
TTGGTAACCTTTATTAATAAATGAAAAAGAATCCACGTCCTTCTTTTTTTTCAAATCAAGTATCTAAAATTG
GTATCCTTATGAATCGGATAATACTATGTTATTTCCACTTGATTGATTCTATTTACTTTGTTGTTGGA
TTCGTAGGAATTCCTTTCAATCAAGACGTTGATATATTATCCAAATGGTTAACCCCGTCTATAAATCTTT
TACATAAAAATTCAAACAATTCATAGATTGGTATGAATTTTGTAAAGATGCAATTTTTTCAGTCAGTAT
AGCCTCTTTTCGGGATATTTATAGCATTTTTTTTTATATAAACCTGTTTATTTCATCTTTTTCAAAATTTGGAC
TTCATTAATTCATTTGTTAAAATCGGTCCTAATAGAATTTTTTATGACAAAAATAAAAAATGCTATATATG
ATTGGTCATATAATCGGGGTTACATAGATGCCTTTTATGGAACATTCTTAATTGCGGGGATGAGAAAAAT
GGCCAACTTCGCTCATTTTTTTTGATAGACGAATAATTGATGCAATTCCAAATGGAGTTGGTCTTATGAGT
TTCTTTATAGCAGAGGTTATTAATCGGTAGGGGGTGGGCGTATTTCTTCTTATTTGTTCTTTTATTTTT
CTTATGTAGCAATTTTTTTTATTAATTTACTACTTTTTTCAATCTTTGA

***Bellis sylvestris* L. (*Bellis rotundifolia*)**

>AF492656.1 *Bellis rotundifolia* from Spain internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAACCTGCAAAGCAGAACGACCCGCGAACATGTTACAACAACCAAGCCATGATGGGTTCGGGTGTAAG
TTCGATCCTCGTGGCACACCGTCGATGTGCGTCTTTGATGCCCATTAGGGCTTCTTGGTTCGTACATTGA
CGTAACAAAACCCCGGCACTGGATGTGCCAAGGAAAAATAAAATTTAAGAATGGCTCGTCCATGAAGCCC
CGTTCGCGGTGTGCTCATGGAGCGTGGCTTCTTTATAATCATAAACGACTCTCGGCAACGATATCTCGG
CTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATTTCGGTTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGC
GTCGCCCCCATCATCCCATCCTTGTGATGCTTTGATGGGGCGGATACTGGTCTCCCGTTTATCACTGAG
CGGTTGGCCAAAATAAGAGTCCCATTTGACGGGCACACGACTTGTGGTGGTTGAAAAAACCGGAATCGTG
TCGTGTGTCTGGATGAAAGGGTGCATCTTTAAAGACCCAATGTGTTGTCATGTGATGACGCTTCGA

Atractylis carduus

>AY772276.1 *Atractylis carduus* tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TGATAACTTTCAAATTCAGAGAAACCCCTGGAATTAATAAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCACGTTTT
CCGAAAACAAACAAAGGTTTCAGAAAGCGAAAATAAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGCTGTT
CTAACGAATGGAGTTGATTGTCTTACGTTGGTAGAGGAATCAATCCTTCTATCGAAACTTCAGAAAAGAT
GAAAGATAAATCTGTATACATAATACAGAAGAATTGTTGTGAATCGATTCCATATTGAAGAAAAGATCGA
ATATTCATTGATCAAACCATTCCTCCATAATCTGATAGTTCTTTTTGAAGAACTGATTAATCCGGCGAGA
ATAAAGATAGAGTCCCCTTCTACATGTCAATACCGGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAAATCCGT
CGATTTAAAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCCTCATCCCCAAAAAGACCATTTGACTCCCCTAATTATTTA
CCGGATCCTTTTTATTTATTTTATCCTTTTTTTCGTTAGCGGTTCAAATTCCTTATCTTTCTCATTCCT
ACTCTTTATACAAATGGATCTGAGCGGAAATGCTGTTCTCTTGGATATATATGATACATGTACAAATGAAC
ATCTTTGAGCAAGGAATCCCCATTTGAATGATTCACGATCGATATTTTTTATTCATACTGAAACTTACAAA
GTTGTTCTTTTGTTTTGACAAATTATAGGACCTGGATGAGGCTTTGTAATACCCCTTTCAATTGACATAGA
CCCAAGTTATCTAGTAAAATGAAAATGAGGATGAGACATTAGGAA

***Atractylis humilis* L.**

>HG324301.1 *Atractylis humilis* satellite DNA locus HinfI, clone 11
TAACTTTTGTACGGGAGTCCGTTTCAGGCCACGAACATCAAAAACGAAGCAATGGACGTTATGCACGT
TTCCAGCATTTTCAGATTCTTGAAATCAAACATTATCCGGCGACAATCCGGTAAATTCGATTTTCGTACGTT
CTTCCGGCTTTTTCGAATGGATGGCCGCAGTAGTTTGTGGCACGGGAGGGGTTTTCTTCAGGTTCTTTTCAGG
CACAAACCTACTCATTAACATTATGGAGGGCCCCCGTAAATTTTCCGAAGAGTCGCCAAGGGATTTCCG
GATGTGTCCGGACGAGGCTAACAAAGTGTACCCCCGTTGGTGTCTGGGCAAAAACATTAACGACCT

***Ballota hirsuta* Benth**

>JN680359.1 *Ballota hirsuta* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGAAACCTGCAAAGCAGACCCGCGAACACGTTTACAAA
CAACCCCGGCGCCGCGGGTTCGTGGGGGCAACCCCTGCCCGCGGCACCGAACCCCGCGGGCGTGC GCGCT
CGCGCCGCGCCGTGCGGGCTAACGAACTCGGGCGCGGCATGCGCCAAGGAAAAACACAATGGAGCGTTCCC
CTCCCCTCCTCGGCCGTTTCGCGGGGCGACGGGAGCGAGGGATGCCCTATCGAATGTCTAAACGACTCT
CGGCAACGGAAATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
GAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAACCCATTAGGCCGAGCGTCTGC
CTGGGCGTACGCATCGCGTCCGCCCCCTCCCCCGGGGTGGGGGCGGAGATTGGCCCCCGTGCG
CGCCACAATCGCGCGCGGCCGCCCCAAATGCGAATCCGCGCTCGACTCACGTCGCGACCAGTGGTGGTTG
AACCTCAACTCGCGTGTGTGCGCTCCACGAGTCGTCGGTCCGGAAACAGCAACATAACCCAACGGC
GCGAGCACGCATCGCGCCACGACCGCGACCCAGGTCAGGC

***Salvia verbenaca* (L.)**

>KJ584182.1 *Salvia verbenaca* isolate 67 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TCGAAACCTGCAAAGCAGACCCGCGAACACGTTTAAACACCGACCGACGGCGCACGGCGGGGGCGACC
CCCGCGTGCCTCCGTACCCCCGCGCGTGCATCCCTCGGGTTCGCGCGGGCGGGGCTAACGAAACCCCGG
CGCGAATGCGCCAAGGAAAACTAAACGAAGCGTCTCCCCCGCGCCCCGTTTCGCGGAGTGC GCTGGG
GTGTCCGACGTCTATAAATGTCTATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGA
ACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTT
GCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTCCGCCCCCACCATGT
GCGGGGGGGCGGATACTGGCCTCCCGTGCGCCCGCGCGCGGCTGGCCCAAATGCGATCCCTCGGCGAC
TCATGTACGACAAGTGGTGGTTGAAATCTCAATCTCTTGCGCCGTCGTGCCACTGCGTCCGTACGG
GCATCCATCAACGACCCAACGGTGGGGGTGCCTCGCAGCGCCCCGACCTTCGACCGC

***Sideritis montana* L.**

>KF529771.1 *Sideritis montana* isolate SN-6 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast
GACTTAATGATAATTAATTGAGCCTTATTGTGGGAAACCTACTAAGTGATGACTTTCAAATTCAGAGAA
ACCCCGGAATTAATCAAAATGGGCGATCCTGATCCAAATCCTGTTTTTCAAACAAAGGTTCAAAAAACC
AATAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAACGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACTGCGTTGGTAGAGG
AATCCTTTTTACGGAACTTCAGAAAGGATGAAGGATAAACGTATCTATCGAATACTATATCAAATGATT
AATGATGGCCGAATCTGTATTTTTTAATATGAAAAATAGAAGAATTGGTGTGAATTGATTCTATATTGA
AGAAAAATCGAATATTCATTCATAAACCCTCACTCCATAGTCCGGTAGATCTTTTAAAGACCTGATT
AATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAG
AGAAAAATCCGTCGACTTT

***Thymus ciliatus* Desf. (*Andrias davidianus*)**

>JZ574201.1 ADT-1012 Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) thymus cDNA library *Andrias davidianus* cDNA 3', mRNA sequence
GACAAGCGCAGTAGCCGTGAGCGCGGAGTGCGTAGATGTTTGTATAGGGGTCAAGCGTGGGATAGA
GCGCAGAGTATGGAGGTAGACTACAACCCCATTTGATTTGCCATTAACCTCTGGATTTGAAGAAGATTCAG
ACTTTAAGGATTTTGGAGGAGTTGATGTGAAAGACATGCGACTAGAAGCAGAAGCCGTTGTGAATGATGT
TTTGTGCTGTCGCAACATGTTTGTCTAAAAATCTGCCTTGTGCCGTGGATGTGGCATAACATCAAT
GTGGAGATCAGGGAAGGCACCAGATACTGCTTGGAGCTAACAGAAGCTGGGCTCAGGGTGGTGGTTCATG
CTTTGACCATGTAAATGATGATTCACAGACTCAGTATCACGAGACAGTGTATTCTTGTGGACTCTCT
CAGCCCAGCATACCGCGAGGCATTTGGAAATGCACTGTTACAAAGACTGGAAGCCTTGAAAAGAGATGGA
CAGTCTTGACCGTGTATTCTACCATGAGTTTTAGTTCTTGGTTGTTGCCGGCAGGTACTTTTTAAGCATGA
GGCTTTGGTACTTCACTTGCAAATGAAGTTTGACATGTATTTTTCAGCTTATGCTCCTCATTACAAAAGCA
GTATTTAGTTGTAATGTGTTGCTGTTAAATTTACTAAGCTTTGTGGATCACTTTCTCTACTATGAGCAAA
AATAAGTATATGGCTGTGCATGTCCACCTATGTGGCACCGTAGGGATATGTCAAGAGTATATCTGATAA
TGGGTTAGTTTCTAACATAAGAGTACAAGTTTCTCAGCAGAAGTAAAAACCTGCATACTGTCTGAATCAT
CCAATTTGAGGCTGAGCTTGCTTGTCTTTTGGACTCGCTGTCTTTTTGCCAAAACCAAGCAGTGTCCATT
GTTTACATTAAGGAGCTTTCATTTGAAGTTACCAGCAACAAAGTAGTTTTTATACATTGAATTC

***Marrubium vulgare* L.**

>U78695.1 *Marrubium vulgare* NADH dehydrogenase (ndhF) gene, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds

```
GTGGATTTTACCTTTTCGTTCCACTTCTAGTTCCTATATTAATAGGAGTGGGACTTGTTCCTTTTCTCCTACA
GCAACAAAAAATCTTCATCGTCTGTGGGCTTTTCCAAGTATTTTATTGTTAAGTATAGTCATGATTTTTT
CCACGAATATGTCTATTCAGCAAATAAATAGTAGTTATATCTATCAATATGTATGGTCTTGGACCCCTCGA
TAATGATTTTTCTTTAGAATTTGGCTGCTTGATTGATCCGCTTACTTCTATTATGTTGATGCTAATCACT
ACTGTTGGAATTATGGTTCCTATTTATAGTGATAATTATATGGCTCACGATCAAGGATACTTGAGATTTT
TTGCTTATATGAGTTTTTTTTCAGTACTTCCATGTTGGGATTAGTTACTAGTTCCAATTTGATACAAATTTA
TATTTTTTGGGAATTTGGTTGGAATGTGTTCCCTATCTATTAATAGGGTTTTGGTTCACACGACCTCTTGCG
GCAAATGCTTGTCAAAAAGCGTTTTGTAACCAATCGTGTAGGGGATTTTGGTTTATTATTAGGAATTTTAG
GTTTTTATTGGATAACAGGTAGTTTTGAATTTTCGAGATTTTATTCGAAATACTCAATAACTTGATTTATAA
TAATGAAGTCAACTTTCCATTTGTTATTTTTGTGCGCTGCTCTATTATTTGCTGGCGCAGTTGCTAAATCT
GCACAATTTCCCCTTCATGTGTGGTTACCTGATGCTATGGAAGGACCCACTCCTATTTTCGGCTCTTATAC
ATGCTGCTACTATGGTAGCGGGGGGATTTTTCTTGTAGCTCGCCTTTTTCTCTTTTTCTAGTTTATACC
TTATATAATGAATTTAATTGCCTTGATGGGCATAATTACACTATTATTAGGAGCTACTTTAGCTCTTGCT
CAAAAAGACATTAAGAGGAGTTTAGCTTATTCAACAATNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTCGCTCTAG
GAATGGGGTCTTATCGAAGTGTCTTTATTTTCATTTGATTACTCATGCTTATTCCAAAGCATTATTATTTTT
GGGGTCCGGATCCGTTATTCATTCAATGGAACTCTTGTGGTTATTCTCCGGATAAAAAGTCAGAATATG
GTTCTTATGGGTGGTTTAAACAAAACATGTACCGATTACCAAAACCTCTTTTTTATTAGGTACACTTTCTC
TTTGTGGTATTCCGCCGCTTGCTTGTTTTTGGTCAAAAAGATGAAATTTCTTAATGATAGTTGGTTGTATTC
GCCGATTTTCGCAATAATAGCTTGGGCCACGGCAGGGNNNNCAGCATTATATGTTTTCGCATTTATTTA
CTTACTTTTTGAGGGGCATTTAAACATTCATTTCAAAACTTATAGTGGCAAGGAAAAATACCTCTTTCTATT
CCATATCCATATGGGGTAAAGGGTACTCAAAAAGAATTAACCAAAAATTTTGATTTATTAAGAAAATGAAAG
TTCTCCTTTTTGTTGGAAAAAGACATGTGCAAGTGATGAGAATGCAAGAAAAAGGGGGAGGGGGCGCCCT
TTTATTAATATTCGACATTTTGATAATCAAAAGTCTTTTTCTATCCTTATGAATCCCCGAATACGATGT
TATTTGCTTTACTTCTATTAGTCTATTTACTTTATTTGTTGGATCTATAGGAATTCCTTTTAATCAAAA
AGGAGCAGATTTGGATCTATTATCCAAATGGTTAGCTCCGTTTATTAACCTTTTACATCAAAAAGTCAAAG
GATTCGTCAAGTTGGTATGAATTTTTTCAAGATGCCCTTTTTTTCAGTTAGTATAGCTTATTGTGGAATAT
TTCTAGCGTCTTTTTTATATAACCCTATTTATTCATCTTTCAAAAATTTTCACTTACTAAATTCATTTGT
CAAGTTAGGTCCGAAAAGAAAACATTTGGATAAAAATTATAAACGCCCTATATGATTGGTCATATAATCGT
GCTTATATAGATTCTTTTTTATACAATATCCTTTGCCAGGGGGTAAAGGGAATTGGCCCAATTAACACATT
TTTTTGATAGACGAGTAATTGATGGAATTACGAATGGAGTTGGTGTGATGAGTTTCTTNNNN
```

***Adonis dentata* (Adonis palaestina)**

>AF188061.1 *Adonis palaestina* clone ApBDY8 isopentenyl pyrophosphate:dimethylallyl pyrophosphate isomerase mRNA, partial cds

```
ATTCATCTTCAGCAGCGCTGTGCTACTCTTTCTATATCTTCTTCCATCACTAACAGTAGTCGCCGACGGT
TGAATCGGCTATTCGCCTCAACGTCAACTATGGGTGAAGTCACTGATGCTGGAATGGATGCTGTTTCAGAA
GCGGCTCATGTTTCGACGACGAATGTATTTTGGTGGATGAGAATGACAAGGTCGTCGGGCATGATTCAAA
TACAACGTGCATTTGATGGAAAAGATAGAGGCAGAAAATTTGCTTTCACAGAGCCCTCAGTGTTCCTTGT
TCAACTCAAAATATGAATTGCTTCTTCAGCAACGATCCGCCACAAAAGGTAACATTTCCGCTCGTATGGAC
AAACACATGTTGCAGTCATCCTCTCTTTTCGTGATTCCGAGCTCATAGAAGAAAATATCTCGGTGTACGA
AACGCTGCACAAAAGAAAGCTTTTAGACGAGCTAGGCATTCCAGCTGAAGATGTCCCAGTTGATGAATTTA
CTCCTCTTGGTGCATTTCTTTACAAAGCTCCATCTGACGGCAAAATGGGGAGAGCACGAATGGACTATCT
CCTATTTATTGTCCGAGATGTGAAATACGATCCAAACCCAGATGAAGTTGCTGATGCTAAGTATGTTAAT
CGCGAGGAGTTGAGAGAGATACTGAGAAAAGCTGATGCTGGTGAAGAGGGACTCAAGTTGTCTCCTTGGT
TTAGATTGGTTGTTGATAACTTTTTGTTCAAGTGGTGGGATCATGTAGAGCAGGGTACGATTAAGGAAAT
TGCTGACATGAAAACATCCACAAGTTGACTTAAGAGGACTTCTCTCCTCTGTTCTACTATTTGTTTTTT
GCTACAATAAGTGGGTGGTGATAAGCAGTTTTTCTGTTTTCTTTAATTTATGGCTTTTGAATTTGCCCTCG
ATGTTGAACCTGTAACATATTTAGACAAATATGAGACCTTGTAAGTTGAATTTGAGGCTGAATTTATATT
TTTTGGGAACATAATAATGTTAA
```


TCTTTAATCTTACCAAGAATTTCTTATCCTTTTCATAAGTTATATAGAGAACGCATTTGGTATTTGGATA
TTATTCGTATAAATGACTTGGTGAATCATTTATGATTCATTAGTCATAAAAACCATGTAAATGAAATAGAA
TAGAAACTCCAATTCTCAAGAGAGAAAAAATGTCAAGTCAATTTTCATTCTGAAATGCCCATGCAGTAATGG
TTGAATCAACTGAGTATTCAAGTTTCTTAGACTTTCTTTTCGGGATCTAATCTAAGTTTTAGATGTATAC
ATAGGGAAAGTCGTGTGCAATGAAAACCTGCAAGCACTTGACTTATTATACT

***Aristolochia longa* L.**

>EU531587.1 *Aristolochia fontanesii* isolate assem26.0.2 RNA polymerase C
(rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
TAAGCCATATCTTGAGTTGGCAAAGAAGGGAAGATTTTCGCGAGACTTTACTTGGTAAACGAGTCGATTAT
TCGGGGCGTTCCGTCATTGTTGTGGGCCCTTCGCTTTCATTACATCGATGTGGATTGCCTCGAGAAATAG
CAATAGAGCTTTTCCAGACATTTTTTAATTCGTGGTTAATCAGACAACATCTTGCTTCCAACATAGGGAT
TGCTAAAAGTAAAATTAGGGAAAACGAACCCATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAGTTATGCAGGGGCAT
CCCGTATTGCTGAATAGAGCACCCACCCTGCATAGATTAGGCATACAGGCGTTCCAACCCATTTTAGTGG
AAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTTGTAAAGGATTCAATGCAGACTTTGATGGGGATCAAAT
GGCTGTTTCATGTACCTTTATCTTTTGAAGCTCAAGCAGAGGCTCATTTACTTATGTTTTCTCATATGAAT
CTCTTGCTCCAGCTATTGGCGATCCCATTTCCGTACCAACTCAAGAATGGCCT

***Asparagus acutifolius* L.**

>JX574486.1 *Asparagus acutifolius* voucher A. Marrero s.n. trnD-trnT
intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TATTTTTCTTGTTTTTCATAAGTAAGAACATTCTACTTGTTCATGTTGTAACGTAACAGATACACGAATGATA
TAGTAATATCATATCTACATAAACACAGACTTTAGTGAGAATGATGCAGATTATTAGTAAGGAGTTATTT
TTTTATTTTATTGGTAAAATAAAAATAGAAAATCAATCTTTCAATGAGATGAGAAAAAAAATATATAGAT
AGAGTAAAAAATAGACCCTTTTTCTTTATTTCTACATTTCTACGTATAACCGATCAGGCATTTCTTTTTTC
TTTTCTCTAGGACAAATTGGTTATATTATACTCATAGAGCGGTGAATTTTTGGGCCGAGCTGGATTTGAA
CCAGCGTAGACGTGTCGCCAACGAATTTACAGTCCGTCCCCATTAACCGCTCGGGCATCGACCCAGGAAG
AATTCATTCTAGGCTTATTGATAATCTATGATCAACTTCCTTTTCGTAGTACCCTACCCCAAGGGGAAGTC
GAATCCCCGTTTCTCCTTGAAAGAGAGGTGTCTAACCCTAGACGATGGGGGCATATCCGCCGACCG
TCATCATACTATGATGATAGTATGAACAGTTTTTTTGGAAATTGTCAATATAATCTAATGGTATCGCTAGAT
CCGAAGAGTCTTTCTATGTTATGATTCTATAAAAATTAGAACATTTTTTTTTTTTTTTGATGCTTCATTCATG
AAGCATCCCATACTATTTCGATATAACGAAAGGAAGTCTAGGATTCTTCAGTTCAGGCAATGATTGGCCC
GAAAGAAAAGGGGTATGGGGGGTAAAACCTCATTTAATTTCAATTTAATTTCTTCAATTTCCACTCATTGC
TTACTTTCTCGTTCAAATAAAAATATGATATATCTATCACTATCTCATACTAAGCCAGAAAAATTCAAAAAC
GAGAAAAATTTTACCCACTTTTTTCTTCTATTATGAGTCTACTGCATATATACATATATGTAGTAGACTC
ATAATAGAACA

***Asparagus stipularis* Forsk.**

>AB177730.1 *Asparagus stipularis* chloroplast petB gene, intron
GGGTCTCAACAAGAGAATTCCTATCAATAGTAAAACAAGAGTCGATCTACATTACGCACAAAAAACAAC
AACAAATTAATAACAAACAAAAATAGGAAAGAGAAAATTCAGAGGCCTGTAACGAGCAACATAAAGAA
AGACGAATGAGCTAACTTGATATTTTTAGCATTATCATCACAAGAAGAGATTCCGGATTTTTTTTTATT
ACTTCTATCTTGGGGACAAATCGAATCACGTGGCTAATAAGTTTTGAACTTTCTATTACATATCCGGTG
AAATCAGTATTTGTGTGTTTC

***Asphodelus microcarpus* (*Lupinus microcarpus*)**

>AY618504.1 *Lupinus microcarpus* var. *microcarpus* tRNA-Leu (trnL) gene,
intron; chloroplast
AATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAAACTTACCAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAACCCCTGGAATTG
ACAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCCGTTTTTTTCGCAAAAACAAAGAAAAGTTCAGAAAAGCGAAAATAA
AAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAACCGGAGTTGCCGACATTTACTTTTCGTATT
GGGTTAGGAAAGGAATCCTTTTCATCGAAATTTTGTAAAGGATCAAGAATAAACGTATATACATATATACG
TATATTTACTGAAATATTATTTCAATTGATTAATAAAGACTGAAAATCTCTGTTTATTGAAAAGAGTAATT
GAATATTGATTGATCAAATCATTCAATCCATGATAATCTGATAGATCTTTTAAAGAGCTGATTAATCAGA
CCGGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACCGACAACAATGAAATTTAGAGTAAGAGG

***Ampelodesma mauritanicum* (*Thesium mauritanicum*)**

>KP318976.1 *Thesium mauritanicum* isolate D. L. Nickrent 5193 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe (trnF) gene, partial sequence; chloroplast GGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGGGAAACCTTGAATTAATAAAAAATAGGCAATCCTGAGC CAAATCCGGTTTTACGAAAATGCGTGTGGTAGGGCTTATGAAAACGATAATCGAATAAAAAAAGGAAAA GGGTAGGTGCAGAGACTCAACGGAAGATGTTCTAACAAATGGAGTTGCTTGTCTTTTGCCGGTATAAGAA TTCAATTCTTACGTCGAAAGGCCATAAAAGAGAAATCGATAGATATTATACATAAGTACATTAAGTAGAA GTCAGTACTGAAATAAAAAAATGATTAATGACGACTTGAATCTTTCTTTTTTTAGATAAAAAATAGAC AAATTAATAAGTTAAAAAATCGAATAGTAATTGATGAAATCATTACTCCAGAGTCCGATAGA TTCATTGGGCAAGAATAAAGATAGAGTCCCCTTATACATATCAATACCGATAACAATGAAATTTATAGTA AGAGGAAAATCCGTCGACTTTAGAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCATTATCCCAAAGAG CCGAGTTTCTTTGATTCTTAATTCCTTTATCTTTTTTATCCTATTTTCTGTTTTCTGTTACCGGTTCTAAA TTCGTTCTATTTTACTCGACTCTTTACACAACGGATCCGAGCAGAATTTTTTTTTTATTTTTT GTGATATTGATATATAGATAAATACACGTTGAAATGAACATCTTTGAGCAAGAAATTTCCATTTGAATGAT TCACAGTTCATATCAGTACTCATATTGAAACTTAAAAAGTTTTCTTTGTTTTCTTTTTGAAAAACACAAAA AATTCCTGGACTGAATACGCCTTTGTAATTCAAATATTTATCCTTTTAATTGATAATTGACATAGAC TCAAGTCATCTAGTAAATTTAAATGGCGTCACGAATGGTCCGGGATAGCTC

***Avena sterilis* L.**

>KT452970.1 *Avena sterilis* voucher Liu 313 NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 1 (ndhA) gene, intron TAAAATAAAATAGATGGCAAAGTCCTAAATTAGACCAAAGTAATTCTGTCTGCTAGAATAAGAAAAAGAG CTTCTGAATTGATCTCATCCTTTATAATATAATAAATTTATTTCTTTCTTCAGTAATAACTTAATCTTGG AATAAAATACTTGTATAGGAATTAATTAATAAATGAAAAGATTTGGGTATTAGTTCATAAGGAATCT CTATGAATAGAGGAAGGAAATAATCCAATTTTTTTGTATTGCACTCCACATCTTTTGTCTACTCTTCT TTCCCTAGGTAGGGGTATTTAAAATTA AAAAGAAAAAAGGGGTAAAGGGTAAATTCGTTCTTTAT AGCCATTTCTTAACAAGTGAATGGGAACATACTCTGGATCGGAATACGAAGAAAGTACTACTTGATAAT TTCCACTAATTTCAAGTCCTTATTATGATTCTTTTATGGGGCAAATCTCTAATATCTTAGATTCCCA TTCTTAATCCTTTATGTACTTTAGTGTTCCTAACCTTCACTAACTTTTGATGGATTCTTCTTATGATTA TAAGTTATAGTAATAACTAGGAATATTCTAGTAATGGAATTCATATCGCGAATCCTTTATCTTGCCCG CTTCAAGATAGGATGACTAATTA AAAATATCAATCTTTGGGATAAAGAGTTTACTACTGCTTATGTTTACT TCAACTTTTTTCTTGTACGTAGGAAATGAGATTTTTCTTTTTACTACAAATTTATAAGGTGTTTTGTTT CACTCATATAGCTATCTAGTTAACTT

***Bromus rubens* L.**

>KP996889.1 *Bromus rubens* isolate Brube3 external transcribed spacer, partial sequence CGGTAGATCCCCGTTGTAGTTCGGCCGACTACCGGCGCCGTGTCTCGTCACTCTTGTGGCATTGTCCCG ATGGATTGAACTTGTGGCTTGCCTGCTAGTACCCGACCTAAGGGAAGTGGTGCTTCGGATAATTGTTGCC TCACGGTGGACGCCCTTTGGGTGTGCCATCGTGACCGAATAGCGCTTGCGGCGTTGCCCTCGTACGACAGC CATATAATGTGCATGTTGATATCACGGCAACCTCGCTCTCGCTTTTGGTCTAGGATGCTGCTCACGATAA AGGCTCGAGGCCCTTCGGGTTGCCTCGATCCGAAACAATGTTCTCTCTCCGAAATGGCGATTACCGTGTT CATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACGTTTACGTGGTAGGATACGCAACCTATGGATACGGCCCTCATGGA GGAGGAGACATGCTTTCTCTAAAGTGGGGACAACCGTGCTCATGTCTTGCCTCTACCTAGCCACAATAAG TGGTAGGATACGCAACCTATGGGGCGATCCACATGTAGGACAAGGCATGCTCTGTCTGAAATGGCGATTA CCGTGTTCATGTCTTGCCTCGATCTCTCCACAGTTAATTTCTGTGGTAGGATAAGCAACCTATGGATAC GGCCCTCATGGATGATGAGACATTCACAATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAACCGGGTACATGTCTTGCC TCTATCTCTCCACAATTACGTGGTAGGATATGCAACCTATGATCCGGCCCTCATGGAGGATGAGACATG CCCGCTCAAAGCGACAACCTGGCTCGGCTGTTGCGTTTTGTCTTTCCACGCAAGTGGGATTGCAGAGTAAC TACCGACGCTGGACGTCACCGAG

***Aegilops triuncialis* L.**

>DQ257538.1 *Aegilops triuncialis* isolate 012 puroindoline a (Pin a) gene, complete cds ATGAAGGCCCTCTTCTCATAGGACTGCTTGTCTGGTAGCGAGCACCGCCTTTGCGCAATATAGCGAAG TTGTTGGCAGTTACGATGTTGCTGGCGGGGGTGGTGCTCAACAATGCCCTATAGAGACAAAGCTAAATTC

GTGCAGGAATTACCTGCTAGATCGATGCTCAACGATGAAGGATTTCCCGGTCACCTGGCGTTGGTGAAA
TGGTGAAGGGAGGTTGTCTAGAGCTCCTTGGGGAGTGTTCAGTCAGCTCGGCCAAATGCCACCGCAAT
GCCGCTGCAACATCATCCAGGGGTCAATCCAAGGCGATCTCGGTGGCATCTTCGGATTTACAGCGTGATCG
GGCAAGCAAAGTGATACAAGAAGCCAAGAACCTGCCGCCCAAGTGCAACCAGGGCCCTCCCTGCAACATC
CCCGGCACTATTGGCTATTACTGGTGA

***Pistacia lentiscus* L.**

>KT792770.1 *Pistacia lentiscus* isolate F11 internal transcribed spacer 1
and 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence
TGCCAGCAGATCGACCCGTGAACCTGTCATAACATCGGGGGCCCATGGGCTTCGTGCCTGTGTGCCCTCCA
CCCGTGCTTCGTGCGGTGTCGGTTCGTATGTTTGGCGATGCGACTGCCTCGTTCGTCGTTGCGCATTAACGAACC
CCGGCGCAATTGCGTCAAGGAAATCTTAACGAGAGAGCTCGGTCTGTGCCCCGGACACGGTTCGCGGT
ACGGGATGTGTGGCCTTCTTTTATTATCAATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCG

***Plantago lagopus* L.**

>HQ853651.1 *Plantago lagopus* ACTIN (ACT) gene, partial cds
CCGCATGCTATCTTGC GGTTGGACCTTGCTGGCCGTGATCTCACTGATTATCTCATGAAGATTCTGACAG
AGAGAGGTTACATGTTCCACCACAACCTGCAGAACGGGAAATTGTTTCGTGATGTAAAGGAGAAGCTAGCATA
TGTCGCGATTGATTATGAACAAGAAGTGGAAACCGCAAAGAACAGTTCTGCTGTGGAGAAGAAGTATGAG
CTTCCCGATGGACAAGTTATCACTATAGGCGCTGAGAGGTTCCGATGCCAGAAAGTGTGTTCCAACCAT
CTCTTGTAGGAATGGAATCTCCCGGAATACATGAAACAACCTACAACCTCCATCATGAAATGTGACGTGGA
TATCAGGAAGGATCTCTACGGAAACGTCGTGCTCAGTGGTGGATCAACTATGTTCCCTGGTATTGCGGAT
CGTATGAGTAAGGAAATAACAGCTCTTGCTCCAAGTAGCATGAAAATTAAGGTGGTC

***Quercus ilex* L.**

>AY465922.1 *Quercus ilex* from Morocco microsatellite sequence; chloroplast
TTTTTTTTTAGTGAACGTGTCTAGTGTGCATGTCACATTAATAACTCCTATTTCTTTTTTTTTTGTAAAGAC
GAAGAAACAATTCTATTTTCTCTCCTATCTTACTACGCCGACGAA

***Rubia peregrina* L.**

>HE967478.1 *Rubia peregrina* subsp. *longifolia* chloroplast partial matK gene
for maturase K, specimen voucher MIB:ZPL:03399
TATTACGATTATTTTTCCACGAGTATTGGAGTTGGAATACTCTTAGTGTTACAAAGAAACGCCATTTTGA
TTTTTACCACAAAAGAAATCAAAGATTTTTTTTCTTATTATATAATTCTTATGCATATGAATACGAATCC
ATTTTTGACTTTTTGCGTAACAAATCTTCTATTTACGATCAACATCTTTTGTATTCTTTCTGAAACGCC
TCTATTTTTATGGAAAAAAGAACGTCTTGTAGAAGTCGTTGCTAAGGATTTTCAAGTTAGTCTATGGAT
GTTTCATAGACCCTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGTAAAATCAATTCTCGTTTCAAAGGGTACACCT
CTTTGGATAAATAAATGGAATCTTATCTTGTCAATTTTTGGCAATATCACTTTGATCTGTGGTTTCACT
CGGCAAGGGTTTTATAAACTAAATTGCCCAACCATTCACTTGACTTTATGGGTTATCTTTCAAGTGTGCG
ACTAAATCCGGTAATGTTACAGGGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTCTACTCAATAATGCTATTAAGAAA
TTGGATATGCTTGTTCAGCATTCTCTTATTTCGATCATTATCTAAAGCTAAATTTTGTAAACCCATTAG
GACATCCCATTAGTAAGGCGATTTGGACTTATTTATCAGATTTTGATATGATTGACCGATTTGGGTATAT
ATGCAGAAACCTTTCTCATTATTATA

***Rubus ulmifolius* Schott.**

>KM037130.1 *Rubus ulmifolius* isolate UlmVZ2 tRNA-Leu gene, partial
sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe
gene, partial sequence; chloroplast
CCCCAAAAGACCTGGTTGCCTCGTTGCCTCCCTAATTATTTATCTTCTCTTTTTATTAGCGACTCGAAA
TTGGTTATGTTTCTCAGTCATTCTCACTCTACTCTTTCACAAACCTATCCGAGCAGAAAATGTTTTCTT
ATCACATCACAAGCCTTGTGTGTGATATATATGATAATGATACGTGTACAAATGTAATCAGCATCTTTG
AATAATGTGTTAAATTTGAATAATTAACAATCCATATCATTATTTGACTGTATTGAAACTTACAAAGTT
TTCTTTTTGAAGATACAAGAAATCTACAAGGGCCGGGATAATACTTTGTAATATCTTTTCGTTTTTTTA

ATTGACATAGACCCAAGTCCTATATTTAAATAAAAATGAGGATGATGCGTCGTGAATGGTCGGGATAGCTC
AGCTGGTAGAGCAGAGGACTGAAAATC

***Sedum acre* L.**

>HE999636.1 *Sedum acre* genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher Stephenson 5.01.011 diploid
TCGAAGCCTACAAAGCACGACCGCAATGAGTTTTGCAATCGGCGGAGCGTCAAGAGCCCTAGTGGTCATT
GGCGCCTCCTTGCTCGTTTTGGCAAGGGGCATTTCCCTCCTTGTCTTTTGAATCTAACGAACCCCGCGCAA
ACTGCGCCAAGGAATCAAACGAAAAGAAGCTTGTCCCTCGACCCGTTGATCGGGCTTTGAGGGCCTTGTC
TGTTTCATAAAGTATCATAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCA
AAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGA
AGCCTTTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCATGCACTGCGATGCCCCACACAATTGGTTGGGCGA
ATCATGGCCTCCCGTTAGCCCCACTAGCGGATGGCTTAAAAAAGAGCCTCGAGACGGAATGGCGTCGCGA
CAAGTGGTGGTTGAAGAGGCTTCGGCCTTCGAANTTAGCATGTGTCGTGCGCCTTTCCCCCTCCTTTTGGTC
GAGCAAAGACTTCAATGGAGTGCTTCAATCGCATTCCAGCAACC

***Sinapis arvensis* L.**

>AY964664.1 *Sinapis arvensis* Theodore_2 putative acetolactate synthase (ALS) gene, partial cds
TACGCTCCCGACGAGCCCCGCAAGGGCGCTGATATCCTCGTCAAGCCCTCGAGCGTCAAGGCGTCGAAA
CCGTCTTCGCTTACCCAGGAGGTGCTTCCATGGAGATCCACCAAGCCTTAACTCGATCCTCTACCATCCG
CAACGTCCTCCCCCGTCACGAACAAGGAGGAATCTTTGCCGCCGAGGGTTACGCTCGTTCCTCCGGTAAA
CCGGGAATCTGCATAGCCACGTCAGGTCCCGGAGCCACCAACCTCGTCAGCGGCTTAGCCGATGCGATGC
TTGACAGTGTCCCYCTCGTCTATTACWGGACAGGTCCCTCGTCGGATGATTGGTACTGACGCGTTCCA
AGAGAGCCCAATCGTTGAGGTAACGAGGTCTATTACGAAACATAACTATCTGGTGATGGATGTTGATGAC
ATACCTAGGATCGTGCAAGAGGCTTTCTTTCTAGCTACTTCCGGTAGACCCGGRCCGGTTTTAGTTGATG
TTCCTAAGGATATTCAGCAGCAGCTTTCGATTCCGAACTGGGATCAGCCTATGCGCTTACCTGGTTACAT
GTCTAGGTTGCCTCAGCCTCCGGAAGTTTTCTCAGTTAGGTCAGATCGTTAGGTTGATCTCTGAATCTAAG
AGGCCTGTTTTGTATGTTGGTGGTGAAGCTTGAACCTCGAGTGATGAACCTGGGGAGGTTTTGTGGAGCTTA
CTGGGATCCCTGTTGCGAGTACTTTGATGGGGCTTGGTTTCGTATCCTTGTAACGACGAGTTGTCTCTGCA
GATGCTTGGCATGCACGGGACTGTGTACGCTAATTACGCTGTGGAGCATAAGTATTTGTTGCTGGCGTTT
GGTGTTAGGTTTTGATGACCGTGTACGGGAAAGCTCGAGGCTTTTGTAGCAGGGCTAAGATTGTGCACA
TAGACATTGATTCTGCTGAGATTGGGAAGAACAAGACGCCTCATGTGTCTGTGTGTGGTGACGTTAAGCT
GGCTTTGCAAGGGATGAACAAGGTTCTTGAGAACCGAGCAGAGGAGCTCAAGCTTGACTTCGGAGTTTGG
AGGAGTGAATTGAGCGAGCAGAAGCAAAAGTTCCCTCTGAGTTTTCAAAACGTTTGGAGAAGCCATTCTC
CGCAGTACGCGATTTCAGGTCCTCGACGAGCTAACGCATGGGAAGGCAATCATCAGTACTGGTGTGGGCA
ACATCAAATGTGGGCAGCGCAGTTTTTACAAGTACAGGAAGCCGAGGCAGTGGTTGTTCATCATCAGGCCCTT
GGAGCTATGGGTTTTGGACTTCCTGCTGCCATCGGAGCCTCTGTGGCCAACCCTGATGCCATTGTTGTGG
ACATTGACGGTGATGGAAGCTTCATCATGAACGTTCAAGAGCTGGCCACAATCCGTGTAGAGAATCTTCC
TGTGAAGATACTCTTGTGAACAACCAGCATCTTGGCATTGGTTATGCAATKGAAGATCGGTTCTACAAA
GCTAACAGAGCTTACACRTATCTCGGGGACCCGGCAAAGGAGAACGAGATCTTCCCAAACATGCTGCAGT
TTGCAGGAGCTTGTGGGATTCCAGCTGCGAGAGTGACGAAGAAGAAGAAGTCAAGATGCTATTTCAGAC
AATGCTGGATACACCAGGACCATACTGTGGATGTGATATGTCCGCACCAAGAGCATGTGTTACCGATG
ATCCCAAGTGGTGGTACTTTCAAAGATGTCATAACAGAAGGGGATG

***Thapsia garganica* L.**

>KT347829.1 *Thapsia garganica* voucher E:Edmondson & McClintock 2579 30S ribosomal protein S16 (rps16) gene, exon 2 and partial cds; plastid
CGATCCGGTGTGGATTTTTTATTCTTACATCCGCCATCTTTTCTATGAATGAAGATGCTCTTGACCCGACA
TCTGTTCTGTTTTAACTAGAATCCTTATTTTTGTTAGGTTGTAATGAAAAATAGAGTACATGATGGAGCT
CGGGTAAAAACTATGGATTTCATCTTTTCAGGGGGCAAGAATCTAGGGTTAATACCAATCAATAAAATTGGAA
CAACTTCGTAAGTATATCAATATATAAATAGAAAGGATCCGATTTCAGTCAAGTTTTTTCATTCAAAAGTAA
AATTTGTTGGAATTGAGAAAAGTCTTTTCGATTCAAAGTGTATCGCGCGGGAATCGAGAGTTTATATGATT
CTTTGATAGAAAAGAAATCACAAAAGGGGTATGTTGCTGCCATTTTGTAAAGGATTAAGAAGCACCGAAGTA
ATGTCTAAACCCACTGATTTAAAACAAAAGAAAAGGATCCAGAACAAAGGAAACGCCATTTTTCAATTGT
CTCAATAACTGTATAATCTATAATATAATAATAAAGATTAAATGAGACAAACAAGAGGGGGTTAAAGACC
ATTCAAAATGAAATAAATTGCCTAAATATTTTTTTCTTTTAAGCTATTTGAGAATTATCCAACCTGAG

TTATGGGTACAAATGATTTTTTTTTTTCAGGAAGGGGGGAAGAAAAAATGAGTTAAATCCCATTATAATTT
TTTTTATCAACTCCTTTGCCATTAATTATAATTCTATACGTAGACAAAACCTCCAAATCATTTTTTTCTCGA
GCCGTACGAGGAGAAAACCTTCTATACGTTTCTAGGGGGGGTCTTGTTCATTTACTTAGATCTATCCCAA
TGAGCCGTCTATCGAATCG

***Trifolium stellatum* L.**

>DQ311918.1 *Trifolium stellatum* tRNA-Leu (trnL) gene, intron; chloroplast
GGACTTAATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGAAAACCTTCAAATTCAGAGAAAACCTG
GAATTAAGGGGGCAATCCTGAGCCAAATCCTTCTTTCTGAAAACAAATAAAAGTTCAGAAAAGTTAAAA
TCAAAAAAGGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAGTGGAGTTGACAACATTTCCCTT
CGCAGTAGGAAAAGGAATCGTTCTATCCAATTTTTCAGAAAAGGAAAAATATCGAGGATATGTGTA
CTCTTTCAATTGATTAATGAAGACTTCTAACGTCTAGTTGTAAATTTGTAAATATTTCTTTTCTATC
ATGAAAGATTTGAATCAAATCAATTACAACCTGGAATAAAAAATGAAATATTCATTGATCAAATCAGT
TCCACCACAGTCTGATGAATTGTTTGAATAACTGATTAATCAGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCAT
ACATGTCAATACCGACATCAATGAAATTTTTAGTAAGAGGAAAAATCCGTCGACTTTAGAAATCGT
GAGGG

***Urginea maritima* (L.) (*Charybdis maritima*)**

>EU531630.1 *Charybdis maritima* isolate assem78.0.2 RNA polymerase C (rpoC1)
gene, partial cds; chloroplast
GGGAAGATTTTCGCGAGACTCTGCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCGGGACGTTCCGTCATTGTCG
TGGGT
CCTTCGCTTTTATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTTTTCCAAACATTTGT
TAA
TTCGTGGTCTAATCAGACAACATATTGTTTCTAACATAGGGATTGCGAAAAAGTAAAATTCGGG
AAAAA
AGAACCGATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAGTTATGCAGGGGCATCCTGTATTGTTGAATAGAG
CACCTACC
CTGCATAGATTGGGCATACAGGCGTTCCAGCCTATTTTAGTGGGGGACGCGCTATTTGTTTACAC
CCCAT
TAGTTTGTAAAGGGCTTTAATGCGGACTTTGATGGGGACCAAATGGCTGTTTATGTACCTTTAT
CTTTGGA
AGCTCAAGCGGAGGCCCGTTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTCTTGTCTCCAGCTATTGG
GATCCC
ATCTCCGTACCAACTCAAGAATGGCCTT

***Urtica dioica* L.**

>KR150201.1 *Urtica dioica* isolate Kh117 trnL-trnF intergenic spacer region,
partial sequence; chloroplast
ATGCGTTGCGTTAGTAAAGGAATCCTTCTATCAAAGCTCCATATAAGCGTATCCGTA
CTGAAACTCTC
TCTAATGAATCAAATTAATTCTAAGTTGAAAAAAGAGATCAAATATTCATGGATCCTATTGATTTCC
ATC
AAAATCAGAAAAAGCTATTTCATTGGACAAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATATCG
ACA
ACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAAATCCGTCGACTTTAAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCT
CTATCC
CCAAAAAGTCCCATTTGATCCTCTAATTATTGAGCCTATCCTCTCAGTTCATTAGTGGTTCAAAA
ATTCGT
TATGTTTATCGTTTATTCTAATTGGATATAAGTGCAAATTTTTTTTATTATCCA
ACTACTTTTT
CATTTTA
ATATATTA
AAAAACGTATAAATGAACATCTTTGATAAAACGCCCTTAATTTAAATTTAAAAATTAATTTT
G
AAATTACTATA
CGTAACTTACGTAGTACTCTTTTTGAAGATCTAAAAAATCCACTAGAGTATAAGTAT
TACTTTGTAAT
ACCCCTTTCATCTTTCTTTTTAATTGACATAGACCCGAATCCTCATTTAAAAATGAGAAT
GATGCGCCATCTATGGT
CGGGATC

Withania frutescens

>DQ417601.1 *Withania frutescens* ATP synthase beta subunit (atpB) gene,
partial cds; chloroplast
TTATTAGGAAATAATCGAGTTAGGGCTGTAGCTATGAGTGCTACAGACGGTCTAACGAGAGGAATGGAAG
TGATTGACACAGGAGCTCCTATAAGTGTTCCGGTTCGGGGGGGCGACTCTGGGACGAATTTTTAACGTGCT
CGGAGAGCCCCTGATAATTTAGGGCCTGTAGATACTAGTACAACGTCTCCTATTTCATAGATCCGCGCCC
GCCTTTATACAGTTGGATACAAAATTATCTATTTTTGAAACAGGAATTAAGTAGTAGATCTTTTAGCCC
CTTATCGCCGNGGAGGAAAAATCGGACTATTCCGGGGGAGCTGGAGTGGGTAAAACAGTACTCATTATGGA
ATTGATTAACAATATTGCTAAAGCTCACGGGGGCGTATCCGATTTGGCGGAGTGGGTGAACGTACTCGG
GAAGGAAATGATCTTTACATGGAAATGAAAGAATCTGGAGTGATTAATGAAGAAAAATATTCAGAAATCAA
AAGTGGCCCTAGTTTACGGTCAGATGAATGAACACCGGGAGCTCGTATGAGAGTTGGTTGACTGCCCT
AACTATGGCGGAATATTTCCGAGATGTTAATGAACAAGACGTACTTCTATTTATTGACAATATCTTCCGT
TTCGTCCAAGCAGGATCCGAAGTATCGGCCTTGTGGGTAGAATGCCTTCCGCTGTGGGTATCAACCCA
CCCTGAGTACCGAAATGGGTTCTTTACAAGAAAGAATTACTTCTACCACAGAAGGGTCCATAACCTCTAT
TCAAGCTGTTTATGTACCCGCAGACGATTTGACCGAAAAATGCTCCTGCTACGACATTTGACATTTAGAT

GCTACTACCGTACTATCAAGGGGATTGGCTGCCAAAGGTATTTATCCAGCAGTAGATCCTTTAGATTCAA
CGTCAACCATGCTTCAACCTCGGATCGTTGTTGAGGAACATTACGAAACCGCCCAAAGAGTTAAGCAAAC
TTTACAA

Ziziphus lotus (L.)

>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
AACCTGCCAGCAGAACGACCGGCGAACCCGTGAAAAACACACGGGGGGGCTCGCGGCCCTCGTGGCCCGG
TGCCCCCTTCGGCCGGAGGGCCGCATCCCAGCGCCCCGCGCGGCTGCGGCTTTCCCGGCCGTACAAACGA
ACCCCGGCGCAAACCGCGCAAGGAACACCTAACGAATTGGCATTACCCCCCGCCTCCGAGATACGT
TGCGCGGTGCGGGTGCAGCTCGTATTCTGTATTCTATATGTCAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG
GCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATC
GAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCGTTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACACAACG
TTGCCCCCCCAACCCGACCCCGTCGGGGGAAAGGAGGGGGCGGATGCTGGCCTCCCGTGTGCCACGG
TCCGCGGCTGGTCAAAACGCGGGTCCCCTGCGACGAGTCCCGCAGCAATCGGTGGTTGTCCATCCCTCGG
CTCCCGCTGCGTGCAGGATCGCTGTCGCGGCCCCAGAGACCCCGGTGCGCCCGCCCGTGGCGCGCTCTT
CCAACGCGACCCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAA

Calycotome villosa (villosa villosa)

>DQ445202.1 Villosa villosa isolate 2 NADH dehydrogenase subunit 1 (nad1)
gene, partial cds; mitochondrial
CCTTTACTAATCATTCCACATATCCTCTCAACCTTTATTACATACCTATTAATCTTACTGGGCGTTGCAT
TTTTTACTCTTCTTGAACGCAAAGCTCTTGGATACTTTCAAATTCGAAAAGGCCCAAACAAAGTTGGAAT
CATTGGAATCCCACAACCATTAGCAGACGCTCTAAAACCTTTCGTAAAGGAGTGAGTAATACCAGCCCC
TCAAACCTACCTACCCTTTATCTTAACCCCTACCATTATACTAATTTTAGCACTTAGACTTTTGACAATTAT
TCCCATCCTTTATATTATCCTCCCAAATAATTTTTGGGATACTTTTATTCTGTGTATTTCTTCCCTAGC
TGTCTACACAACCTCTCATGACAGGGTGTAGCCTCAAATTCCAAATACGCTCTTTTAGGGGCTATCCGAGCC
ATAGCTCAAACCATTCTTATGAAGTTACAATAACATTAATTATTATTTTTACTTATTTTAACAATAC
AAATAGACATGGTAACAATTCGCTTAATCAACCTCTCTACACCTACCATCACACTCTCATTACCATTAGC
TATTATG

Chamaerops humilis L.

>GF112084.1 cons56 Chamaerops humilis L. var. humilis microsatellite
markers Chamaerops humilis var. humilis STS genomic, sequence tagged site
AAATTGTCTGTTTTTTCATATGAATATCTATCCCTCTCATCATTATAGGTGATAAGGGGTCTAATAGGAGT
ATTTTAGGTTCTTTCCCTTCGTTTTTTCGTATTTTTNAGCACAAATTTCTTTAGGAGAGGGGGAAATTTAT
GTGCCTTAGCTTGTGAAAGATCAAGGAGTGCAATCCCATATCCTAGTATTTAAGGTTGTGCAGNTGGGG
AGGGGNATGGGGTGTAGGNAGAGAGAGGAGTTNAGGAAGCCTCGTAATAAGGCCCTGTCCCCCATCCTAAC
TTGCTAAGGAGGGCACAAATGCGTAGGAATAAGATCAGT

Cistus albidus L.

>DQ092975.1 Cistus albidus voucher 41PV03 maturase K (matK) gene, partial
cds; chloroplast
ATTTTTACGAAGATTCGTCCATACCATCGGTAGAATTTGTATGACCACGACTGATCTTGAAAGGACTGGA
TGAAAAAACAGCATGTCGTATCAATGGAGAATTCTCAGAATATATTCAAATTGGCATTCTTTTGTGTGG
AACAAAAAATGAATTGAATTCAAAGTTGGGTCAATTGAATAAATGGATAGAGCTCTCTGAGCCCAATT
CTAGTTATAGGAAAACAAAAGCAACGAGCTTCCGTTCTGAATTTGAACGATTACCCGATCTAATTTAAT
GTTAAAAATAAATTAGCTCCAGTACGGTAAAAGTTTTTCTCTGAGTGGATTTCGTTATTTTTTTTGGAGTC
CTAACTATTCTTCTAGTCAATCCCTATTTTTCTAGGGGTAGCCATGAATGTGTAGAAGGAGCAGTATATT
GATAAGGAAAAGAGAGTTTTTTCCAAAATCAAAGAGCGATTGGGTTGCAAAAAATAAGGATTTTGAACA
ATCTTGTGACGCTATGAAATCCGTTAGGTGGCGAGGATAGAGAATCCGTTGATGAATTTAGTGGTTCTAT
GGTAGCTATGCATTATTGAATAGAATACCTTGTTTTACTATATCGCACTATGTATCATTTTATAACAAA
AGGGGTTCCCTTATCTTTTCTTTGGTTCAAATCGAATTGAAAATGGAGGAATAAAAGTCTATCTAAATC
TAACTAGATGTCGACAAGATAAATTGCTCTACCCACTTCTTTTTTCGGGAGTATATTTATGCACTTTCTCA
TGCTCATGTTTTTAAATAGCACTCGATTGTTTTTGTAGAAAATGTGGGTTCTAACAAAAAATTCAGTTTA
TTGATTGTAACGATTGATTATTCGCTGTATCAACAGAATCATTTGATTTCGTTTTTCGAATGATTGTA

AGCAGAATCCCGTTTTTGGGCACAACAAGAATTTGTATTCTGAAATGCTATCTGCGGGATTACCATCAT
TGTTGAAATGCCATTTTCACTACAATTAGTATCTTACTTACAAGGGAAAGAGGTGGTCAAACCTCATAAT
TTACTACTCAATTCATTCAATATTTCTTTTTTAGAAGACAAATTTGTCACATTTAAAGTATGTCTTAAATG
GACTAATACCTTATCCGCTGCATTTGGAAATCTTAATTTCAAGTCCTTCGTTATTGGGTAAAAAGAGTCTTC
CTGTTTGCATTTATTACGGTCCTTTCTCTACGAATATTGTAACTTAAAGAGTCTTATTACTCCAAAAAAA
CCCCTTTCGATTTTAAATCCAAGATTTTTCTTGTTCCTATATA

***Convolvulus althaeoides* L.**

>AY560272.1 *Convolvulus althaeoides* voucher Jury, S.L., 17068 Morocco (RNG)
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
GCCCCGCGACGTGCGGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCC
GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGAAACCTGCTCAGCAGAACGACTTGTGAACAAGTTTATTAT
TTCATTATACTCGAACGGGTTGGGTCTTTCCCTTGGGAAGGGGCTTGTCTCGGACGAACAACGAACCCC
CGGCGCGGAACGCGTCAAGGAATACCATAACGAGATTGCCCGCTGCCCGCTCCGTTTCGCGGAATGTGS
GGGGAGCGTTGGTGTCTTACTAAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATG
AAGAACGCCGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCA
AGTTGCGCCCCGAAGCCGTGAGGCGGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCTACTC
GGCATTGYGTCGAGCTGTGGGGAGCGAAAGATGGCCTCCCGTGCCCTCCCTGGGGCGTGGTTGGCCTAA
ATGCGAGTCCCTGGCGACAGACGTCATGGCGAGTGGTGGTTCGTACCCAGTGTGCATATCGTCGCGCCGTG
CCCCTGTCGTTTGTGTGACTAATGACCCTTTTCGAGCTCTCTACATAGAGCGGCTCTCCGACCGCGACCC
CAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTTTAAGCATATCAATAAGC

***Daphne gnidium* L.**

>GQ167393.2 *Daphne gnidium* isolate DG50_CAZ NADH dehydrogenase subunit F
(ndhF) gene, partial cds; chloroplast
ATTAATTTTAAAAATTACAGTGGAAAAAAGTAGTTTTATTTTATTCAATAAAAATTATGGGGTAAAGAAG
AGGAAAAACGATTAACAGAAATTTTCTTTTATTCTCTTTATTAACAACATAATAAACAACATACTTT
TTTGTTTTGGGAAGCCATATGAAATTCGGAGTAAAGTCAAAAGGGAGGCTCTTCTGACTATTACTCAT
TTTGAATCTAATAAACTTTTTTATTATCCTCATGAATCGGATAATACTATGCTATTTTCTATCCTTTTAT
TAGTTCTATTTACTCTCTTTATTGGAGTTATAGGAATTCCTTTCAATCAACAAGAAATTCATTTAGATAT
ATTATCTAAATTGTTAACTCCAGCTATTGATCTTTTACATCAAAATTCAAAAGATTCTGTAGATTGGTAT
GAATTTTTCACAAATGGAATTTTTTTCAGTCAGTATAGCTTTTTTTTGGAAATATTTATAGCATCCTTTTAT
ATAATCCTTTTTTATTCTCTTTTACAAAATTTGAACCTCTTTAATTTTTTTGTGAAAAGAGGACCTAATAG
AAAAATTTGGGACAAAATAATCAATTTTTTATATAATTGGTCATATAATCGTGCTTATATAGATAGTTT
TATGACATGTCCTTAAACAAAACACTACAAGACGATTATCTGAACTAACCGAATTTTTTTGATAGCGAACTA
TTGATGGAATTCTAAATGGGTTAGGCATTTCTGTTTTTTAATAGGAGAAGGTATCAA

Erodium moschatum

>KX824068.1 *Erodium moschatum* clone 1 NADH dehydrogenase subunit 1 (nad1)
gene, exon 1 and partial cds; mitochondrial
ACGTACATAGCTCTTCCAGCTGAAATACTTGGAAATAATTCTACCACTTCTACTAGGAGTAGCCTTTTTAG
TGCTAGCCGAACGTAAAGTGATGGCTTTTGTGCAACGTCGAAAGGGTCTGATGTAGTGGGATCCTTCGG
ATTGTTACAACCTCTAGCAGATGGTTTGAATTTGATTCTAAAAGAACCTATTTACCAAGTAGTGCGTCT
TTCTTCTTTTTTAGAATGGCTCCAGTGGCTACATTTATGTTAAGTCTGGTTCGCTTGGGCCGTTGTACCTT
TTGATTATGGTATGGTATTGTCAGATTTGAACATAGGGCTACTTTATTTGTTTGGCCATATCTTCGCTAGG
TGTTTATGGAATTATTACAGCAGGTGGTCTAGTAATTAGGGGGCGCCGTTTCGGTTCGCTATGATACTA
GGACCAATAGGTCAAAAATGGGTTTGTGCCGAGGTGTTGAATGATCTACTCTACACAGGTGTGG

***Eryngium campestre* L.**

>KY697527.1 *Eryngium campestre* tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence;
chloroplast
GAACCCTCACGATTTTTTAAAGTCAACGGATTTTCTCTTACTATAAAATTTTATTGTTGCCGGTATTGACA
TGTAGAATGGGACTCTATCTTTATTCTCGCCCGATTAATTAGTTCTTCAAAGAACTATCAGACTGTGGG
GTGAATGCTTTGATCGATGCATATTCCATGCTTTCTTCAATATGGAATCAATCGATTACACAACAAATTTGT

TCGTTTTTTCATATAAAAAATACAGATGCAGGTCGTTATTAATCATTGATAGAGTATTTTCAGTACGTAT
ATACGTATATCCTGCATCTTTTTCGGAAGTTTAAATGTAAGGATTCTCTACCAATGCAACACAGTCAACT
CCATTTGTTAGAACAGCTTCCATTGAGTCTCTGCACCTATCCCTTTTCACCTTCTGAACCTTTGTTTGT
TTTGAAAACAGGATTTGGCTCAGGATTGCCATTTTTTTAATTCCCGGGTTTCTCTGAATTTGAAAAGTT
CTCACTTAGTAGGTTTCCATACCAAGGCTCAATCCAATTAAGTCCGTAGCGTCTACCGATTTTCGA

Juncus maritimus

>KX167387.1 *Juncus maritimus* voucher NMW3419 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

TGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCAGGGCCATTTGGCCGAGGGCACGC
CTGCCTGGGCGTCAGCTGCCCTACAACGCTCCGTGCCAGTATTTATACGGGCGGACGCGGAGCCTGGCCC
TCCGAGCCCTCGGGCCTGGCGGGCCGAAGCGCGTGGCTCCCCAATTGGGGCCGGCTGTGGCGAGTGGTGG
ATTGTTTCGCTCACGCGAGCCGTACGTCGCCCCGCCGCCCCCTGAGGGAGAAGGCCCTCGTGTTCCTCCG
ACGTACGGATGCCGTGCGGCATCTCGGACCAAGACCCAGGTCAGGCGGGGCCACCCGCTGAGTTAAG
CATATAATTAAGCGGAGGAGAAGAACTTACGAGGATTCCCTAGTAACGGCGAGCGAACCAGGAGCAGC
CCAGCCTTGAATCACGCGGGCGCCGCCGCGCGA

***Linum strictum* L.**

>GQ845289.1 *Linum strictum* bio-material TMP 1213 tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and PSII 32 kDa protein (psbA) gene, partial cds; chloroplast

CGCGCATGGTGGATTACAATCCACTGCCTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTACAACCAACCACGT
TTACAGATTCGAAAGATTCAAATTCGTAACATCCGCTAGTATATTTTATCTTTCTGCTTTCAAATATCG
AAAATCTCTATTATATAGACAGATATATAGAGAATAGAAATAATGGAATAACCTAAAAACCTCAAATAG
TGAATAATAAACCAATTTTAAAAAATGACTTTTTCTGATTTTCTGATGTTCCGTTATACGATAGTATAGT
CAAATTTACTAAAAACAGACCAATACCAAACCTCTTGCTAAAACAAGAAATTTGGCATTGGTCTGTTCT
TTTGTTTTTTCAAAAATAATATGAATATTACGTAACCTTATCCATTTGAAGATGGAGCTTCAACAGCAGCT
AGGTCTAGAGGGAAATTATGAGCATTACGTTTCATGCATAAC

***Papaver rhoeas* L.**

>GQ248175.1 *Papaver rhoeas* voucher USDA PI533721 maturase K (matk) gene, partial cds; chloroplast

TTGCGATTCTTTCTCCATGAGTATCGTAATTGCTATAGTCTTATTACTCAAATAAAGCAATTTCCCTTT
TTTCAAAGGAGAATCAACGCTTTTTCTTCTTCTTATATAAATTCTCATGTATATGAATGCGAATCCATATT
AGTTTTTCTCCGTAAACAATCTTTTCGTTTACGATCAACATCTTTTAGAATCCTTTCTTGAGCGAATAAAT
TTCTATGGAAAATGGAGCATCCTGTAGTAGTGTGTTAGTAATGATTTTCAGACCTTCTATGGTTGTTCA
AGGATCCTTTTATGCATTATGTGAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAAAGGGAAGTACTCTTTT
GATGAATAAATGGAAATGGAATCTTGTAATTTATGGCAATGTCATTTTCTTGTGGTCTCAACCAGAT
AGAATTAAGATAAATAAATTATCCAATCATTCCCTCGAGCTTTTGGAGCTATCTTGCAAGTGTACGACTTA
ACCCTTCGGTGGTAAGGAGTCAAATGATAGAAAGTACATTTATAATGGATATTTGTATTAAGAAGTTTGA
TACCAAAGTCCCAATTATTTCTTTGGTTGGGTCGTTGGCTAAAACGAAATTTTGTAAACGTTTCAGGGCAT
CCCATTAGTAAGCCGGCTTGGGCCGATTTATCAGATTCTGATATTCTCGATAGATTTGGACGTATATGCA
GAAATCTTTCTCGTTATTACAGCGGATCTTCAAAAAAAGAGTTTGT

Paronychia argentea

>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

CAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGAAACCTGCAACAGCAGAACGACCAGCGAAC
ATGTTTATCATTGGCCGAGGGCGGACACCCTGCTCGCGCAGGGGATAAGCCCCGGGCACACTAACAAACC
CCGGCGCGGACTGCGCAAGGAACAAAACCTGAACATGCGCACCTGCGCCGCGACCGGTAACCCGGACGC
GGCTGCGGAGCCATTACTTAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
TGCGCCCGAAGCTTCGGSTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATTGNGTNTCCCCCTCACCCGCTCG
CACGCGGGAGGGAAGGATGATGGCCTCCCGTGCCTAACCGGGCGCGGNTGGCCTAAAAACGGAGCCCTCG
GCTGTGAGCCGCGCGGCATTTGGTGGTGAATTCATTCAATTCGTSGCGCTYCTCTTAGCCCNGTGATGC
TCGAGCGACCCAGA

***Phillyrea angustifolia* L.**

>AF225282.1 *Phillyrea angustifolia* ribosomal protein S16 (rps16) gene, partial intron sequence; chloroplast gene for chloroplast product
AGGAATGAAGGTGCTCTTGGCTCGACATCGTTTGTCTGTTCCTCGAACCCCTTCGTTTTTTCTTTTT
GTTGGGTTGTAAATAGTCCACGATGGAGCTCGAGTGGAAAGGATTAATTCATTTCTCGGGGGCAAGGATC
TAGGGTTAATGCCAATCAATAAATTGGAACAACCTTCGTAAATATATCTTCGAGATAGAAATGGAAAGGAT
CCAATTTGAGCAAGTTTCCAATTCAAAAGCAAAACCTGTTGGAATTGATCAAACGTTTTTCGATCCAAAAGT
GTATCACGCGGGAATCAACTGTCCGTAGGATTCTTTGATAGAAAAGAAAAATCACAAAAAGGGTATGTTG
CTGCCATTTTGAAAGGATTAAGAAGCACCGAAGTAATGTCTAAACCCAATGATTTAAAAACAAAGATAAAG
GATCCCAGAACAAGGAAACACCCTTTTAATTGTCTCGATAGTCTCAATAACTGGATCAGACTGAAGAATC
AAAATAGAATTTTAAACGAGACAAAACAAAAGGGGGTAAAGACCACTCAATAAATGAAATTTATTAAGAT
TTTTTTCTTTAAGCTATTTGAGAGTTATCCAACCTGAGTTATGAGTACGAATGGTTCTTTTTTCATTTTC
AGGAAGGAAGAAGAAAAAAGAACTTAAATCATAGTCTAATTGATTTTATAGGCTCATTGTGCATT
TATTAGAATTCATACATAGACAAAACCTAGAATCAAAATCATTTTTTTCTCGAGCCGTACGAGGAGAAAAC
TTCCTATACGTTTTCTAGGGGGGTATTGTTTCATCTA

***Olea europea* var. *Oleaster* (*Olea europea*)**

>AF545569.1 *Olea europaea* beta-actin (act1) mRNA, partial cds
TGAGAGAGGGTATATGTTCCACCACCTCAGCCGAACGGGAAATTGTCCGTGACATGAAGGAGAAGCTTGCT
TATGTTGCTCTCGACTATGAACAGGATCTTGAGACTGCCAAGAGTAGCTCATCTGTTGAGAAAACTATG
AATTGCCAGATGGACAGGTTATTACTATTGGGGCCGAGAGATTCCGTTGTCCAGAAGTCTCTCCAGCC
TTCTTTGATTGGAATGGAATCTGCAGGAATCCACGAGACTACCTACAACCTCAATAATGAAGTGTGATGTT
GATATCAGAAAGGATCTCTATGGTAATATCGTCTCAGTGGTGGTTCAACTATGTTCCCTGGGATTGCTG
ACCGTATGAGCAAGGAAATCACTGCCTTGGCTCCCAGCAGCATGAAGATCAAGGTCTGT

➤ **Fasta format de la station d'Hafir**

***Ampelodesma mauritanicum* (*Thesium mauritanicum*)**

>KP318976.1 *Thesium mauritanicum* isolate D. L. Nickrent 5193 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe (trnF) gene, partial sequence; chloroplast
GGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGGGAAACCTTGAATTAATAAAAAATAGGCAATCCTGAGC
CAAATCCGGTTTTACGAAAATGCGTGTGGTAGGGCTTATGAAAACGATAATCGAATAAAAAAGGAAAA
GGGTAGGTGCAGAGACTCAACGGAAGATGTTCTAACAAATGGAGTTGCTTGTCTTTTGCCGGTATAAGAA
TTCAATTTCTTACGTCGAAAGGCCATAAAAGAGAAATCGATAGATATTATACATAAGTACATTAAGTAGAA
GTCAAGTACTGAAATAAAAAAATGATTAATGACGACTTGAATCTTTCTTTTTTTAGATAAAAAATAGAC
AAATTAATAAGTTAAAAAATAAATCGAATAGTAATTGATGAAATCATTTACTCCAGAGTCCGATAGA
TTCATTGGGCAAGAATAAAGATAGAGTCCCCTTATACATATCAATACCGATAACAATGAAATTTATAGTA
AGAGGAAAATCCGTCGACTTTAGAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCATTATTTCCAAAAGAG
CCGAGTTTCTTTGATTCTTAATTTCTTTATCTTTTTTATCCTATTTTCTGTTTTCTGTTACCGGTTCTAAA
TTCGTTCTATTTTACATTTACTCGACTCTTTCACAAACGGATCCGAGCAGAATTTTTTTTTTTATTTTTT
GTGATATTGATATATAGATAATACACGTGGAAATGAACATCTTTGAGCAAGAAATTTCCATTTGAATGAT
TCACAGTTTCATATCAGTACTCATATTGAAACTTAAAAAGTTTTCTTTGTTTTCTTTTTGAAAACACAAAA
AATTCCTGGACTGAATACGCCTTTGTAATTCAAAATTTATTTATCCTTTTAATTGATAATTGACATAGAC
TCAAGTCATCTAGTAAATTAATGCGCTCACGAATGGTCCGGATAGCTC

***Avena sterilis* L.**

>KT452970.1 *Avena sterilis* voucher Liu 313 NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 1 (ndhA) gene, intron
TAAAATAAAATAGATGGCAAAGTCCTAAATTAGACCAAAGTAATTCTGTCTGCTAGAATAAGAAAAAGAG
CTTCTGAATTGATCTCATCCTTTATAATATAATAAATTTATTTCTTTCTTTCAGTAATAACTTAATCTTGG
AATAAAATACTTGTATAGGAATTAATTAATAAATGAAAAGATTTGGGTATTAGTTTCATAAGGAATTCT
CTATGAATAGAGGAAGGAAATAATCCAATTTTTTTGTATTGCACTCCACATCTTTGTCTACTCTTCT
TTCCCTAGGTAGGGGTATTTAAAATTAATAAAGAAAAAAGGGGTAAAGGGTAAATTCGTTCTTTAT
AGCCATTTCTTAACAAGTGAATGGGAACATACTCTGGATCGGAATACGAAGAAAGTACTACTTGATAAT

TTCCACTAATTTCAAGTCCTTATTATGATTCCCTTTTATGGGGCAAATCTCTAATATCTTAGATTCCCCA
TTCTTAATCCTTTTATGTACTTTAGTGTTCCTAACCCCTTCACTAACTTTTGATGGATTCTTCTTATGATTA
TAAGTTATAGTAATAACTAGGAATATTCTAGTAATGGAATTCATATCGCGAATCCTTTATTCTTGCCCG
CTTCAAGATAGGATGACTAATTAATAAATATCAATCTTGGGATAAAGAGTTTACTACTGCTTATGTTTACT
TCAACTTTTTTCTTGTACGTAGGAAATGAGATTTTTCTTTTTACTACAAATTTATAAGGTGTTTTGTTTC
ACTCATATAGCTATCTAGTTTAACTT

Dactylis glomerata L.

>KJ529470.1 *Dactylis glomerata* voucher UZ 27.07 NADH dehydrogenase subunit
F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
CGCGTTCATTTTCAAATTACAGTACCCTAAAGAGGGTTCCTTGTATTCCATATCCTTATGGGGAAAAA
AGATACCCAAAGGAGTTAATAGGGATTTTCGTTTTATCAACAACAAAAACAAAGAGTGGAGTTTCTTTTTT
TTCACAAAATATAACCAAAATTCAGGTAATGCAAGAAATAGGATAGGATGCTTTAGTACGTCTTTGGG
GCTAAAAACACTTTTGCCTATCCGCATGAACCGGAAATACTATGTTATTTCTCTTCTTATATTAATGCTC
TTTTTACTTTTATTCATTGGATTTATAGGAATTTCTTTTGATAATGGAGCAATGGATAATGGAATAGCGGA
GTTAACCTATTAGCAAAGTGGTTAACTCCCTCAATAAACTTGACTCAGGAAAGTCTAATCTTCTATA
AATTCATATGAATTTATTACTAATGCTATTTCTTCTGTAAGTTTAGCTATTTTCGGTTTACTTATAGCAT
ATATCTTATATGGATCCGCTTATTCTTTTTTTTCAGAATTTGGATTTAATAAATTCCTTTTACAAGGAAAG
TCCGAAAAATACTTTTTTCGATCAAGTAAAAAAAAGATATACAGTTGGTCATATAATCGCGGTTATATA
GATATTTTCTATACTAGGGTCTTTACT

Briza minor L.

>KT453003.1 *Briza minor* voucher Peterson et al. 9283 NADH-plastoquinone
oxidoreductase subunit 1 (ndhA) gene, intron
GAGAGGACTGTTTCGTTTCCTTATTAGCCCCAGGGCGTAGATAGAATTAGGTAAAATAAAAATAGATTGG
AAAGTCCTAAATTAGACCAAAGTAATTCCTGCTAGAAATAAGAAAAAGCGCTTCTGAATTGATCTTAT
CCTTTATAATATAATAAATTTATTTCTTTGTTTCAGTAATAACTTAATCTTGGAAATAAACACTTGTATA
GGAATGAAATTAATAAATGAAAAGATTTGGGTATTATTTTCATAAGGAATCTCTATGAATATGGATAGAG
AAAGGAAATAATTCATTTTTTTGTATTGCACTCCACATCTTTTGTCTATTCTTCTTTCCCTGGTTAGG
GGGTGTTTTCAAATAAAAAGGAGGTAAAGGGTTAATTCGTTCTTTATAGCCATTTCCCTAACAGTGAAT
GGGAACATACTCTGGATCGGAATCCAAAGAAAGTACTACTTGATAATTTCCACTAATTTCAAGTCTTAT
TATGATTCCTTTTATGGGGAAAAATCTCTAATATCTTAGATTCCCCATTCCCTAATCCTTTCTGTACTTTA
GTGTTCCCTAACCTTCACTAACTTTTTGATGGATTCTTCTTATGATTCTAAGTTATAGTAATAACTAGGAA
TATTCTAATAATGGAATTCATATTGCGAATCCTTTATTTCTTGGCCGTTTCAAGATATGATAACTAATTA
AAAAATATCAACCTTGGGATAAAGAGTTTACACTGCTTATGTTTACTTCAACTTTTTTCTTGTACGTAGG
AAATGAGATTTTTTCTTTTTACTACAAATTTAGAAGCTGTTTTGTTTCACTCATATAGCTATCTATTTTA
ACTTACCAACCCGAATACAGAATAAGAAAAGGAAGATAAATAGTTAATG

Bromus madretensis L.

>AA752363.1 96GS0881 Rice Immature Seed Lambda ZAPII cDNA Library *Oryza*
sativa Indica Group cDNA clone 96GS0881 similar to *Bromus inermis* aldose
reductase-related protein, mRNA sequence
GGCACGAGAAACGGTGTGACAAGCAAGGTAATAGAAAGCGCGATCATGGCGAGTGCCAAAGGCGATGGCG
CAGGATGAGCATCACTTTGTTCTGAAGAGTGGTCATGCCATCCCTGCAGTTGGGTTAGGCACTTGGAGGG
CCGGCTCAGATACTGCTCACTCCGTTTCAGACAGCCATCACTGAGGCTGGATACAGGCATGTAGATACGGC
TGCTCAATATGGAATACAACAGGAGGTCGGCAAAGGGCTTAA

Bromus rubens L.

>KP996889.1 *Bromus rubens* isolate Brube3 external transcribed spacer,
partial sequence
CGGTAGATCCCCGTTGTAGTTCGGCCGACTACCGGCGCCGTGTCTCGTCACTCTTGTGGCATTGTCCCG
ATGGATTGAACTTGTGGCTTGCCTGCTAGTACCCGACCTAAGGGAAGTGGTGCTTCGGATAATTGTTGCC
TCACGGTGGACGCCCTTTGGGTGTGCCATCGTGACCGAATAGCGCTTGCAGGCTTGCCTCGTACGACAGC
CATATAATGTGCATGTTGATATCACGGCAACCTCGCTCTCGCTTTTGGTCTAGGATGCTGCTCAGATAA

AGGCTCGAGGCCCTTCGGGTTGCCTCGATCCGAAACAATGTTCTCTCTCCGAAATGGCGATTACCGTGTT
CATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACGTTTACGTGGTAGGATACGCAACCCTATGGATACGGCCCTCATGGA
GGAGGAGACATGCTTTCTCTAAAGTGGGGACAACCGTGCTCATGTCTTGCCTCTACCTAGCCACAATAAG
TGGTAGGATACGCAACCTATGGGGCGATCCACATGTAGGACAAGGCATGCTCTGTCTGAAATGGCGATTA
CCGTGTTTCATGTCTTGCCTCGATCTCTCCACAGTTAATTTCTGTGGTAGGATAAGCAACCCTATGGATAC
GGCCCTCATGGATGATGAGACATTACAATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAACCGGGTACATGTCTTGCC
TCTATCTCTCCACAATTACGTGGTAGGATATGCAACCCTATGATCCGGCCCTCATGGAGGATGAGACATG
CCCGCTCAAAGCGACAACCTGGCTCGGCTGTTGCGTTTGTCTTTCCACGCAAGTGGGATTGCAGAGTAAC
TACCGACGCTGGACGTCACCGAG

Brachypodium distachyum (L.) *Brachypodium distachyon*

>HX867468.1 HX867468 full-length enriched *Brachypodium distachyon* cDNA library *Brachypodium distachyon* cDNA clone PL016C01-A-104_P14, mRNA sequence

GTTTCAGCCGGAGGTAGGGTCCAGTGGCCGGAAGAGCACCGCACGTCGCGCGGTGTCCGGTGCGCCCCCGG
CGGCCCATGAAAATCCGGAGGACCGAGTACCGTTCACGCCCGTGTTCATCGTAACTCCCCCCTGCCAAA
TTCTTCTCGCCTTTCCCTTCCCTCTGTCTCATCGTCGCGCCCTTCCGAACTAGGGTTTCTCGCCTCTC
CTGCCCGGCCACCGCTCCCATCAGCCATGTGCAAGCAAGGAGGCAAGGCCAAGCCGCTGAAGGCGCCCAA
GGCCGCGGAGAAGGACTACGACGAGACTGACCTTGCATATCTTCAGAAGAAGAAGGATGAGCAAAAAGGCA
CTGAAGGAGCTTAAGGCCAAGGCAACCCAGAAGGGTGTCTGGGAGGTTCTGGTCTGAAGAAGAGTGGGA
AGAAATAAGGCTAGCTATCCGTATGTAGTGCCAGAAAATGATGAATCGTCTACATATCTGTGTTGCGCT
TCAGTATTTATGTTGTAACAACTACCTTAAGTGTGTGAGCGTCAAGCAACGCCTCTATCCAAGTGTG
TTTCAGCC

Agropyron repens (L.)

>HQ600146.1 *Elymus repens* voucher YDK2009768 *PsbA* (*psbA*) gene, partial cds; *psbA-trnH* intergenic spacer, complete sequence; ribosomal protein S19 gene, complete cds; and *tRNA-His* (*trnH*) gene, partial sequence; chloroplast ATGACGTTATGCATGAACGTAATGCTCACAACCTCCCTCTAGACTTAGCTGCTGTTGAAGTCCATCTAT
TAATGGATAAGGTTTTTCTGCTAACATATAAGAATTTTTGAAGAAAGAAAAGACAGAAATACCCAATATC
TTGTTCTAGCAAGATATTGGGTATTTCTGTCTTTTGAATCTTTTTTTTTCTTCTTAATCTTTCTATTGAA
ATTCAGTTAACGACGAGATTTAGTATCCTTTCTTGCATTTTCATAACTCGTGAAATGCCGAGTAGGCACG
AATTCACCAATTTGCGACCTACCATAGGATTTGTTATGTAAATAGGTATATGTTTCTTTCCATTATGAA
TCGCGATTGTATGGCCAACCATTTGTGGGTAGAATGCTAGATGCCCGGGACCACGTTACTATTGTTTCTTT
CTCCTCCTTCATATTGACCTTTTCTATCTTTGCCAATAAATGATGAGCTACAAAAGGATTCGTTTTTTTT
CGTGTACAGCTGATTACTCCTTTTTTCTTTTTAAAGAGTGGCATTCTATGTCCAATATCTCGATCGAA
GTACGGAGGTGAGAATAAATAGAATAATGATCAATGGAAAAAAGAAAAAATCCTTTAGCTGGATAAGGG
GCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGGA

Aegilops ventricosa

>AF226699.1 *Aegilops ventricosa* x-type high molecular weight glutenin subunit gene, partial cds

ATGGCTAAGCGGTTGGTCCTCTTTGCGGCAGTAGTCATCGCCCTCGTGGCTCTCACCACCGCTGAAGGTG
AGGCCTCTAGGCAACTACAGTGTGAGCGGAGCTCCAGAAGCTCCAGGAGCGGAGCTCAAGGCATGCCA
GCAGGTCATGGACCAGCAGCTCCGAGACATTAGCCCCGAGTGCCACCCCGTCTGTCGTCACCCGGTTCGCG
GGACAATACGAGCAGCAAATCGTGGTGCCTCCCAAGGGCGGATCTTTCTACCCCGGCGAGACCACGCCAC
CGCAGCAACTCCAACAACGTATATCTTTGGGGAATGCCTGCACTACTAAAAAGGTATTACCCAAGTGTAA
TTCTCCGCAGCAGGTTTCACTATCCAGGCCAAGCTTCTCCGCAACGGCCAGGACAAGGTCAGCAGCCA
GGACAAGGGCAACAATCAGGACAAGGACAACAAGGGTACTACCCAACTTCTTCGCAACAGCCAGGACAAT
GGCAACAACCGAAACAAGGGCAACTAGGGTACTACCCAACTTCTCCGCAGCAGGCAGGACAATTTGCAACA
ACCAGCACAAGGGCAGCAACCAGGACAAGGGCAACAAGGTGAGCAGCCAGGA

Aegilops triuncialis L.

>EU096535.1 *Aegilops triuncialis* avenin-like protein gene, complete cds
ATGAAGGTCTTCATCTGGCTCTCCTTGCCCTCGCAGCAACCACCGCCATTGCCAGTTGGAAACCACAT
GTAGCCAGGGCTATGGGCAATCTCAACAACAACAACCTGGTCAACGACAGTTGCTGGAGCAGATGAC

GCCGTGTCTGGCATTCCCTGCAACAAAACCTGTAGACCACTGAGAATGCCATTCCCTCCAGACGCAAGTCGAG
CAACTTAGCAGGTGCCAGATCGTACAATACCAATGCTGCCAGCAGTTGGCGCAGATCCCAGAGGGAACCC
GGTGCCATGCCAGCCACTTCGTGGTTGAGGCTATCATACAACAACAATCCCAACAACAATTGCAGGAGCG
GCAACAGCAAGCTCAACATAAGAGCATGAGGATGTTGCTTGAGAACCTATTATTGATGTGCGACATCTAC
GTCCCGGAACAATGCCAGCAGCAACAACAACCTGGGGCAACAACAACAACAACAGTTGCAGGAGCAGTTGA
CACCGTGCGCGACATTCCCTGCAACAGCAGTGTAGCCAGTGACAGTGCCATTCCCCAGATACCGGTGGA
TCAGCCTACCAGCTGCCAAAATGTGCAGCACCAATGTTGCCGACAGCTATCACAGAACCCAGAGCAATTC
CGTTGCCAAGCCATCCACGACGTGGCGGAGGCTATCAGGCAACAACAACCCCAACAACAATGGCAGGGTA
TGTACCAGCCCCAGCAGCCAGCACAACTTGAGAGCATTAGGATGTCGCTTCAGGACCTGCGGTGATGTG
TAGCATCTACATCCCAGTACAATGCCCCGCCCCACC GGCTACAACAGTCCATCGGTGGCTACCTACACT
GGTGGTGCGTGCTAG

Hordeum murinum L.

>KP793203.1 *Hordeum murinum* voucher H5.1 rpl32-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TATGAATTGATTTATCAAAAAAGAATTCCAATTATTTAATAATTTGGATTCTTCTTTGAATGTA CTTTAA
TGTACTTTTATGTGTCGAATTACTCGGTACAATATTCTTATAACAAACCCCTCTTATATATACAATAAAA
AAAAGTTTTGTTTGGTATACTGTGTGCTAAGTATTCTTTTCTATCAATGAACTTTTCCTAATTTTCATA
ATAAAATATGAGGATTCTATTATGAAAATTAGGAAAAGTGGAGTATTCTTACAATAGGACTTACAACCTC
CACCTATCTTATCCAAAATCATAAGGTTAGTAAATCTTATTAATAAGAGCATAAAGACTTTTCATTCTAGA
AATTTTTCAAAAATCCAAAAGCCTTTTTCTATTTATCCATTTTTATTTTCATCATTAAATGGAAAACCTTT
TGGATTTTTTTTCATTGTATTGAAAGAATTTTCAAAAATTTAAACGAGAAAATTAATTAGAAAAAATTAGTTC
TATATCTATAATTGCAAGTTAGAAAAAGAAGTTCCAACCTTTCAACCAGTGTCTTCTATTGGGCAAAAGC
AAGAGTTTTTTGTAAAAAAAATGGAAACGATACTACCAAACGAAGTCTATTTAATGAAAACCTAATGT
TCCTAAATTTTATGGACTTTCCCAATATCGACGATTCCC

Chamaerops humilis L.

>GF112084.1 cons56 *Chamaerops humilis* L. var. *humilis* microsatellite markers *Chamaerops humilis* var. *humilis* STS genomic, sequence tagged site

AAATTGTCTGTTTTTTCATATGAATATCTATCCCTCTCATCATTATAGGTGATAAGGGGTCTAATAGGAGT
ATTTTAGGTTCTTTCTTCGTTTTTTCGTATTTTTNAGCACAAATTTCTTTTAGGAGAGGGGAAATTTAT
GTGCCTTAGCTTGTGAAAGATCAAGGAGTGCAATCCCCATATCCTAGTATTTAAGGTTGTGCAGNTGGGG
AGGGGNATGGGGTGAGGNAGAGAGAGGAGTTNAGGAAGCCTCGTAATAAGGCCCTGTCCCCCATCCTAAC
TTGCTAAGGAGGGCACAAATGCGTAGGAATAAGATCAGT

Arisarum vulgare

>EU193576.1 *Arisarum vulgare* isolate A130 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

GATCTAAACAACAACACTTCCCTATATCCGCTTCTCTTTCAAGAGTATATTTACGCACTTGCTCATGATCA
TGGTTTTAAATGTAAATGGTTCAATTTTTTATGAACCCGCGGAGATTTTCAGGTTATGACAATAAATTTGAGT
TCATTACTTGTGAAACGTTTAAATTACTCGAATGTACCAACAGAATTATTTGATCAGTCTCTGTTAATGAT
CTAAACAAAATAGATTCAATGGGCATAACAATAATTTTTATTCTCAAATGATATCAGAGGGTTTTGCTGT
CATTGTGGAATTTCTTTCTCATTGGGATTAGTATCTTCCCTCGAAGAAAAAAGAAATACCAAAATCT
CAGAATTTACGATCTATTTCAATATTACCATTTTTTGGAGACAAATTATCACATTTAAATTTGTGTAT
CAGATATACTAATAACCTATCCCGTACATCTAGAAATCTTGGTTCAAATTTACAATGCTGGATACAAGA
TGTTCCCTCTTTACATTTATTACGATTCTTTTTTACGAATATCATAATTGGAATAATCTCATTACTCCA
AAGAAANNN
NN
NNNNNNNNNNNNNTCGAACACATTTCTATGAAAAAATAGAACAACATCTCGTAGTACTTTGTTGTAATGAT
TTTTCAGAAAACCTTATGGTTGTTCAAGGATCCTTTCATGCATTATGTTAGATATCAAGGAAGAGCAATTC
TGGCTTCAAAGGGACTCATCTTCTGATGAAGAAATGGAAATATTACTTTGTCAATTTTTGGCAATGTCA
TTTTCACTTTTGGTCTCAACCCAGTAGGATCCACATAAACCAATTCTCAAATTTTTCTTCTATTTTCTG
GGTTATCTTTCAAGTGTACCAATAAATCCTTCAGCAGTAAAGAGTCAAATGCTAGAGAATCTTTTTTAA
TAGATACTGTTACTAAAAAATTCGAAACTATAGTTCCAATTATTCCTATAATTGGATCATTGTCAAAAGC
TAAATTTTGTAAACGTATCGGGGAATCCCGTTAGTAAGCCAGTTTGGGCCGATTTGTCAGATTCTGATATT
ATCGATCGATTTGGTCCGATATGTAGAAATCTTTCTCATTATTACAGTGGGTCTTCAAAAAAACAGAGTT
TGTATCGAATAAAGTATATACTTTCGACTTTTCATGTGCTAGAACTTTGGCCCGTAAACATAAAAAGTACGGT
ACGCGCTTTTTTGTCAAAGATTAGGTTTCAAGATTTTTAGAAAGATTTTACGGGAAGAAAAAGTGTCTT
CTTTAATCTTACCAAGAATTTCTTATCCTTTTTCATAAGTTATATAGAGAACGCATTTGGTATTTGGATA

TTATTCGTATAAATGACTTGGTGAATCATTATGATTCATTAGTCATAAAACCATGTAAATGAAATAGAA
TAGAAACTCCAATTCTCAAGAGAGAAAAAATGTCAGTCATTTTCATTCTGAAATGCCCATGCAGTAATGG
TTGAATCAACTGAGTATTCAAGTTTCTTAGACTTTCTTTTCGGGATCTAATCTAAGTTTTAGATGTATAC
ATAGGGAAAGTCGTGTGCAATGAAACTGCAAGCACTTGACTTATTATACT

Arum italicum

>HQ901583.1 *Arum italicum* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; plastid

GCTGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCCTGACTATGAGACAAAAGATA
CTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAACCCGGAGTTCCGCCTGAAGAAGCAGGGGCTGCAGT
AGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACGTGTGTGGACTGATGGACTTACCAGTCTTGATCGTTAC
AAAGGACGATGCTACCACATCGAAGCCGTTCTGGGGAGGAAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTACC
CTTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACCAACATGTTTACTTCTATTGTAGGTAATGTTTTGGGTT
TAAAGCTTTACGAGCTCTACGTCTAGAGGATTTGCGAATTCCTCCCGCTTATTCCAAAACCTTCCAAGGC
CCGCCTCACGGTATCCAAGTTGAAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCGTCCTTATTGGGATGTACGA
TTAAACCAAATTTGGGATTATCCGCGAAAAACTACGGTAGAGCGTGTATGAATGTCTCCGCGGTGGGCT
TGATTTTACCAAGGATGATGAAAACGTGAACTCACAACCATTTATGCGTTGGAGAGACCGCTTCTGTPTT
TGTGCCGAAGCAATTTATAAAGCACAGGCCGAAACAGGTGAAATAAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTG
CAGGTACGTGTGAAGAAATGATCAAAAGGGCTGTGTTTTGCCAGAGAATTGGGAGTCCCTATCGTAATGCA
TGACTACATAACAGGGGGATTCACTGCAATACTAGTTTAGCTCATTATTGCCGAGACAATGGTCTACTT
CTTCACATCCACCGCGCAATGCATGCAGTTATTGATAGACAGAAGAATCATGGTATGCATTTTCGTGTAC
TAGCTAAAGCATTACGTATGTCTGGTGGGGATCATATTCACGCTGGTACAGTAGTAGGTAAACTGGAAGG
TGAACGTGAGATGACTTTAGGTTTTGTTGATTTATTACGTGATGATTATATTGAAAAAGACCGAAGTCGT
GGTATTTTCTTCACTCAAGATTGGGTCTCTATGCCTGGTGTATCCCTGTAGCTTCAGGGGTATTCATG
TTTGGCATATGCCTGCCTTGACTGA

Juncus maritimus

>KX167678.1 *Juncus maritimus* voucher NMW6426 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

TGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAGGCCATTTGGCCGAGGGCACGC
CTGCCTGGGCGTCAGCTGCCCTACAACGCTCCGTGCCAGTATTTATACGGGCGGACGCGGAGCCTGGCCC
TCCGAGCCCTCGGGCCTGGCGGGCCGAAGCGCGTGGCTCCCAATTGGGGCCGGCTGTGGCGAGTGGTGG
ATTGTTTCGCTCACGCGAGCCGTACGTGCGCCCGCCGCGCCCCCTGAGGGAGAAGGCCCTCGTGTTCCTCCG
ACGTACGGATGCCGTGCGGCATCCTCGGACCAAGACCCAGGTCAGGCGGGGCCACCCGCTGAGTTTAAAG
CATATAATTAAGCGGAGGAGAAGAACTTACGAGGATTCCTTAGTAACGGCGAGCGAACCAGGGAGCAGC
CCAGCCTTGAATCACGCGGCGCCGCCGCGCGA

***Asphodelus microcarpus* (*Lupinus microcarpus* var.)**

>AY618504.1 *Lupinus microcarpus* var. *microcarpus* tRNA-Leu (trnL) gene, intron; chloroplast

AATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAAACTTACCAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTG
ACAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCCGTTTTTTCGCAAAAACAAAGAAAAGTTCAGAAAAGCGAAAATAA
AAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAACCGAGTTGCCGACATTTACTTTCGTATT
GGGTTAGGAAAGGAATCCTTTTCATCGAAATTTTGTAAAGGATCAAGAATAAACGTATATACATATATACG
TATATTTACTGAAATATTATTTCAATTGATTAATAAAGACTGAAAATCTCTGTTTATTGAAAGAGTAATT
GAATATTGATTGATCAAATCATTCAATTCATGATAATCTGATAGATCTTTTAAAGACTGATTAATCAGA
CCGAATAAAGATAGAGTCCATTCTACATGTCAATACCGACAACAATGAAATTTAGAGTAAGAGG

***Urginea maritima* (L.) (*Charybdis maritima*)**

Asparagus stipularis

>AB177730.1 *Asparagus stipularis* chloroplast petB gene, intron
GGGTCTCAACAAGAGAATTCCTATCAATAGTAAAAACAAGAGTCGATCTACATTACGCACAAAAAAAAAAC
AACAAATTAATAACAAACAAAAATAGGAAAGAGAAAATTCAGAGGCCTGTAACGAGCAACATAAAGAA
AGACGAATGAGCTAACTTGATATTTTTAGCATTATCATCACAAAGAAGAGATTCCGGATTTTTTTTTATT
ACTTCCTATCTTGGGGACAAATCGAATCACGTGGCTAATAAGTTTTGAACTTCTATTACATATCCGGTG
AAATCAGTATTTGTGTGTTTC

***Asparagus acutifolius* L.**

>LN871590.1 *Asparagus acutifolius* genomic DNA sequence contains ITS1, 5.8S
rRNA gene, ITS2
CCGAGACCCGAGCGGACAACCTGTGAACCAGTAAACCCGCCCGGGAGATCCGAGGGAGGGCGACATCCGYC
GCTTGCCCCGGTCTCCTTGGGCACCTATGGCCGCCCCCGTCTGCCTCGYTGCGGAACGGGCGGGGAA
CAATACCCGGCGCGGTGGGCGCCAAGGACTAGTGCTTTAGAGGATCACCGTGCCTGCATCGCCAGCGA
CGCGGCGCATGATGTGGTCCGGTAATCATACCATGAACTTTACGACTCTTGGCAACGGATATCTTGGCTC
TCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGT
CTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAGGCTATTTGGCCGAGGGCACGCTGCCTGGGCGTCATGCCTTACATC
GCTCCGTGCCCCCGCTTCCACGGGCACAAATTTGGGAACCGCCGACCGATGCCGAGATTGACCTCCGT
GCCTTGCGCGCGCCGGTTGAAATGACCGTGCCTGGCCCGTTTGAACCCGGGAAATGTGGACAAAACAAAAG
GACCTTGAACGTTGTGTACTCGACCCTAGCCAAAGCGGGCGGTACAAGGAGCCATCGGACCCTAGACCCT
TGACNNANCCNGTTAGGGGGGCNCCTNANT

***Smilax aspera* L**

>EU531650.1 *Smilax aspera* isolate assem106.0.2 RNA polymerase C (rpoC1)
gene, partial cds; chloroplast
CAAAGAAGGGAAGATTTTCGTGAGACTCTGCTTGGTAAACGAGTTGATTATTCGGGGCGTTCCTCATTTGT
CGTCGGTCTTTCCTTTCATTACATCAATGTGGATTACCTCGAGAAATAGCAATAGAGCTTTTCCAAAACA
TTTGTAAATTCGTGGTCTAATCAGACAACATCTTGCTTCTAATATAGGGATTGCTAAAAGTAAAATTCGGG
AAAAAGAACCAATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAATTATGCGGGGGCATCCTGTATTGTTGAATAGAGC
GCCCACCCTGCATAGATTAGGCATACAGGCGTTCCAACCCATTTTGTAGTGGGGGGTGTGCTATTTGTTTA
CATCCATTAGTTTGTAAAGGGCTTCAATGCAGACTTTGATGGAGATCAAATGGCTGTTTCATGTACCTTTAT
CTTTGGAAGCTCAAGCGGAGGCTCGTTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTCTTGTCTCCAGCTATTGG
AGATCCCATTTCCGTACCAACTCAG

***Allium sub-hirsutum* L. (*Gossypium hirsutum*)**

>AF377315.1 Synthetic construct clone R5 *Gossypium hirsutum* recombinant
myb-like transcription factor Myb 3 gene, complete cds
TGGGCCACTAAAGAATGGAGCAAAATTTGTCCCTAAGAGATTCGACGTCAACAAGGGAGCATGGACAGC
TGAAGAAGATAGAAAATTGGCTGAGGTTATTGCGATTTCATGGTGCTAAAAGGTGGAAGACAATTCACACC
ATAGCAGGTAAAAACATTCTGAGTGTCACTGTATATAGCCTACACGTCGGCTGAACTGAAATCTGTTTCC
TATTTTGTATTATGCGAGGTTTAAATAGGTGTGGTAAAAGTTGCGAGGCTGAGATGGATGAATTATCTTAGG
CCTAACATCAAGAGAGGAAATATATCAGACCAAGAAGAGGACTTGATACTTAGGCTTCATAAACTCCTTG
GGAACAGGTGGTCTTTGATTGCAGGAAGGTTACCAGGAAGAACAGATAATGAGATCAAGAACTACTGGAA
TTCTCATTTGAGCAAGAAAGTGAACCAGAAGGAGAAACACAGAGGAGCATCAGCTAGGCAAGGCTGCAAA
TTTGCTCAACAGAGATTGGTGGAGAATGCCAAAGAACAAGTGAGAGAAGAGAATACATCTACTGGATTTG
GGGAGTCCAATATAAGCTTCGATGTGGATGACTTCTTTGATTTCTCCAATGTGGATACCCGGAACCTTTGA
GTGGGTGAACAGGTTTCTTGAAGTTGACGACGGTTTTAAGTTTTAACTGAAACTTTATGGATGGAACCCC
AAGAGCTTTTTGTTGTTTGTATCTTCTATCATCATGATTCATGAATTTGATGCAATNCATGTTAATAT
GTAAAACCTTGTTATCTATCCCTGAATTTGGCTACATACGTGTTTTGTGTGCGCTATATGCCCTAGTTGC
CGACATAGTGAAGTGTAGCA

***Allium nigrum* L.**

>KP881228.1 *Allium nigrum* voucher GD5497 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

```
TCAGGTTTTCGTAGGTGAACCTGCGGGGATCCATTGGKTTGAGTTCATTTTTGAATGGATTGAGAAGATAT
AGTTTTGCCCATCTAAAACAAGGTAGTAGTGTATTTATATTTGATCTTTGAGATGGAATTCCTTTTGTTC
ATTCACCTTGTCTTTCGAAGTAAAAGAAGGAGATGAGAATTATAAGAATGACATGATTTATGCCAAGG
ATAGCTATTGCTGAAGTGAATGCCTTATTATGGTTTATGCCAAGGTTACTCTGCAAAGCGTTTGAATGA
CTCTCGACAACGGATATCTTGGCTCTCGTGATGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGGCATTTGGTGTGAAT
TGCAGAATCACGCGAACCATCTAGTCTTTGAATGCAAGTTGCGCTCGAGACCATTGGGTCAAGGGCATGT
ATGTTTTGGGTGTCTTGAATCGTGTCTTTATGAAAACCAACTATCTTAAATAACAAGATTAGCTAACGGT
GGATGTGGAAATTGGCCCTCCGTTCTTTTGGTTTGGGTTGGTCTAAATGATGGTTGTCGCTAGGCTTTC
ACATGGTGAATTGTGAATAGAGTCAACGCATTAATATCTTGGCTGTGTACATGACTTCTAGCCCTGTTGT
ATAATAATTGAAACCATTATCAATTTTTACGTGATTCGTAAGCTTGAACCATGACCTCAAAATCATGCGG
GGCCACCCCGTTGAGTTTAAAGCTTCAAG
```

Allium roseum L.

>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

```
CGGTTTCGATTCCGATAGCCGGCTTTTTTCTCTATTGATTTCCATAATTGAGAATCTCTCCCCTCCATTT
CTCCAAACGTTGAGTCACTAATCTATAATCTATTATGTCATGGTAATTATAAAAAAAGTTGATTAGATCC
AATTAGATTTATATTTTATATATAATAAATCATAAAACAGAGCCTTAATCTTCTTCCATAATATACA
ACAAAAATATGGATATTAACACAATACATTTTCTATTGTAATATTTCAATAGATTTGCTTTGC
TTTTTTATCCTTTAGTTTAGTTCAGTCTTAATTTGATTTCTTCTGTAAAATGAATAAAATTTCAATAA
AATAAAAAGGAGTCTTTACTTTATGTCTCGTTACCGAGGACCTCGTTTTCAAAAAAATACGCCGCTGTTGGG
GCTTTACCGGGATTAACATAAAAAGACCTAGATC
```

Gladiolus segetum (*Agrotis segetum*)

>AY136482.1 *Agrotis segetum* nucleopolyhedrovirus polyhydrin gene, partial cds

```
TTCTACAAGAACCTCGGCTCCGTCATCAAAAACGCCAAACGTAAGGAGCATTTAATTAACATGAACTAG
AAGAGAAAACATTTCGATCCCCTAGACAAGTATCTGGTCGCCGAGGATCCATTTTTTGGGCCCGTAAGAA
TCAGAAACTGACCCTCTTCAGAGAGATTCGTGATGTAAAACCCGACACCATGAAGTTGGTTGTTAACTGG
AGCGGCAAAGAGTTTCTCAGGGAACTTGGACCCGTTTTCATGGAGGACAGCTTTCCAATTGTTAATGACC
AGGAGATCATGGACGTTTTTCTAGTTGTCAACATGAGACCCACCAAACCTAACCGTTGTTACAGATTTTTT
AGCTCAACACGCTCTGCGCTGCGATCCCATTACGTGCCCCACGAGGTGATCCGCATCGTCGAACCTGTG
TACGTGCGTGGCAACAACGAGTACCGCATTAGTCTCGCCAAGAAGGGCGGTGGCTGCCCGTAATGAATC
TGCACCTCTGAGTATTCCAACCTCCTTTGAAGAGTTCATCAACCGCGTCAT
```

Orchis maculata L. (*Tegeticula maculate*)

>AF182777.1 *Tegeticula maculata maculata* haplotype q cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial gene for mitochondrial product

```
CTTTTGGATGTTTAGGAATAATTTATGCTATAATATCAATTGGATTACTAGGATTTGTAGTATGAGCTCA
TCATATGTTTACAGTAGGAATAGATATTGATACACGAGCTTATTTTACCTCAGCAACTATAATTATGCT
GTTCCCTACAGGAATTAATTTTTTAGTTGATTAGCAACACTTCATGGAATAAAATTAATTATAGACCAT
CTATATTATGAAGATTAGGATTTGTATTTTTATTTACAGTTGGAGGATTAAGTGGAGTAATTTTAGCAA
TTCTTCAATTGATATTACTCTTCATGACACTTATTATGTTGTAGCTCATTTTCATTATGTTTTATCTATA
GGAGCAGTATTTGCTATTATAGGAGGTTTTATTTATTGATATCCATTATTTACAGGAATTTTCATTAAATC
CTAAATTATTAATAAATTCATTTCTTATTATATTTATTGGAGTAAATTTAACTTTTTTCCCTCAACATTT
TTTAGGACTAAGAGGAATACCTCGACGATATTCTGACTATCCAGATATATATATTTTCATGAAATATTAT
TCATCTTTAGGATCTTATATTTCTTTAATTAGAGTAATATTCTTAATAATTATTATTTGAAAATCAATAA
TTGATAAAAATATTGTATTATTTAGATTAAATACATCATCTTCTATTGAATGATTACAAAATTTTCTCTC
TAATGAACATTCTTATAATGAACTACCAATTTTAAAGAAATTCT
```

Populus alba B.

>DQ056362.1 Populus alba polyubiquitin mRNA, partial cds
TTTTTGGCTGGGTAAGCAGCTCGAGGATGGACGTACTCTAGCTGACTACAACATCCAAAAGGAATCCACCC
TTCACCTGGGTGCTCCGCCTTCGTGGTGGTATGCAAATTTTTGTGAAGACTTTGACTGGGAAGACCATCAC
CTTGGAAAGTGGAGAGCTCCGACACCATTGATAATGTCAAGGCCAAAATCCAGGATAAGGAGGGCATCCCT
CCAGACCAACAGAGGCTCATCTTTGCTGGCAAGCAGCTCGAGGATGGGCGCACTCTCGCTGATTACAACA
TCCAGAAGGAGTCCACCCCTCATTTGGTGTCCGCCTCCGTGGTGGCATGCAGATCTTTGTCAAGACCCT
CACTGGGAAGACTATAACCCTGGAAGTTGAGAGCTCGGACACCATTGACAACGTGAAAGCTAAGATTAA

Quercus coccifera L.

>LT222105.1 Quercus coccifera chloroplast genomic DNA containing rbcL region, specimen voucher TUS BCD Qcoc58
ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGATTATAAAATTGACTT
ATTATACTCCTGACTATCAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCCTTCCGAGTAACTCCTCAACCTGG
AGTTCCGCCCGAGGAAGCAGGGGCCGCGGTAGCTGCTGAATCTTCCACTGGGACATGGACAACCTGTGTGG
ACTGACGGGCTTACCAGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCGGTTGCTGGAGAAG
AAAATCAATTTATTGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTCTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTT
TACTTCCATTGTGGGTAATGTATTTGGATTCAAGGCCCTGCGCGCTCTACGTCTGGAGGATTTGCGAATC
CCTACTTCTTATTCTAAAACCTTTCCAAGGTCCGCCTCATGGCATCCAAGTTGAGAGGGATAAAATTAAACA
AGTATGGCCGCCCTATTAGGATGTACTATTAACCTAAATTGGGATTATCCGCTAAGAATTACGGTAG
AGCAGTTTATGAATGTCTCCGCGGTGGGCTTGATTTTACCAAAGATGATGAGAACGTTAATTCCCAACCA
TTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTATTTTGTGCCGAAGCTATTTATAAAGCGCAGGCTGAAACAGGTG
AAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTGCAGGTACATGCGA

Quercus ilex L.

>EU628561.1 Quercus ilex internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGGGGGCGCTCGTCGCC
CCTTCGCGCCTCAAGGGGGCGGGGACCTCGCGTCTCTTTGCCCGCAAACCGAACCCCGGTGCGGAACGCG
CCAAGGAAATTGAACCAAGAGAGCCACGCTAGAGGCCCGGACACGGTGTGCCCTGGCGTCGGCGTCTT
ACGAATTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAAT
GCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCAATCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCC
ATTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACGCATCGTTGCCCGCCAACTCCGGTTCGGGCGGGGC
GGAAGTTGGCCTCCCGTGCCTGCTTGCAGCGCGGTTAGCCCAAAAGCGAGTCTTCGGCGACGAGCGCCA
CGACAATCGGTGGTTTTTTTCGACCCTCGTTCCCGTCTGCGCGCCCCGTCGCCCCGTACGCGCTCTTGCG
ACCCTTACGCGTCGCCTCGGCGGCGCTCCCAAC

Quercus suber L.

>EF581312.1 Quercus suber internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGCTCGTCGCCCCCTCGC
CCCCACGCAGGCGGGGACCTCGCGTCTCTTGCTGCAAACCGAACCCCGGCGCGGAACGCGCCAAGGAA
ATCGAACCAAGAGAGCCGCGCCGAGGCCCGGACACGGTGCGCCCGGCGTTCGGCGTCTTACGAATTA
TTTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACT
TGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCAATCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTTCGGCC
GAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACGCATCGTTGCCCGCCAACTCCGGTTCGGGCGGGGCGGAAGTTG
GCCTCCCGTGCACGCTTGCAGCGCGGTTAGCCCAAAAGCGAGTCTTCGGCGACGAGCGCCACGACAATC
GGTGGTTTTTCGACCCTCGTTCCACGTCTGCGCGCCCCGTCGCCCCGAACGCGCTCTTGCGACCCTTACG
CGTTGCCTCGGCGACGCTCCCAAC

Pinus halepensis

>EU647209.1 Pinus halepensis isolate 59ukPHmugla 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, partial sequence
GATACTTAGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTTTTTGAACGCAATTTGCGCCCGAGGCCCTC
GGTTCGAGGGCACGTCTGTCTGGGCGTCGCATCACATTCAWACGCGCTCCCTGCAATATGCTAGGGAGCAG
CGGAGCTGGTTCGTCCGTGCCCATGCGGTGCGGTGCGCTGAAATGCCTCAGGCGATGTCTCGTGGCGTGC
ATCGGCGAGCGGTGACCTTGTCCCCTTGGATGGGCAGTCGGCGTTAGCTGATGCGGGCTTTGTGTGGCAT
CGCTCGAACTTGCTTTGCTCTCTTGTCTCCCATCGGGTAGGGCGGATTTAGCTCCAACCTT

***Chenopodium album* L.**

>KP263868.1 *Chenopodium album* clone CA6-14 5S ribosomal RNA gene, partial sequence; non-transcribed spacer genomic sequence; and 5S ribosomal RNA gene, partial sequence
GGTGACCTCCTGGGAAGTCCTCGTGTGACACCCCTTTTTTCGGCGAATTCGGAATTTATTTTTGTTTTGG
TTATTTTTGATTTGAGACGCGTAGATCCCCGAAAACTAACCAATTTGAAAGAAAAAATGTTTAGTTCGGG
CGATCGGGCGCAAAGTTACGGCATTTTAAAAGAAATCAGGGGCTGGAAAGGTATAAATAAAAAATTAACG
CTCTAAGTAAATGGGTGCGACCATAACCAGCACTAATGCACCGGATCCCATCAGAACTCCGCAGT

Paronychia argentea

>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
CAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGAAACCTGCAACAGCAGAACGACCAGCGAAC
ATGTTTTATCATTGGCCGAGGGCGGACACCCTGCTCGCGCAGGGGATAAGCCCCGGGCACACTAACAAACC
CCGGCGCGGACTGCGCCAAGGAACAAAACTGAACATGCGCACCTGCGCCGCGACCCGGTAACCCGGACGC
GGCTGCGGAGCCATTACTTAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
TGCGCCCGAAGCTTCGGSTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATTGNGTNTCCCTCACCCGCTCG
CACGCGGGAGGGAAGGATGATGGCCTCCCGTGCCTAACCGGGCGCGGNTGGCCTAAAAACGGAGCCCTCG
GCTGTGAGCCGCCGCGCATTGTTGGTGGTGAATTCATTCAATTCGTSGCGCTYCTCTTAGCCNNGTATGC
TCGAGCGACCCAGA

***Cerastium dichotomum* L.**

>AY521394.1 *Cerastium dichotomum* PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
GAAGTTCATCTATAAATGGATAAAATATCTTTTTTAGTTTAGTATATAACCGTTTTTTAGTAAAGGAGC
AAGTTTTTAATTGCTCCTTTACTAAATTAGTTTTTTTTATTTCTTTACTCCAATCCTTTCTTATTAAGAA
TTAAACAAAGTTAACTTAAGTATTAAGTTTTTTGTTATTAATTAGCATAAAGGGGCGGA

Silene colorata

>KF301425.1 *Silene colorata* spermidine synthase (SS) gene, partial cds
AAGTATATGGCTTACATGCATATAATCGAAGATATTGTTTCTAACTGCCGCGAGATTTTCAAGGGTTCG
GTTAATTATGCATGGACTACCGTTCCAACATAACCCTAGGCATGTCCCCTCTTATCCCTTGACTCTCGAC
TTTTCATATTTTCTTGCATACCCATGTCCAGCAAATGACATTTGGAGATGAATATAACACTTTTGATTTC
TTTTATTTTAGTGAAACTAGGAATTAATGTCATTGCAGAGTCTTAGAATCGAAACACATCCTTGTCACAT
AATTGTTAGGTGGATCTGCAAATCCTAGGCCCGACGACCTCTTTGATACTTGATAAATTGATCTAGATGG
TTTCTAGTACAATAATTCCCATCTATGGACTGAGATATGCGCTTTTTCGCTGACACAGCTAGGAGTTTTTA
ACCAGAAAGTCAGAACTATTGTCAAGTCTAACATAACCTAAAAATGGAGTTATGTTGCATATTTTCAGTGG
TGTGATTGGCTTTATGGTTTGTTCAACTGAGGGCCCGGCGAGTTCGATTTTAAAGAAATCCAGTGAACCCCAT
GATAAACGGAGGACGAAAAGCGGCCTTTGAAATTCTACAATGCGGAGGTAGTTTCTTAATTTCTTATA
CCTTTTTACAGTTAAAGTATACGGAAATAGTGACAAACCATTTAAACATGGAACCTGGTTATTTCCAGAT
CCGAAATATATAGTTTTACATTAGCTTCACTGCAAGGCAGTTGTATTGAAGTATTAGGTCTTCTTTATTC
CCCTTCTCAATGGTTTTCTCGTACGCAGATCCATTCAGCGGCTTTTTGTTTGCCATCATTGCAAGGAG
AGTTATTGAAGCGGAAGAACGCTC

***Adonis annua* L.**

>KX167070.1 Adonis annua voucher NMW3967 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

```
TGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAGACCTTTAGGTCGAGGGCACGT
CTGCCTGGGCGTACACACAGCGTCGTTCCCCACCAACCTTGTGTTGGGCAACGGAGATTGGCCCCC
GAGTCTTTACAGGCACGGTCGGCATAAAATATCGGTCTCGGCGGCGAGCGTCGTGGTCAACGGTGGTTGT
AAATCTCTTACCATGACACACGATCTCGTTGCACGCACGGACGAAATGACCCTATGAAGTCGTCTACGAC
TTTACCCTGCGACCCAGGTCAGGCGGGATTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAA
GAAACTTACAAGGATTTCCCTAGTAACGGCGAGCGAACCAGGGAAGAGCCCAGCTTGGGAATCGGGTGGCT
TTGCCATCCGA
```

Ranunculus bullatus L.

>HQ338175.1 *Ranunculus bullatus* voucher Hoerandl & Gutermann 7191 PsbJ (psbJ) gene, partial cds; and psbJ-petA intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

```
GTTCTTTTATGGTTCATATTCTGGATTGGGCTCATCCCTGTAATAATCATATGAACTGTGTTGTGGACAT
TAATTAAGAGTAAGAACTCAATCGACCCCCAAAATGCGGGGGTCAATTGAGTTCCTACTCTTTAATT
TAATGAGACTTTTTCGTTTAGTCATTCCATAATATAAACAACATAAAAGGTTCCAAATTTTTCTAGAAAAATC
ACAGCATAAAATTTGAAAAATGGGGCCTGAGATCAAAGCAACTAAAAGTCTAGTATTATTCACAAACTA
CGTGCTAGTATATTATATATTATTATAATTATATTATTAGGAACAGAATACAAATAATTTCAAATAG
CTTAATTATTAATTAATATATAAAAAATATATAAAAGTATAAAACAAAGCAAAAGCGGGTTTTTGAGTA
TACATAATTGCATCGATCAACAAGAAGTTTAGTATTTTGATAAAAAATCGAAACGAAGTGAAAT
```

Papaver rhoeas L.

>GQ248175.1 *Papaver rhoeas* voucher USDA PI533721 maturase K (matk) gene, partial cds; chloroplast

```
TTGCGATTCTTTCTCCATGAGTATCGTAATTGCTATAGTCTTATTACTCAAAAATAAAGCAATTTCCCTTT
TTTCAAAGGAGAATCAACGCTTTTTCTTCTTCCCTATATAATTCTCATGTATATGAATGCGAATCCATATT
AGTTTTTCTCCGTAAACAATCTTTTCGTTTACGATCAACATCTTTTAGAATCCTTCTTGAGCGAATAAAT
TTCTATGGAAAAATGGAGCATCCTGTAGTAGTGTGTTAGTAATGATTTTCAGACCTTCTATGGTTGTTCA
AGGATCCTTTTATGCATTATGTCAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAAAGGGAAGTACTCTTTT
GATGAATAAATGGAAATGGAATCTTGTAATTTATGGCAATGTCATTTTTCTTGTGGTCTCAACCAGAT
AGAATTAAGATAAATAAATTATCCAATCATTCCCTCGAGCTTTTGAGCTATCTTGCAAGTGTACGACTTA
ACCCTTCGGTGGTAAGGAGTCAAATGATAGAAAGTACATTTATAATGGATATTTGTATTAAGAAGTTTGA
TACCAAAGTCCCAATTATTTCTTTGGTTGGGTCGTTGGCTAAAACGAAATTTTGTAACGTTTCAGGGCAT
CCCATTAGTAAGCCGGCTTGGGCCGATTTATCAGATTCTGATATTCTCGATAGATTTGGACGTATATGCA
GAAATCTTTCTCGTTATTACAGCGGATCTTCAAAAAAAGAGTTTGT
```

Biscutella didyma L.

>KU574021.1 *Biscutella didyma* voucher ABH 58628 tRNA-Val (trnV) and tRNA-Met (trnM) genes, partial sequence; chloroplast

```
CTCTTTCAAAGACCCAACATGCAGTTTTTTTTGCATTGGGCTCTTTCATTAAGTATGATAGAAATGATCAGTT
AGTCTACCATATTTTTCTTAAAAAAGATAAGAAATGGTTCCAAGTACTCTGATTGATTATTTTTTAA
TTCTAATAACAATACAGAAGAACTACCAAAGTGTTCAAAGAAGGGTTCTCTTGACGTAGGTTTGCTTTTG
GTCTAGATCAACTTAAGTTAAATATATATAGTCTCTAACATCCTGATTCAAAAATCAAACATGAAACTTG
ATACACCTTAAGTTCATAGGACGAAAAGATCATTTTTGAGTTCCTTATACTCATTCTGCCGAGCATTAA
GTAGACTGGATATTCACCCTATCAATATCTCAAATCAATGATGGGTTCTATTCAATCCCTACCTAATGGG
GTACTTTAATAGGACCTAATGTCAGGCTATTGTTCTCTCTTTTTTACTAAAAAAGTAATGGAGTAAG
ACATCGATTTATTAATAAGATCAATCAATTAGTTTGATTGCGTGATGGACTCCTCTGAAAACTTTGGCG
CACGTGTAACGAGGTGCTCTACCTAACTGAGCTATAGCCCTTGTGTTTGTGATACACATTTTATCTTAT
CATGTAGATAATTTCTTGTCAGATTTCATATTACATCATCGAACATTAGATCTCTTTGATCTCGTTGGTT
ATTGGTATTGCTTAGAAATAATATTGGATTTATAATCCTATCGATGTGATAGGTATCCCTTTCTTCTA
TTTACGATGATAAATAACCTACTTAACTCAGTGGTTAG
```

Lobularia maritima (L.)

>EF514681.1 *Lobularia maritima* isolate AL644 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

```
CAAAACAGAACGACCCGAGAACAACCTTATCATCACTCCCAGCGGGCCGGTCTCTTAGCGGATTCCGTGCC
CGTTGGTTCGGTGGTTATGCGCACTGCCCCTGCCAACGGTCTTGCCCTTGCAAGGGACCTTGCGCGTATCTT
CCGGATATCACAAAACCCCGGCACGAAAAGTGTCAAGGAACATGCAACCGAACGGCCCTCATCCGCCGTC
CCGGAGACGGTGTGCGCGCGGATGCGGTGCTGCGATCTAAAGTCTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATC
TCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACC
ATCGACTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCTTCTGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTCAAAA
TCGTGTCGCCCTCATCTCTACGGATATCGGACGGAAGATGGTCTCCCGTGTGGTACCGCACGGTTGG
CCAAAATCAGAGATAGGGATGCTAGGAGCGTCTCGACATGCGGTGGTGAATACAAGCCTCGTCATATAAT
CGTGCCTCCTTCCCCGAACCTCCAGATGACCCGAAACTCTCAACGCGACCCGGGTCAG
```

***Raphanus raphanistrum* L.**

>GQ248192.1 *Raphanus raphanistrum* voucher USDA PI271451 maturase K (matk) gene, partial cds; chloroplast

```
AGATGCCTCTTCTTTGCATTTTTTTCGGTCTGTCTATACGAGTATTGCAATTGGAAGAATTTTGATAGT
AAAAAAAAATCAATTTTGAATCCAAGATTTTTATTGTTCTTATATAATTCTCATGTATATGAATACGAAT
CCATCTTTTTTTTTCTACGCAAGCAGTCTTCTCATTTACGATCGACATCTTATGACGTCTTTTTTGAGCG
AATTTTATTCTATGGAAAAATACAACATTTTTTAAAAGTCTTTGTTAATAAAATTTCCGGCGCTTTTAGGG
TTGTTCAAGGATCCTTTCCTACATTATGTTAGATATCATGGAAAATACATTCTGGCAACAAAGGATACGC
CACTTCTGATGAATAAATGGAAATTTTATTTTGTAAATTTATGGCAATGTTATTTTTCCGTATGGTTTCA
ATCGCAAAGGTTAATAATAAATCAATTATCTAAAGATAATTTAGAATTTCTGGGTATCTCTCAAGTTG
CGATAAATCCTTTAGTGGTACGTAGTCAAATCTAGAAAACCTATTCTAATAGATAAATGTAGATAA
AATTGGATAGCAACATTTCCAATTTTTTCTATTATTGGGTCGTTGGCTAAAGATAAATTTGTAATGTATT
AGGGCATCCCATTAGTAAAGCGACCTGGACGGATTTCATCAGATTCTGATATTCTCAACCGATTGTGCGT
ATATCCAGAAATATTTACATTATTACAGCGGATCTTCAAACAAAAAGAATTTGTATCGAATAAAATATA
TACTTCGTC
```

***Sinapis arvensis* L.**

>FJ870905.1 *Sinapis arvensis* beta-ketoacyl-CoA synthase (FAE1) gene, complete cds

```
ATACAAATACATCTCATCGCTTCCACTACTATTCTCCGACACACACACTGAGCAATGACGTCCGTTAACG
TAAAGCTCCTTTACCATTACGTACATAACCAACCTTTTCAACCTTTGCTTCTTTCCGTTAACGGCGATCGT
CGCCGGAAAAGCCTATCGGCTTACCATAGACGATCTTACCACCTTATACTATTCTTCCATCTCCAACACAAC
CTCATAACCATCGCTCCACTCTTTGCCTTACCCTTTTCGGTTCCGGTCTCTACATCGCAACCCGGCCCA
AACCGGTTTACCTCGTTGAGTACTCATGCTACCTTCCACCAACGCATTGTAGTTCAGATATCTCCAAGGT
CATGGATATCTTTTATCAAGTAAGAAAAGCTGATCCTTCTCGAACGGGACGTGCGATGACTCGTCTGG
CTTGACTTCTTGAGGAAGATTCAAGAACGTTCCGGTCTAGGCGATGAACTTACGGCCAGAGGGGCTGC
TTCAGGTCCCTCCTCGGAAGACTTTTCGCGCGCGCGCTGAAGAGACGGAGCAAGTAATCATCGGTGCGCT
TAAAAATCTATTTCGAGAACACCAAAGTTAACCTAAAGATATAGGTATACTTGTGGTGAACCTCAAGCATG
TTAATCCAACCTCCGTCGCTCTCCGCGATGGTTCGTTAACACTTTCAAGCTCCGAAGCAACGTAAGAAGCT
TTAACCTTGGTGGCATGGGTTGTAGTGCCGGCGTTATAGCCATTGATCTAGCAAAGGACTTGTTCATGT
CCATAAAAATACGTATGCCCTTGTGGTGAGCACAGAGAACATCACTTATAACATTTACGCTGGTGATAAT
AGGTCCATGATGGTTTTCAAATTGCTTGTTCGGTGGTGGGGCCGCTATTTTGCTCTCCAACAAGCCTG
GAGATCGTAGACGGTCCAAGTACGAGCTAGTTCACACGGTTTCGAACGCATACCGGAGCTGACGACAAGTC
TTTTCGTTGCGTGCAACAAGGAGACGATGAGAACGGCAAAACCGGAGTGAGTTTGTCCAAGGACATAACC
GATGTTGCTGGTTCGAACGGTTAAGAAAAACATAGCAACGTTGGGTCCGTTGATTCTTCCGTTAAGCGAGA
AACTTCTTTTTTTCGTCACCTTCATGGGCAAGAACTTTTCAAAGATAAAAATCAAACATTACTACGTCCC
GGATTTCAAACCTTGCTATTGACCATTTTTGTATACATGCCGGAGGCAGAGCCGTGATTGATGTGCTAGAG
AAGAACCTAGCCCTAGCACCGATCGATGTAGAGGCATCAAGATCAACGTTACATAGATTTGGAAACACTT
CATCTAGCTCAATGTGGTATGAATTGGCATAACATAGAAGCAAAAGGAAGGATGAAGAAAGGTAATAAAGT
TTGGCAGATTGCTTTAGGGTCAGGGTTTTAAGTGTAACAGTGCGGTTTGGGTGGCTCTAAGCAATGTCAAG
GCTTCGACAAACAGTCCTTGGGAACATTGCATCGACAGATACCCGGTAAAAATTGATTCTGATTCAGCTA
AGTCAGAGGTTTCGTGTCCAAAACGGTCCGGTCTGATAAATGATGTTTGTCTCTTTTCGTTTCTTTTTTA
TTTTGTTAACTAATAATAATTTGATGGCTACGATGTTTCTCT
```

***Brassica nigra* (L.)**

>JQ638500.1 *Brassica nigra* retinoblastoma-related protein (B.RBR.a 1) mRNA, partial sequence

```
ATATATCTCATTTTGTGGCATAGCAGCTGCAGCACCAACCGCAAGAGGACGCTTAAATTTGACGTGGAAG
CAGGACTGGTCAGCGATTCCATGGTAGGCAACAGCCTTTACCTCCAAAACCAAAAACCAAAATGGAAAACGA
TGCATCGTCTTCAGGTGGTGGTGCACCCCTTAAAACCGAGCCAGTAGACTCATCATAGTTTATATTACTT
TTTCTATTTGCAACGTCAAGTTCTCTTCTTCAGTTAGGCTATCATCTGTAAATCCTTTTCTAGAGAGTT
TGTGTTTTATGGTAAGCTTTCTAGTGATCACCTCAGGCTATGAGCGGATGGTTTCTTTGTTTCTCTTTC
TTATTTATAAAAATAAAGTTTGTCCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

Reseda alba L.

>AF209665.1 *Reseda alba* ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

```
GGTCCGGTACTGGATGTAGCCTTTCTCCGGGAAAGATGCCTAATATTTACAACGCTCTAGTAGTTAAGG
GTCGAGATATCATTGGTCAACAAATTAATGTAACCTTGTGAAGTACAGCAATTATTAGGAAATAATCGAGT
TAGAGCTGTAGCTATGAGCGCTACGGAGGGTCTAATGAGAGGAATGGAAGTGCTTGATACGGGAGCTCCT
CTAAGTGTTCAGTCGGGGGGGCAACTCTAGGACGAATTTTCAACGTGCTTGAGAGCCAGTTGATAAAT
TAGGTCCTGTAGATACTGGCACAACATTTCTTATTCATAAATCTGCGCCTGCTTTCATACAATTAGAGAC
AAAATTATCTATTTTTGAAACAGGAATTAAGTAGTGGATCTCTTAGCCCCCTATCGTCTGGAGGAAAA
ATAGGACTATTCGGCGGGGCTGGCGTGGGTAAGACAGTACTCATTATGGAATTGATCAACAACATCGCCA
AAGCTCATGGTGGTGTATCCGTTTTTGGTGGAGTAGGCGAACGTACTCGTGAAGGAAATGATCTTTACAT
GGAAATGAAAGAATCCGGAGTCATTAATGAGCAAAATCTTGCGGAATCAAAAGTGGCTCTAGTATACGGG
CAGATGAATGAACCGCCGGGAGCTC
```

Reseda luteola L.

>EU264419.1 *Reseda luteola* xanthine dehydrogenase (Xdh) gene, partial cds

```
TTGTTACTCCTGGGTTTATCATGTGCGTTTTATGCTCTATTAAGATCGAGAAAAACACCGCCTTCTGAAGA
GGAAGTGAAGAATGTCTGGCTGGAAATCTCTGTGCTGTACGGGTTACAGACCGATTGTTGATGCGTTT
CGTGTTTTTGCAAAGACTAATGATGTGTTATATTCTGGATTGTCCACGGTTAGCCTTCAAGATGGTCAAT
CCATATGCCCATCAACTGGTAAGCCTTGTTCGTGCGGACCAAAAAGTTTGAATGCCACTGATAACTGCAC
TACGAACAGGAATGAACCTGTTTCGTGCAATGACATAGATGGGAGCAGTTATTCCGGATAAGGAGCTTATA
TTCCCTCCCGAATTGTTGCAGAGGAAGTTAGGTCCTTTGAGGTTAAGTGGATCCGGGGGGCTTATCTGGT
TTAGACCCGTAACACTTAAACAAGTTCTCGAGCTGAAAACAAAACACCCGGATGCAAAACTACTGGTTGG
CAATACCGAGGTTGGAATCGAAATGAGAATGAAGAAAATGCAGTATCGGGTTTTGATATCTGTGGCTCAG
GTTCCGGAACCTAACGCTCTAAAGGTCGGGGAACATGGAATAGAGATTGGTCTGCAGTGAGATTAACCTG
AACTCTTGAATGTTTTTCAGGACAGTGGTAACAGAACGCCCGGCTCATGAAACGTGACGCTGTAAGGCTTT
TATGGAGCAGATAAAATGGTTTTGCTGGGACKCAGATAAGAAACGTTGCGTCTGTTGGAGGCAATATCTGT
ACTGCTAGTCCAATATCCGATTTAAACCCTCTATGGATGGCTTCAAGAGCCGAGTTAAGATTATGATT
GTAATAACGGGAACATAAGGAATTGCCTTGCAGAAAATTTCTTCTTGGGTACCGTAAAGTGGATATGGC
ACGTGACGAAATTTCTCTCTATATTTTTTACCTTGGACGAGGCGTTTTGAGTATGTTAAAGAATTCAAG
CAGGCTCACCGAGCTGACGATGATATAGCCTTAGTGAACCTGGAATGCGCGTGTCTTCAAGAGCAAG
GTCAAGATTTGGTGGTCTCTGATGCGTCAATCGTTTACGGCGCGTGGCTCCACTGTCTTTGTCTGCTAA
CAAAACAAAAGAATTTCTGATTGGAAAAAATTGGAATCACGGTCTCTTTCTGGACGCAATAAAAAGTCATA
CAAACAGATGTTTTGATGAAGGAAGATGCTCCTGGGGGAATGGT
```

Sedum tenuifolium (*Lomatogonium rotatum* subsp. *Tenuifolium*)

>KC474959.1 *Lomatogonium rotatum* subsp. *tenuifolium* voucher Bennett_08-472_CAN maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

```
CCTTCTTTGCATTTATTACGATTCTTTTTCCACGAATATTGGAATTTGAATAATCTTAGTGCTATAAAGA
ATCCCTGTTTTGCTCTTTTAAACAAAAAATCAAAGATTTTTTGTCTTATATAAATCTTATGTATG
TGAATACGAATCCTTTTTGATTTTTCTCCATAACCAATTTTCTCATTTACGATCAATATCCTTTGGAGAC
CTTCTTGAGCAAATCCATTTTTGTGTAAGAAAGAAAGGCCGAAGGCCTTGCCAAAACCTTTTGCTAAGGACT
TTCGAACTAACCTATGGTTGTTCAAAGAGCCTGTCATGCATTATGTTCCGGTATCAAGGAAAAATCGATTCT
GTTTTCGAAAGGTACATCTCCTTTGTTGAATAACTGGAAATATTACCTTGTCACTTTTTGCGAAAGTTAT
TTAGCCCTGTGCTTTTACCCAGAAAGGGTCTATATAAAGCAATTAGCCAATGATTCCCTTGACTTTATGG
GCTATCTTGTAAGTGTGCGATTTAAATCTGCAATAGTACGGAGTGAAATGCTACAAAATTTATTTTTTCAT
```

CCACGATGCTATTAAGAAATTTGAGCCCTCTGTTCCAATTATTCCTCTGATTGGGTTCGTTGTTCGAAAGAG
AGGTTTTGTAACCGATTAGGGCATCCCATCAGTAAGTCGGCTTGGGCAGATTTATCGGATTTTGATATTA
TTGACCGCTTTGGGCGTATATGCAAAAATCTTTCTCATTATCATAGTGGATCCTCAAAAAAAGGAGTTT
CTATCGAATACAGTAT

Sedum Rubens (Erica Rubens)

>KU832213.1 Erica rubens isolate rubens_E012479 trnT-trnL intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast

AAATTTGACATGCATAGGATTTTAATAAACTATTCGAATCGTCCCTATTAACCTCTATTCTTTTCATTCTT
ATCTACTATTCAATTACGAATTAATATGAATAAAGAATAGAAAAAATAAAAAATGTTATAGAACAA
TAAAAATGAATATAAATAATAATACGATATTATATATATATTTATATATTATATTAGATAAAATATATTAT
TAAACATTTTCTATTTTTTAAATTCCTTTTAAATTTTTTTATTATATTTTCGCTATTTTTTTGCATATTAGA
AATGTCTAATTACTAAATTTATTTTATTAATAAAAAAATAATAATTTTTTATCGAATATTATATATAATTC
AATCGATTTCTCTAGTTTATATAATTTATATATAGATTTTTTCTATAATATATTTTATATCGATTTTTG
TATTCGCTGATGATGATAAATATGATCTAAAATCCGTTGAATCTATTTAATCTAATTAACAAGTCATTTCG
AATTCGAATAATTCGAATGAATGGTCCACTCCTCCGCTTGCATTCATAAAGGTGTAAGTTTAGACGAAAA
AAAAAAGATTTAATCATTTAAGTATTCCAAACCTACATCATATATATGTGGTATATATATTGAATAGCA
TATTCATAAATGGTAGAATCATTTTTGATTGACCTAAACGTAGGTCTCCTATAGAAAGGAAGATCAAGA
ATATAGCAAAGAAATTAAGAAGAAAAACAACCTTTTAGAGAGAGGAATCAGTATATAATGAATTC AACGA
TTCCAGTATAAACGAAAGAAAAAGGAACGACATCCAA

Rosa sempervirens L.

>KM353562.1 Rosa sempervirens voucher CDBI:GXF16216 ndhF-rpl32 intergenic spacer, partial sequence

AGATCGATTAATAAAAAAATTAAGATATATAAAAAATAAACTTAAATAGAATTTCCAGGTTTAAATTATT
CGGAATCTTTCCAACTACTTCAAATCAAATATTTCAAATGAAGATGAAGAGTTAGGGTTAGTCAAATGA
TATGAACAATTTACGAGTGAAAAATAAATATGTACTTTGTTTATTATTAGTTTATTATTAATTTATTAT
TAATATTGAATTATTAATATGAAATTAATAATTATTAAGTCCAATTTTATGAAGATAAAAAACGAAAAATTG
CAATTTCCGGTCTAATTATTACGTATTACAATAATTTATTTATATCTATAGAGCAAGGATAAATAATGACG
GCAAAAAAGTATTTAATATGAATCATAGGGCCATAACTTGACTCATAAAACCTATTTCCCATAAAAACAA
AACCAATTTATTGCAGTTTGGTTCCGGCTATTCCCAATCATTAAGAAATTTTTTTAGAACTAATTGATTGT
CTTCCATTACAATAAAAGCTATTTGTAGGAAATGCTTTGGTATCCACACTTTTTTTATGTAAAAATAAAA
GGGAGGGGGCAAAAAATGGCTTTTAGAAAGTATTTTGTATATTTTAAATCAATTAACACTAGGCTTAGGC
TCATTCCAGTTTGAATGAAAATTCCTTTCTTCCAACTTGACCAGTTTAAATTAATATAATAGAAAAAGA
AAATTTATTACATTTTTTTTTTATTAAGCAGGAGAGGGATTGAGTTTTTAAATCTTTTCGATATATTTTATT
ACATGGAAGAATGGAACATGACAAACTAGAAAGCAAAGACCCCAACCCCTTTTGTGTTGATTTTTTATT
TATCAACTTCAATCTATTCTATTTGGCATAAGTAGATCTTATTGTTCTTAGTAATATTTTAGACAATTTT
CCATACACCTTTTATGATGAGGGGAATGTAATTTAGAGAATAGCTAGCTAGAGATATAGTAAAGAACAAT
CCCAATTTTTATGAAATA

Crataegus oxycantha L. (Crataegus laevigata)

>KJ506869.1 Crataegus laevigata voucher Cr-ox-03 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

AAGTGCTGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGATTATAAATTGACTTATTATACTCCTGACTATGAAACCAA
GATACTGATATTTTGGCAGCATTTTCGAGTAACTCCTCAACCTGGAGTTCCACCTGAGGAAGCAGGGCCG
CGGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTATGGACTGACGGTCTTACCAGTCTTGATCG
TTACAAAGGTCGATGCTACCACATCGAGCCTGTTGCTGGAGAAGAAAGTCAATTTATTGCTTATGTAGCT
TACCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTAGGTAATGTGTTG
GGTTCAAGGCCCTGCGCGCTCTACGTCTGGAGGATTTGCGAATCCCTACTGCTTATGTTAAAACTTTCCA
GGGCCCGCCTCATGGTATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGCCGCCCTCTATTGGGATGT
ACTATAAAACCAAATTTGGGGTTATCCGCTAAGAATTACGGTAGAGCAGTTTATGAATGTCTACGCGGTG
GACTTGATTTTACCAAAGATGATGAGAATGTTAATTTCCAACCATTTATGCGTTGGAGAGACCGTTCTT
ATTTTGTGCCGAAGCACTTTATAAAGCACAGGCTGAAACAGGTGAAATCAAAGGGCATTACTTAAAC

Ulex europeus L.

>GU574625.1 *Ulex europaeus* isolate R40 external transcribed spacer and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence

```
GGTTTTGAGTTAGATGGTTCGTCGGAATCTTTAAGTCTTGCAACGTGAAGCCGTGTGATTGGTGATTTGG
TTGTCTGTGCTGTCTGGCTCCATGGTCATGGCCATCGAACTTTTCAGCACGCAACCCTTCTCAGGTTTCGTT
CGCCTTGTGTCAATTGCGGCCTCGGTGTTCACTCGGGGTTCTTGTGTTGCCTACCCTTTTAGCGGTATTCA
TGTGCCTCTAAAAACCCGTTAAATCCAAACCCCTTCTAGGGAGTGCTGGTGAGTTCAAAAAGTGATGCATG
TTTTGCGTTAGCTGTGAAATGCAACGGTTGGCGTGCTAACATGTGTCTACTGTTCCCTCGAATGCGGTGC
ATGCAGTGAACGTGGGCTGACAATTGTGCCCGTTTAATTACCGTTTGCTTGAATGACACTTTATCAAA
CTGTTGGGGTTGCTTTACCATTCTGGTGTCAACACTAGTATGCCAGCAAAGTCGTTGATAGATGCTAC
CTGTTGATCCTGCCAGAACCCATATGCT
```

Ulex bovinii (*Manilkara boivinii*)

>KM370911.1 *Manilkara boivinii* voucher L. Gautier 3278 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

```
GCAGCAGACACCCGCGAACTTGTATTAGCAACCACCGGGGGTCCCTTGTGCCCTCCCCAGGTGCGCCTTT
GAAATGGGTTGCCTCGGCTAAAACTAACCCCGACGCGAACTGCGTCAAGGAACTTTAACAAGAGGAGCG
CCCCCTGCTCTCGTTTCGCGAGTGTAAGTTATGGGGTAGCTGCATCTTTACATGAACAAAACGACTCTC
GGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAG
AATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCAAAGCCAGTAGGTAGAGGGCACGCTGCC
TGGGCGTCTCGCATCGTGTGGCCCCCTACCCTGTGCCCGCAAAGGGTCTTGGGTTGGTGGGGGCGGATT
TTGGCCCCCGTGTGGCTTGGCGCGCGGTTCGGCTAAATACAAGTCCCGGGCGACAAATGTCACGACGAG
TGGTGGATGTGTGATACGCTTGCCTCATGTATGTCGTGCACGCTTGACCCCCGGGATTGTTTTGTTTTT
GACCCTGAAGCACCGTTTTCCACGGAGCGTTGATCGCGACCCCAGGTCAGGCGGNNT
```

Ulex parviflorus

>AF007470.1 *Ulex parviflorus* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene; and internal transcribed spacer 2, complete sequence

```
TCGAAGCCTCACAAGCAGTGCACCCCGTGAATTTGTTTAACTACTCAGGGATGGCTAGAGGTGTTTCGCAC
CTCGGTCCCCCTCGTGTGCGGATGTGCTCCACCTTGTGTGTTGTCTTCTGGCCCAATAACAAAACCCCG
GCGCCGAACGCGCAAGGAAATTGAAATCGTTTAGTGCGCCCCCGTTCGGCCCGGAGACGGTGCCCGTGCG
GGAGGCGTTGCGACACGCAATCCTAAAGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGATCGATGAAGA
ACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTT
GCGCCCGAAGCCATTAGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGTGTTGCACATCGTTGCCCTGTGCCCTTGGCC
ATGTCCTAGGCACCGAGCGGGGCGAATGTTGGCTTCCCGCGAGCATTGTCTCACGGTTGGTTGAAAACG
AGTCCGCGGTGGAGGGCGCCGTGATGGATGGTGGCTGAGTTAATTCTCGAGACCAATCGTGTGTGTCACC
CCCCTAGCTTTGTGACTTTGTGACCCATGGGGATCTGTTGATCGCCCAAGACGGGAACCTCAGG
```

Ononis spinosa L.

>KX401406.1 *Ononis spinosa* isolate NARC68 ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds; chloroplast

```
GTCCAAGCCGGATCCGAAGTATCCGCCTTATTGGGCCGAATGCCTTCTGCTGTGGGTTATCAACCCACCC
TGGGTAAGTAAATGGGTAATTTACAAGAAAGAATTACTTCTACCAAAGAAGGGTCTATTACTTCTATTCA
AGCCGTTTATGTACCTGCCGACGATTTGACCGATCTGCTCCTGCCACGACATTTGCACATTTGGATGCT
ACTACCGTACTATCAAGAGGATTAGCTGCCAAAGGTATCTATCCAGCAGTAGATCCTTTAGATTCAACGT
CAACCATGCTCCAACCTCGGATCGTTGGTCAAGAACATTATGAAACTGCGCAAAGAGTTAAACAAACCTT
ACAACGTTACAAGAAGTTCAGGACATTATAGCTATTCTTGGGTTGG
```

Calycotome villosa (Villosa villosa)

>AY785386.1 Villosa villosa isolate H1478 cytochrome oxidase subunit II (COII) and cytochrome oxidase subunit I (COI) genes, partial cds; mitochondrial

TATCGTCTTTTGGAAAGTTGATAATCGGTGTGTGTTGCCTTATAGGGTTGATAGGCGAGTTCTTGTGAGGT
CTGCTGATGTTATTCATTCTTGAGCTCTTCCTTCAATTGGTGTAAAGGTTGATGCTGTCCCTGGTCAAT
TAATCAGTTGGGTGTGCATTTGATAAGGTCTGGTGTGATCTATGGACAGTGTAGGGAGATTTGTGGGGTG
AATCATTCTTTTATGCCTATTGGGTTAGAGAGGGTTTCTCCTGAGGTGTTTTATCATTGATTGGTTCTT
AAAGGTGTTGAAGTATATTGAATGTTTGCGGTGAATTTGTTCTACAAACCATAAGGATATTGGTACTTTA
TACTTGTGTTAGCATTGTGGTCTGGTTTGGATTGGTTTGGCTTTGAGTCTTTTGATTCCGGGCTGAGTTGG
GACAACCTGGTAGGTTGTTGGGGGATGATCAGTTATATAATGTAATTGTTACAGCACATGCTTTTTATAAT
AATTTTCTTTTGGTTATGCCAATGATGATTGGAGGTTTTGGTAATTGACTTATTCCTCTTATGATTGGG
GCTCCTGATATGGCTTTTCTCGGTTGAATAATTTGAGTTTTTGGTTGTTAGTGCCAGCTTTGTTTTTAT
TGTTGAGTTCTTCTTTGGTAGAGAGTGGTGTGGGACTGGGTGAACGGTTTACCCTCCGTATCTGGGAA
TGTGGCTCATTCTGGGGCTTCGGTGGATTTAGCTATTTTTTCTTTCATCTTGTGGTCTTCTCTATT
TTGGGGCTATTAATTTTATTTCTACTGTTGGAAATATGCGATCTCCTGGGTTAGTTGCTGAGCGAATTC
CGTTGTTTGTGTGGGCTGTTACGGTAACGGCGGTTTTGTTGGTTGCATCATTGCCTGTTTTGGCTGGTGC
TATTACGATGTTACTTACTGATCGGAATATTAATACGTCTTTTTTTGATC

Intermedia (Salzm.) M. (Erica intermedia)

>KU832040.1 Erica intermedia subsp. intermedia isolate intermedia_MM5082 trnT-trnL intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast

TAGGAATTTTCATAAATTATTGAATAGTCCCTATTAACCTCTATTCTTTTTTATTCTTATCTACTATTC
TACGAATTAATATGAATAAAGAATAGAAAAGAATAAAAAAAAAATGTTATAGAACATAAAAAATGAATATA
ATAACCATACGATATATTATATATATTTATATATATATTATTAGAAAAAATATTATTAAACATTTTCT
ATTTTTTAAATTCYTTTTAAATTTTTTTTTATTATATTTTCGCTATTTTTTTTGCATATTAGAAATGTCTA
ACTAAATTTTTTTTTTAATAAAAAATAATAATTTTTTATCGAATATTATATATAATTCAATCGATTTCT
CTAGTTTATATAATTTATATATAGATTTTTTCTATAATATATTTTATATCGATTTTATATCCGTGAT
GATGATAAATATGATCTAAAATCCGTTGAATCTATTTAATCTAATTAACAAGTCATTTCGAATTCGAATA
TTCGAATGAATGGTCCACTCCTCCGCTTGCATTTCATAAAGGTGTAAGTTTAGACGAAAAAATATTTA
ATCATTTAAGTATTCCAAACATCATATATATGTGGTATATATATTGAATAGCATATTCAATAAATGG
TAGAATCATTTTTGATTGACCTAAACGTAGGTCTCCTATAGAAGGAAGATCAAAGAATATAGCAAAGAAA
TTAAAGAAGAAAAACAACCTTTTAGAGAGAGGAATCAGTATATAATGAATTC AACGATTCCAGTATAAACG
AAAGAAAAAGGAA

Cytisus triflorus

>AJ410189.1 Astephanus triflorus chloroplast partial trnL-trnF intergenic spacer, specimen voucher Williams 659 (MO)

CCAAAAGCCTATTTGCCCCCCAACTATTTATCCATTCTATCCCCCTTTTCTTGGCGTGAGTGTCTTA
TACACTTATACCCTCGCCCTATTCTTTTTGAAATAGATCTGGGCGGAAATGTCTTATTATATCTTATATC
TAAGATATACATCTTTGAGCAAGAAATCTGCATTTGAATGATTTACAATCGATATCATTACTCATACTGA
AACTAAAAAGTCGTCTTTTTTAAGATCCAAGAAATTCAGTACCTAGATAAAAATTTTTAATCTTCTTT
CGCCCTTTTAATTGACATAGACCCCGCCCTGTAAAAAAGGAGGATGCTACATTCCGGACTTAGCCGGGA
TAGCTCAGCTGGTAGAGCAGAGGACTGAA

Lotus ornithopodioides L.

>KT250893.1 Lotus ornithopodioides voucher Mejias & Valdes 12270 (H) internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

TCGTATCCTTGCAAACAAACCAACTTGTAAACTCGTTTTGACTATTTGGGCATGCTTGGGGTGTATCCCAC
CTTAACTTCCCAATTTAGGGGGAAACCACATTGGGGTCTCCTCCTAATAAATAACAAACCCCGCGCTTG
ATGCGTCAAGGAATTGAAATTGTTTGTGACTCTTGTGCGCCCGGATTCCGGTGTCTGTGCAAGAGTTGC
CATGACACATTCTACACAAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAG
CGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCC
GAAACCATTAGGTTGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACACATCGTTGCCCAACGCCAAACGCATAGTG

CTTTGTGGCGCGTGGGGTGAATGTTGGCCTCCCGTGAGTTYAGGCTCGCGGTTGGTTTAAAAATTGGGTCC
ATGGTGAAGTATGCCATGATGGATGGTGGCTGAGTAATGCTCGAGACCAATCATGGGAACTTTATCTCG
CTTGGGCTCTATTGACCCGTATGCGTGTAAAAAACGCTCACAA

Lotus hispidus (Phrynocephalus versicolor hispidus)

>KJ363532.1 Phrynocephalus versicolor hispidus isolate R-12828 A-kinase anchor protein 9 (AKAP9) gene, partial cds
CAATTTGAGAATGACAGCTTAGTGACAAAACAGGATGAGCTAACTTTAGAAAATATCAAGATTAAAAGATT
TGCATCAGTCTGTTGTCAATTCCAAAACAGAAAGAAATGATGCTTCAAATCCACAACCTCCAAAAAGAAAT
AGAGGTTCTTAGACAGGAGGAAAAAGAAAAGGGTACACTTGAACAGGAAGTTCAGGAGTTGCAACTGAAA
ACAGAATTGCTGGAAAGGCAAATGAAAGAACAAGAGGATAGTTTCCAAAAACATGTTTATTGCTTGAAA
CACAAAATAATGTTCTTGTAGAGCTGCAAAGCAAATTAAGGAAATACGCTGTTAAGAATGTGGGAAAAAG
CTTAACATACTGATGTTAGTGGCGTGTGAGGACTTTGATTTACTAAGGACAATAGAAAATCTGGTA
GCTGAAAATGAAAAGCTTATAAAAAGAAGATGCTGAACATAAAGAAGAGATTGAGAGGTTGAAAAACACAT
TTTCATTTGCTGAGAGAACTTTGAGCTTAATTACAAAGACCTCCAAGAAAAATATACTTCTCTATTAAA
AATAAAATTGGATTTAGA

Scorpiurus muricatus L.

>KX401397.1 Scorpiurus muricatus isolate NARC59 ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds; chloroplast
AATATCTTCCGTTTCGTCCAAGCAGGATCCGAAGTATCCGCTTTATTAGGTGCAATGCCTTCCGCTGTGG
GTTATCAACCTACCCTTAGTACCGAAATGGGTTCTTTACAAGAAAGAATTACTTCTACCAAAGAGGGGTC
CATAACTTCTATTCAAGCAGTTTATGTACCTGCAGACGATTTGACCGATCCTGCCCCCGCCACGACATTT
GCACATTTAGATGCTACTACTGTACTATCAAGAGGATAGCTGCCAAAGGTATCTATCCAGCAGTAGATC
CTTTAGATTCAACGTCAACTATGCTCCAACCGCAATCGTTGGTGAAGAACATTATGAACTGCGCAAAG
AGTTAAACAACTTTACAACGTTACAAGAAGTTCAGGATATTATAGCTATCCTTGGGTCCG

Medicago italica Formata (L.) (Ophiodaphne formata)

>KU895055.1 Ophiodaphne formata isolate F111999 cytochrome oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial
AATTATCTAGCACGGTGAATTATTTCCACCAACCACAAGGACATCGGTACTCTATACCTCATCTTTGGGG
CATGAGCCGGTACCATTGGTACAGCCATGAGTAAAATTATCCGAGCTGAACTTTCACAGCCTGGCTCTCT
CATTCAAGACGACCAGATTTACAATGTTATGGTAACCGCCACGCTTTGTTATGATCTTCTTTATGGTA
ATGCCTATCATGATAGGAGGATTTGGAAAATGACTCGTTCCCTCATGATTGGGGCACCCGATATGGCCT
TCCCACGAATGAAAACATGAGATTTTGATTAATTCCGCCCTCCTTTATGCTTCTCCTAACCTCAGCTGG
TAATGAAAGGGGTGTAGGGACAGGATGGACTGTCTACCCCCCTTGTCCGGACCCGTGGCTCATGGAGGA
GGATGCGTTGACCTAGCTATATTCTCTCTACATTTAGCAGGTGCCTCCTCCATAATGGCTTCCATTA
TTATAACTACAATAGTTAATATGCGAGCCCCAGGGATGACTATGGACCGTACTCCCCTATTGCTTTGATC
TATTTTACTTACTACTACTTCTTCTTCTTCTTCCCTCCAGTTCTAGCGGGTGCAATAACCATGCTCCTT
ACCGACCTGAAAATAAATACTCTTTCTTCTCGATCCAACAGGGGGCGGTGACCTATTCTATAACACACT
TGTTCTGGTTTTTTCGGCCACCCTGAAGTTTACATTCTCATCTCCAGGATTTGGAATGATCTCACACGT
TGTAACCTCACGCACTGGGAAGCAACAACCTTTCGGGTATCTTGGAATGATGTACGCCATGATCTCTATA
GGAATCCTAGGATTTATTGTATGAGCTCACCATATGTTACAGTAGGGTTAGACGTTGATACCCGAGCCT
ACTTCACCGCTGCCACCATGATTATAGCTATCCCAACAGGGGTAAAGGTGTTTAGCTGGCTAGCTACCCT
TCAGGGTGGTAACTTTTTCTCCAAAAGACCCACCCTCTATCATGTGAGCCCTAGGATTTATCTTCTTA
TTCACAGTAGGAGGACTCACTGGCATTATCCTATCAAACCTCCTCCCTAGACGTAGCCCTCCACGATACCT
ACTACGTAACCGCCACTTCCATTACGTTCTCTCCATGGGAGCCGATTCGCTATTTTCGCCGGCTCAA
CCATTGATTTTCACTATTACAGGAGCGCATCTTGACCATAACAAGTCTACTGCCCACTTTATCTTAATG
TTTATTGGAGTAAACCTCACTTTCTTCCCTCAACACTTCTAGGGTTAGCAGGAATGCCTCGACGCTACT
CAGACTACCCTGACGCCTTACGTTTTGAAACACAGTATCTTCTTCCGTTCTCTTCTATCTTCTATAGC
CACTATTGGTTTTCTAACCATAGTAACGCTT

Psoralea bituminosa L. (Bituminaria bituminosa)

>JL859809.1 TSA: Bituminaria bituminosa cultivar A13.1 isotig03798.Bibileaf mRNA sequence
AAATAAATATATGAATGGAAGAAGAGAAGTGAAGATTAATTAATATAAGAAAAGAAATGGTTGTTGAG

GTTCTTTGCAGCAACGCTCTTCATCCATTTCTGGTTTTTACCACAAAACCAACGCCGACGCCGACGCCCT
TCCCATTTCTTTTTCGGCGACTTTTCGATCCCCTTTTCGCTTCAAACGCCATCCATTCCCATTCTCTGAGCG
TCACTAATGAATCCCTCAATGTTATGATTTCTGGAGCTCCTGCTTCTGGTAAAGGAACTCAGTGCCACCT
CATCACCACAAGTACGGTTTTGGTTTCATATTGCTGCTGGAGATTTACTTAGGGCAGAAAATTGACACTGGA
AGTCAAAATGGACTCAGAGCCAAACAATTTATGGAGAAGGGACAGTTGGTACCTGATGAAATTGTTGTCA
TGATGGTTAAGGACCGTCTCTTGAAACCAGATTCCAAAGATAATGGATGGCTTTTGGATGGATATCCCAG
GAGCTTATCACAGGCCACTGCACTTAAGGCTCTTGGTTTTACCCCTCATATTTTTCTTCTCTAGAGGTT
TCTGAAGATGTTCTTGTTCGATAGAGTAGTTGGACGTAGATTAGATCCTGTTACTGGCAAGATATATCACT
TGAAGTATTCTCCTCCAGAGACACAAGAAATAGCTGCAAGGCTTACCCAACGCTTTGATGATACCGAAGA
AAAGGTCAAGTTACGATTGAACACCCATCATCAAAATGTGGAGTC

Trifolium tomentosum L.

>JX573067.1 *Trifolium tomentosum* voucher BS0260 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
TATAGATTGACTTATTATACTCCTGACTATGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAA
GTCCTCAACCTGGAGTTCCGCTGAAGAAGCAGGTGCAGCGGTAGCTGCCGAATCTTCCACTGGGACATG
GACAACTGTGTGGACCGATGGACTTACCAGTCTTGATCGTTATAAAGGACGCTGCTACCACATCGAACCT
GTTGCTGGAGAAGAGAGTCAATTTATTGCTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTTTGAAGAAGGTTCTG
TTACTAACATGTTTACCTCCATTGTAGGTAATGTATTTGGGTTCAAGGCCTTGCGTGCTCTACGTCTGGA
AGATTTGCGAATCCCCGTTGCTTATGTTAAACTTTTCAAGGTCCTCCTCACGGAATCCAAGTTGAGAGA
GATAAATTGAACAAATATGGACGTCCCTTATTGGGATGTACTATTAACCTAAATTTGGGTTTATCCGCTA
AAAATTATGGTAGAGCTGTTTATGAATGTCTA

Trifolium angustifolium L.

>HM851148.1 *Trifolium angustifolium* maturase K (matK) gene, partial cds;
chloroplast
TCTCAGATATAAGAATACCCTATCCTATCCATCTGGAAATCTTAGTTCAGATCCTTCGATACTGGGTGAA
AGATGCCCCCTTTTTTCATTTATTACGGTTGTTTCTTTATCATTTTTTGTAATTGGAATCGTTTTATTACT
ACCAAAAAATCGATTTCTCCTTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTCTATAATTTTTATG
TATGTGAATATGAATCTATCTTCCTTTTTTCTACGTAATAAATCCTCTCATTTACAATTAATAATCTTTTATG
CGTTTTTTTTAGAGCGAACTTTTTTTTTATGCAAAAAGAGAACATCTTGTAGAAGTTTTTGTAAAGGATTTT
TCGTATCCTTTACCATTCTTCAAGGATCCGAACATTCATTATATTAGATATCAAGGAAAATGCATTCTGG
CTTCAAAGAATGTGCCCTTTTTGATGAATAAATGGAAACACTATTTTATCCATTTATGGCAATGTTTTTT
TGATGTTTGGTCTCAACCAAGAACGATCAATATAAACCAATTATCTGAACATTCATTTTCAGCTTTTATGGC
TATTTTTCAAATGTGCGGCTAAATCGTTTCAGTGGTACGGAGTCAAATGTTGCAAAAATACATTTCTAATCG
AAATTGTTAGCAAAAATTTGATATAATAGTTCCAATTATTCCTCTAATTAGATCGTTGGCTAAAGCGAA
ATTTTGTAAATGTATTGGGGCCTCCCTTTGTAAGCCGGTCTGGGCCGATTTCATCCGATTTTGATATATT
GAGCGGTTTTTGCGAATATGCAGAAATCTTCTCATTATTACA

Trifolium arvense L.

>KX165855.1 *Trifolium arvense* voucher NMW4220 5.8S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
TGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGATGCCATTAGGTTGAGGGCACGT
CTGCCTGGGCGTACATATCGAAGCCTCTTGCCAATTTCTATTAATAGGTATGGTGCAGGATGATGTTG
GCCTCCCGTGAGCTCCATCGTCTCATGGTTGGTTGAAAATCGAGGCCTTGGTAGGGTGTGCCATGATAGA
TGGTGGATGTGTTACGCACGAGACCAATAATCATGTGCTGCTCTATTGAATTTAGCCTCTTTTACCCAC
ATGCGTTTTCTAAACGCTCGTGATGAGACCTCAGGTCAGGCGGGGCTACCCGCTGAATTTAAGCATATCAA
TAAGCGGAGGAAAAGAACTAACAAGGATTCCCTTAGTAACGGCGAGCGAACCAGGAGGAGCCACCATG
AGAATCGGTGCGCTTCGGCGTTTCGA

Anthyllis tetraphylla L.

>HM468314.1 *Tripodion tetraphyllum* 30S ribosomal protein S16 (rps16) gene,
intron and partial cds; chloroplast
GTGCGACTTGAAAGACGTGATTCGGATTAGCTGTGGATTCTGACATCCGCCATTTTTTCTAGTATATATT

AGTATATAGAAATCAGAAGTGCTCTTGGCTCGACATCGTTTGTCTATTCTACTAGAAATCCTTTGTTTTG
GGGATTCCTTGGAGAGGATTTGATGATGTAAATAGTACATGATGGAGCTCGAGTTGATTCATTTTTTCAGG
GGCAAGTATCTAAGGTTAGTGGAGATTAATAAGTTAGAATAAATTCGTAAGTATACTTTTGATAGAGAAT
TTGAAAGGATCAAATTCGAGCACGGTTCAAAAGAGTCAAAATTTGTAGGAATTGGTAAAACTTTTTTGGAC
CAAAAGTGTATCCTATGGGAATAAGATTCACCTTTTTATTTATATGATTCTTTTAGATAAAAGAAAAAATGG
TATGTTGCTGCCATTTTTTGAACGATTAAGATCCCGAAGTAATGTCTAAACCCAATGATTCAAAAGAAA
AGCTAAATGATTCTGGAACAAGTAAATACCATTTCAAATTGTCTCACCAATTCTAGTCGACTGAAGAAA
AAAAATAGGTTCTAAAAAAGACGGGCAAGAAAAGGGGCGAGAGACCGCTCAGTAAATGAAATACCTTAT
TGTTTTTCAATTTGAGTTAGTTGAAAGTTATCCAATTTGAGGTATGGGTTGCAAGTACGAAGAGTTTTTT
TTTTTTTTTGGAAAAAAGAAAAGAAAATACCCGAAACCCCTAGTCTAATTGATTGATAATTTTATG
GATCTATTNGACATCATAATTTTATACATAAAACATAATTTTCAATTTTAGCGAGCCGTACGAGGATAAAA
CTTCTTATACGTTTCTAGGGGGGTGTGTTGTTTCATCTATATCTATCCCAATGAGCTGTTT

Anthyllis vulneraria L.

>KY697485.1 *Anthyllis vulneraria* tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast

CGAAATCGGGTAGACGCTACGGACTTAATTGTATTGAGCCTTGGTATGGAAACTTAACAAGTGAAAACCTT
TCAAATTCAGAGAAACCCTGGAATTCACAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCTGCTTTATGAAAACATGG
GAAAGTTCAGTTCAGAAAGCGACGAGAAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAACGGAAAGCTGTTCTAACAA
ATGGAGTTGACGACACGTTTCTTTTCCATGTAGAAATCTTTTTTATCAAAATTCGAGTTCGGGAAGGGAT
TGAGGATAAAAAACAGATATATATATATGTAGAAGACTCTAATATTTATTTCGATTTGTGAATATTTCCGT
CTCAAATGATGGATGTTAAAAAATCAAATTCAAAGTTAAAGAAAAATAGAATATTCATTGATCAAATC
ATTCACTCCATCGTAGTTCTGATAGATCTTTTGAAGAAGAACTAATCAAACGAGAATAAAGATAGAGTCCC
ATTCTACATGTCAATACGACACTAATGAAATTTTGTAGTAAGAGGAAAATCCGTGCAATTTAAAAATCGTG
AGGGTTCAAGTCCC

Vicia sicula

>JX506286.1 *Vicia sicula* isolate HS876 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGATGCCTTACATGCAGTCCGACACGTGAATCAGTTTGAACACATACGGTGGACTTGAGGTGTTCAACA
CCTCGGCCCGCCTCTGGTTTCGGAGGAGGACGACGAAGTGCCTTCTGCTACGAGCCAAAACCTCAAACCCCG
GCGCCGAATGCGTCAAGGAATTAATAATTTTGTCTGAGCGCACCTGCATGGCACTGGAGACGGTTTTTCGT
GCGGGTTGTGTTTTGACACTTGATATAGAATGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTTGCATCGATGA
AGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAA
GTTGCGCCCGATGCCATTAGGTTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACATATCGAAGCCTCCTGCCAAT
TCTCTTTGACTATTGTGCAGGGTGGATGTTGGCTTCCCGTGAGCTCTTTCGTCTCATGGTTGGTTGAAAA
TTGAGACCTTGGTAGGGTGTGCCATGATAGATGGTGGCTGTGTGTTCCACGAGACCAATCATGCGCTTCT
CTATTGAATTTGGCCTCTTTTACCCATATGCGTTTTCTAA

Erodium guttatum

>EF185344.1 *Erodium guttatum* internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAACCCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAACYCGTTATCCAACCTCGGGGATCGGGGGCACTCGTGCCC
GTCGAACCCCGATGCCGTGCRGGAAGGGCGTCAGCCCGGCCGACACGGCAAACAACGTACCCCGGSGCGG
CATGCGCCAAGGAATCSAAACGAAGAAACGCACGCCGTCCGACCCGTTTCGCGGAAGTCGACGGCAGCGC
GGTCTTCCACTGTATACAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAG
CGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCC
GAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCGCTCCGTGCGCCCCGAACCCCGAACCCCC
CTCGTGGTGGCCCGGMVCTTGCGGTGC GGATATTGGTCTCCCGTGGGCACGTCCCGCGGCTGGCATAAAA
AGCGAGTCCCGTGTGCACCAAGCCACGGCCGACGGTGGTTGAGAAGCCTTCGGAAATGAGCCGTGGTTCAG
GTCGCCCCGCTYTTGGGACCCYGTGACCCTTGC GCGACTTCTCCCCTYGGGGGAAGGAGCTCACCT

Erodium moschatum

>KX824069.1 *Erodium moschatum* clone 2 NADH dehydrogenase subunit 1 (nad1) gene, exon 2 and partial cds; mitochondrial
GGAGCCGTAAGCGCGGTGGGGGGTGAGAGAGGACGTGCTCGTACGGTTCATAGAAGGCTCTGAAAGAGTC
GTTGATTGTTGAGAACTTTCACTGCTCTATATTCGAAATATGCCTTTCTAGGAGCATTACGATCTGCAGC
TCAAATGGTCTCTTATGAAGTATCCATTGGTCTTATTCTTATTACTGTACTAATATGTGTAGGTTCTTGT
AATTTGAGTGAGATTGTCATGGCGCAAAGCAGATATGGTTCGGTATTCCTTGTCCCTGTATTGGTTA
TGTTCTTTATTTCTTGTCTAGCAGAAACGAATCGAGCTCCCTTTGATCTTCCAGAAGCGGAAGCTGAATT
AGTTGCAGGCTATAATGTAGAATATTCCTCAATGGGGTTTGCTCTTTTTTTTTTTGGGAGAGTATGCCAAT
ATGATCTTAATGAGTAGTCTATGCACATTGCTCTTTCTAGGAGGTTGGCTGCCTATCCTAGATCTTCCCA
TTTTACAGAAGATCCCCGGCTCGATCTGGTTTTAGTATCAAGGTGATTCTCTTTCTCTTTCTATATATATG
GGTCCGTGCAGCATTTCACGATATCGTTATGATCAATTAATGGGACTTGGATGGAAAAGTCTTCTTGCCT
CTATCATTAGCTCGGGTAGTCGCCGTTTCTGGTCTTTTAGTCACCTTTTCGATGGCTTCCTTAA

Oxalis corniculata L.

>KX397878.1 *Oxalis corniculata* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
TTGACTTATTATACTCCTGAGTATGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTC
AACCTGGAGTTCCCTCCTGAGGAAGCTGGGGCAGCGGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGGTACATGGACAAC
TGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCTGTTCTC
GGAGAAGAAAGTCAATTTATTGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTA
ACATGTTTACTTCCATTGTGGGTAATGTGTTTGGGTTCAAGGCCCTGCGGGCTTACGTTTGGAGGATTT
GCGAATCCCTCCTGCTTATACTAAAACTTTTCAAGGCCCGCCTCATGGTATTCAGGTTGAGAGAGATAAG
TTGAACAAGTACGGCCGCCCTTATTGGGATGTACTATTAAACCTAAATTGGGGTTATCCGCTAAGAATT
ACGGTAGAGCAGTTTATGAATGTCTCC

Linum strictum L.

>GQ845289.1 *Linum strictum* bio-material TMP 1213 tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and PSII 32 kDa protein (psbA) gene, partial cds; chloroplast
CGCGCATGGTGGATTACAAATCCACTGCCTTGATCCACTTGGCTACATCCGCCCTACAACCAACCACGT
TTACAGATTGCAAAGATTCAAATTCGTAACATCCGCTAGTATATTTTATCTTTCCCTGCTTTCAAATATCG
AAAATCTCTATTATATAGACAGATATATAGAGAATAGAAATAATGGAATAACCTAAAAACCTCAAATAG
TGAATAATAAACCAATTTAAAAAATGACTTTTTCTGATTTTTCTGATGTTCCGTTATACGATAGTATAGT
CAAATTTACTAAAAACAGACCAATACCAAACCTCTTGCTAAAAACAAGAAATTTGGCATTGGTCTGTTCTC
TTTGTTTTTCAAATAATATGAATATTACGTAACCTTATCCATTTGAAGATGGAGCTTCAACAGCAGCT
AGGTCTAGAGGGAAATTATGAGCATTACGTTTCATGCATAAC

Linum usitatissimum L.

>AY780204.1 *Linum usitatissimum* glucanase gene, partial cds
TATGGTACCAACAGGGCGGAGAGGTAGGTCTCAAAGTCCGATTCGGCATCAACGGCGTCCCTTTCCCGG
AGTTCACATGCTTACCACGTTCCCGTTATACGACAGCGCATTCTCCAAGCTAATACCGGGCTGGTTCGG
GTCACCCGCCGACGGCCAACCCGCTCTCCCAATCACAATTTCAACATCCTCTTCATACCCCTTTCCAAGC
TTCTTCATCGAGGAATAAACCGCATCCATCTGCTCGTCAAACATATTCGTGTAATTTATCCCGTATGCT
TATCGTACAGCCCTTTACTCGGCCGGAATACGGCGTAATCCTTCACCTCGTCCCGGTACCCGAAGAACGG
GTACGGGTTACCATAAACGGGGTCTTCGTCCGGCGGTGGAAGTCCAGGATCGGCTCGAGGATCTCCCGG
TCGAATTTCTTGAACACCCAGTGCTGGGAGGCTCCGACGCGCGGAGGAACGAGAGCGCGTGGGGAGTTG
TAACCTTGATATCCGTGAGATTCGCTAACTGCAAGGCGTGGTGCACGGTCTTCATCGCCGGGAGGGTGTA
TGCAATTACGTTCTGTCCTTCCAGTAAAGGACCTCATTCCCCACCGCTATATACTTGAGGATCCATA

Ruta chalepensis L.

>EF489049.1 *Ruta chalepensis* voucher G.Salvo 1 (Z) maturase K (matk) gene, complete cds; chloroplast
ATGGAGGAATTTCAAGTATATTTGAACTCGATAGATCGCAACAACACAATTTCTTATACCCACTTCTTT

TTCCGGGAGTATATTTATGCGCTTGCTCATGATCATGGTTTAAATAGCTCGATGATGTCATCGGAAAGTGG
GGTTTATGACAATAAATCTAGTTCACTAAGTGTGAAACGTTTAACTACTCGAATGTATCAGCGGATTCAG
TTGCGTATTGCTGCTAATGATTCTAACCAAAATCCCATTTTTGGGCACAACAATCTGTTGTATTCTCAA
TTCTATCAGAAGGATTTGCTGTGCTGGTGGAAATTCATTTTTCCCTACGGTTGGTATCTTTTTTAGAAGG
GAAAGAAATTGACAAATTTTCATAATTTTCAATCAATTCATTCAATATTTCCTTTTTTCGAGGACAAATTG
TTACATTTAAATTATGTGTTAGATGTACGAATACCCACCCCATTTGTCCCGAAATTTTGGTTCAAATAC
TTCGCTACTGGGTAAAGGATGCCTCTTCTTTACATTTATTACGGTTCGTTCTTCACGAGTATTTAATTC
GAACAGCCTTATTATTCCAAAAAATTTGAGTTCTGTTTTTTTTAAAAAGTAATCCAAGATTGTTATTGTTT
CTATATAATTTCTCATGTATATGAATATGAATCTATCTCTTTTTTCTCTGTAACCAATCGTCTCATTTAC
GATCAACATCCTCTCGAGCCCTCGTTGAACGAATGTATTTATATAGAAAAGTCGAACATCTTTTCGAAGT
CTTTGCTAAAATTTTTCAGGACATCTTAGGTTTGTTC AAGGATCCTTGCATGCATTATGTTAGATATCAA
GGAAAATCCATTCTGGCGTCAAAGATAGGCCTCTTCTGATGACTAAATGGCAATATTACCTTTTTCAGTT
TATGGCAATGGCATTTCACATATCATCTCAATCTGGAAAGGTTTCATCTAAAGCACTTAGACAAGTACTC
TATCAACTTTCTGGGCTATCTTTCCAGTGTGCAACTCAATTTTGGTGGTACGGAGTCGAATGCTAGAA
AATGCATTTCTAATAGGTAATTTCTCTGAAGAAGGTCGATACGATGGTTCCAATTATTCATCTGATTGGAG
CATTGACTAAGGCGAGGTTTTGTAAATGCATTAGGGCATCCCATCAGTAAGTCGTCTGGGCCGATTTCTC
TGATTCTCATCTTATCGACCAGTTTGTGCGTATATGCAGAAATCTTCTCATTATCATAGCGGATCCTCA
AAAAAAAANGTTTTGTATCGAATAAAATATATACTTCGCCTTTCTTGTGTTAAAAGTTTGGTTTCGTAAAC
ATAAAAGTACTGTACGCGCTTTTTTAAAAAGATCAGGTTTCGGAATTTTTGGAAGAATTCCTTATGGAGGA
AGAACACGTTCTTTCTTTAATCTTTCCAAGGGCTTCGTCTACTTCGCGGGGGTTCTATAGAGGGCAGATT
TGGTATTTGGATATTTTTTTTTATCAACGATCTGGTTAATTATGACTGA

Euphorbia dendroides

>HQ900599.1 *Euphorbia dendroides* voucher Barres 26 & Mameli (BC) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAACCTGCCAGCAGAACGACCCGCAACGTGTTTATAAACAGAGGGATTGCCGTCGGATTTCGTCCG
GAGTCGGTCCCTCGTCGGGGCCGGGCGGAGGAAGCGGGAGCTTTGCTCCCGCAGCCCTCGTCCGCAGCC
TCATAACAAAACCCCGCGCCGAACGCGCAAGGAATCGATAACGAAAAGATCGCACGCCCCGAGCGCCC
CGGAAACGGTGAAGTGAAGGAGGCGTAGCGCTTTGAGAACAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGG
CTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGGATCCCGGAACCATCG
AGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCTTTTGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTCACTCAATCG
TCGCCCCCGCCACATTCCTTTTCGAGGGATGCGGGCGGGACGGAAGCTGGCCACCCGTGGACTTATATCC
GCGGTTGGCCAAATGCCCGGTTCATCGGCAGCTACGCCGCGACAATCGGTGGTTGTAAGACCCCTCGCTAA
TCGTTGTGCGCCTCGGCTGTCCGTGCGGACCGATAAGACCCCCGAAGCGTGCCTTAGGGCGCGCTCGCACT
GC

Euphorbia peplis L.

>HQ650999.1 *Euphorbia peplis* voucher Riina, R. 1566 (MICH) embryo defective 2765 (EMB2765) pseudogene, EMB2765-1 allele, exon 9 and partial sequence

TGAAAGTGTGTCCTAGCATAAACTACTCTGGAGAAGGTTGTCTGGCTCTTCCAAAATTAATCTGCAA
TTTTTACTCTCCATGATTATCTTCTTAGAACTTCAATCTCTTCCGGCTCGAATCAACATATGAGATCC
GTGAAGATATTCAGGAAGCTGTTCCCTCATCTCCTTGCTACATTAATAATGAAGGAGAAAACCGCATTTTCG
TGGCTGGTCAAGGATGGCTGTGCCTATTAGAGAATTCAGAATCAGTGAGGTCAAACAGCCAAATATTGGT
GAAGTCAAACCATCTTCTGTTACTGCAGAAGTTACCTTTAGCATTTCCAGTTATAAAGCACAGATAAGAT
CAGAATGGGACTCCTTTAAAGAACACGATGTTTTGTTCTGCTTTCAATATGTCCTTCATTTGAGCCTCT
TAGTGCTGAAGAAGCTGCAAAGGCTACTGTGCCTCAAAGGCTGGGTCTTCAATATGTTGAGGATGTGAA
GTAATTGAGATTCGTGAGGAAGAGGGATCGCTCATGAATGATTTACCCGGAAGAGTGAAGAGGGATGAAT
GGAAACCACAAAAGGTGAACTCAGGACTGACTGTAGCTTTAGATACTGCACAGTACCACAAGGATGTGA
TATAGCAGAGAAAGGTGCAAGATGTTTATGGTTTCAATATTTTTATGAGGAGGACACCTAAGGAA
ATTAATTTCAAAGCAATCTGGAATCCATAAGGGATCTCATGAATGAATATTGTATCGTT

Euphorbia nicaensis (*Malva nicaensis*)

>AH010174.2 *Malva nicaensis* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA genes, and internal transcribed spacer 2, partial sequence
CGGAAGGATCATTGTGCGAAACCTGCCTAGCAGAACGACCCGCGAACGTGTTATCGAACAACCGATCGAGG
GGGTGCGGATGCGTCCCTTGCCCCGAGCCCCCTCGATGCCTCGGCGCGCCGAGCCTTGCCGCATCCGTCCCT
CGGGCGGTGTCCCGGGTTTCGTGCTGCTCCGAGGCAAAACGAACAACCCCGGGCGGAATCGCGTCAAG
GAATAAAAAATGAAAAGAGTGCCTGTTTCGTTGCTGATGGCAGCGAGGGCGTCACTCTCGTCTGAAAA
TTNN
NN
ATTGCGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCTTTAGGCCGAGGCACG
TCTGCCTGGGTGTCACGCATCGTGCCTCCGTCGCAACCCCGAGCCCTCGGGCCGGGATCGACGCGCGGGC
GGAAATTGGCCTCCCGTGCACACCGCTCGCGGTTGGTCTAAATTCGAGTCTCGGCGATGAAGCGCCG
CGACGATCGGTGGGAACGCCTTTGGCTGCCTCGTTCCGAGTGCAGCGCGCTCGTTCGATCGGGACGCTTTC
GACCCCTTAAGGCATCGCGACGTCGATGCTCGCATCGCGACCCAGGTCAGGCGGGATCACCCGCTGAG

Euphorbia paralias L.

>HQ900641.1 *Euphorbia paralias* voucher Molero 6_2008 (BCN) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TCGAAACCTGCGAAGCAGAACGACCCGCGAACTAGTTCATAACTTAAAAAAGGGGGATCGTTGCTCCGGC
GTCGATCTCTCGTCCGGGCTCGGGCGGAGACGCACTCGTGCCTTCCGTCCGTGGCCTCATAACAAAAACC
CGGCGCCGAACGCGCAAGGAATCGAAAACGAAAAGACGCGGGCCCGATGCGGCCACGCGCTTTGATA
ATCTAAACGACTCTCGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGACGCGAAATGCGATACT
TGTTGTGAATTCAGGATCCCGCGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCTTCTGGCC
GAGGGCAGCTCTGCCTGGGTGTCACCTCAATCGTCCGCCCCCGCCATCCCTTAACTTATAAAAAAGCGA
AAGGGCGCGGGCGGACGGAAGCTGGCCTCCCGTGGGCTCTCGCCACGCGGTTGGCCCCAAATGCCCGGTC
CTCGGCGTCCGCGCCGCGACAATCGGTGGTTGCAAGGCCCTCGCTAGTTCGTCGCGCGGACCG

Rhamnus lycioides L.

>KR083400.1 *Rhamnus lycioides* voucher Villaret s.n. trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
CCAAGKGRtarctttCAAATTCAGAGRAACCCTGGAATTA AAAACGGRCawTcckGAGCCAAATCCSGTT
TTYTGAAAACAACAAGGTTTCAGAAAGCGATAATAAAAARGGATGGKGCAGAGACTCAATGGAAGTTGT
TYTAACAAATGGAGTKGGCCACGATGCGTTAGTAAAGGACTCCTTCCATCGAAACTCCAGAAAGTATGAA
GAATAAACGTATATATACGTACTGAAATACTATCTCCAAACCAAATGATTAATGACGACCCGAATYATAT
AAAAATGAAAGAATTGGTGTGAATCGATTCCAAGTTGAAAACAGAATGGAATATTCATTGATCAAATCA
TTTACTCCATCGTAATTTGATAGATAGATCTTTTGAAGAATTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAG
TCCC GTTCTACATGTCAATATCGACAACAATGCAATTTATAGTAAAAGGAAAATCCKTCGACTTTRAAA
TSKTRAKGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAAGTCCCATTGGATTCCCTAATTATTTATCTATGCTCT
CATTTCTGTTAACGGTTCCAAATTCGTTATGTTTCTCATTCTACTCTTTTAGTTTACAAATGGTAAT
GGTCTGAGCGGAAATTTTTTTTACAAAGCCTTGTGATATATAGGATACACGTACAAATGAACATCG
TTGGGACGTAACCTGATTGTAATTTGTAATGTAATTAACAATACATATTCTTACTTGTATTGTACTGAAA
CGTACAAAGTCTTCTTTTTGAAGATCCAAGAAATTCACCAAGACCTGGATAAGGCTTTGTAATCCCTTT
TTCGTCTTTTTTATTGACATAGAACCAAGTCTCTATTA AAAATGAGGATGGTGCCTCGTGAATGGTCGGG
ATAGCTCAGCTGGTAGAGCAGAGGACTGAAAATCCTCGTGTACCAGTTCAAAT

Althaea hirsuta L.

>EU346794.1 *Althaea hirsuta* tRNA-Lys (trnK) gene, intron; and maturase K (matK) gene, complete cds; chloroplast
TCTAACCGTCTTCTTATCTTATCCTATAACGAACATAAATCAATTAGATGGCAAAAAGATAGGATAGAGAA
TCCGTTGATGAATCTACTTGTCTCCGAGGTATCTGTTCTTTTCTTACTAAAATACCTTGTFTTTGACTGTA
TCGCACTATGTATCATTAAATAACCGAATAGATCCCCTATCTTTGGTTCAAATCGAATTTGAAATGGAGG
AAGTTCAAGTATATTTAGAACTAAATAGATCTCGCCGACATGATTTCTATAACCACTTATTTTTCGGGA
GTATATTTATGCACTTGCTCATGATCATGGTTTAAATAAATCGATGGTTTTTTTTGGAAAATAGGGATTAT
CGTAATAAATTCAGTTCACTAATTGTGAAACGCTTAATTATTTCGAATGGATCAACAGAATCATTGAGTA
TTTCTGCTAATGATTCTAACCAAAATCCATTTTTTTGGGCACAACAATAATTTGTATTCTCAAATGATATC
GGCGGGATTTGGAGTCATTGTGGAAATTCATTTTTCTTACGATTAGTATCTTACTCACAAGGGGAAGAA

GTCGCAAAATCTCATAATTTACAATCAATTCATTCATATTTCCCTTTTTTCGAGGACAAATCTCGCATTT
TAAATTATGTGTTAGAGGTACTAATACCTCATCCCATCCATCTAGAAATCTTAGTTCAAGCCCTTCGCTA
CTGGGTAAAAGATGCTTCTTCTTTGCATTTATTACGGTTCTCTCTACGAGTATTGTAATTCGAAGAGT
TTTATTACTCCAAAGAAATCTATTTTCGATTTTTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTATATAAATCTCATG
CATGTGAATACGAGTCCATTTTTCTTTTTCTCCGTAATCAATCTTCTCATTTACGATCAACATCTTCTGG
AGTTTTTCTTGAACGAATTCATTTCTATGGAAAAATAGAGTATCTTGTAGAAGTCTTTTATAATGATTTT
CAGACCAACCTATGGTTGTTCAAAGACCCTTTGATCCATTTTATTAGGTATCAAGGAAAGTCAATTTTGG
CCTCAAAAGATACGTCTCTTCTGATGAATAAGTGGAAATATTACTTTGTTCGATTTATGGCAATATTATTT
TTACATGTGGACTCAATCAGGAAGAGTCCGTATAAATCAATTATCTAAATATTCTCTCGACTTTCTGGGC
TATTTTTCAAGGGTGCATTAATCCTTTCAGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTATAATAG
ATAATCCTATGAAGACGTTGGATACAAGAATTCCAATCATTCTCTTATTGGATCATTGTCTAAGGCAAA
ATTTTGTAAACACATTAGGGCATCCATTACTAAGCCGACGTGGGCGGATTCCCTCCGATTCTGATATTATT
GACCGATTTGTGCGTATATGCAGAAATCTTCTCATTATCACAGTGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTTTGT
ATCGAATAAAATATATACTTCGGTTTTCTTGTGTTAAAACCTTTGGCCCGTAAACACAAAAGTACTGTACG
TGCTTTTTTGAAGAGATTAGGTTCCGGAATTTTTGGAAGAATCTTTACGAAACGGAAGAAGACCATGTT
TTTTCTTTGATCTTTCCAAAAGGTTTTTTTACTTTGCGAAAGTTCTATCGGGGACGAATTTGGTATTTGG
ATATTATTTGTATCAATGCTCTGGTCAATCATGACTGATTGGTTATGAAATTATGTAATTTTATTAATA
TAATAAAATTCAAATAATAAATCAAATGATAATTTTTCCGAAATGATGAAGAGATAACAAACGAATTC
ATTTCTAGTATTAATGTTTCATGCAGTAAGAATAAGAGGGGATTGGCCGAGTATTCCACTTTTTTTTCGA
GTCCTGTTTAGGGAATAAACAGGGTTTTTAGA

Malva sylvestris L.

>GQ248155.1 *Malva sylvestris* voucher Kress 06-8168 maturase K (matk) gene,
partial cds; chloroplast

CTTCTTCTTTGCATTTATTACGGTTCTCTCTCTACGAGTATTGTAATTCGAAGAGTTTTTATTACTCCAAA
GAAATCTATTTTCGATTTTTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTATATAAATCTCATGCATGTGAATACGAG
TCCATTTTTCTTTTTCTCCGTAATCAATCTTCTCATTTACGATCAACATCTTCTGGAGTTTTTCTTGAAC
GAATTCATTTCTATGGAAAAATAGAGTATCTTGTAGAAGTCTTTTATAATGATTTTCAGACCAACCTATG
GTTGTTCAAAGACCCTTTGATCCATTTTATTAGGTATCAAGGAAAGTCAATTTTGGCCTCAAAAAGATACG
TCTCTTCTGATGAATAAGTGGAAATATTACTTTGTTCGATTTATGGCAATATTATTTTTACATGTGGACTC
AATCAGGAAGAGTCCGTATAAATCAATTATCTAAATATTCTCTCGACTTTCTGGGCTATCTTTCAGGTGT
GCGATTAATCCTTTCAGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTATAATAGATAATCCTATGAAG
ACGTTGGATACAAGAATTCCAATTATTTCTCTTATTGGATCATTGTCTAAGGCAAAAATTTGTAACACAT
TAGGGCATCCATTACTAAGCCGACGTGGGCGGATTCCCTCCGATTCTGATATTATTGACCGATTTGTGCG
TATATGCAGAAATCTTCTCATTATCACAGCGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTTTGTATCGAATAAAATAT

Daphne gnidium L.

>GQ167393.2 *Daphne gnidium* isolate DG50_CAZ NADH dehydrogenase subunit F
(ndhF) gene, partial cds; chloroplast

ATTAATTTTAAAAATTACAGTGGAAAAAAAAGTAGTTTATTTTATTCAATAAAAATTATGGGGTAAAGAAG
AGGAAAAAACGATTAACAGAAATTTTCTTTATTCTCTTTATTAACAACCTAATAATAACCAACATACTTT
TTTGTTTTGGAGAAGCCATATGAAATTCGGAGTAAAGTCAAAAAGGGAGGCTCTTCTGACTATTACTCAT
TTTGAATCTAATAAACTTTTTATTATCCTCATGAATCGGATAATACTATGCTATTTTCTATCCTTTTAT
TAGTTCTATTTACTCTCTTTATTGGAGTTATAGGAATTCCTTTCAATCAACAAGAAATTCATTTAGATAT
ATTATCTAAATTGTTAACTCCAGCTATTGATCTTTTACATCAAAAATTCAAAAGATTCTGTAGATTGGTAT
GAATTTTTTCACAAATGGAATTTTTTTCAGTTCAGTATAGCTTTTTTTTGGAAATTTTATAGCATCCTTTTAT
ATAATCCTTTTTATTTCGTCTTTACAAAATTTGAACCTCTTTAATTTTTTTTGTGAAAAGAGGACCTAATAG
AAAAATTTGGGACAAAATAATCAATTTTTTATATAATTGGTCATATAATCGTGCTTATATAGATAGTTTT
TATGACATGTCCTTAACAAAACACTACAAGACGATTATCTGAACTAACCGAATTTTTTGTATAGCGAACTA
TTGATGGAATTCTAAATGGGTTAGGCATTTCTGTTTTTTAATAGGAGAAGGTATCAA

Eryngium maritimum L.

>GU186915.1 *Eryngium maritimum* RpoB (rpoB) gene, partial cds; and rpoB-trnC intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
CATTCCCTCATTTCGGTCTCGGAGCATTTCATTTCCATTTATCAAAAAATCCCATTCTTCGCTCATT
CTTCATGGAATCATATATATGATCTAGCAATGATGGAATTTTATTCTGTTTACTGAATCACATGAAAT
TAACACAACCTCCATATCTGGAATAGAATGTATGAAATACGTATGAACGGAGGAATAAAGAAAAATTTCTA
CTCAAATTCGAATTTGAGAAACAGATACAAATGGAAAGGAATTGAGAAAAACAATCTAGAAAAAGAATTC
TGCCACTTGGGCTTACTATATTATGGAATTTTGTAGAGAATATCAAAAGAGATTCCATTTCTACCATTAT
TATGATATTAATATTACATAGTCCAATCTGCTTGAATACCAGAAAACTCAAAGGATTGAGCAGTTTATC
TTTTCGCTAAGATAAAAAACATAAACTCAGAAACAATAGAGAGTGGATTCTTTAGTACTAAATCACTTTT
AGAGATTCCATTGTTAAAAAAAAGGATTCACAGAGAAGAGAGGCATTTTTTACCTATTTTTTTTAGTAAAT
TTTTAGCATACGGGGGGGATTGTGAAGTGTATAAGAGGGGTTGTATTTTTTTATTAATAGGTACAGGCA
AATATAGATATATCTATAGACCTTTTCCTTTATTG

Eryngium tricuspdatum L.

>HE603094.1 *Eryngium tricuspdatum* partial rpoC1 gene for RNA polymerase C, specimen voucher Jury, SL. 20881
ACGGGTCGATTATTCAGGGCGTTCCGTGATTGTGCTGGGCCCTCACTTTCATTACATCAATGCGGATTG
CCCCGCGAAATAGCAATAGAGCTTTTCCAGACATTTGTAATTCGTGGTCTAATTAGACAACATCTTGCC
CGAATATAGGAGTTGCTAAGAGTAAAATTCGGGAAAAAAAACCGATTGTATGGGAAATACTTCGGGAA
TATGCAGGGGCATCCTGTATTGCTAAATAGAGCACCTACTCTGCATAGATTAGGTATACAGGCATTCCAG
CCTGTTTTAGTGAAGGTCGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTTCGTAAAGGATTCAATGCAGACTTTG
ACGGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTGCCTTTATCTTTTGGAGCTCAAGCGGAAGCACGTTTACTTATGTT
TTCTCATATTAACCTTTTATCTCCGGCGA

Daucus carota L.

>KC526455.1 *Daucus carota* L. subsp. maximus (Desf.) Ball photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
TGTTATGCATGAACGTAATGCTCATAACTTCCCTCTAGACTTAGCTGCTGTTGAAGCTCCATCTACAAAT
GGGTAAGGCCGGGTCTTAGTCTATACGAGTTTTTGAATATTAATAAAGGAGCAATAACCTCTTTCTTGT
TCTATCAAGAGGCGGTCTTGCTCCTTTTTTATTTATTTAAGACTTTTTTAGATAAACAAATATTTTTGAA
TGATCAAAAAGGAATCCTTTTGAATGCAATAAATAAAGAAAACTGGCGGGGCGGATGTAGCCAAGTGG
ATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCACCATGCGCGA

Ammoides verticillata (*Erica verticillata*)

>KU832566.1 *Erica verticillata* isolate verticillata_ANA 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
GATCGCGGCGACGTGGGCGGTTGCTGCGGCGACGTGCGGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTFTAGAG
GAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCAAAACTTGACATCTA
GAAAACCTCGTGAACCTGTTTATAAGGAATGGGGAATGCATTGGTTTGGCCAGTGCCTCTCCTTTTTCTT
TCCCCTCACGAGCAGACGTGCCTGGAGCTTTTCAGGCGACGTGTTGCTGCTGTTGCAACAACGAACCCC
GGCGCAAATCGTGCCAAGGATAATGAAATGAGTTTGTGCATGCATATCCCTACCCGTCTACGGGTGGCGT
TGGCTTGCACATCTTTTGTATAACTAAATGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTTGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCCTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
TGCGCCTGAAGCCATCAGGTTGAAGGCACGTCTGCTTGGGCGTCACGCATTGCGTCACTCACTCACCCCG
TGCTCATTGGGCGGGTAAGTGCCTGGGCGGATATTGGCCCCCGTTTACATTTGTGCTCGGTTGGCCT
AAAAATAATGTCCCTGATGATGGACATCACAACAAGTGGTGGTTGCCAAACTGTGCGGACACGTTGTGCA
TGCTACTCTGTGATGGTTGGGCTCATAGACCTTAAAGTCCATCGAACTTGGTACCTCAACTGCGACCCC
AGGTCAGGCGGGATTACCCGCTGAGTTTAAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAAGAACTTACAAGGATTC
CCCTA

Ammi visnaga

>KJ473935.1 UNVERIFIED: Ammi visnaga voucher 151JESOGA ribosomal protein S16 (rps16) gene, intron; chloroplast
GGTGTCTCTTGACCCGACATCTGTTCTGTTTTACTAGAAATCCGTTAGGTTGTAATGAATATAGTACATGA
TGGAGCTCGGGTAGAAAAGTATGGATTTCATCTTTTCAGGGGGCAAGAATCTAGGGTTAATACCAATCAATAA
ATTGGAACAACCTCGTAAGTATATCAATATATAAATTGAAAGGATCCGATTCAGTCAAGTTTTTAATTCA
AAAGTAAAATTTGTTGAAATTGAAAAAGTCTTTTCGATTCAAAGTGTATCGAGCGGGAATCGAGCGTTTA
TATGATTTCTTTGATAGAAAAGAAATCACAAAAGGGGTATGTTGCTGCCATTTTGTAAAGGATTAAGAAGCAC
CGAAGTAATGTCTAAACCCACTGATTTAAAACAAGAAAAGGATCCCAGAACAAGGAAACACCGCAATTG
TCTCAATAACTGGATAATAATAAAGATTAAATGAGACAAAACAAGAGGGGGTTAAAGACCATTCAAAAAA
AAAATGAAATAAATTGCCGAAATATTTTTTTCTTTTTAAGCTATTTGAGAATTATCCAACCTTGAGTTATGG
GTACAAATGATTTTTTATTTTTTCAGGAAGGAGGGAATAAATTAGTTAAATCCCATTTCTAATTTATTTTTA
TCAACTCCTTTTGCCATTAATTATAATTCTATACGTAGAACAAAACCTCCAAATCATTTTTTCTCGAGCC
GTACGAGGAGAAAACTTTCTTATACGTTTCTAGGGGGGGTTTTGTTCAATTTACTTAGATCTATCCCAA
TGAGCCGTCTATCGAATCGTTGCAATTGATGTTTCGATCCCAGAGAAGGAAGAAGATCTTCGGAACGTA
GGTTT

Cistus ladaniferus L. (*Cistus creticus*)

>FG347260.1 CT2144 Cistus creticus trichome library, Clontech Cistus creticus subsp. creticus cDNA clone ANT593_P33H01_3245 5', mRNA sequence
GGGGTAATCGAGCGCGGAAGTGAATTCGAAATCCATTCCGTTTCGGAGCACCGACCCTGCCTTCTCCATT
TGCTACTACTACTGATACCGTGTCCAGAACCTGCTCACTCTGCACCGTTTCCATGGCGAGAACCAAGCAT
ACGGCTGCAAGAACACGCCGCCGTGCATCTGTGGCCGGAGGACCGTCCACGCCGCCATCAGCTCCACCTC
GGAGTCCGGCATCTCCTGCGAGTGCAAGGAGAACGACAAGAAATACTCCATCCGGAACGAAAAAGAAA
GAAACCCCATCGTTTCAGACCTGGAACCTGTGGCTCTTAGAGAGATAAGGCGTTACCAGAAAAGCTGCGAT
AACCTGATCCCTCAAATCAGCTTCATCAGATTAGTAAGGGAAATTAAGTGGCCTTTTTGGCCCCAAGAAGCG
TTAGTCACTGGACACATGAAGCT

Cistus villosus L. *Dikerogammarus villosus*

>GF112181.1 Dv6-GQL0M Microsatellite Dikerogammarus villosus enriched partial genomic library Dikerogammarus villosus STS genomic, sequence tagged site
AGTCACCCAATCACACACGCCGCTGGCTTGCTCCATATCCGTGCTTCCTGTAAACCATCTCCCACGAAC
ACCGATTTTCATTGCTCTTAAGCCTTGTTTCCCGGTCACCCTATAACGAACACTGCCTATGTTTCCCCAAA
TCCTTGATTTCTTTCACCCTCCTACACAAACCTCCTGAGATACTCTAAATCCTTGCTTCCAATTCACC
TTTACACACACACACATCATGAGTTGTTACAAATCTTATCTTCTTAGCAATCCTATCATACTCACCACC
TGAGTTGCCCTAAATCCTTGCTTCTTAGTCACTCTGCCACACACACACCTAC

Cistus monspeliensis L.

>FJ225881.1 Cistus monspeliensis voucher 35BGA04 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
GGTGTGAAAGAGTATAAATTGACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAG
CATTCCGAGTAACACCGCAACCCGGAGTTCCCTCCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCTGAATCTTC
TACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGACGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAAGGCCGATGCTAC
CACATCGAGCCCCTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATATGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTG
AAGAGGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTGGGGAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGCGC
TCTACGTTTAGAGGATCTGCGAATCCCTGTTGCTTATACTAAAACCTTTCCAAGGCCACCTCATGGTATC
CAAGTTGAAAGAGATAAGTTGAACAAATATGGCCGTCCACTACTGGGATGTACTATTAACCGGAAATTAG
GCTTATCCGCTAAGAACTATGGTAGAGCGGTTTATGAATGTCTACGCGGTGGACTTGATTTTACCAAAGA
TGATGAAAATGTGAACCTCCCAACCTTTTATGCTTGGAGACCGGTTTCTTATTCTGTGCCGAAGCCCTT
TTTTAAAGCACAGGCGGAAACGGGTGAAATCAAAGGTGAGACTTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGCGAAG
AAATGATCAAAGGGCTGTATTTGCCAGAGAATTGGGCGTTCCCTATTGTAATGCATGACTACTTAACAGG
TGGATTCACCTGCAAATACAAGTTTGGCTCATTATTGCCGAGATAATGGTCTACTTCTTCATATCCACCGC
GCAATGCATGCTGTTATTGATAGACAGAAGAATCATGGTATGCACTTCCGTGTAAGTAAAGCTTTAC
GTCTGTCTGGCGGAGATCATGTTCACTCTGGTACAGTAGTAGGTAACCTTGAAGGAGAAAAGAAAATAAC
GTTAGGTTTTGTTGATTTACTACGTGATGATTATGTTGAAAAAGATCGAAGTCGCGGTATTTTTTTTCACT

CAAGATTGGGTCTCTCTACCGGGTGTTCCTGCCTGTAGCTTCGGGCGGTATTCACGTTTGGCATATGCCTG
CTTTGACCGAGATCTTTGGAGATGATTCTGTACTCCAATTCGGTGGAGGAACCTTAGGACACCCCTGGGG
AAATGCACCGGGTGTGTAGCGAATCGAGTAGCTCTAGAAGCTTGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGT
GATCTTGCTCGTGAGGGTAATGAAATTATCCGTCAGGCTACCAAATGGAGTCCTGAGCTAGCTGCTGCTT
GTGAAGTATGGAAAGAGATCAAATTCGAATTTGAAGCAATGGATAC

***Tuberaria guttata* (L.)**

>DQ092929.1 *Tuberaria guttata* voucher 44BGA04 internal transcribed spacer
1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and
internal transcribed spacer 2, partial sequence
CGATTTCCTGCCTAGCAGACAGACCCGCGAACTGGTTATAACAACAATCGCCGCGTGAGCGTTCGCAGCCT
CTTGTATATAGCAGGGGGCTCGGCGCTTTCCGCGGCACTCAAACGAACCCCGGCGTGGCATAACGCAAGG
AAAACAAATTGGAGGCGCGTCCCCGCGCYTWGCGGGGCTCGCGACTCCTGTGTATATACAATAACGAC
TCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATT
GCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCGTCAGGCCGAGGGCACGCC
TGCCTGGGCGTCACGCAACGTGCGCCCCCTCCCAATCGGGTGCAGAGGGCGGATACTGGCCTCCCGTGC
TGCATTGCTCGCGGCTGGCCTAAAACGAGTCCTTGGCGTCGAACGCTTGGGCGAGCGGTGGTAATCACT
TATCAAAGTTCACGCCCCGTGCGTCTTCGGCGTCTTACAAAAGGGATCTCTCGGAACCCGTGACGCGTCGTC
TCCTTCCCTTAAAGAAGAACACGACTCGC

***Helianthemum helianthemoides* (*Hypericum helianthemoides*)**

>KU324581.1 *Hypericum helianthemoides* clone 11-3 trnL-trnF intergenic
spacer, partial sequence; chloroplast
GATCTGATTCTTTCTTTTCGTTACGCTTGAATATTCATTATCTTTTTTCATTGATTCTATTGTTTTACAAA
CGTATCCAGGCTTCCTTTTTTCTTTTTTTATTGACATCGATCCAAGTCATTTTTTTTTTTTTTTTATGA
AAGTGAGAAAGACGCCACCTTGAAAATGGTCGGGGTAGCTCA

Helianthemum hirtum

>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
AGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGTCGCCCCACCACCTCGTGGTGTGGGCGGATACTGGCCTC
CCGTGCGTGCATTGCTCGCGGCTGGCCTAAAACAGAGTCCCCTGCGTCGAGCGCGGGGCGAGCGGTGGT
CTTTATCGTCCTCGTCACGCGCCCGTGCGCCCTCGGCGCGCCGTGGGATCTCTCGGACCCGAACGTGTC
GTCCCCGGACGAACCTCGCTTCGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATA
AGCGGAGGAAAAGAACTTACCAGGATTCCCCTAGTAACGGCGAGCGAACC

***Helianthemum ledifolium* (L.)**

>KJ620160.1 *Helianthemum ledifolium* isolate 14ledif ribosomal protein S16
(rps16) gene, partial cds; and rps16-trnK intergenic spacer, partial
sequence; chloroplast
GCTATTCTCGATTTCCCTTGAAAAGGTGCTCAACCTACAAGAACAGTTCATTCTATTTTAAAGAAGGCTG
GAGTTTTGACGTAACCTAATCTTAATTAACCTAAAAAAATTCATTAATGAAATACAAGCAAGAGAGAG
GGCGCGGATGACTTGTGTATAGCTTTATCCAAAATTTCTTTACTATTACCATTTTTTCCCTCCCTCTTTC
TTTTTTGTATTCTTTCTTTCTTTTTTTCAGTAGTTTTTTTGTAACTATTTAGTTAACTAGAAGTTACTAGT
ATAGAATACTGTGCTCTAGTAACCTGAATGTTACTATTTACATATTAAGGAAAAGCAAGAAAAACAAATGA
AACAACCTCGTCTTTTTTTTTTTAGCAAGGTTTAGATTCAATATTCACAATTAGATTGACAACAGTGTATC
GAACAAATATAATTCGATCGTAGATAAATGGATTTTTTATCTCTGTTCCATAGGTTTGGTTTTTTACTTA
ACTTCATTCAATTGACTAGCCTTTGTTAGCAAATCTTGCTACTTGAACGTTATTATTTAAATTCGGTTA
GACAATTCCA

Arbutus unedo L.

>AF206853.1 *Arbutus unedo* 18S ribosomal RNA gene, complete sequence
TCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATGTGTAAGTATGAACTAATTCAGACTGTGAAACTGCGA
ATGGCTCATTAAATCAGTTATAGTTTGTGGTATCTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTTCTAGAG
CTAATACGTGCAACAAACCCGACTTCTGGAAGGGATGCATTTATTAGATAAAAAGGTCGACGCGGGCTTT
GCTCGTTGCTCTGATGATTCATGATAACTCGACGGATCGCACGGCCTTCGTGCCGGGACGCATCATTCA
AATTTCTGCCCTATCAACTTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACTATGGTGGTGACGGGTGACGGAGAATT
AGGGTTTCGATTCGGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGAAAT
TACCAATCCTGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACAATACCGGGCTCATCGAGTCTGGTAATTGG
AATGAGTACAATCTAAATCCCTTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAA
TTCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTTTGGGTTGGGTC
GACCGGTCCGCTTTTCGGTGTGCACCTGTCGTCTCGTCCCTTCTGCCGGCGATGCGCTCCTGGCCTTAAT
TGGCCGGGTGCTGCCTCCGGCGCTGTTACTTTGAAGAAATTAGAGTGTCAAAGCAAGCTACGCTCTGG
ATACATTAGCATGGGATAACATCATAGGATTTTCGATCCTATTCTGTTGGCCTTCGGGATCGGAGTAATGA
TTAACAGGGACAGTCGGGGGCATTCGTATTTTCATAGTCAGAGGTGAAATTCCTGGATTTATGAAAGACGA
ACAACGCGAAAGCATTTCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTGGGGGCTCGAAGACGAT
CAGATACCGTCTAGTCTCAACCATAAACGATGCCGACCAGGGATCAGCGGATGTTACTTTTAGACTCC
GCTGGCACCTTATGAGAAATCAAAGTTTTTGGGTTCCGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA
GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAACTTAC
CAGGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGACTGAGAGCTCTTTCTTGATTCTATGGGTGGTGGTGCATGGC
CGTTCTTAGTTGGTGGAGCGATTTGTCTGGTTAATTCGGTTAACGAACGAGACCTCAGCCTGCTAACTAG
CTATGTGGAGGTGACCCTCGACAGCTAGCTTCTTAGAGGGACTATGGCCCTTCAGGCCACGGAAGTTTGA
GGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCGCGCTACACTGATGTATTC AACGA
GTTTTATAGCCTTGGCCGACAGGCCCGGGTAATCTTTGAAATTTTCATCGTGATGGGGATAGATCATTGCAA
TTGTTGGTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCGAGTCATCAGCTCGCGTTGACTACGTCCCTGCCCT
TTGTACACACCGCCCGTTCGCTCCTACCGATTGAATGGTCCGGTGAAGTGTTCGGATCGCGGCGACGTGG
CGTTTCGCCCGGGCAGCTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTGAGAGGAAGGAGAGT

Erica arborea L.

>KP737635.1 *Erica arborea* rpl32 gene, partial cds; and rpl32-trnL
intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
AGGATATTGGGCAGCCTTAAAAGCTTTTTTCATTGGGGAAATCTATTTTCGACCCGAAATTCAAAAAGTTTT
TGTGCGACAGAAAAAATTTGCCCAAAAAACCAAAAGGTTTTGGTGGGCGACAAAGAATAAGTAATCAA
AAGTTGTAATAATCTGAATCGGCTTGACTCAAAAAGTTTCAACTTTTTCGAATTGCATTTTCGAATAGAAAA
TTCACAATTTCCATTACCTACAGTTTTGGACTAATCAATATGAAATTCAACTCTCCCCGCTCTTATGATT
TGTAAGAATAAGAACTCTTCTGTTTACTGAATTTCAAAAAAACTTTTTCTTCTGTATCTTCTGTTTATT
CTTTTTTCGAATAAAAGTTTTTCTTTTTTCTCTATTTCTCGAAAAGAGGAGATATAAGATCTTTAGTTAA
AATTAATGAATCGTTGAAACTAATTGATTAAGTTTCAACTTTTTTGAATTTTCTGAATTATTATTCT
CTGAATTAATTTATTTCTCTGAATTAATATATAGATACTGCTCTATATCTCTCGCTTCAACCCAATC
TATAAAATGTTGTTAATCGGGATATGAACATGAAAAATGTGTCAAATTATAATGATTCAAAATAGATCCT
ATTTTATGATCGTTGAGAAAATGCATTTTTTGTTCATATTTTTGAAATCCGATAAACGAGAAAATGAATC
ATTAATAAATGAAAATGAGAAAGGACATTTTTTTTTAGTTCTATCCCTGTATAGGGGGTAGAACTATCCAG
TTACAACAATTCATTCAGAAAGATCATAAACTACACGAAAGGTTGAAGTTAAGTAAAAGGGATACCCTA
TAAACGAAAATAATGAACCTTCAAATCCCTATGAATTATTATTCATCAATTTGAATCTTTCTAAAAAAT
ACTAGATTGAGTTTACTTATTCAATCTGGACGATTGAATATGAATAGG

Anagallis arvensis L.

>KX299007.1 *Anagallis arvensis* voucher M22 maturase-like protein (matk)
gene, partial cds; chloroplast
TCCTTTTTAGAGGACAAATTTTACATTTAAATTATGTGTTAGATCTATTAATACCCCACTCCATCCATC
TGAAATATTGGTTCAAACCTTTCGCTACTGGGTAAGAGATGCTTCTTCTTTGCATTTATTACGAACTT
TCTTCAAGATATCATAATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAAAATCCTTTTTAAAAAGAAAAGAACGG
CTCTTATTCTTCTTATATAATTTTTATGTATATGAATACGAATCGATCTTCGCTTCTCCGCAATCAAC
CTTCTCATTTACAATCAAATCTTATGGACCCTTTTTTGAAGAATATATTTCTATGAAAAACGAGACCT
TTTTGTAAAAGTATTTACTAAATATTTTCAGACCATTTTATGGTTCGTTCAAGGATCCTTTCATGCATTAT
GTTAGGTATCAAGGAAAAGCATTTTTGGCTTCAAAGGGACCTTTTTTTTTGCTAAATAAATGAAATTTT
ATCTTGTAATTTCTGGCAATCTTTTTTTTTACATGTGGTCTCAACCCGGAAGGATCCATATAAATCAATT

ATCTAATCATCCCCTCGGTCTTCTGGGCTATCTTTCAAGCGTTTCGACTAAACTCTTCAATGGTACGGAAT
CAAATGTTAGAAAATGCATTTCTAATAGCTAATGTTATTAAGAAGTTTCGATACGATTATTCCAACCTCTTC
CTCTTGGTTGGATCGTTGTTCGAAAGCTCAATTTTGTAACTATTGGGACATCTTATTAGTAAGCCAGTCTG
GGCTGATTTATCTGATTACAGAAATTATTGACCGATTTGGGCGTATATATCGAAATCTTTCTCATTATTAT
AGTGGATCCTCAAAAAA

Jasminum fruticans L.

>DQ673297.1 *Jasminum fruticans* ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, complete cds; chloroplast
ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCGGGTGTAAAGAGTACAAAATTGACTT
ATTATACTCCTCAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAACCTGG
AGTTCCGCCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGG
ACCGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAGGGGCGATGCTACCATATTGAGCCCGTCTCTGGAGAAA
CAGATCAATATATCTGTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTT
TACTTCCATTGTAGGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGCGTGCTCTACGTTTGAAGATCTGCGAATC
CCTCCTGCTTATATTAACCTTTCCAAGGACCGCCCCATGGTATCCAAGTTGAGAGAGATAAAATTGAACA
AGTACGGTCGTCCCCTGTTAGGATGTACTATTAACCAAAAATTAGGGTTATCCGCTAAAAACTATGGTAG
AGCAGTTTTATGAATGTCTTCGCGGTGGACTTGATTTTACCAAAGATGATGAGAACGTGAACTCCAGCCA
TTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTTCTTATTTTGTGCCGAAGCAATTTTAAATCACAGTCTGAAAACAGGTG
AAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGCGAAGAAATGATCAAAAAGAGCTGTATTTGC
TAGAGAATTAGGAGCTCCTATCGTAATGCATGACTACTAACAGGAGGATTTACTGCAATACTAGCTTG
GCTCATTATTGCCGAGATAATGGACTACTTCTTACATTACCGTGCAATGCATGCAGTTATTGATAGAC
AGAAGAATCATGGTATACACTTCCGTGTACTAGCTAAAGCGTTACGTATGTCTGGTGGGGATCATATCCA
CGCTGGTACCGTAGTAGGTAACCTTGAAGGGGAAAGAGACATCACTTTGGGCTTTGTTGATTTACTGCGC
GATGATTTTTATTGAAAAGATCGAAGTCGCGGTATTTTACTCAAGATTGGGTCCTCTACCAGGTG
TTCTGCCCGTGGCTTACAGGGGATTCACGTTTGGCATATGCCTGCTCTGACCGAGATCTTTGGGGATGA
TTCCGTACTACAGTTCGGTGGAGGAACCTTTAGGACACCCTTGGGGTAATGCGCCAGGTGCCGTAGCTAAC
CGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTAAGGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCTTCTGAGGGTAATGTAA
TTATCCGTGAGGCTGCCAAATGGAGTCTGAACTATCTGCTGCTTGTGAGGTATGGAAAAGAGATCAGATT
TAACTTTGCCGCAGTGGATACTCTAGATAAGTAA

Olea europaea L.

>AF545569.1 *Olea europaea* beta-actin (act1) mRNA, partial cds
TGAGAGAGGGTATATGTTCCACCACCTCAGCCGAACGGGAAATTGTCCGTGACATGAAGGAGAAGCTTGCT
TATGTTGCTCTCGACTATGAACAGGATCTTGAGACTGCCAAGAGTAGCTCATCTGTTGAGAAAACTATG
AATTGCCAGATGGACAGGTTATTAATACTATTGGGGCCGAGAGATTCCGTTGTCCAGAAGTCTCTTCCAGCC
TTCTTTGATTGGAATGGAATCTGCAGGAATCCACGAGACTACCTACAACCTCAATAATGAAGTGTGATGTT
GATATCAGAAAGGATCTCTATGGTAATATCGTCCCTCAGTGGTGGTTCAACTATGTTCCCTGGGATTGCTG
ACCGTATGAGCAAGGAAATCACTGCCTTGGCTCCCAGCAGCATGAAGATCAAGGTCGT

Phillyrea angustifolia L.

>GU120321.1 *Phillyrea angustifolia* PsbA (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH
intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH) gene, partial
sequence; chloroplast
GTTATGCATGAACGTAATGCTCATAACTTCCCTCTAGACCTAGCTTCTATCGAAGTCCATCTACAAATG
GATAAGACCCGATCTTAGTGTATAGGAGTTATTGAAAAAAAAAAGAAAATAAAGGAGCAATAAACTCTTT
CTTGTCTATCAAGAGGGCGTTATTGCTCCTTTATTTTCTTTTTAATTACTACTACTTTTTTTAGTCATA
TTGTACTTACATAGACTTTTATTTCGTTACATTACCGAAAAAGAAAATAAAGGGGATTATTTTTCTTAGGG
TTGATTGATGATTGAGTATTATTTGTTTCGTTCTATATGCATTTTTTATTTTCATTTATCTATCCATCTTTT
GCGAAGTTTTTTTTGACATTTAAATTTGAAATTTAAACGAGAAAAATTCGAATTTTTGCTTAATCTTTTTA
TCTCAGAGATAAAAATATCTCACAATAAGCAATAAGAAAGAAGATAAAATGAAATGGTCGAAATTC AAC
CTTTTGTCTTAAAATAAAAAATCTAAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGA
ATCCACCATGCGCG

***Cerithe major* L.**

>L43199.1 *Cerithe major* L. clone cmaj.ef.s gene, trnL(UAA)-trnF(GAA) spacer
CCCAACGATTTCTCCTATATCTATTTTCGTTAGTGGTTCAAAATTCCTCACCTTTCTCATTCACTCTATT
CTTTTACAAACGGATCTGGCCGAAACGCCTTTCATCTTACACAAGTCTTGTATGATACACATACAAATG
ACCATCTTTGAACAAGGAATAAGTCGCCTTTTGATTTTGATTACCAATGGATATCATTCTCAGACTGAA
ACTTACAAAGTCGTCTTATTAAGATCCAAGAAATTACAGTACCCGGATGGATAAAAAGTTGGTAATCTTC
TTTCAATACTTTTAATTGACATAGACCCAGCCATCTAATAAAAATAACGA

Echium vulgare

>EU919617.1 *Echium vulgare* tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; plastid
TCTAGTCAATAATACTATTAAGTTAGATACTCTTCTTCCAATTATTCCAATGATTGCATCATTGGCT
AAAGCTAAATTTTGTAACATATTAGGGAATCCCATAGTAAGCCGGCTCGGACTGATTATCAGATTTTG
ATATTATTGACCGGTTTGGGCGTATATCCAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAA
GAGTTTGTACCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCTAAAACCTTTGGCTCGGAAACACAAAAGC
AGTATGCGTGCTTTTTTGAAGAAATCAGGCTCGGAATTATTGGAAGAGTTCCTTACGTCGGAAGAAAAAG
TACTTTCTTTAACCTTTGCAAAAGCTTCTTCTACTTTACGGGGAAAGTAGGATTTGGTATTTAGATATTAT
TTGTATCAATGATTTAGTCAATGACCAATAATTGCTTATGAGATCTAAAAAGTCAAAACATAACAATTT
TTTTTTAGTATTCTGAAATGTAAATGCAGTATAGAAACGTAATACGGGTTAAATCAACCGAGTATTCAG
TTTTTCTA

***Borago officinalis* L.**

>HQ385133.1 *Borago officinalis* ribosomal protein S4 (rps4) gene, partial cds; chloroplast
GAGGACCTCGTTTTCAAAAAAATACGCCGGTTGGGGGCTTTACCAGGCTTAACTAATAAAAAGGCCCTAGAGC
CGGAAGTGATCTTAGAAACCAATCGCGTTCCGGGAAAAAATCTCAATATCGTATTCGTCTAGAAGAAAAA
CAAAAATTGCGTTTTTCAATTATGGTCTTACAGAACGACAATTACTTAAATATGTTGCTATCGCCAGAAAAAG
CCAAGGGCTCCACAGGTCAAGTTTTACTACAATTACTTGAATGCGTTTGGATAACATTCTTTTTTCGATT
GGGTATGGCTTCAACTATTCCCGCAGCCCGTCAATTAGTTAACCACAGACATATTTAGTTAATGGTTCGT
ATAGTAGATATACCGAGTTATCGCTGCAACCCCAAGATATGATTACGGCGAAGGATGAACAAAAATCCA
GAACTCTGATTCAAAATTTCTCTCCATTCTCTCCTCCTGAGGGATTGCCAAATCATTTAACTCTTCACCC
ATTCGAATATAAAGGATTAGTCAATCAAATAATAGATAGTAAATGGGTCGGTTTGAATAAATGAATTG

***Cynoglossum cheirifolium* L.**

>KU928005.1 *Pardoglossum cheirifolium* isolate W1709 trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TCAGCCATCTCTCCTCATTTTTATTTAAAAGAAAATGACTATGTTACATTACACATAAAGTAAGGAATCTT
TCTCTCCCCTATCTATTATTTCTTCTCTCCCCTATCTATTATATGGATATGTATCACTTTTATCATTAAT
TTCAGGAAAGAGTCGAAAGAATCAACAATAGAAAAGAAAATAAAGAAGACCTCGTTACGTTGACTTTGTTT
AAAAGTCCCTTCTTTTTTCCCACGGCCTGGCCTGGTACAGTACCTAGCCGGGCTTTTTTTTTCAAAATATAT
ATAAATATATAATATATCTAGATCTAGAATTTAATTCATTATCATTATTAATATTAATTAATAAAAAAT
TAAATTAATAATTCATTTTTTTTATTATTATTATTCAATTTTATTAATTAATAATTTATTATTTATTAA
AATTAATTTATTAATAATTAATAAAAAAGAATTTGATTCTAAATTAATAATGAATAAATATGAAATATCAA
GCAACATATTATATAAACTCAAATAAATAATATAGAAAAGAAATGATAAAAAATCAAAGTGTTTTTTCTC
TTTCTTCTTATTTTTTTCTATTTTATGACCTTATTGAAGTAAAAAAAATGAAGTAAAAAAAAGAAA
ACTCTCGATTTTTTTTCACTAAAAGATAGAAGTTGTTCTTTAGTTATTGATGAGAACCCTATTTTGCAG
ATCTCATTCAATTGGAATCACTTTACGGAAAGACTTTGATAAATCTATTTAGATTACATCTAATTCACCT
GTTTCGACAAAAGGTATGTTTTTATACAATAATCGCATTGTAGCGGGTATAGT

Cynoglossum clandestinum

>KU927916.1 *Cynoglossum clandestinum* isolate W1695 trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
TCAGCCATCTCTCCTCATTTTTATTTAAAAGAAAATGACTATGTTACATTACACATAAAGTAAGGAATCT
TTCTCTCCCCTATCTATTATATGGATATGTATCACTTTTATCATTAATTTACAGGAAAGAGTCAAAAGAAT
CAACAATAGAAAAGAAAATAAAGAAGACCTCGTTACGTTGACTTTGTTCAAAAGTCCCTTCTTTTTCCCAC

TTTGACAAACGTACTTGGGCCTATGTGACTTTCTCTTATCACACGTGATATAGAAAATATATGAAAATTA
AGCAAGGAATCCCTATATGAAATATGAATGATTACACAACCTGTAGCTTTGAAATTATACAGGACTTGGAC
AAACCTTTGTAATCCCCCTGTCCCTTTAAATGACATACACCCCGCCATCGCA

Lavandula stoechas L.

>JF357833.1 *Lavandula stoechas* voucher M Chase 19110(K) tRNA-Lys (trnK) gene, intron; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
GTGTTAGATATACTAATAACCTCACTCTGTCCATTTGGAAATCTTGATTCAAACCTCTTCGCTATTGGGTAA
AAGATGTTTCTTCTTTGCATTTATTACGAGTCTTTCTCAACCAATATTGGAGTCTTATTACTCCAAAGAA
AGTAAGTTCCTCTTTGTTAAAAAGAAATCAAAGATTCTTTTTTTCTTATATAAATTCTCATGTATGTGAA
TACGAATCTATTTTCGTCTTTCTACGTAACCAATCTTTTCATTTACGATCAACATCTTCTAGAGTTCTTC
TTGAACGAATCTATTTCTATATAAAAAACAGAACGTCTTGTAACCGTCTTTGTTAAGAAATTTGGGGCGAA
CCTGCGGTTGTTGAGGAACCTTCATGCATTATATTAGGTATCAAAGAAAATCCCTTCTGGCTTCAAAA
GGGACATCCCTTTTCATGAATAAATGGAAATTATACCTTGTCACTTTTTGGCAATGGCATTTTTTTGTGT
GGTTTCGTCCAAAAGGATTTGTATAAACCAATTTTCCAAGCATTCCCTTGAAATTTTTGGCTATCTTTC
AAACGTACAAATGAGCCCTTCCGTGGTACGGAGTCAAATTCTCGAAAATGCATTTCTAATCAATAATGCT
ATTAAGAAGCTCGATACCCTTGTTCCAATTATTCCTCTGATTGCGAAAATGGCTAAAGCGAAATTTGTA
ACGTATTGGGGCATCCATTAGTAAGCCGATTTGGGCCGATTTATCAGATTCTAATATTATTAACCGATT
TGGGCGTATATGCAGAAATATTTCTCATTATCA

Sideritis montana L.

>KF529771.1 *Sideritis montana* isolate SN-6 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast
GACTTAATGATAATTAATTAAGCCTTATTGTGGGAAACCTACTAAGTGATGACTTTCAAATTCAGAGAA
ACCCCGGAATTAATCAAATGGGCGATCCTGATCCAAATCCTGTTTTTCAAACAAAGGTTCAAAAAACC
AAATAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAACGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACTGCGTTGGTAGAG
AATCCTTTTTTACGGAACTTCAGAAAGGATGAAGGATAAACGTATCTATCGAATACTATATCAAATGATT
AATGATGGCCGAATCTGTATTTTTTAATATGAAAAATAGAAGAATTGGTGTGAATTGATTCTATATTGA
AGAAAAATCGAATATTCATTCATCAAACCACTCACTCCATAGTCCGGTAGATCTTTTAAAGACCTGATT
AATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAG
AGGAAAATCCGTCGACTTT

Marrubium vulgare L.

>KJ584454.1 *Marrubium vulgare* 9,13-epoxy-labd-14-en synthase (ELS) mRNA, complete cds
ATGTCGATCACGTTCAACCTCAAATTTGCCCTTTTTTCAGGCCCTGGAATTCAGAGAAGCAAAGAACTT
TTCCAGCAACAGAAATTCAGATAACTGCCAGTACTAAATCAACCATGACTACCAAATGCAGCTTCAACGC
TTCAACAGATTTTATGGGAAAACCTAAGAGAGAAGGTCGGAGGGAAAGCTGATAAGCCTCCGGTAGTTATT
CATCCTGTGGATATTTCTCTAATCTGTGCATGATCGACACCCTCCAGAGCTTGGGAGTTGATCGCTACT
TTCAATCTGAAATCAACACTCTCCTAGAGCACACATACAGATTTGTGGAAGGAGAAAAAGAAAAATATCAT
CTTCAAAGATGTTAGTTGCTGCGGATTTGCGTTTAGACTTTTACGAGAAAAAGGATATCAAGTCTCATCA
GATAAACTGGCTCCATTTGCCGATTACCGAATAAGAGACGTTGCTACAATTCTAGAGCTTTACAGAGCAT
CACAGGCAAGATTATACGAAGACGAACACACTCTTGAGAACTGCATGATTGGAGCAGCAACCTTCTGAA
ACAGCATTTGCTGAACGGGAGCATTCTGATCATAAATTCACAAAACAGGTGGAGTATTTCTTGAAGAAC
TACCATGGCATACTAGATCGTGTTCAGTTAGACGAAGCCTCGACCTTTACAACATAAAACCACCATCACC
GAATCCCAGACGTTGCAGATGGGTTCCCTAAAGAAGATTTCTTGAATATTCGATGCAAGATTTTAATAT
TTGCCAAGCTCAACAACAGGAAGAATTCATCAACTGCAGAGGTGGTATGCAGATTGTAGATTGGATACC
TTGAATTACGGAAGAGACGTAGTGCAGATTGCCAATTTCTAACTTCAGCAATTTTTGGAGAGCCTGAAT
TCTCTGATGCTCGTCTAGCCTTTGCCAAACACATTATCCTAGTAACACGTATCGATGATTTCTTCGATCA
TGGTGGGTCTAGAGAAGAATCATACAAGATCCTCGATTTAGTTCAAGAATGGAAAGAGAAGCCAGCTGAA
GAATATGGTTCAAAGGAAGTCGAAATCCTGTTTACAGCAGTGTACAATACAGTAAATGACTTGGCAGAAA
AGGCTCATATCGAGCAAGGCCGTTGTGTTAAACCTCTTCTAATTAAGCTGTGGGTGCAAAATCTAACAAG
TTTCAAGAAAGAATTGGATTTCATGGACCGAAGAAACGGCACTAACCTTGGATGAGTACCTGTCTTCCCTCC
TGGGTATCAATTGGTTGCAGAATCTGCATTCTCAATTCCTGCAATATCTTGGCATAAAAATATCCGAAG
AAATGCTATCAAGTCAAGAGTGCAGTATTTGTGCCGGCATGTTTCATCAGTGGATCGCTGCTCAACGA
TGTACAACTTTCAAGAAAGAGCGCCTAGAGAATACGATAAACAGCGTGGGGCTTCAGCTAGCAGCTCAT
AAAGGCGAAAGAGCCATGACAGAAGAGGACGCCATGTCCAAGATTAAGGAAATGGCAGACTATCACAGGA
GAAAATGATGCAGATCGTTTATAAAGAAGGAACCGTTTTTCCGAGAGAATGCAAAGACGTGTTTTTGGAG

AGTGTGCAGGATTGGGTACTATCTCTACTCTAGTGGTGATGAGTTCACTTCTCCACAACAAATGAAGGAG
GATATGAAATCTTTGGTATATCAACCCGTAAAGATTCATCCTCTTGAAGCTATTAACGTGTGA

***Prasium majus* L.**

>KT378398.1 *Prasium majus* voucher M. Thulin 5752 (UPS) pentatricopeptide repeat-containing protein gene, partial cds
GAACAAAGACCCTTGAGAGTAATGTTATAGGAGATATTATCTGGCTGTAGCCCATTTCTTAATATGCGAG
CCCAGATTACAGAAGCACTCGGTATATCACCCCTCTGTGTAAAATCCTTCCATAAGGGTATTGTGGGTGAC
AAGATTTGGAGGACAGTTCCGGTAATTCATGTCCAGATATAGTGGCACAGCTTGTTGAGTTTTTCCACA
GAACACAGGCCATGAATCAAAATATTATGCATCTGCACATCCGGTTTGAGACCATAGCTAATTACTCGGT
TCCACAAATTAAGAGCCATATCTACTTTACGGCCAAACAAAGACCTTTTATCAACACACTGTAAGTGAT
AATATCTGGCTTCAATCCTTTCTCCAGCATTTCCTTCAAGGTCATAGGCTTACCAGAACCTTTGAGCC
CTGCATAGTCCATTTATAAGAGTAATGTAGGTAACAATGGTAGGGGAACAATGTTCACTTCCATTTAC
GAAACACACTAAGTGCATCCTCCAACCTTAGAAGCACCTACAAAGCCATTTATTAGAGCATTATAAACATG
AGCATTTGGCTTACAGCCACCTTTAATC

***Thymus ciliatus* subsp *coloratus* (*Tragopogon coloratus*)**

>KF050710.1 *Tragopogon coloratus* var. *floccosus* B-class MADs-box transcription factor PISTILLATA (PI) gene, intron 1
TTTTTGTCTACCCTTTTGCCTCATGTTTTTCCCTTGAAAGATCTGCAGGTTATTTGGAGTTCTTGCAGTGG
ATTTGACATGGCTTCTTTGTATGCTAAAAATATGTCAAGTAACTTGATTTATGAATTCTACGACCAGATC
TACATATAGGATAGGATCCACAACCTTACATGAGATGTTACATCCATCACCAGATCTGGAACATCTAGTT
TTTCTCTCTACCCTTTACTTTGCAAAAACCTAGTAATTCACCGCTTTATATATATTTTTCAGTTGAAATAT
ATCAGAAGGGAAACTCATTATCCACCTCAGGTCTAGGGTTAAGACATGTCTTAATTTTTTTACAGCCCA
CTTATTTACATTAGCAACTAGGAAAACGCAAGAAAACACCTTACAAAGAACAACATTCAGATCTAAGATT
ATAAAACCAATTAGTCAATTCATAATAATCAACCTTTAAGCCAATTAATCTTTGTTTTTACATGTCTAAT
TAATTAACCTTCATTAATTATGATTACTATTTTTCTCTTGATTATGTGGAACCTTCTTCTCCCCAG

***Satureja calamintha* (*Calamintha ashei*)**

>KY765540.1 *Calamintha ashei* isolate DNAS-122-159876 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (*rbcL*) gene, partial cds
TGTTGGGTTCAAAGCGGGTGTTAAAGAGTACAAATTGACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAAGAT
ACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAACCCGGAGTTCCGCTGAAGAAGCAGGGGCCCGG
TAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTA
CAAAGGGCGATGCTACCACATTGAGCCCGTTTCTGGAGAAAAGATCAATATATCTGTTATGTAGCTTAC
CCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGGGTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTAGGAAATGTATTTGGAT
TCAAAGCCCTACGTGCTCTACGTCTGGAAGATCTGCGAATTCCTGTTGCTTATGTTAAAACCTTTCCAAG
CCCGCCTCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCGTCTCTGCTGGGATGTAC

Ballota hirsute

>JN680359.1 *Ballota hirsuta* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
GTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAAACCTGCAAAGCAGACCGGAACACGTTCAACAA
CAACCCCGGCGCCGCGGGTTCGTGGGGCAACCCCTGCCCCGCGCACCGAACCCCGCGGCGTGC GCGCT
CGCGCCGCGCCGTGCGGGCTAACGAACTCGGGCGCGGCATGCGCCAAGGAAAACACAATGGAGCGTTCCC
CTCCCTCCTCGGCCGTTTCGCGGGGCGACGGGGAGCGAGGGATGCCCTATCGAATGTCTAAACGACTCT
CGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCA
GAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGC
CTGGGCGTACGCATCGCGTTCGCCCCCCCCCTCCCCCGCGGGGTGGGGGGCGGAGATTGGCCCCCGTGCG
CGCCACAATCGCGCGCGGGCCGCCCCAAATGCGAATCCGCCGTGACTCACGTGCGGACCAGTGGTGGTTG
AACCTCAACTCGCGTGTGTGCGCTCCACGGAGTCGTGGTCCGGAAACAGCAACATAACCCAACGGC
GCGAGCACGCATCGCGCCACGACCGCGACCCAGGTCAGGC

Veronica persica

>HQ412885.1 *Veronica persica* tRNA-Val (trnV) gene, partial sequence; tRNA-Met (trnM) gene, complete sequence; and ATP synthase CF1 epsilon subunit (atpE) gene, partial cds; chloroplast

```
TAGACCTTCTCGGTAAAACAGACCAAACCTATTTTTATCGAAATGATTTGAACTGTTTCAAAGACCCAAC
ATGCATTTTTTTTTGCATTGGGCTCTTTCATTAAGTATGATAGAAATATCAGCCAATCCGCCATATTTTTTC
TTAACGGAAAAATAAGATAAGGAGATGGCTCCACGTGCTCTGATTCATTATTTGGGATTATGATCCAGGA
GCACTACCAAAGTGTTCAAAGGTGGGATTATCTTGACGTAGGTTTGCCTCTGGCCTAGATTATTTGTTAG
TTAAATGAAGTCTCTATCGTTTGGCTTAAAAAATAAAAATATGAAACTTCATACACCTTAAAGTTCATAGG
ACGAAAAGAGATTTGTTGAGGGCCTTGTACTCATTATGCCTAGCATTGAATGTACTGGTATTCACCTTAT
CAATATCTCAAATCAATGGTGGGATCTGCTTGGTACCTAAAGGGGGCACCCAAATCAGACCAAACCCTTT
GTCAGGCTATTGTTCCCTCAAAGTTATGGAGTAAGACATTGATTTCTCAATAAGATCCAATTTTTTTGATT
GTATGACGGACTCCCTTGAAAATCATTGGCGCGCGTGTAAACGAGGTGCTCTACCAACTGAGCTATAGCC
CTTACTTAATGCTTGTAAATGCCTATTTTTATCATGCATATAATTTCTTGTCAAGATGAATATTTCTATAATA
TAATCGAGCATCCCAATTTTTGGAGTGGTCTTACTTAGCTTAGTATTGCTTAGAAGTAATATGATATTTA
TAATCCATCAATGGGGTGGGTTCCATTTGGTTTTCTTTTCAGATGAGAAATGGCCTACTTAACTCAGCGGT
TAGAGTATCGCTTTCATACGGCGGGAGTCAATTGGTTCAAATCCAATAGTAGGTAAAACCTATTAGATACC
GGAGTCAATGGTATCTAATAAGTTTTTTTTGCCCATTTTCGTTTTTTTTTTTTATTGCGTTCGAGCCAAATF
GGATTCTGCTTGATTGGATTCACTCGACAGAATCTTATCAAAAATAGGGTTTTCAAAAACAGCACTTTTTAAAA
TTATTTCGAAGGTCCCAACCTGTTATGAAATCGCATTGACAGCTTCGACCCTTGTCTTAGCTCGTCGGAGA
GCTAGATTTGCCTCAATTATTTGTCTCTTTCTTCCGCTTTTCTTAAATTAGCTTCTGCTATTTCAAGAG
TTTGCAGAGCTTCTTTTGGATCAATATCACTCCCCTTTTCCGCATCATTTACTAAAAACAGTGATCTCATT
ATTGCCTATTCTAGCAAAACCACCCATTAGAGCCATCGTTAACCACTGGTCCCTTAAGACGTATTTCTAAA
ATCCCTATATCCACAGCTGTAGCAATAGGGGCATGATTTGGTAATACACCAACTTGACCCTATTTCGTAG
ATAAAATGATTTCTTTCACTTCTGAATCCCAGACAATTCGATTAGGGGT
```

Linaria reflexa

>KC994588.1 *Linaria reflexa* voucher A9799 trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; plastid

```
TTATATATATATAGAGAGAGATCCACAAATTAGGAATTTCTTTTAGGGGCTCGAACGTGCCAACACCAA
AATAAGGAAAAGCTCTTTGTTTTGTGTTGATTTTTATTTGAAAGGCCCTTCTTTTTATGATGGCTGGCCT
GGTCACTACCTAGCCGGGCCCTTTTTTTGTTCCAACCTAATTCTAGATAAAAAAATGATTTATCTAATATC
TGATTTAAAAATCAGAATACTTTTTTTTTCTGATATTATTATATTCAAGTAACAACAAAAAAGAAATATT
ATTTACATTTTATTTCTTAATTCTCTTTTATTTTCATTTTCCGAACTAAAAAAGACACCATCGATTCTTA
CACAATGCATTTTTCTATTCTAATTTTAGTCTTTTTTGCAATCCATATTTCTCAAAACTTCTTCAACAAA
AGAGAAAGCTTTAGTTATTGTATAAAAAATGAATCCTTTTTCCAAATCTATCTTATGAAATTTAAAAATF
TTGATCTCCCCACGACAAAGTTCAACACTCTAATTTGATGATTCTTTGATGATCCAATCTTGATCATGC
TAAATTTCTTTATTCGACAAAA
```

Bellardia trixago (L.)

>KU216785.1 *Bellardia trixago* isolate Od112 photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH-GUG) gene, partial sequence; chloroplast

```
TTGAAGCTCCAATAAATGGATAAGATTTAGTCTTATCTTAGTGTATAGGCTTGAAAATAGAATAGATAAA
TCTAAGGAGCAATAAACTCTTGCTTGGTCTATCAAGAGGGTTATTGCTCCTTTATTTCTTTTCAAAAT
AGTAGTGTACTATTTTGGTTAGACTTTTTGATTTTCAATTTTCTAATTTCTGGTTATTAAGGGTTGCAG
GGGGTTGAAAATTAGACTTTTATTTTATTTGATTAATCTTTTATTTTATCTTGAAAAGATAAGAATATCT
CAAAAAAAGCTATTTGCTTGCCTGTGTTATATTATATAATACATCGTAAGCAAGATCAGTTTAAATATTT
ATAAAAAAATTCTAAAATGAATGAAATTAATCATAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGA
```

Globularia alypum L.

>KT853061.1 *Globularia alypum* voucher 16025 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

```
ACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTCAAC
```

CTGGAGTTCCGCCCCGAAGAAGCAGGGGCCGCGGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGT
GTGGACCGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAGGGGCGATGCTACAACATCGAGCCCGTTCTTGGGA
GAAGCAGATCAATATATCTGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACA
TGTTTACTTCCATTGTAGGAAATGATTTGGATTCAAAGCCCTGCGTGCTCTACGTCTGGAAGATCTGCG
AATCCCTGTTGCTTATGTTAAAACCTTTCCAAGGCCCGCCTCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTG
AACAAGTATGGTCGTCCTGTTAGGATGTACTATTAACCTAAATTTGGGGTTATCCGCTAAAAACTATG
GTAGAGCATGTTATGAATGTCTTCGCGGTGGACTTGATTTTACCAAAGATGATGAGAACGTGAACTCCCA
GCCATTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTTATTTTGTGCCGAAGCCATTTATAAAGCACAGGCGGAAACA
GGTAAAATCAAAGGGCATTACTTGAATGCTACTGCGGGTACATGCCAAGAAATGATGAAAAGAGCTGTAT
TTGCTAGAGAATGGGAGTTCTTATCGTAATGCATGACTACTTAACAGGAGGATTACCCGAAAATCTAG
CTTGGCTCATTATTGCCGAGATAACGGCCTACTTCTTACATTACCCGCGCAATGCATGCAGTTATTGAT
AGACAGAAGAATCATGGTATACACTTCCGTGTACTAGCTAAAGCGTTACGTATGTCTGGTGGAGATCATA
TTCACTCTGGTACCGTAGTAGGGAAACTTGAAGGAAAAAGAGAGATCACTTTAGGCTTTGTTGATTTACT
ACGTGATGATTTTATTGAAAAGATAGAAGTCGGGGTATTTATTTCACTCAAGATTGGGTCTCTCTACCA
GGTGTATTCCCCTGGCTTCAGGGGGTATTCATGTTTGGCATATGCCTGCTCTGACCGAGATCTTTGGGG
ACGATCCGCTACTACAGTTCCGTGGAGGAACTTTAGGACACCCTTGGGGTAATGCGCCAGGCGCCGTAGC
TAACCGAGTAGCTCTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAATGAAGGAC

Plantago serraria L.

>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

GGCGGTTTCGCTGCCCCGCGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTGGTA
ACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGATATCTTAAAAGCAAACCCGCGAACACGT
GTTTAAACATGAACGGNGCCCCGTCGAGCTAGAGAAATCTTCTTGGCGAGACGCCGTGTCCGCNCGGTGCT
TGCACCAGGCGGGCTAACGAAACCCGCGCGGCAAGCGCAAGGAAAAACAATACGGAATCGTTGCTCCCT
GTGACTCCCCTCCGCGGTGTGGTTGTGGGGATGCGACGTATCTTATAAGTCTAAACGACTCTCGGCAACG
GATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCG
TGAACCATCGAATCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGACGCTTCCGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGT
CACGCATCGCGTCGCCCCCTCCCAATCCCTTCCGGATAGGTGATGGGGCGGAAAATGGCTCCCGTTAGC
TCGGTTGGCCCAAAGGGATCCCTCATCGACGGATGTCACAACCAGTGGTGGTTGAAAAATATCATTGT
GCTGTTGTGCTTACCCTGTGCTTGTAGGGCATCGTTTTAACCAACGGCGTGTAGTGCCTTCGACC
GCGACCCCAGGTGAGACGGGATTACCCGCTGAGTTTAAAGCATATCAATAAGCGGTGGAGAAGAACTTAC
AAGGATTCCC

Plantago albicans L.

>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

AGAAGNNCANTGAACCTTATCATTAGAGGAAGGAGAAGTTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCG
GAAGGATCATTGTCGATATCTGAAAAGTAGACCTGTGAACACGTGTTTAAACAAGAACGGTGCCTTGTGG
GCAAGAGCAATCCTGCTTGGCGAGGTGCCGTGCCTGCCCGGTGCTAGCATCTGGTGGGCTAACGAAACCC
GGCGCGCAAGCGCCAAGGAAAACAAATTAGAATCGTTGCCCTGCGGCTCCCGTCCGCGGTGTGCTGT
GGGGATGCAGCGTATCTTGAAGTCAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAA
GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
TTGCGCCCCGACGCCATCTGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCCGCCCTCCCAAT
CCCTTGTGGTTTTGGTGTGGGGCGGATAATGGCTTCCCCTTAGCTCGGTTAGCTTAAAGGGATCCCTCA
ACGATGGATGTCACAACCAGTGGTGGTTGAAAGATCATTGGTGTGCTTGTGCTTACCCTGTGCTTGGT
AGGGCATCATATAAACAATGGCGTGAAAGCGCCTTCGACCGCGACCCCAGGTGAGACGGGACTACCCG
CTGAGTTTAAAGCATATCAATAAGCGGGGAGAAGAACTTACAAGGATTCCC

Plantago lagopus L.

>KX037416.1 *Plantago lagopus* voucher UofC 39176 ribosomal protein S16
(rps16) gene, intron; plastid

TTTNCATCACCATTTTCCATTTATCNNGTAATAAATGATGAAGGTGCTCTTATCTCGACATTGTTACATT

GGCATTGGAACCCCTTTTTTNGGGGGGGGGTGTAAATAGTTCACGATGGAGCTCGAGTCGAAAAGAATTC
ATTTCTTTTTTCGGGGTCAAGAATCTAGGGTTAATGCCAATCAATTAGAACAACCTTCGTAAATATATCCTC
TTCCATATATTATATACAAATTNTAAATATACAAATTCTNAGGATCGGATGCAAACAAGTTTGCAATTCA
AAAAAAAAAAAAAAAAAATTGTTGCAATTGATCAAACCTTTTTGGATTCAAAGTGCAAAGTGTATTACGGGG
AATCAACTGTCCGTACGATTCTTTAATCAACAAGGGGTATGTTGCTGCCATTTTGAAAAGCATTAAGAAAA
GAAGCACCGAAGTCATGTCTAAACCCAATGATAAAAAAAAAAGGATCCAAAAACAAGGAAATGCCGTTTGA
ATTGTCTCGNTAGTCTCAAGAATTAGNTNAAACNCAANAANCTAAATCGAATTTTAAACGAGACAAAAAA
NGNGGGGTAAAGACTCCNCAAAAAAGGAAATTGACTAAAGATTTTCTTTGCAAATCTCTAACTTGAGTT
ATGAGTNCGAANGGTTTTNTTTTTTTTTNNTAAAAAGACTGAAATCCTAGNATAGTCTAGGGAATAGGCTCT
TTTGTCATTTTTTTTNNTAAAAAATNNGNANTTGATACATANACAAAACTTTGAAGGAAATCATTTTTTC
TCGAGCCGTACGAAGAGAAAACTTCATATNCNGTTCTAGGGGG

***Rubia peregrina* L.**

>KP098092.1 *Rubia peregrina* isolate YLE72 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

CTTGTGCATCCTGCAGACGACCGCGAACACGTTCTTAAAAACCCCTGCGGGGAGCCCCCGGCGAACCCGAG
AAAACCTTAACTCTCGGCGCGGAAAGCGCCAAGGACTACTCGAACGGATCCGGCGGGCTCCCCCGGGCT
TCCGCGGTGGGATCCCCGGCGTCTGAAACGTAACCAACACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCG
CATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTTTT
TGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATCCGGCCAAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCTCGTCGCC
ACCCCTCCCCGTCTCCGGGACGCCGACGGGGTGGTGGAAAGCTGGCCTCCCGTCCCTCGCGGCGGGCT
GGCCCAAATGCGAGGCCCCCGGACGCGGGACGTACGACTTAAGGTGGTTGGACTCGTTTCATTCTCGCT
CTCAGCCGTGACGGCCCCGGTTGGGCCACGAACGACCCTAAGCGCCCCCGGTCCGTCCATTCCGTTGGAC
CGGACCGCCGGGCCTTCGACCGCGACCCAGGTCAGGC

***Galium verum* L.**

>KY697457.1 *Galium verum* trnL gene, intron; chloroplast

GGACTTGAACCCTCACGATTTTTAAAGTCGACGGATTTTCTCTTAACTATAAAATTTTCATTGTTGCCGGC
ATTGACATGTAGAATGGGACTCTATCTTTATTCTTGTCCGATTAATCAGTTCGTAAAAAGATCTATCAGA
CTATGGAGTGAATCATTTTGATAAATGAATATTCGATTCTTTCGTAAACGTGGAATATTTTAAACAACAATT
ATAATTCTATATTTTTTCTATGAAAAAGTATAGATTTCATTAGGGCTGTCATTACTCATTTAATAGACTAT
TCACTACGTATGGATAGTATATACGTTTATCCTTCACTTAATACTTGTATTTTCTGAATTTTGGATGGAA
AGAATTCTCGACTAACGCAGCCAACCTCCATTTGTTAGAACAGCTTCCATTGAGTCTCTGCACCTATCCCC
CTTTTCACTTTGTTTTTCGGAAAATAGGATTTGGCTCAGGATTGCCCTTTTTATTAATTCCAGGGTTTTCT
CTGAATTTGAAAGTTCTCACTCAGCAGGTTTCCATACCAAGGCCAATCCAATTAAGTCCGTAGCGTC

***Galium verticillatum* (*Hylotelephium verticillatum* var.)**

>AB480608.1 *Hylotelephium verticillatum* var. *verticillatum* genes for 18S rRNA, ITS 1, 5.8S rRNA, ITS 2, 28S rRNA, partial and complete sequence, specimen_voucher: TI:S.Mayuzumi CH00029E

TAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAATCCTAGAAAAGCACGACCGAGGACATGTAAATTAATTGGG
TAAGCGTCGGGCCGCCCTTCGGGCTGCTCGTCGCCCCAGCTGGCCGGTTCGGGGGACTTGCAGACCCGGC
CGTCCGGACCTAACGAACCCCGGCGCAACAGCGCCAAGGAATCATAACAAGGATGAGCTCGTCCATGCGG
TCCGTCCTCGGACTGCGTGGGGCGAAGGTCTACCAAATACAACAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGG
CTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGTGATAG
TGCCCCCAACCATCTGTGCGTGGGGGGGGCGAAGCTTGGCCTCCCGTGAGCTCCAACCTCGCGGATGGC
TTAAAAATGAGCCTCGGGACGGCGATGACGTGCGACAAGTGGTGGTCAGGAGGCCCTCGAGCCCCAGAG
CTTTGCGAGTCGCGAGTCTGATCCTTCTCATGCTCGAAAGTAACCCGAACGGGGCGTCCCCGACGCCG
CAGCATCGCGACCCAGGTCAGG

***Galium aparine* L.**

>KJ772807.1 *Galium aparine* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
CCAAAAGAAATCAAAGATTTTTTTTTCTTATTATATAATTCTTATGCATATGAATACGAATCCATTTTTT
ACTTTTTGCGTAACAAATCTTCTCAATTGCGATCAACATCTTTTGTATTCTTTCTTGAACGTCTCTATTT

TTATGGAAAAAAGAACGTCTTGTAGAAAGTCGTTGGTAAGGATTTTCGAGTTAGTCTATGGCTATTCATA
GATCCTTTTATGCATTATGTTAGGTATCAAGTAAAATCAATTCTAGTTTCAAAGGGTACACCTCTTTGGA
TGAATAAATGGAAATATTATCTTGTCAATTTTTGGCAATATCACTTTGATCTGTGGTTTCACTCGGCAAG
GGTTTATAGAATAAATTGCCCAAGCATTTCGCTTAACTTTATGGGTTATCTTTCAAGTGTGCGACTAAAT
CCGGTAATGGTACGGGGTCAAATGCTAGAAAATTCGTTTCTACTCAATAATGCTATTAAGAAAATGGATA
TGCTTGTTCGAAGCATTTCCTCTTATTCGATCATTAGCTAAAGCTAAATTTTGTAAACCCATTAGGACATCC
CATTAGTAAGGCAGTTTGGACTGATTTATCAGATTCTGATATGATTGACCGATTTGGGTATATATCCAGA
AATCTTTCTCATTACTATAGC

Asperula hirsuta L. (*Cardamine hirsuta*)

>AH006550.2 *Cardamine hirsuta*

TAAATAGTCATTACATTTAAATAAATAAAAACATAACCTTAATATTAATTAATAGAWTATAGCAGTATATC
AACTTTTTTCATTTTAAATTTTATTAATTTCTAAATAAGCCAATCTTTATTAGATCAGAAAATCTTTTTTTN
NN
NN
NN
AAACTSAAAAACATATATATGTTATGTAATATATAACCATATTGAATTGCAAATAAAAAAATGATAGAAT
AGTTAATGATAGAATATTTGTTGATTAGACTAAATCAACATGGGTGGGGTTCACAAAAATGAAACAAGAT
ACCCAAGAAATAAGTATCTATATGTAATGAATTCCAAGGTTTCGGC

***Lonicera implexa* L.**

>FJ217897.1 *Lonicera implexa* trnS-trnG intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

ACTATGTTACATTACACATGAAGTAAGGATTGAAAAAGTCTTTCTTTCTCTTTCTTTATTATATAGATA
TGTACAACCTTTTACCAGCAATTTCAATTTAGATATAAGTAAGGGCTCGAAAGAGCCAATAGACAAATCTAA
AGAAAAATAAAGAAGACCCCGTTGCTTTGATTTTGTCTTTTATTCCCATAGCCTGGCCCGGTCAATAC
CTAGCCGGGCCTTTTTTGTTCACGAATCCTAGCTAAAAGAATTTAGCTGATTTGAATTTGAAAACAAA
AATGCTTGCTATTAAAGCAGCAATAAAAAGACGCGGGGCTATTTCCATTCTTTTTATATAAATGGATATA
AATTATATAAAAAGTCGCATTTCTTATTTTAGAATTCCTCTCCCTTTTTGAGTTACTTGACGACCTTACG
GGAATAAAAAAATGAAACTATGGGTTGTAAAATAATAATGAATGCATTTTTCTGTTATGATTTTCAGTGG
TTTTAACGAGCCATATCTATTTAAACCCTCCAGCAAAAAGAAAGGTAGGGCTTGTATTTAGTTATTTA
AAAGAGCCCCCTTTCTTTCCGGAATCTCATTAAATTGAAACCCCCCGGAAAAACGTCGACACTCGCAT
TTTCATGATTCTTTTATGATCCTATCTTTATTACGCCAATTCC

***Viburnum tinus* L.**

>KX230027.1 *Viburnum tinus* voucher OMHC05M maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

CTGGGTAAAAGATGCTTCTTTGCATTTATTACGAATCTTTCTCCACGGGTATCATAATTTGAATAGT
CTTATTACTCCAAAGAAAGCCAGCTATTCTTTTTCAAAAAGAAATCAAAGATTATTCTTCTTCTATATA
ATTTTCATGTATGTGAATACGAATCCATCTTCGTCTTTCTCCGTAACCATTCTTCTCATTTACGATCAAC
ATCTTCTGGAACCTTCTTGAACGAATATATTTCTATGGAAAAATCGAACATCTTGTAAGTCTTTGCT
AAGGCTTTTTCAGGCCAATCTATGGTTGTTCAAGGATCTTTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGGAAAA
CTATTCTTGCTTCAAAGGGACGTTTCTTTAATGAATAAATGGAATATTACTTTGTCCATTTCTGGCA
ATGTCATTTTTTACCTGTGGTTTCAACCAGAAAAGGATCTATATAAACAATTATCCAATCATTTCCCTCGAC
CTTCTGGGCTATCTTTCAAGTGTGCGGCTAAACCCTTTAATGGTACGCAGTCAAATGTTAGAAAATTCAT
TTCTAATCGATAATGCTATTAAGAAGTTCGATACTATTGTTCCAATTATTTCTCTGATTGGATCATTGGT
TAAAGCGAATTTTTGTAACGTATTAGGGCATCCTATTAGTAAGGCGGTTTGGGCCGATTTATCAGATTCT
GATATTATTGAACGATTTGGGCGTATATGCAGAAATCTTTCTCATTATCATAGCGGATCTCACAAAAA
AAAGTTTGTATCGAATAAAGTATATACTTTCGACTTTCTTGTGCCAGAACTTTGGC

***Fedia cornucopiae* (L.)**

>AF448574.1 *Fedia cornucopiae* atpB-rbcL intergenic spacer, partial sequence; and ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast genes for chloroplast products

AGCAATCAAATCTGTCTAAAATTTTTGCGAAAGTTATCGAATTCAAATCAATATCCGATAGCGGGTTGA
TCAATTAATTGAATAAGACAATTAAGAAGACAATAAGAAGTGGGAGTTAACCCGTGATTTCTGTTGGTCCC
ATCCAACCGAATCCAATTCATTTTACCTATCCAAAATTGAACAGAGCTCAAATAAGAATACTGAGAA
AATCTTTCAACTGTCTAGGATTTACATATACAACATATAGCACTGTCAAGGGGAAATTTCTTATTAGTTA

GGTTCTGTTTCTCTAGATAAATTCAAAAAGAAAGTAAAAAATAAGAAGCGGGTTGCGACATATATATGA
AAGAGTATAACAATAATGATGTATTTGGCGAATCAAATATAATGGTCTAATAATCAAGCATTCTGATTAGT
TGAAAATATTAGTTTTATTAGTTGAGAATTTTTTGAAGATTCCCTTAGCATTAAACGCCAATTCATGTCCG
AGCAGACCTTGTGTTGTGAGAATTTCTTAATTCATGAGTTCTAGGGAGGGATTTATGTCAACCACAAACAG
AGACTAAAGCAAGTGCTGGATTCAAAGCGGGCGTTAAAGATTATAAATTGACTTATTATACTCCTGACTA
TGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTGACTCCTCAACCGGGAGTTCCCCCTGAAGAA
Cephalaria leucantha (L.)

>FJ640598.1 *Cephalaria leucantha* isolate D50 atpB-rbcL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

GGAGTCGTTATCATAATATGAAATTCAAATAAGGGGGAAAGTCAAATAGAAATTAATATGTCGAAATTTT
TTGCCTAAAGTTATCGAATTCAAAATCAAACCTCCGATAGCACATTGAAAATCTTCAAAAATCCATGTCCCTA
TAGCAGGTTGATCAATTAATTCAAATAAGACAATAAGAGATGGAGTTTAAACGCGCGATTTTCGTTGGTACCG
CTCAACCGAATCCAATGCAACTGTTTACTTATTCAAAAATTTCAATAAGTGCATTTTCAAGCTCAACTAAC
CCACTTTGAAAATCTCACGAAGACGAATAAGACATAGTGAGAAAAGTCTTTCAATTGTCTATCATTATAGA
CACTTCCATCTAAATCATCTATGGAATTCGAACCTGAACTCGATTTACGATTCATTAGCTCTATCTCATG
GGCTCTTCTTATTTTCAGTATATCGATTTAGGCCTAGCCTGTTCTTTATCATTTTTTTATACCCTTGTG
ATAGAAAGATAGAATGAGAGAAAAATTCGACAGATTTTTCACATCTAGGATTTACATATAGCACTGTCAAG
GAGGAATTTCTTATTCTTTAGGTTCTATTTAGGTATTTCAATTCAAAAACAAAGTCAAAAAATAAGAAT
GGGTTGCGCCATATATATGAAAGAGTATAACAATAATGATGTATTTGGCGAATCAAATATCATGGTCTAAT
AATCAAGCATTCTGATTAGTTGAAAATATTAGTATGAGTTATTAGATTAGTTGGGAATTTTTTTGAAAGAT
TCCTATGAAAAGTTGCATTAACGCCTAATTCATGTC

Scabiosa stellata L. (*Candida stellata*)

>EF452199.1 *Candida stellata* strain CBS 843 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

AAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGGATGCCCTAGTAACGGCGTAGTGACAGGCAAGAGCTCAGATTTG
AAAGGCACTTGTGCCATTGTATTCTGAAGTTAGGATTCTTGGAAACCGATACCTAAGTTTTCTGGAAAAGAA
ACGCCATAGAGGGTGATAGCCCCGTACGGTATTGACCCAATATAGTTTCCTAACATGGAGTCGAGTTGTT
TGGAATGCAGCTCAAATGGGTGGTATGCTCCATCTAAGGCTAAATATTTGCGAGAGACCGATAGCGAAC
AAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGTGAAATAGTACGTGAAATGTTGAAATG
GAAGGGTAGGCTGCTAACCATGTAGAACCGTGTGTTGGGGGGAAGATAAAAGCTGCAGAACGTAACCTCCTC
GGAGCATTATAGCTGCAGTCCATATTTCCCATCCGAGCGCGAGGATCTCAGGTTCTACTAAATGGTGGTCT
ACCACCCGTCTT

Bellis sylvestris L.

>KP175149.1 *Bellis sylvestris* isolate IH14 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast

ATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTA
TAAAAATGGGTAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAGCAAAGGTTTCAGAAAAGCGAAAAATAAA
AAAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGTTATTCTAACGAATGGAGTTAATTGTATACATTGGTATAGG
AATCCTTCTATCGAAACTTCAGAAAAGTGAAGGATAAGCCTGTATACATAATACAAAAGAATTGGTGTGA
ATCGATTCCATATTGAAAAAGAATCCAATATTAATTGATCAAACCATTCACTCCATAATCTGATAGATC
TTTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCCTTCTACATGTCAATACTGGCAACAA
TGAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATCAAAAATCATGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAA
GGGCCATTTGACTCCCTAATTCTTTATCATATCCTTTTTTTTTATCCTTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAACT
CCTATCTTTCTCATTCACTTTTGTAGACAAAAGGAGCTGAGCGAAAAGCTGTTCTCTTATCACATGTCACA
TTATATATGATACATGTACAAATGAACATCTTTGAGCAAGGAATCCCCGTTTGAATGATTACGATCGAG
ATTTTTATTACTACTGAACTTACAAAGTTGTTCTTTTGCACAAATTATAGGAACTGGATGAGTTTTGTA
ATAACCTTTCAATTGACATARACCCACGTTCTCTAGTAAAATGAAAGAGGATGAGACATCAGGAATAGTT
GGGATAGCTCA

Bellis annua L.

>KP175147.1 *Bellis annua* isolate IH13 tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; chloroplast

ATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTAAT
AAAAATGGGTAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAGCAAAGGTTTCAGAAAAGCGAAAAATAAAA

AAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGTTATTCTAACGAATGGAGTTAATTGTATACATTGGTATAGGA
ATCCTTCTATCGAACTTCAGAAAAGTGAAGGATAAGCCTGTATACATAATACAAAAGAATTGGTGTGAA
TCGATTCCATATTGAAAAAGAATCCAATATTAATTGATCAAACCATTCACTCCATAATCTGATAGATCT
TTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGAGAGAGTCCCGTTATACATGTCAATACTGGCAACAAT
GAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATCAAAAATCATGAGGGTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAAG
GGCCATTTGACTCCCTAATTCTTTATCATATCCTTTTTTTTATCCTTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAACTCC
TATCTTTCTCATTCACTTTTAGACAAAAGGATCTGAGCGAAAAAGCTGTTCTCTTATCACATGTCACATT
ATATATGAAACATGTACAAATGAACATCTTTGAGCAAGGAATCTCCGTTTGAATGATTCACGATCGAGAT
TTTTATTTCATACTGAACTTACAAAGTTGTTCTTTTGACAAATTATAGGAACTGGATGAGGTTTTGTAAT
AACCTTTCAATTGACATAGACCCACGTTCTCTAGTAAAATGAAAGAGGATGAGACATCAGGAATAGTTGG
GATAGCTCAG

Micropus bombycinus (Cataglyphis bombycinus)

>AB010940.1 *Cataglyphis bombycinus* mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase subunit I, partial cds
GTCCCTTTAATATTAGGATCACCAGATATAGCTTATCCTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTACTCC
CCCCCTCAATTACTTTATTAATTTTAAAGAAATTTTATTAATGATGGCACAGGAACAGGATGAACAATTTA
TCCTCCATTAGCTTCTAATATTTTTTTCATAATGGCCCCCTCAGTTGATTTAACTATTTTTTCTCTTCATATT
GCCGGTATATCCTCTATTTTAGGTGCAATTAATTTTATTTCTACAATTTTAAATATACATCATAATAATA
TTTCTATAGATAAAGTTCCTTTACTTGTGTTGATCAATTTTAAATTACAGCTATTCTTCTTCTTTCCCT
TCCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTCTCACAGATCGAAATCTAAATACCTCATTTTTTGATCCT
TCAGGAGGGGGAGATCCCATTCTTTATCAACATTTATTTTGATTTTTTGGTCACCCTGAAGTTTATATTT
TAATT

Evax argentea (Erica argentea)

>KU831830.1 *Erica argentea* isolate *argentea_E012475* trnT-trnL intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast
TTCTTATCTACTATTCAATTACGAATTAGTATGAATAAGGAATAGAAAAGAATAAAAAATAAAATGTTATA
GAACCCTAAAAATGAATATAAATAACCATACGATATATTATGTAAATATATTAGATTATTTTTGTATAAT
ATATATATATAAAATATTTTTATTAGATAATTAGATAAATATATTATTAATTTTTCTATTTTTAAAAATCT
TTTAAATTTTTTTTTTATTATATTTTCGCTATTTTTTTGCATATTAGAAATGTCTAATTACTAAATTTTTTT
TTAATAAAAAAATAATAATTTTTTATCGAATATTATATATAAATCAATCGATTTCTCTAGTTTATATAAT
TTATATATAGATTTTTTTCCTATAATATATTTTTATATCGATTTTTGTATTCCGGGATGATGATAAATATGA
TCTAAAATCCGTTGAATCTTTTAATCTAATTAACAAGCCATTTCGAATTCGAATAATTCGAATGAATGGTC
CACTCCTCCGCTTGCAATTCATAAAGGTGTAAGTTTAGACGAAAAAAAAAAGATTTAATCATTTAAGTATT
CCCAACTACATCATATATATGTGGTATATATATTGAATAGCATATTCAATAAATGGTAGAATCATTTTTG
ATTGACCTAAACGTAGGTCTCCTATAGAAGGAAGATCAAAGAATATAGCAAAGAAATTAAGAAGAAAAA
CAACTTTTAGAGAGAGGAATCAGTATATAATGAATTCATGATTCCAGTATAAACGAAAGAAAAAAGG

***Inula montana* L.**

>EU531607.1 *Inula montana* isolate *assem49.0.2* RNA polymerase C (*rpoC1*) gene, partial cds; chloroplast
GATTTTCGTGAGACTCTGCTTGGTAAACGGGTTGATTATTCAGGGCGGTCAGTGATTGTCGTGGGCCCTTC
ACTTTTCATTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATAGCAATAGAACTTTTCCAGGCATTCGTAATTCGC
GACCTAATTAGAAAACATCTTGCTTCGAACATAGGAGTTGCTAAGAGTCAAATTCGGAAAAAAAAAACC
TTGTATGGGAAATACTTCAGGAAATTCGGATGACCATCCTGTATTGCTGAATAGAGCGCCTACTCTGCA
TAGATTAGGCATACAGGCATTCCTCCCCGTTTTAGTGAAGGACGTGCTATTTGTTTACATCCATTAGTT
TGTAAGGGCTTCAATGCAGACTTTGACGGAGATCAAATGGCTGTTTCATGTGCCTTTATCTTTGGAGGCTC
AAGCAGAGGCACGTTTACTTATGTTTTCTCATATGAATCTTTTGTCTCCAATATCGGAGATCCCATTTTC
TGCACCAACTCAA

***Pallenis spinosa* (L.)**

>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

ACGTAATGCTCATAATTTCCCTCTAGACTTAGCTGCTATTGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACTTT
GGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAATGCACTCTTGATAAAAAAAGAGGGCA
TTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTACTATTTGCCTTATATAGTTTTCTTTAAAAATAACAAGGGCTTCCT
ATAATTTGGTTTCGATCCGCGTGTCTTTCTCTTTGTATTCAATTTATATTTATATTCTAGGTTTCTATATCCT
TTTCCCAATCTTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTTCAATTTCAATAGAAAAATAGATAAAAAATGAAAAATTTT
ACTTATTTATTACTTTGATTTTCTTATGCTCCTTTTTTTATGTTAATGGAAAAATAAAGTAATACTAGAT
AATACTAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTG

Senecio vulgaris L.

>DQ208169.1 *Senecio vulgaris* trnK gene, intron; and maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

TGATTTGGGCCGATTTCTCAGATTCTGATATTATTGAGCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTTCTCA
TTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAGAGTTTGTATCGCGTAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCT
AGAATTTAGCTCGTAAGCATAAAAGTACTGTACGTGCTTTTTTGAAGATTAGGTTTCGGAATTTATTGG
AAGAATCTTTACGGAAGAAGAACAAGTTTTTTTCTTACCTTTTCAAGAGTTTCTTCTATTTCGAGAAG
GTTATCTAGAGGGCGGATTTGGTATTTGGATATTATTTGTATCAATGATTTGGCCAATCATGAATGATTC
GTTATGAATCTACGAAACGTTGTAAATAAAAAATTGGATCAATCAATAAATAATTTGAATCTAATAAATA
ATAATTAATTAATAATGAAGAGCGGAAAAAATTATTTATTTCTATTCTGAAATGTTGAGGTAGTAAGG
ATTAATCAACTGAGTATTCAACC

Calendula arvensis L.

>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
TTGGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCTCTTGTTTTATCAAGAGG
GCGTTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTACTATTTGCCTTACACAGTTTCTTTAAAAATAAAAAAGAATAAG
GACTTTTTAGAGTTTGGTTTCGATTCGCGTGTCTTTCTCTTTGTATTCAATTTATATTTATAGGTATAGGTTTC
TATATCCTTTTCCCAGTCTTTTATGAAGTTTTATTTCCAATTTCAATTTCAACCGAAAAATAGATAAAAAAT
AAAATTTTGTATTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTT
GAAAAATATAGTAATACTTGATAAATTGATAAATACTAGATAAATAGTAGAGGGGCGGATGTAGCCAAGTGG
ATCAAGGCAGTGGATTTGTGAATCC

Chrysanthemum grandiflorum L. (*Helianthemum grandiflorum*)

>EU002326.1 *Helianthemum grandiflorum* ribosomal protein S4 (rps4) gene, partial cds; and rps4-trnS intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

AGTAAGACGCCTAAGGCCAAAAAACAATTTCCACCCCGGAAAAAATCTCAATATCGTATTCGTTTAG
AAGAAAAACAAAAATTGCGTTTTTCATTATGGTCTTACAGAACGACAATTACTTAAATACGTCCGTATAGC
CGGAAAAAGCCAAAGGGTCAACAGGTCAGGTTTACTACAATTTACTTGAATGCGTTTGGATAACATCCTT
TTTCGATTTGGGTATGGCTTCAACGATTCCTCAAGCCCGCCAATTAGTTAATCATAGACATATTTTAGTTA
ATGATCGGATAGTGGATATAACCAAGTTATGGTTGCAAACTGGCGATATTATTTCTGTGAGGGCTGAACA
AAAATCTAAAACCTGATTCAAAATTATCTCGATTCATCGATCCCTAAAAAAGTACCAAAACATTTGACC
GTTTCGCACATTACAATATAAAGGATTAGTCAATCAAATAAATAAATAGGAAATCGGTTCGGTTTGCAAATAA
ATGAATTGCTTGTGTCGAATATTATTCTCGTCAGACTTAAAAAACCTAACAGAAAAATGAAAAAAAAAAAA
AAGGGGGGTTGTACAAAATTCTCCCTTTCCCTAACTTAAGGTTAAGTAAACAAACACAACACAAGTCAA
AGGTAAGAAAGAGGGCTTTTGGAGATCTTTTTTTCCGATTCATCTATCCTAGATGATCAGTAGGTAGATT
TTCAGTCTTAATCTCTCTGATCCAGAGATTTGAAATAGAGAATCCAGATCAAAGAAAGGTCGAACTTTTT
TGTATCCCTTTTTTGTATACATTGGGATTGTGATGAATTA

Echinops spinosus L.

>AY013539.1 *Echinops spinosissimus* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

ATGNAGAAANTCCAAAGCTATTTAGGGCTAGGGGGATCTCAACAACACTACTTCTTATATCCACTTATCT
TTCAGGAGTATCTTTATGTACTTGCTCATGATCATGGTTTAAATAGATCGATTTTGTGGAAAAATGCAGG
TTATGACAATAAATCCAGCTTACTAATTTGTGAAACGTTTAACTCACTCGAATGTATCAACAGAATCATTTG
ATTCTTTCTGTTAATGCTTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGCACAACAAGAATTTTTATTCGCAAGTAA

TGTCAGAGGTATCTTCAATCANTATGGAAATTCATCGTCTCCGCGANTAATATCTTCCCTAGAAAGGAA
AAGGGTAGTGCAATCCGATAATTTACCACCAANNCACACTCAATATTANCTTTTTTAGAGGACAACCTTTTTC
CATTTAAATTATGTATTAGATATACTAATACTTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTC
GCTANTGGATAAAAGATGCTTTTTCTTNGCATTATTAAGATTCTTTCTCTATGAGTGTCAAAAATTGGGA
TAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGCTCTTCTTTTTCAAAAAGAAAATCACAGACTATTCTTC
TTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCAGCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACT
TACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATACATTTCTATGGCAAAAATAGAGCATCTTGCAGA
AGTCTTTGCCAGGGCTTTTCAAGCTAATTTATGGTCGTTCAAAGATCCTTTCATGCATTATGTTAGGTCT
CAAGGAAAATCAATTCTTGCTTCAAAGGGGACGTTTCTTTNGATGAATAAATGGAAAATATTACTTNGTCA
ATTTCTGGAAATCTTATTTTTTACCTGTGGNCTGAACCAGGAA

***Carlina racemosa* L.**

>EU571425.1 *Carlina racemosa* voucher HAL070823 psbA-trnH intergenic spacer,
partial sequence; chloroplast
TTTCCCTCTAGACTTAGCTGGTATCGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACTTTTGTCTGATTGTATAG
GAGTTTTTGAAGTAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCTCTTGATAAAAACAAGGGGGCGGTATTGCTCCTTTT
TTTATTTAGTAGTATTTACCTTACATAGTTTCTTTAAAAATAACAAGGGTTTTTATAGTTTGGTTCGATT
GCCGTGTTTTCTTTGTATTCAATTTCTATTATAGGTATAGGTTTATCTATCCTTTTTCCCATCTTTTAT
GAAGTTTTATTTCCAATTCATTTCAATCTAAAATAGATCAAAAATTTGAATTTTGCTTATTTTACTTTT
TATTTAGAAAATAAGAAAATAATATGTTCTTTACTGGGAAAAAAAATGAATAGTAGATAATACTAGATAAT
AGGGCGGATGTAGCCAAGTGATCAA

***Atractylis cancellata* L.**

>AY013522.1 *Atractylis cancellata* maturase K (matK) gene, partial cds;
chloroplast gene for chloroplast product
ATGGATAAATTCCAAAGCTATTTAGGGCTAGATAGATCTCAACAACACTACTTCTTATATCCACTTATCT
TTCAGGAGTATATTTATGTACTTGGCTCATGATCATGGTTTTAAATAGATCGATTTTGCTGGAAAAATGCAGG
TTATGATAAAAAATCCAGCTTACTGATTGTGAAACGTTTAAATCACTCGAATGTATCAACAGAAATCATTTG
ATTCTTTCTGTTAATGAGTCTAAACAGACTCCATTTTTGGGGACAACAAGAATTTTTATTCGCAAGTAA
TGTCAGAGGTATCTTCAATCATTATGGAAATTCATTGTCTCTGCGATTAATATCTTCCCTAGAAAGGAA
AGGGGTAGTCAAATCCGCTAATTTACGATCAATTCATTCAATANTTTCTTTTTTAGAGGACAACCTTTTCA
CATTTAAATTATGTATTAGATATACTAATACTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTC
GCTATTGGATAARAGATGCTTCCCTCTTTGCATNTCTTAAGATTCTTCTCCATGAGTATCATAAATTGGGA
TAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTGTCTTTTTTCAAAAAGAAAATCACAGACTATTCTTC
TTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACT
TACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTTCTATGGAAAAATAGAGCATCTTGCAGA
AGTTTTTACTAGGGCTTTTCAAGTTAATTTATGGTTGTTCAAAGATCCTTTCATGCATATGTTAGGTAT
CAAGGAAAATCAATTCTTGCTTCAAAGGGGACGTTTCTTTTNGATGAATAAATGGAAAATATTACTTTGTCA
ATTTCTGGAAATCTTATTTTTTCTGTGGTCTCAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCA
TTCCC

***Atractylis humilis* L.**

>HG324299.1 *Atractylis humilis* satellite DNA locus HinfI, clone 5
TACTTTTGCTACGGGAGTCCGTATTAGGCCACGACCTATCAAAACGAAGATGCACGATAAACACATTTTC
CAGCGTTTTGGATTTTGGCAATATAATATTATTCGGCCACGTTTCGATAAATGACACGACATACGTTTCGT
CGTCTCCGTGAATGGGTGGCTTTCGGCTGTTTGGGGCACCAGAAAATTTTCGGCAGGTTCTTTCGGGTGAAA
GCCTTCTCACTAGCATCGTAGATGGCCCATGAAAATTTTCAGGAAAATCCGGCATGGTCAGTCAAGACGC
GTAAACCAAGGGTACCCCTTTGGTGTTCGGCAAAAAGAGGACGTCGCATTTAAACGTCCA

***Carduus pycnocephalus* L.**

>HG324110.1 *Carduus pycnocephalus* satellite DNA locus HinfI, clone 1
TAACTTTTGCTACGGGAGTCCGTTTTGGGGCCACGAACTATCAAAACGAAGCAGTGGACGATGAGTACGT
TTCCAGCATTTCCGATTTTGGTAATGAAACATTATCCGGCCACAACCCGGTAAATTTGCTCGACGCGCGCT
CTTTGGGCTTTGAATGGATGGATGCAGTCGTTTGGGGCATGGGGGGTTTTCTTCGGGTCTTTTCGGGTG
CAAACCTACTCATTAAACATCTTAGAGGGCCACGTAAATTTTCTGGTGATTTCCGCCAGGGATTTTCCGG
ATGCTTCCGGACAAGGCTACCAAAGGGTACCCCTTTGGTGTCCGGGCAAAAATTTGGGCGTTAAGACGTC
CA

***Centaurea parviflora* (*Proboscidea parviflora* var.)**

>JN686604.1 *Proboscidea parviflora* var. *parviflora* voucher Gutierrez 34 (UTEF) photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; and tRNA-His (trnH) gene, partial sequence; chloroplast
TTGTTATGCATGAACGTAATGCTCATAA CTTCCCTCTAGACCTAGCTGCTATCGAAGCTCCAACAAATGG
ATAAGACTTGGTCTTAGTGTATAGGAGTTTTTGGAAAATAGAATATATAAGGAGCAATAAACTCTTTCTTG
TTCTATCAAGAGGGGTTATTGCTCCTTTATTTTCTTTTCAATTATCTGTATGAATTTTTTGTATTATTTA
ATTTATCTAACTTCTTGTCAAAGGTTGGGAAGTTTTTTTTATCGTTTTTCATTTTCAATTA AAAAGATAA
GAATATCTCAGAAAAAGATAAATGAAATGATCGAAATTCAATCTTTTGTTTTACAATTTCTAAAAAAA
AAATGGAAAAATCGAATAAAATCTAAAATACTATTTTAAAGTAATTTAAAAGTAAATAGTAGAGGGGCGG
ATGTAGCCAAGTGGATCAAGGCAGTGGATTGTGAATCCACCATGCGCGA

Centaurea pungens

>DQ319155.1 *Centaurea pungens* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAGCCTGCATAGCAGAACGACCTCGTGAACATGTAATCTCAATCGGGTATCGTGGGATTGGGTGCCA
GCCTTAGCCCTGCGATGCTTGCTAACATGCGTCCAAGGTGCCTATCTCTAGGCATTGTGAACGTTCTGTT
GGCATAAAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAACAACAATCAAGAAGGGTCTATCTCGTGT
TGTCCCCTTTTCGGTGTGCACGCGGGTGGTGGCCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATAT
CTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAAC
CATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTCTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGC
ATCGCGTGCAGCCAGACCATGCTCTCATAGGGAGCTTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGCC
GATGGTGTGGTTGGCCTAAAAAGGAGTCCCTTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCCT
CGTATCGAGTCGTGCTGATGCTAGGGAGTTGCTCTCAAAGACCCTAGTGTGTGCTCTTACGACGATGCT
TCGA

***Carthamus caeruleus* L.**

>KU258487.1 *Carthamus caeruleus* internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TGAACATGTAATCACAACCGGGTGTGCTGGGATCGGGTGTGAGCCTTAGCCCTACGATGCTCACCGGCAT
GCGTGCAAGGTGCCTATCTCTAGGCATCGTGGACGTTGTGTTGGCACAAAAACAAAACCCCGGCACGGCAT
GTGCCAAGGAAAACAAAACCTTAAGAAGGGTGCCTCTCGTGTGCTCGCTCGTTTTTCGATGTGCACACGGGTCG
TGGCCTCTCATTAACTATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAG
CAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCC
GAAGCCATTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCATCGCGTGCAGCCAGACCATGCTCCCCCA
TGGGGACGTGTTTGGTTTGGGACGGAGAGTGGTCTCCCGTGCCAATGGTGCAGTTGCCCTAAAAAGGAGT
CCCCTTTGGTGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTTTTCAAGGCCTTCGTATCGAGTCGTGTTGATGCTAGGGA
ATCGCTCTCTAAAGACCC

***Hypochoeris radicata* L.**

>KF591249.1 *Hypochoeris radicata* voucher Allan Herbarium CHR 630364 tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
GACTTAATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGG
AATTAATAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAAAGGTTTCAGAAAAGCGAA
AATAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGCTGTTCTAACGAATGGAGTTGATTGTCTTACGTTA
GTAGAGGAATCCTTCTATTGAACTTCAGAAAAGATGAAGGATAAACCTGTATACATAATACAGAAGAAT
TTTTGTCAATCGATTCCATATTGAAGAAAGAATCGAATATTCATTGATCAAATATCACTCCATAATCT
GATAGATCTTTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCCTTCTACATGTCAATACC
GGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATTTCAAAAATCGTGAGGA

Sonchus arvensis L.

>JX501961.1 *Sonchus arvensis* voucher TEX:Jansen 1103 photosystem II protein D1 (psbA) gene, partial cds; psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-His (trnH-GUG) gene, partial sequence; chloroplast GGATAAGACTTTGGTCTCATTGTAATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAACGCCCTCTTGATAAAACAAGAGGGAAGCTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTAGTATTTGCCTTACATAGTTTCTTTAAAATAACAAGGGCTTTTTATAGTTTTGGTTCGATTAGCCTGTTTTCTCTTTGTATAAAATTTATCTTTGTA TTAATTTAGAGGTTTATATATCCTTTTACCAATGTTTTATGAAGTTTGATTTTCAATTTAATTTAATCT AAAATAGATCAAAATTAGAATTTTTCTTATTTATTACTTTGATTTTCAGAAATAAGAAAGAAAAAATATGC TCTTTTTTTTTTTTCATGTTAATGGAAAAATATAGAAGTACTAGATAATACTAGAAAATAGTAGAGGGGC

Reichardia tingitana (L.)

>JX501930.1 *Reichardia tingitana* voucher K:223-70-02090 external transcribed spacer, partial sequence
ACAAAAGACAAGATCAATAAAGACCTTGTGCCACATTAGGTTCCATATTCAAGCTGCCAAGCAACTC
CATGAGCCAACCTATCGTTGAATGAGCAACAACAAGGTGGATCACAAAAATTGCTTCGATGTTTCGTTAAC
GCCGCAAGCGACGCATTGCGAAACTAAACTTCATTCAAGCCAAACAATGCCTTCGATTAGGTATGCAACA
CAGTAACCCGCTAAATGCTCACAGCAGACAAGCCATGAGCACAATTGAAAAGGTAAGAACGCATGGAACT
TGCTGCTCAAGCAGACATCCAACCACCCGTAACAAACCAAAACACCCTCATGCACCTTTATGGTAGACAT
TCCCGAAGATCGCCAATAATAGCCACCCTCTCGGCAACAAGGCCAAGAAAA

Asteriscus maritimus (L.)

>U84772.1 *Asteriscus maritimus* internal transcribed spacer ITS1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer ITS2
CGAAGCCTATAAAGCAGAAAGACCCGTGAACGTGTAACAACATCAACGTGTCATAGGGATCAGGCTTTTG
TTTGTGACCTATGACCCTCGTCGGTTTTGCATCCATGGCTGACTCTTCGGAGCCTCCTTGGTGTCAAAAAAG
GCGTAACCAAAAACCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAAACAAACCTTAGGAATGCGTCATGCCATGTTG
CACCGTTTCGCGGTGTGTGCATGGGATGTGGCTTCTTTGTAACACTACAAACGACTCTCGGCAACGGATATCT
CGSTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTRAATNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNCTTGGCTGAGGGCACGTMTCCTGGGCGTCACGCATC
GCTTCGCTCCTCATCATTCTCCTCAAAGGGGGTGCTGGATATGGGCGGATACTGGTCTCCCGTGCCTA
TGTGCGGTTGGCTTAAATAGGAGTCTCCTTTGATGGACACACAACAAGTGGTGGTTGACAAAACCTTTGT
CTCGTGTTATGTGCCTTGATTTGTAAGCGAAGACCTCCTGAGTACCCTAACGTGTTGTCTAGTGATGACG
CTTCGACCCGCA

Catananche coerulea L. (*Oreina coerulea*)

>AF097036.1 *Oreina coerulea* cytochrome oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial gene for mitochondrial product
AGATTTTGGATTACTCCCCCTTCATTAATTTTTTTTATTGATAAGTAGAATCGTAGAAAAGCGGAGTCGGAA
CTGGTTGAACGGTTTACCCCCCTTATCAGCAAATATCGCTCATAGGGGTCCCTTCAGTAGATCTAGCTAT
TTTTAGACTTCATTTAGCTGGAATCTCCTCTATTCTAGGAGCAATCAACTTTATTAATACTGTAATTAAT
ATACGACCTACTGGAATAAAATTAGAACAATAACCCCTATTCTCTTGGGCAGTTTTGATTACTGCAATTT
TATTACTTTTTATCTTTACCTGTTTTAGCAGGTGCAATTACTATATTACTTACAGATCGAAATTTAAATAC
CTCATTTTTTTGACCCTGCAAGAGGGGGAGATCCTATTCTTTACCAACATTTATTTTGATT

➤ **Fastat format de la station de Sebdou**

Calendula arvensis L.

>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
TTGGTCTGATTGTATAGGAGTTTTTGAACATAAAAAAGGAGCAATAGCTTCCCTCTTGTTTTTATCAAGAGG
GCGTTATTGCTCCTTTTTTTTTATTTAGTACTATTTGCCTTACACAGTTTCTTTAAAAAATAAAAAAGAAATAG
GACTTTTTTAGAGTTTGGTTCGATTCGCGTGTCTTTCTTTGTATTTCATTTATATTATAGGTATAGGTTTC

Centaurea involucrata

>KJ679853.1 *Centaurea involucrata* isolate involucrata-1-964 ribosomal protein L32 (rpl32) gene, partial cds; and rpl32-trnL intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

```
GGGCGGCGTTAAAAGCTTTGTCATTAGGCAAATCTCTTTCTACCGGGAATTCAAAAAGTTTTTTTGTACG
ACAAACAAGTAAGTCCTAAAATATTGGAATAATCGGAATGGATTTTACTCGCAAAATTTGGCTCGGTAATT
TGTTAATATAAAAATTCACAATCGGCAGTCCCTATTCTAATCAATATGAAATAGACCAGGTTTCAATCTTA
ATCTTCTAAGATGTCTAAAAGAATAATTCTTCTGTTTTCTCAATTCTAAAAAAAAAAGAATAAAGAAAAAA
ATACAAGATTTTTTATTTTTTTTTTCGTATATTTTCACTCACATTGTGGTGGTGGGGAGTCTTATTTTCCC
CATCGACCTTTACAATAATGAAAAATTTTTATCTTTCTCGAGAAGGGCAGATATAATATTTTTTCGTTAAA
ATTAATGAATTGTTGAAACTAATTGATTCCATGTTAAAAAATTTTTATTTTTTGATAACTTTCTGACTTCT
TAATTTATCCTTCTTAATTTATCGGAATTAATAAGGATTTCCGATATATCTCCAATTTTTCAGCCCACT
CAATAAAGAACTTAATTGTTGAGATATTATGTACAAATAAGGTGTCAATTTGGAGTAATCCAAAATAGG
CATATTTTGGATTCAATTGATCAAAAATTTTTTTTTGTTTTCAAATTTATGAAATCAGATAAACGAGAAATAA
TTAAGCATCAATATGAAAACATTTTTTTTTTATTCTATGGAGAGAATTCTCTAGTTGCAAAAGTTGGATTT
TAGACTAGGATAAACTACGTCAAAGCCCTAAGATAAATAAACCGGACACCCTAAGAAACTAATGAACCTT
GAAATTTACTTTTTGAACTCATTTTTTTTATCAATTTTCATCTTTACTAAAAAAGTTATTT
```

***Centaurea pullata* L.**

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

```
TCGAAGCCTGCATAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATCTCAATCGGGCATCGTGGGATTAGGTGCGAG
CCTTACCCCTGCGATGCTTGCTGGCATGCGTTCAAGGTGCCTATCTCTAGGCATTGTGGACGTTTTGTTG
GCACAAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAACAAAATCAAGAAGGGTCCGTCTCGTGTT
GCCCCGTTTTTCGGTGTGCACGCGGGTTCGTGGCCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATATC
TCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACC
ATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTACGCA
TCGCGTCGCCCTAGACCGTTCTCCCTCATGGGGATGTTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGCCG
ATGGTGTGGTTGGCCTAAAAGGAGTCCCTTTGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCG
TATCGAGCCGTGCGGATGCTAGGAAGTCGCTCTCAAAGACCCTAATGTGTCTGCTAATGACGATGCTTC
GA
```

***Centaurea melitensis* L.**

>L35880.1 *Centaurea melitensis* internal transcribed spacer 1 (ITS-1) gene, internal transcribed spacer 2 (ITS-2) gene, and 5.8S ribosomal RNA (5.8S rRNA), 5' end

```
TCGAAGCCTGCATAGCATAACGACCCGTGAACATGTAATCACAACCGGGTGTCTGTTGGGATAGGGTGCRAG
CCTTAGCCTTGCATGCTCGTTCGGCATGCGTGCAAGGTGCCTATATCTAGGCATCGTGGACGTGTTGTTCG
GCACAAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCAAGGAAAACAAAATCAAGAAGGGTGCNTCTTGTGTTGC
CCCGTTTTNNNTGTGCACGCAGGTTCGTGGCCTCTCATTAACCATAAACGACATCGCGTCGCCCAATCCT
TGCTCCCTCATAGGGAWGTTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGCCTTAGGCATGGTTGGCCTAA
AAAGGAGTCCCTTTGGCGGACAGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCGTATCGAGCCGTGTTGA
TGCTAGGGAGTCGCTCTCAAAGACCCTAATGTGTNNNTCTTACGACGATTCTTCGA
```

Centaurea pungens

>DQ319155.1 *Centaurea pungens* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

```
TCGAAGCCTGCATAGCAGAACGACCTCGTGAACATGTAATCTCAATCGGGTATCGTGGGATTGGGTGCCA
GCCTTAGCCCTGCGATGCTTGCTAACATGCGTCCAAGGTGCCTATCTCTAGGCATTGTGAACGTTCTGTGT
GGCATAAAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAACAAAATCAAGAAGGGTCTATCTCGTGT
TGTTCCCGTTTTTCGGTGTGCACGCGGGTGGTGGCCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATAT
```

CTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAAC
CATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTCTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGC
ATCGCGTCGCCCCAGACCATGCTCTCTCATAGGGAGCTTTGGTTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGCC
GATGGTGTGGTTGGCCTAAAAAGGAGTCCCTTTTTGGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCCTT
CGTATCGAGTCGTGCTGATGCTAGGGAGTTGCTCTCCAAAGACCCTAGTGTGTGCTCTTACGACGATGCT
TCGA

Senecio vulgaris L.

>FJ655872.1 Puccinia lagenophorae voucher PDD83803 from Senecio vulgaris L.
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

TGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCTGTAGGTGAACCTGCAGAAGGATCATTATTTATACAAAATGGA
GTGCACTTTATTGTGGCTCTGAACCTTTACATAATCTTACCCCAAGACTTGTGTGTGGCATCTTTTA
GGTGACATTGCACTCAGGTATACGTAGCAGTTATGCTACATTCTCCCCCCCCACCCTTTTTTTTTTAAC
AATTTTTTTAACACAAGTTTGTAGCTAAGAATGTAAACATTTATTAATTATATAAATAACTTTTAAACAATG
GATCTCTAGGCTCTCATATCGATGAAGAACACAGTGAAATGTGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAG
TGAATCATTGAATCTTTGAACGCACCTTGCACCTTTTGGTATTCCAAAAGGTACACCTGTTTGTAGTGCTA
TGAAAATCTCTCATCAAATAATTTTTGGTGGATGTTGAGTGCTGCTGCTATCTAGCTCACTTTAAATAT
ATAAGTCTTTTTATTCTTCTGTTTGGTGGATTGACTTGGTGTAAATTTTTTATCATCAAGGAAAAGTAGCA
ATACTTGCCAACGTTTTTGGAAAAGGACTCCTAAATTGATTTTAAATCATTTTTATTTTTAAGACCTCA
AATCAGGTGGGACTACCTGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA

Bellis annua L.

>KP175147.1 Bellis annua isolate IH13 tRNA-Leu (trnL) gene, partial
sequence; chloroplast

ATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAATTCAGAGAAAACCTGGAATTAAT
AAAAATGGGTAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAGCAAAGGTTGAGAAAAGCGAAAATAAAA
AAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGTTATTCTAACGAATGGAGTTAATTGTATACATTGGTATAGGA
ATCCTTCTATCGAACTTCAGAAAAGTGAAGGATAAGCCTGTATACATAATACAAAAGAATTGGTGTGAA
TCGATTCCATATTGAAAAAAGAATCCAATATTAATTGATCAAACCATTCACTCCATAATCTGATAGATCT
TTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGAGAGAGTCCCGTTATACATGTCAATACTGGCAACAAT
GAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATCAAAAATCATGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAAG
GGCCATTTGACTCCCTAATTCTTTATCATATCCTTTTTTTTTATCCTTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAACTCC
TATCTTCTCATTCACTTTTAGACAAAAGGATCTGAGCGAAAAGCTGTTCTCTTATCACATGTCACATT
ATATATGAAACATGTACAAATGAACATCTTTGAGCAAGGAATCTCCGTTTGAATGATTACGATCGAGAT
TTTTATTACTACTGAACTTACAAAAGTTGTTCTTTTACAAAATTATAGGAACTGGATGAGGTTTTGTAAT
AACCTTTCAATTGACATAGACCCACGTTCTCTAGTAAAATGAAAGAGGATGAGACATCAGGAATAGTTGG
GATAGCTCAG

Sinapis arvensis L.

>FJ870905.1 Sinapis arvensis beta-ketoacyl-CoA synthase (FAE1) gene,
complete cds

ATACAAATACATCTCATCGCTTCCACTACTATTCTCCGACACACACTGAGCAATGACGTCCGTTAACG
TAAAGCTCCTTTACCATTACGTCATAACCAACCTTTTCAACCTTTGCTTCTTCCGTTAACGGCGATCGT
CGCCGAAAAGCCTATCGGCTTACCATAGACGATCTTACCACCTTATACTATTCTATCTCCAACACAAC
CTCATAACCATCGCTCCACTCTTTGCCTTACCCTTTTCCGTTCCGTTCTCTACATCGCAACCCGGCCCA
AACCGGTTTACCTCGTTGAGTACTCATGCTACCTTCCACCAACGCATTGTAGTTCAAGTATCTCCAAGGT
CATGGATATCTTTTATCAAGTAAGAAAAGCTGATCCTTCTCGGAACGGGACGTGCGATGACTCGTCGTGG
CTTGACTTCTTGAGGAAGATTCAAGAACGTTCCGGTCTAGGCGATGAAACTTACGGGCCAGAGGGGCTGC
TTCAGGTCCCTCCTCGGAAGACTTTCCGCGGCGGCGGTGAAGAGACGGAGCAAGTAATCATCGGTGCGCT
TAAAAATCTATTCGAGAACACCAAAGTTAACCTTAAAGATATAGGTATACTTGTGGTGAACCTCAAGCATG
TTAATCCAACCTCCGTCGCTCTCCGCGATGGTCGTTAACACTTTCAAGCTCCGAAGCAACGTAAGAAGCT
TTAACCTTGGTGGCATGGGTTGTAGTGCCGGCGTTATAGCCATTGATCTAGCAAAGGACTTGTGTCATGT
CCATAAAAATACGTATGCCCTTGTGGTGTAGCAGAGAACATCACTTATAACATTTACGCTGGTGATAAT
AGGTCCATGATGGTTTTCAAATTGCTTGTTCGTTGGTGGGCGCTATTTTGTCTCTCAACAAGCCTG
GAGATCGTAGACGGTCCAAGTACGAGCTAGTTCACACGGTTTCAACGCATACCCGGAGCTGACGACAAGTC

TTTTTCGTTGCGTGCAACAAGGAGACGATGAGAACGGCAAACCCGGAGTGAGTTTGTCCAAGGACATAACC
GATGTTGCTGGTTCGAACGGTTAAGAAAAACATAGCAACGTTGGGTCCGTTGATTCTCCGTTAAGCGAGA
AACTTCTTTTTTTCGTCACCTTCATGGGCAAGAACTTTTTCAAAGATAAAAATCAAACATTACTACGTC
GGATTTCAAACCTTGCTATTGACCATTTTTGTATACATGCCGGAGGCAGAGCCGTGATTGATGTGCTAGAG
AAGAACCTAGCCCTAGCACCGATCGATGTAGAGGCATCAAGATCAACGTTACATAGATTTGGAAACACTT
CATCTAGCTCAATGTGGTATGAATTGGCATAACATAGAAGCAAAAGGAAGGATGAAGAAAGGTAATAAAGT
TTGGCAGATTGCTTTAGGGTCAGGGTTTAAGTGTAACAGTGCGGTTTGGGTGGCTCTAAGCAATGTCAAG
GCTTCGACAAACAGTCCTTGGGAACATTGCATCGACAGATAACCCGGTTAAAATTGATTCTGATTCAGCTA
AGTCAGAGGTTTCGTGTCCAAAACGGTCGGTCCTGATAAATGATGTTTGCTCTCTTTCGTTTCTTTTTTA
TTTGTTAACTAATAATAATTTGATGGCTACGATGTTTCTCT

Paronychia argentea

>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

CAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAAACCTGCAACAGCAGAACGACCAGCGAAC
ATGTTTATCATTGGCCGAGGGCGGACACCCTGCTCGCGCAGGGGATAAGCCCCGCGGCACACTAACAAACC
CCGGCGCGGACTGCGCCAAGGAACAAAACCTGAACATGCGCACCTGCGCCGCGACCCGGTAACCCGGACGC
GGCTGCGGAGCCATTACTTAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
TGCGCCCGAAGCTTCGGSTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATTGNGTNTCCCTCACCCGCTCG
CACGCGGGAGGGAAGGATGATGGCCTCCCGTGCCTAACCGGGCGCGGNTGGCCTAAAAACGGAGCCCTCG
GCTGTGAGCCCGCGGCATTTGGTGGTGATTTTCATTCAATTCGTSGCGCTYCTCTTAGCCCNGTGATGC
TCGAGCGACCCAGA

Helianthemum hirtum

>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
AGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGTCGCCCCACCACCTCGTGGTGTGGGCGGATACTGGCCCTC
CCGTGCGTGCATTGCTCGCGGCTGGCCTAAAAACAGAGTCCCTGCGTCGAGCGCGCGGGCGAGCGGTGGT
CTTTATCGTCCTCGTCACGCGCCCGTGCGCCCTCGGCGCGCCGTGGGATCTCTCGGACCCCGAACGTGTC
GTCCCGGACGAACCTCGCTTCGCGACCCAGGTACGGCGGGACTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATA
AGCGGAGGAAAAGAACTTACCAGGATTTCCCTAGTAACGGCGAGCGAACCCGGG

Helianthemum apertum (Hordeum apertum)

>KU195718.1 *Hordeum apertum* cultivar Giza 135 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

GGATTAAACGGTTCTGAACCTGTGGAAATAGTTAGTTGGAATAACAAGAAATTTAGTTCACTACTTGTGA
AACGTTTAATTATTCGAATGTATCAGCAGAATTTTTTGGATAACTCGGTTAATCATCCTAACCAAGATCG
ATTATTGGATTACAAAATTTTTTTTTTATTCTGAGTTTTATTCTCAGATTCTATCTGAGGGGTTTGCATT
GTTGTGGAATCCCATTCTCGCTACGGGAATTATCTTGTCCGAAAGAAAAGAAATACCAAAGTTTCAGA
ATTTACGCTCTATTCAATCAATATTTCCCTTTTTAGAAAGACAAATTTTTGCATTTGGATTATCTATCACA
TATAGAAATACCCTATCCTATCCATTTGGAAATCTTGGTTCAACTCCTTCAATACCGTATCCAAGATGTT
CCATCTTTGCATTTATTGCGATTCTTTCTCAACTACTATTGCAATTGGAATAGTTTTATTACTTCAATGA
AATCCATTCTTTTTTTCAAAGAAAATAAAAGACTAGTTAAATTCCTATATAACTCTTATGTATCAGA
ATATGAATTTTTCTTGTGTTTCTTCGTAACAATCTTCTTGCTTACCATTAGCATATCTGGAACTTTT
CTGGAACGAATCCACTTTCTAGGAAGATGGAACATTTGGGATAATGTACCCTGGTTTTTCTCGGAAAA
CCTTATGGTTCTTTATGGATCCTCTTATACATTATGTTTCGATATCAAGGAAAGGCAATTTTCATCAAAA
AGGCAGTTTTTTTTGAAAAGAAATGGAATGCTACCTTATCAATTTCTGGCAATATTTCTTTTTT
TGGACTCAGCCGCGAAGAAATCCATATAAACCAATTAGCAAACCTTTGCT

***Scabiosa stellata* L. (*Candida stellata*)**

>EF452199.1 *Candida stellata* strain CBS 843 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

AAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGGATGCCCTAGTAACGGCGTAGTGACAGGCAAGAGCTCAGATTTG
AAAGGCACTTGTGCCATTGTATTCTGAAGTTAGGATTCTTGGAAACCGATACCTAAGTTTTCTGGAAAGAA
ACGCCATAGAGGGTGTATAGCCCCGTACGGTATTGACCCAATATAGTTTCCTAACATGGAGTCGAGTTGTT
TGGGAATGCAGCTCAAATGGGTGGTATGCTCCATCTAAGGCTAAATATTTGCGAGAGACCGATAGCGAAC
AAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGAAGCTTTGAAAAGAGAGTGAAATAGTACGTGAAATGTTGAAATG
GAAGGGTAGGCTGCTAACCATGTAGAACCGTGTGTTGGGGGGAAGATAAAAAGCTGCAGAACGTAACCTCCTC
GGAGCATTATAGCTGCAGTCCATATCCCATCCGAGCGGAGGATCTCAGGTTCTACTAAATGGTGGTCT
ACCACCCGTCTT

Pistacia atlántica

>KP055537.1 *Pistacia atlantica* voucher Frantz s.n. (BRIT) tRNA-Leu (trnL) gene and trnL-trnF intergenic spacer, partial sequence; chloroplast

TGATNACTTTCAATTCAGAGAAACCCTGGAATCAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCTATTTTATGA
GAACAAAACAACAAGGGGTCAGAACGGGAGAAAGAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCT
AACAAATGGAGTTGACTGCCTTTTTTGGGGAAAGAAAGGAATTCTTCTATCGAATATCGAAAGGCCATAA
AGCATGAAGGAGAAGCCTATATACACTATGTATACGTAATGAAAAATACACTATGTATACGTAATGAAA
AAGGATCTCAAAAATGACGACCCGAATCCTTTTTGTTTTCTTTTGAAGAACTAATTAATCGGACGAGAA
TAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGCCAATATCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAA
TCCGTCGACTTTAGAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAATCCCCCAAAAAGGCCCATTTA
ACTCCCTAACGATTTATCCTATGTTAGTGGTTCCAAATTCGTTATGTTTCTTATTTCATCTACTCTTTTC
CATTTACAAACGTATCCGAGCAGAATTTTTTCTTATCACACACAAGTCGTGTGGTATATAGGATACAC
GTACAAATGAACACTTTTGAGCAAGGAATCTACATGTGAATGATTCACAATCCATATCATTGCTCATACT
GAAACTGACAAAGTCTTCTTTTTGAATATTCAGAAATGCAATTCCCCGTCCAAGACTTTAAGACTGAA
TTTTGTCTTTTTTAATTGACATAGACCCAAGCCATCTAGTAAAATGAAAATGAT

***Thapsia garganica* L.**

>KT347829.1 *Thapsia garganica* voucher E:Edmondson & McClintock 2579 30S ribosomal protein S16 (rps16) gene, exon 2 and partial cds; plastid

CGATCCGGTGTGGATTTTTATTCTTACATCCGCCATCTTTTCTATGAATGAAGATGCTCTTGACCCGACA
TCTGTTCTGTTTTAACTAGAACTCTTATTTTTGTTAGGTTGTAATGAAAAATAGAGTACATGATGGAGCT
CGGGTAAAACTATGGATTTCATCTTTTCAGGGGGCAAGAATCTAGGGTTAATACCAATCAATAAATTGGAA
CAACTTCGTAAGTATATCAATATATAAATAGAAAGGATCCGATTCAGTCAAGTTTTTTCATTCAAAAGTAA
AATTTGTTGGAATTGAGAAAAGTCTTTCGATTCAAAGTGTATCGCGCGGAATCGAGAGTTTATATGATT
CTTTGATAGAAAGAAATCACAAAAGGGGTATGTTGCTGCCATTTTGTAAAGGATTAAGAAGCACCGAAGTA
ATGTCTAAACCCACTGATTTAAAACAAAGAAAAGGATCCCAGAACAAGGAAACGCCATTTTTCAATTGT
CTCAATAACTGTATAATCTATAATATAATAATAAAGATTAATGAGACAAAACAAGAGGGGGTTAAAGACC
ATTTCAAAAATGAAATAAATGCCTAAATTTTTTTCTTTTAAAGCTATTTGAGAATTATCCAACCTGAG
TTATGGGTACAAATGATTTTTTTTTTTCAGGAAGGGGGGAAGAAAAAATGAGTTAAATCCCATTATAATTT
TTTTTATCAACTCCTTTGCCATTAATTATAATCTATACGTAGACAAAACCTCCAAATCATTTTTTTCTCGA
GCCGTACGAGGAGAAAACCTTCTATACGTTTCTAGGGGGGGTCTTGTTCATTTACTTTAGATCTATCCCAA
TGAGCCGTCTATCGAATCG

***Euphorbia exigua* L.**

>HQ900606.1 *Euphorbia exigua* voucher Barres 44 & al. (BC) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

TCGAAACCTGCCAGCAGAACGACCCGCGAACGCGTTTTATCAACCGAGGGGTCGCCGTCGGATTTCGTCCG
GCGTCGGTCTCTCATCGGGCCCCGTAACAAAACCCCGGCGCAGAACGCGCCAAGGAATCGATAACGAAAA
GATCGCACGCCCCGAGCGCCCCGGAGACGGTGTGTGCGAGGGAGCGTTGCGCTTTGAGAACCAAAAACGAC
TCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCGAGAAATGCGATACTTGGTGTGAATT
GCAGGATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCTTTCGGCCGAGGGCACGTC
TGCCTGGGTGTCACTCAATCGTCTGCTCCCAACGCATTCCGAGGGATGCGAACGGGACGGAAGATGGCTTC
CCGTGGACGTGAGTCCGTGGTTGGCCCAATGCCCGGTCTCCGCATCCNCGCCACGACAATCGGTGGTT
CGGAGACCTCGCCATTCGTCTGTGCCTCGGATGTTTTGTGCGGACCGACCGACCCCGAAGC

Calycotome spinosa (L.)

>HQ171172.1 *Halophytophthora spinosa* var. *spinosa* strain P3394 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial

AAATCATAAAGATATTGGTACTTTATATTTAATTTTTGGAGCTTTTTTCAGGTGTTGTTGGAACAACCTTA
TCATTATTAATTAGAATGGAATTAGCTCAACCGGGTAATCAAATTTTTATGGGTAATCATCAATTTTATA
ATGTTGTTGTTACTGCTCATGCTTTTTTAATGATTTTTTATATGTTATGCCTGTATTAATTGGAGGATT
TGGAATTGGTTCGTACCTTTAATGATAGGTGCTCCAGATATGGCTTTTCCTAGAATGAATAATATTAGT
TTTTGGTTATTACCTCCATCATTATTATTAGTTATTTTTCTGCTTTAGTAGAATCTGGTGCAGGTACAG
GTTGGACTGTTTATCCACCTTTATCTAGTGTTCAAGCACATTCAGGTCCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTT
TGGATTACATTTATCAGGGGTTTCTTCTTTATTAGGTGCAATTAATTTTTATTACAACCTATTTATAATATG
CGAGCTCCTGGTTTAAAGTTACCATAAAAATACCTTTATTTGTTTGGTCAGTTTTAATTAAGTACTGCGGTATTAT
TATTATTAACCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTTTAACAATGTTATTAAGTATAGAAAATTTAATACATC
TTTTTATGACCCAGCAGGTGGAGGAGATCCTGTATTATATCAACATTTATTTTGGTTTTTTGGACATCCA
GAAGTATATATTTTAATTTTACCAGCT

Scorpiurus muricatus L.

>KX401397.1 *Scorpiurus muricatus* isolate NARC59 ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds; chloroplast

AATATCTTCCGTTTCGTCCAAGCAGGATCCGAAGTATCCGCTTTATTAGGTGCAATGCCTTCCGCTGTGG
GTTATCAACCTACCCTTAGTACCGAAATGGGTTCTTTACAAGAAAGAATTACTTCTACCAAAGAGGGGTC
CATAACTTCTATTCAAGCAGTTTTATGTCACCTGCAGACGATTTGACCGATCCTGCCCCCGCCAGCATTT
GCACATTTAGATGCTACTACTGTACTATCAAGAGGATTAGCTGCCAAAGGTATCTATCCAGCAGTAGATC
CTTTAGATTCAACGTCAACTATGCTCCAACCGCAATCGTTGGTGAAGAACATTATGAAACTGCGCAAAG
AGTTAAACAACTTTACAACGTTACAAGAAGTTCAGGATATTATAGCTATCCTTGGGTCCG

Coronilla minima L.

>KY697444.1 *Coronilla minima* trnL gene, intron; chloroplast

ACTTGAACCCTCACGATTTTTAAAAGTCGACGGATTTTCCTCTTACTCAAATTTTCATTAGTGTTCGTTATTG
ACATGTAGAATGGGACTCTATCTTTATTCTCGTTTGATTAGTTCTTTTCAAAGATCTATCAGAAGTATG
ATGGATTGAATGATTTGATCAATGAATATTCTTTTTTTCTTCAACTTTGAAATTGATTTTTCTTAAACATCC
ATCATTTGAGATGGAAATATTCATAAATCGAATAAATATTAGAGTCTTCGTTAATCAATTGAAATACTAT
TTAATACATATATGTATTGAAACATATATATATAGATATGTTTTTTCTCCTCGATCCTTTCTAGAATTC
GAATTTTGATAGATTTTGATAAAATAGATTTCTACCTAGAAAAGAAATGTGTTGTCAACTCCATTTGTTA
GAACAGCTTCCATTGAGTCTCTGCACCTATCCTTTTTTTGTGTCGATTCTGTCTGAACTTCTCTTCC
CTTGTTTTGTTTTGTAAAGCAGGATTTGGCTCAGGATTGCCATTGTAAATCCAGGGTTTCTCTGAAT
TTGAAAGTTTTCACTTGTTAAGTTTCCATACCAAGGCTCAATCTAATTAAGTCCGTAG

Medicago minima

>DQ662631.1 *Medicago minima* CNGC5-like protein gene, partial cds

CCAAAGCACTCTATCTCTCTTACGTGTGACTAAAAAGGACTTGACTTTTTTCCGATAAAAGAACCAAATAT
TTACAGTAGAAAATGTAATGTTGTTGATCAGTTCACCTTTGATGTTGTTGTGTCAGTATATCACATTAAGT
TATCATTTAGTCCTTCTGCATGAGTATAAAAAATAGTGTGTTGAGATTTGTTGGACTTGATCTCTCTCTTA
GATTAGTTACCTGGTCCATGAACCTATTTACCAACTCATAAAATTTCTTTTCAAATTCCTTTAGGTATT
TAAACATGCAGNGCCTCTATGTGACTTTTTGGACTTATCTCTTAGATTGATTTCAATTGATCCTTATTTCA
CTGATTGATTTTTCAAATTTTTAAAGTTTCGAACCTTGATCCCTCTGGTAGATTAACCTAATCAAATTTCTTT
TTAAGCATCTGAATTTGTTAATTCATTTACTTATTTTCATGGATTTGTAGGTTCCACTATTTGAGAGTAT
GGATGAGAGATTGCTTGATGCCATATGTGAGAGACTGAAACCATGTTTATTCACAGAGAATACTTATATT
GTTCCGGGAAGGAGATCCAGTTGATGAGATGCTTTTCATCATACGTGGGCGTCTTGAGAGTGTACCACAG
ATGGTGGGAGGAGTGGTTTTTTCAACCGCACATATCTAAAAGAGGCTGACTTCTGTGGGAGGAGCTTTT
AACATGGGCCCTGGACCCAGATCTGGTTCTAATCTTCCAACCTCTACTCGAACTGTGAAGGCGTTAACA
GAGGTTGAGACTTTTGCCTTGACCCCGGATGAGCTGAAATTTGTTGCCAGTCAGTTTAGACGCTTTCACA
G

Quercus ilex L.

>EU628561.1 *Quercus ilex* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGGGGGCGCTCGTCGCC
CCTTCGCGCCTCAAGGGGGCGGGGACCTCGCGTCTCTTTGCCCGCAAACCGAACCCCGGTGCGGAACGCG
CCAAGGAAATTGAACCAAGAGAGCCACGCTAGAGGCCCGGACACGGTGTGCCCTGGCGTCGGCGTCTT
ACGAATTATTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAAT
GCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCGAATCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGGAAGCC
ATTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACGCATCGTTGCCCGCCAAACTCCGGTTCGGGCGGGGC
GGAAGTTGGCCTCCCGTGCCTGCTTGCAGCGCGGTTAGCCCCAAAAGCGAGTCTCGGCGACGAGCCCA
CGACAATCGGTGGTTTTTTTCGACCCTCGTTCCCGTGTGCGCGCCCCGTCGCCCCGTACGCGCTCTTTCG
ACCCTTACGCGTCGCTCGGCGGCGCTCCCAAC

Salvia officinalis L.

>EU399687.1 *Salvia officinalis* ubiquitin-protein ligase-like protein mRNA, partial cds
TTATCTCGCTGTACCTCTTTGTATTCTTTAAAGAATACAAAGAGGTACAGCGAGAGAAAACAGCAGATCC
TGATATCCAACCTCGTTTGTGATGATTCAAACATATTTAAATGGACTGCTCTTATAAAGGGGCCATCGGAA
ACTCCTTATGAGGGTGGAGTTTTCCAGCTTGCTTTCTCTGTTCTGAGCAGTATCCTTTGCGCCTCCTC
AAGTTCGGTTCTTAACCAAAATATTCCATCCAAATGTGCATTTCAAGACAGGTGAGATTTGCCTTGATAT
ATTGAAGAATGCTTGGAGTCCAGCATGGACGTTGCAATCAGTTTTGT

Salvia verbenaca (L.)

>KJ747298.1 *Salvia verbenaca* isolate 141 ribosomal protein L32 gene, partial cds; and rpl32-trnL intergenic spacer, partial sequence; plastid
AAGGCTATTGGGCGGCGTTAAAAGCATTCTTTCTTTAGGGAAATCTCTTTCTACCGGGACTTCAAAAAGTTT
TTTTGTGCGACAAACAAATAAAATCAAAAAATAAGTTATTAAGAAATAAAGCGGAAACCTAGAACCGAC
CTGATTCAAAAATGGAACCTTCCGTTTTCAAAAAAATTTCCCAATTCCATTTCTGGTGAATTAATCA
ATAGGAAATGGAATTTCTGTTTACTTTGACCAATTTAAACAAAGTTTTATCAATGAACAAAAAATA
CTAGATTTATATTTTAGTATGTTTTGTTTCCAGGATGGGAGTCTTCTTTTTCCCATCAATCTATTTGTAA
TATAATATTTTCTTTTTTGTACAACCTTGCTTACTTTTGGATTTTATATATATTTCTTATATAGAGCCCTA
TAGCTCTCACCATCAATTCACGCAAAAACACTTAATGAAAATATTCTGGATAAATATGTGTGAATTTGGA
AAAATCTAAAATATTTTTTTGTTTTATTGATAAAACTTATTTTTGGGTTGTACTTTTTAAAATGAAAATCA
AATAATAAAAAACGGTAAATTAAAAATGGGGTCTTAATTCCTAGTAAGACTTGCTGGTTTTACAAGAG
TTCCAGTGGAAAAGAGTCTAAAATCCACAACAAAACGAAAACCTAAACTAAAATAATGAACCTTCAAGT
ACATATTTGAACAAATTTTTATTTCATCGATTTGAATCTTTCTAGAAAATATTGCAACCAATAGAATCT
TAAATCTAGACGATTTCTTATTCATAGGC

Marrubium vulgare L.

>U78695.1 *Marrubium vulgare* NADH dehydrogenase (ndhF) gene, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
GTGGATTTTACCTTTTCGTTCCACTTCTAGTTCCCTATATTAATAGGAGTGGGACTTGTTCTTTTTCTACA
GCAACAAAAAATCTTCATCGTCTGTGGGCTTTTCCAAGTATTTTATTGTTAAGTATAGTCATGATTTTTT
CCACGAATATGTCTATTCAGCAATAAATAGTAGTTATATCTATCAATATGTATGGTCTTGGACCTCGA
TAATGATTTTTCTTTAGAATTTGGCTGCTTGATTGATCCGCTTACTTCTATTATGTTGATGCTAATCACT
ACTGTTGGAATTATGGTTCTTATTTATAGTGATAATTATATGGCTCACGATCAAGGATACTTGAGATTTT
TTGCTTATATGAGTTTTTTTTCAGTACTTCCATGTTGGGATTAGTTACTAGTTCCAATTTGATACAAAATTA
TATTTTTTGGGAATTGGTTGGAATGTGTTCCCTATCTATTAATAGGGTTTTGGTTCACACGACCTCTTGCG
GCAAATGCTTGTCAAAAAGCGTTTTGTAACCAATCGTGTAGGGGATTTTGGTTTATTATTAGGAATTTTAG
GTTTTTATTGGATAACAGGTAGTTTTGAATTTTCGAGATTTATTTCGAAATACTCAATAACTTGATTTATAA
TAATGAAGTCAACTTTCCATTTGTTATTTTGTGCGCTGCTCTATTATTTGCTGGCGCAGTTGCTAAATCT
GCACAATTTCCCTTTCATGTGTGGTTACCTGATGCTATGGAAGGACCCACTCCTATTTTCGGCTCTTATAC
ATGCTGCTACTATGGTAGCGGCGGGGATTTTTCTTGTAGCTCGCCTTTTTCTCTTTTTCTAGTTATACC
TTATATAATGAATTTAATTCCTTGATGGGCATAATTACACTATTATTAGGAGTACTTTAGCTCTTGCT
CAAAAAGACATTAAGAGGAGTTTAGCTTATTCAACAATNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTCGCTCTAG
GAATGGGGTCTTATCGAAGTGTCTTTATTTTCATTTGATTACTCATGCTTATTCCAAAGCATTATTTATTTTT

GGGGTCCGGATCCGTTATTCATTCAATGGAAACTCTTGGTTGGTTATTCTCCGGATAAAAAGTCAGAATATG
GTTCTTATGGGTGGTTTAAACAAAACATGTACCGATTACCAAAACCTCTTTTTTATTAGGTACACTTTCTC
TTTGTGGTATTCCGCCGCTTGCTTGTTTTTGGTCAAAAAGATGAAATTCTTAATGATAGTTGGTTGTATTC
GCCGATTTTCGCAATAATAGCTTGGGCCACGGCAGGGNNNNCAGCATTATATATGTTTCGCATTTATTTA
CTTACTTTTGGAGGGCATTAAACATTCACTTTCAAACTTATAGTGGCAAGGAAAAATACCTCTTTCTATT
CCATATCCATATGGGGTAAAGGGTACTCAAAAAGAATTAACCAAAATTTTGATTTATTAAGAAATGAAAG
TTCTCCTTTTTGTTGGAAAAAGACATGTGCAAGTGATGAGAATGCAAGAAAAAGGGGGAGGGGCGCCCT
TTTATTAATATTCGACATTTTGATAATCAAAAGTCTTTTTCTATCCTTATGAATCCCCGAATACGATGT
TATTTGCTTTACTTCTATTAGTCTATTTACTTTATTTGTTGGATCTATAGGAATTCCTTTAATCAAAA
AGGAGCAGATTTGGATCTATTATCCAAATGGTTAGTCCGTTTATTAACCTTTTACATCAAAAGTCAAA
GATTCGTCAAGTTGGTATGAATTTTTCAAGATGCCCTTTTTTCAGTTAGTATAGCTTATTGTGGAATAT
TTCTAGCGTCTTTTTTATATAACCCTATTTATTCATCTTTCAAAAATTTTCACTTACTAAATTCATTTGT
CAAGTTAGGTCCGAAAAGAAAACATTTGGATAAAAATTATAAACGCCCTATATGATTGGTCATATAATCGT
GCTTATATAGATTCTTTTTTATACAATATCCTTTGCCAGGGGGTAAGGGAATTGGCCCAATTAACACATT
TTTTTGATAGACGAGTAATTGATGGAATTACGAATGGAGTTGGTGTATGAGTTTCTTNNNN

Teucrium fruticans L.

>JN575392.1 *Teucrium fruticans* isolate frut 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

TCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAAACCTGCAAAGCAGACCGCGAAC
ACGTGTTTAAACAAAATCGGGATGGCGGTGTGGGGGCGTGCCCCGGCCCGCTGCCCAACCCCCGACGGG
ACGTGCGTCCGCGCCGTGCCGTGCGGGACTAACAACCTCGGGCGCGGCATGCGCCAAGGAAAACTCATAG
GAGCATCCCCCATCCACACGCCCGTTCCGCGGAGCGCTGGTGGATCGGATGCCCGTGTATACCAAAA
CGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTG
AATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCA
CGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCCGCCCCCTCCTCCCTCGGGAGTGTGGGGGGGCGGAGAATGG
CCCCCGTGSGGTTCCCCCGCGCGGCCGCCAAAATGCGCTCCCCGGGCGACGCACGTGCGGACCAGTGG
TGTTGAACTTTCAACTCGCGTGTGTTGCGGCCAGAGGCGTGTCCGACGGGAACACAAAAACAAGACCC
AACGGCGCAATGCGCCTACGACCGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAG

Satureja graeca L. (*Testudo graeca*)

>EU263123.1 *Testudo graeca graeca* haplotype XXII cytochrome b gene, partial cds; mitochondrial

TATTCAACTACAAAATATTAATGACTATAAATCTACGAAAACTCACCCAATAATAAAAAATCATTAACA
ACTCATTCAATTGATCTACCAAGCCCCTCCAACATCTCCGCTTGATGAACTTCGGATCACTACTAGGCAT
CTGCCTAATCCTACAAATTATTACCGGAATCTTCTAGCAATACATTACTACCAAAACATCTCGCTAGCA
TTTTCATCAGTAGCCCATATCACCCGAGATGTACAATATGGATGACTTATCCGAAACATACACGCCAATG
GAGCCTCCATCTTCTTTATATGTATCTACCTTCATATCGGCCGAGGACTTTACTATGGCTCATACCTGTA
CAAAGAAACATGAAACACAGGAGTTGTCTACTACTCCTAATTATAGCCACCGCATTATAGGTTACGTC
CTACCC

Rosmarinus officinalis L.

>HM749050.1 *Rosmarinus officinalis* microsatellite ccmpa sequence; and Ycf3 (ycf3) gene, exon 2 and partial cds; plastid

GGATCGACCTCTATTACATAAGTGGATTCCGGGTTTTTATCTCACATCACGAGAATAAGTATATCTACCA
TCATGACATAAGTACGCAGTTATTATTGTATTGGCCCCAATCTCGCCAATTGATCTTTACGGTGTCTCC
CCCACCAATTAGATTCTTTTTTTTTATCCATAGAAAAAAGTAGCTAGGTATATCTATTTATTTCTTCAT
ATTTCAACTTTTATGAATATAAAGTTTCTTTCTTTGCTACAGCTGATAAAAATCGTTGTTTTAGACGATG
CATATGTAGAAAGCCTTTTTTGTTTTTTACTTCTATAGTGAAGATAGTTCGCACGTAATGACAGATCACGG
CCATATTATTAAGCTTGTGGTAAGAATGGATTTCTGTTCTAGTGTGCGAAAAATAATATTCAAAAGCTTT
CGTGTGTTCTCCATTACTTGTATGGATAAGACCTATATTATAGAGTATATAACTTCGATCATAGG

***Urginea maritima* (L.) (*Charybdis maritima*)**

>JQ933517.1 *Charybdis maritima* voucher DNA Bank RBG Kew ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; plastid

```
AAAGATTACAGATTGACTTATTATACTCCTGATTACGAAACCAAAGATACTGATATTTTGGCAGCATTC
GAGTAACCCCTCAACCTGGAGTTCCCGCTGAAGAAGCAGGGGCTGCGGTGGCTGCCGAATCTTCTACTGG
TACATGGACAAGTGTGTGGACCGATGGACTTACCAGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACAT
GAGGCCGTTGTTGGGGAAGAAAATCAATTTATTGCTTATGTAGCTTATCCTTTAGACCTTTTGAAGAAG
GTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTGGGTAATGTATTTGGTTTCAAAGCCCTACGAGCTCTACG
CCTGGAGGATCTGCGAATTCCCCCTTCTTATTCCAAAACCTTTCCAAGGCCCGCCCCATGGCATCCAAGTT
GAAAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTCGTCCCTATTGGGATGTACTATTAAACCAAAAATTGGGATTAT
CCGCAAAAAACTACGGCAGGGCGGTTTATGAGTGTCTACGGGGTGGGCTTGATTTTACCAAGGATGATGA
AAACGTGAACTCACAACCTTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTTATTTTGTGCTGAAGCAATTTATAAA
GCACAAGCCGAAACAGGTGAAATCAAAGGACATTACTTGAATGCTAC
```

***Asphodelus microcarpus* (*Lupinus microcarpus*)**

>AY618504.1 *Lupinus microcarpus* var. *microcarpus* tRNA-Leu (trnL) gene, intron; chloroplast

```
AATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACCAAGTGATACTTTCAAATTCAGAGAAAACCTGGAATTG
ACAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCCGTTTTTTTCGCAAAAACAAAGAAAAGTTCAGAAAAGCGAAAATAA
AAAGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAACGGAGTTGCCGACATTTACTTTCGTATT
GGTTTAGGAAAGGAATCCTTTTCATCGAAATTTTGTAAAGGATCAAGAATAAACGTATATACATATATACG
TATATTTTACTGAAATATTTTCAATTGATTAATAAAGACTGAAAATCTCTGTTTATTGAAAGAGTAATT
GAATATTGATTGATCAAATCATTCCATTCGATAAATCTGATAGATCTTTTTAAGAGCTGATTAATCAGA
CCGGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACCGACAACAATGAAATTTAGAGTAAGAGG
```

***Chamaerops humilis* L.**

>GF112084.1 cons56 *Chamaerops humilis* L. var. *humilis* microsatellite markers *Chamaerops humilis* var. *humilis* STS genomic, sequence tagged site

```
AAATTGTCTGTTTTTTCATATGAATATCTATCCCTCTCATCATTATAGGTGATAAGGGGTCTAATAGGAGT
ATTTTAGGTTCTTTCTTCGTTTTTTCGTATTTTTNAGCACAAATTTCTTTTAGGAGAGGGGGAAATTTAT
GTGCCTTAGCTTGTGAAAGATCAAGGAGTGCAATCCCCATATCCTAGTATTTAAGGTTGTGCAGNTGGGG
AGGGGNATGGGGTGAGGNAGAGAGAGGAGTTNAGGAAGCCTCGTAATAAGGCCCTGTCCCCCATCCTAAC
TTGCTAAGGAGGGCACAAATGCGTAGGAATAAGATCAGT
```

Pinus halepensis

>EU647209.1 *Pinus halepensis* isolate 59ukPHmugla 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, partial sequence

```
GATACTTAGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAATCATCGAGTTTTTTGAACGCAATTTGCGCCCAGGCCCTC
GGTCGAGGGCACGTCTGTCTGGGCGTCGCATCACATTCAWACGCGCTCCCTGCAATATGCTAGGGAGCAG
CGGAGCTGGTCGTCGTCGCCCATGCGGTGCGGTGCGCTGAAATGCCTCAGGCGATGTCTCGTGGCGTGC
ATCGGCGAGCGGTGACCTTGTCCCCTTGGATGGGCAGTCGGCGTTAGCTGATGCGGGCTTTGTGTGGCAT
CGCTCGAACTTGCTTTGCTCTCTTGTCTCCCATCGGGTAGGGCGGATTTAGCTCCAACCTT
```

***Plantago psyllium* L. (*Conostylis psyllium*)**

>EU499242.1 *Conostylis psyllium* isolate 31083 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

```
CGTTTAAATTATCTGTCTAGATATACTAATAACCTCATCCCATCCATAAGGAAGTCTTGGTTCAAATACTTC
AATCCGGATCCTGGATGTTCCCTCTTTGCATTTATTGCGGTTCTTTCTTCACGAATATTATAAATTGGAA
TAGTCTTACCCTCCGAGGAAATCCGTTTACATATTTTTAAAAGAAAATAAAAGACTATTTTGGTTCTTA
TATAATTCTTATGTATATGAATGCGAATTTCTATTAGTGTCTTCTCGTAAACAATCTTCTTATTTACGAT
TAATATCCTTTGGATGCTTTCTTGAGCGAATATATTTCTATGGAAAGATAGAATATCTTGTGGTGTGTGCG
AAATACTTTTCAAAGACTCCATGGGTCTTTAAAGATCCTTTTATGCATTATGTTTCGATATCAAGGAAAA
CGGTTCTAGGTTCAAAGGGGACTCTTTTTTTGATGAAGAAATGGAAATCCTACCTTGTCAATTTCTGGC
```

AAGATTATTTTCACTTTTGGTCTCAACCGTGCAAGATTCATATAAATCAATTATCCAACCTATTCCTTGTA
TTATCTTGGTTATCTTTTCAAGGTGTACTAATAAATCCTTTGAGAGTAAGGAATCAAATGCTCGAGAATTCC
TATCTAATAGATATTCTTACTAAGAAATTCGATACGATAGTCCCAGTTATTCTCTTATTAGTTCATTGT
CTAAAGCTAAATTTTGTACTGTATCTGGTCATCTATTAGTAAGCCGATTTGGACCGATTTATCAGATTG
TGATATTATAAATCGGTTTGGTCGGATATGTAGAAATGTTTTTTCATTATTACAGCGGATCCTCAA

Ampelodesma mauritanicum (Thesium mauritanicum)

>KP318967.1 *Thesium mauritanicum* isolate D. L. Nickrent 5193 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

ATTGTCGAAACCTGCTAAGCAGGATGACCCGTGAACAAGTTGAACCACATCAGGGGGAGGGTGAGAGCGT
TTGCCATTCTCCTCTGTGCCCCCCCCCCCTCGCGCGTGTTGAGCTTTCTATAAGGAAGCACTCATGCTC
GTGTGGGGCCTTAACGATGAATCGGGCGCAGGTTGCGCCAAGGATACATGAAGAGCATGCTTGATCTTGC
GCTCCATCAGTGGTTGTGCAAGCCAAGTGTCTTTTATCTACATATTAATAATGACTCTCGGCAATGGATAT
CTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAAT
CATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCTGAGGCCTTCTGGCCAAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACTG
ATTCTATTGCCCAAAGCCCACCTCACCCCTTATGGGCAAGGCATGGTTGGGAGCAGATGTTGGTTTTCCCG
TGCGCAATGCGTGGTTGACCGAAATGTAGAGTCTCGGCGATGCGCTACATGACGAACGGTGGTAAACATC
GTCTCTCCTGTGTCTTCGTGCGAACTCTCCCTGACCCAATGACTTCTTTTTGCCTTGAGTTGAAGGAGTTC
ACTATGCGACCCAGGT

Stipa tenacissima L. (Macrochloa tenacissima)

>GU254782.1 *Macrochloa tenacissima* voucher Pyke 701 (BC) NADH dehydrogenase subunit 5 (ndhF) gene, partial cds; chloroplast

CTGCAGGATTAAGTGCCTTTTATATGTTTTCGGATATATTTACTTACGTTTGATGGGTATTTGCGTGTTCA
TTTTCAAATACAGTAGCACTAAAGAGGGTTCGTTGTATTCAATATCCTTATGGGGAAAAAGGATAACC
AAAGGAGTGAATAGGAATTTTCGTTTTATCAACAACGAAGAGTGGAGTTATTTTTTTTACAAAAATATAT
CCAAAATTCATGGTAATACAAGAAATAGGATAGGATCCTTTAGTACTTCTTTGGGGCTAAAAACACTTT
AGCCTATCCGCATGAAACGGGAAATACTATGTTATTTCTCTTCTTATATTACTGCTTTTTACTTTGTTC
ATTGGATTCATAGGAATCTCTTTTGATAATGGAGCAAAGGATAATGGAATAGCGGAGTTAACCATATTAT
CAAAGTGGTTAACTCCCTCAATAAACTTTATCCAGGAAAGTCTAATTCTTCTATAAATTCATATGAATT
TATTACTAATGCAATTTCTTCTGTAAGTTTAGCTATCTTCGGTTTATTCATAGCATATATCTTCTATGGA
TCCACTTATTCTTTTTTTTTCAGAATTTGGATTTAATAAATTCCTTTGTAAAAGGGAGTCCGAAAAAGGGCT
TTTTTGATCGAGTAAAAAAAATATATACAGTTGGTTCATATAATCGCGGTTATATAGATATTTTCTATAC
TAGGGTCTTTACCCTCGGTATAAGAGGATTAACCGAACTAGCTGAGTTTTTTCGATAAGGGTGTCAATTGAT
GGAATTACCAATG

Lygeum spartum L.

>KJ529311.1 *Lygeum spartum* voucher UZ 136.07 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

AATTGGAATAGCCTTATTACTTCAATGAAATCGATTTTTCTTTTAAAAAAGAAAAATAAAGACTATTTTC
GATTCCTATATAACTTTTATGTATCAGAATATGAATTTTTCTTGTGTTTCTTTCGTAAACAATCTTCTTG
CTTACCATTAACATCTTCTAGAACCTTTCTGGAACGAATCCACTTTTCTAGAAAAGATGGAAACATTTTGGG
GTAATGTACCCAGGCTTTTTTTCGGAAAACCTTATGGTCTTTTATGGATCCTCTTATAACATTATGTTTCGAT
ACCAAGGAAAGGCCATTCTTGCATCAAAGGAACTCTTTTTTTGAAGAAGAAATGGAAATGTTACCTTGT
CAATTTCTGGCAATATTCTTTCTTTTTTGGACTCAACCGGAAGGATCCATCTAAACCAATTAGCAAAC
GCTTGCTTCGATTTTCTGGGGTACCTTTCAAGTGTACCAAAAAGTCCCTTTGTTGGTACGGAATCAAATGC
TGGAGAATTCATTTCTAATAGATACTCGAATGAAAAAATTCGATAACCATAGTTCCCGCTACTTCCCTCAT
TGGATCCTTATCAAAGCTCAATTTTGTACTGGATCGGGGCATCCTGTTAGTAAACCAATTTGGACCGAT
TTATCAGATTGGGATATTCTTGATCGATTTGGCCGGATATGTAGAAATCTTTTTTCATTATCATAGCGGAT
CCTCGAAAAACAGACTTTGTATCGACTAAAGTATATACTTTCGACTTTTCATGCGCTAGAACTTTAGCTCG
TAAACATAAAGCACGGTACGAACCTTTTATGCAACGGTTGGGTTCCGGTATTTTTAGAAAGAAATTTTTACG
GAAGAAGAGCAAGTTTTTTCTTTGATGTTTACCAAAAACAACCTTTTTTTCTTCCGTGGATCTCACAGTG
AGCGTATTTGGTATTTTGTATTTATACGTATCAACGACCTGGTGAACCTCTTAATTA

***Echinaria capitata* (L.)**

>KJ529361.1 *Echinaria capitata* voucher UZ 13.07 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

```
AATTGGAATAGTTTTATTACTTCAATGAAATCCATTTTTCTTTTTAAAAAAGAAAATAAAAAGACTATFTC
GATTCCTATATAACTCTTATGTATCAGAATATGAATTTTTCTTGTGTTTCTTCGTAAACAATCTTCTTG
CTTACCATTAGCATCTTCTGGAACCTTTTTTGGAACGAATCCACTTTTCTAGGAAGATGGAACATTTTGGG
ATAATGTACCCTGGTTTTTTTTAGGAAAACCATATGGTTTTTTATGGATCCTCTTATGCATTATGTTTCGAT
ATCAAGGAAAGGCCCTTTTTGCATCAAAAGGTACTCTTTTTTTGAACAAAAAATGGAAATGGTACCTTAT
CAATTTGTGGCAATATTTTTTCTCTTTTTGGACTCAGCCACGAAGGATCCATCTAAACCAATTAGCAAAC
TCTTGCTTTGATTTTTATGGGGTACCTTTCAAGTGTACCAAAAAAGTCCTTTGTTAGTAAGGAATCAAATGC
TGGAGAATTCATTTCTAATAGATACTCGAATGCAAAAAATTAGATAACCATAGTTTCTGCTACTGCCCTCAT
AGGATACTTATCAAAAGCTCAATTTTTGTACTGGATCGGGCCATCCTATTAGTAAACCCATTTGGACAGAT
TTATCAGATTGGGATATTCTTGATCGATTTGGTTCGGATATGTAGAAATCTTTTTTCATTATCATAGTGGAT
CTTCGAAAAAACGGACTTTGTATCGACTAAAGTATATACTTCGACTTTCTGCGCTAGAACTTTAGCTCG
TAAACATAAAAGCACGGTACGAACTTTTATGCAACGATTAGGTTTCGGCATTTTTTAGAAGAATCTTTTACC
GAAGAAGAGCTAGTTTTTTCTTTGATGTTTACCAAAAACAACCCTTTTTTCTTTCCGTGGATCGCACAGTG
AGCGTATTTGGTATTTTGATATTATACGTATCAACGACCTGGTGAAGCCTCTTAATTAA
```

***Bromus rubens* L.**

>KP996890.1 *Bromus rubens* isolate Brube4 external transcribed spacer, partial sequence

```
GGATACGTGTCTGCCGTTAGATCCCCCGTTGTAGTTCGGCCGACTACCGGCGCCGTGTCCCGTCACTCTT
TGGGCATTGTCCCGATTGGATTGAACTTGTGGCTTGCCTGCTAGTACCCGACCTAAGGGAAGTGGTCTTC
GGATAATTGTTGCCTCACGGTGGACGCCCTTTGGGTGTGCCATCGTGACCGAATAGCGCTTGC GGCGTTG
CCTCGTACGACAGCCATATAATGTGCATGTTGATATCACGGCAACCTCGCTCTCGCTTTTTGGTCTAGGAT
GCTGCTCACGATAAAGGCTCGAGGCCCTTCGGGTTGCCTCGATCCGAAACAATGTTCTCTCTCCGAAATG
GCGATTACCGTGTTCATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACGTTTACGTGGTAGGATACGCAACCCTATGGAT
ACGGCCCTCATGGAGGAGGAGACATGCTTTCTCTAAAGTGGGGACAACCGTGCTCATGTCTTGCCTCTAC
CTAGCCACAATAAGTGGTAGGATACGCAACCTATGGGGCGATCCACATGTAGGACAAGGCATGCTCTGTC
TGAAATGGCGATTACCGTGTTCATGTCTTGCCTCGATCTCTCCACAGTTAATTTCTGTGGTAGGATAAGC
AACCCCTATGGATACGGCCCTCATGGATGATGAGACATTACAATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAACCGG
GTACATGTCTTGCCTCTATCTCTCCACAATTACGTGGTAGGATATGCAACCCTATGATCCGGCCCTCATG
GAGGATGAGACATGCCCGCTCAAAGCGACAACCTGGCTCGGCTGTTGCGTTTTGTCTTTCCACGCAAGTGG
GATTGCAGAGTAACTACCGACGCTGGACGTCACCGA
```

***Poa bulbosa* L.**

>GQ324297.2 *Poa bulbosa* voucher UZ:Catalan 13-2000 external transcribed spacer, partial sequence

```
TGGTTTTGGACCCGTGTCTGCCGTTAGATCCCCCGTCTTTGTGCGGCTGACTACCGGCGCCGTGTCCCGT
TGGTTTTGTGCTTATGTTACTGTTGCCTTTCAAGTGTGCTTGCCTGCTGGTACCCGAACTACGGGTAGTGG
TGCTCAACACACGTTGCCTCGCGGTGGACACCTTCGGGTGTGCCACTGTGGCCAAATGGCGCTTGC GGTG
TTGCCTCGTGGTGTGGCACGTTAACTCTGTCACTGCTATCAAGGAAACCTCGCTCCCGCTGTTGGTCTC
GGATGTTGCCTACGCTAAAGTCTCTTGGCCCGTTTGGTTGCCTTACCCGACCCATAAAAAGCTCTCTGAA
TTTTGAGAACAACCGGAACAGGTGTTGCCTCTACCTCTCCACAGTTAGTGGTAGGATTATGCAACATTTCT
GCGCCGATCCTCAATCTAGTAGGATGAGCTTAGCCCGCTCAATCGCGACAACCGGCCCGCCGTTGCCTC
CTCCTTTACACGCAAGTGGATGGGTGGACAACCTCCGACGCCGGACGTCAAAGAGGAC
```

***Avena alba* (*polymorpha alba*)**

>KU758836.1 *Marchantia polymorpha alba* mRNA, complete cds

```
ATGGATCGGTATCAAAGGGTAGAGAAACCCCGCCAGAGACTCCGATAAGCGAAAATGAGATCCGCATCA
CCACTCAGGGAAGATGCGTAACTACATACATATGCGACGACACTTCTTCAGGACAAGGGTGTCTCAGA
GATCGTCTTGAAGGCTATGGGTCGTGCTATTAACAAGACAGTCACTATTGCTGAGATTATAAAGAGGAGG
ATTGCGGGCCTTACCAGAACACGTCCATTGGTTCCACTGACATCACGGACCTTTGGCAACCACTTGAAG
```

AGGGCCTGCTTCCGTTGGAACTACACGACACGTTTCTATGATAACAATAACTTTGTCAACGAAGGAGCT
TGACAAGACTTCTACAGGATATCAGCCACCCTTCCCGCGGATCAAGTGAAGCCGTTGGCAGAATTCGAC
TTCGAAGGAGGTAACGGCACTCCGACAGGAGAATATAATGGCGTTGATGCTGGATGGAGTCGTGGTCGAG
GTCGCAGTCGCGGCCGAGGTAGGGGGCGTGCATTCCGGGGTTCGCGGCAGAGGCTTTGGTGGGTCAGACCT
ACAGCAAGAGGCAGGAGGCTATGATGACATAGGTGCTGGTGGTGCCGATGTAGCTCCGCGTGGTCGAGGT
GACACAAGTGAAGTACTGCTGCAATGAAAACCCCTTGGAGGGCGTGGGCGGGGTAGAGGAAGGGGACGAG
GGAGAGGCCGAGGATTCCGCACAGACGGTCCAATGCAGGGGGCAGGAGGAGCTGGAGCAATGTAA

***Dactylis glomerata* L.**

>KJ529470.1 *Dactylis glomerata* voucher UZ 27.07 NADH dehydrogenase subunit
F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
CGCGTTCATTTTCAAATTACAGTACCCTAAAGAGGGTTCCTTGTATTCCATATCCTTATGGGGAAAAA
AGATACCCAAAGGAGTTAATAGGGATTTTCGTTTTATCAACAACAAAAACAAAGAGTGGAGTTCTTTTTT
TTCACAAAATATACAAAAATTCCAGGTAATGCAAGAAATAGGATAGGATGCTTTAGTACGTCTTTGGG
GCTAAAAACACTTTTGCCTATCCGCATGAACCGGGAAATACTATGTTATTTCTCTTCTTATATTACTGC
TTTTTACTTTTATTTCATTGGATTTATAGGAATTTCTTTTTGATAATGGAGCAATGGATAATGGAATAGCGGA
GTTAACCCCTATTAGCAAAGTGGTTAACTCCCTCAATAAACTTGACTCAGGAAAGTTCTAATTCTTCTATA
AATTCATATGAATTTATTACTAATGCTATTTCTTCTGTAAGTTTAGCTATTTTCGGTTTACTTATAGCAT
ATATCTTATATGGATCCGCTTATTCTTTTTTTTTCAGAATTTGGATTTAATAAAATTCCTTTTTTACAAGGAAAG
TCCGAAAAATACTTTTTTCGATCAAGTAAAAAAAAGATATACAGTTGGTTCATATAATCGCGGTTATATA
GATATTTTCTATACTAGGGTCTTTACT

***Brachypodium distachyum* (L.) (*Brachypodium distachyon*)**

>HX867466.1 HX867466 full-length enriched *Brachypodium distachyon* cDNA
library *Brachypodium distachyon* cDNA clone PL016C01-A-104_P12, mRNA
sequence
TCACCCTCGGCCAGGTGTTCCAGAGGATCGATGTGGTGAGCTCGGACTTCGACAACATCGTGGAGCTGGA
GCTCGGCGCGCCGTGGCCGCTGCCGCCCGTCGAGCTCACGGCCACCCTGGCGCACAAGTTCGAGCTCACC
GGGACAGCGAGCATCAAGATCGATTTTCGACAAGACGACGGTGAAGACGACCGGGAACCTGTGCAGCTGC
CCCCGCTGGAGGTGCCCGCATCCCCGACGGGCTCCGGCCCGCGGCTCCAACACCGGGAGCGGCGAGTT
CGAGGTGACCTACCTCGACGACGACACCCGCGTCACGCGGGGGGACAGGGGGGAGCTCAGGGTGTTCGTC
ATCTCATGATCTATCAATTCAGCCGATTATGCACCGCTGCTCTATCTGTGTGTGTGTGCCGAATCTCT
CCTCTCCGGCCGTGCTCCGGTCATTTTTTCCCCTAATTAACAGGATATATCGTTCAATCTCTGTCAATTT
ACAGTGCTCAGGATGATTTTTGTTGTAGGAATTGTTATAGCTGTAATTTCTCACATCAGGAAACTTCTCAT
GATCGAGCTG

***Schismus barbatus* (L.)**

>GQ471663.1 *Schismus barbatus* NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene,
partial cds; chloroplast
GATCACTCATGCTTATTCGAAAGCTTTATTGTTCTTGGGATCCGGATCCATTATTCATTCAATGGAACCT
CTTGTTGGATATTCACCAGATAAAAGTCAGAATATGGTTCTTATGGGTGGTTTAAAGAAAATATGTTCCAA
TTACAAGAATTACTTTTTTATGGGGTACGCTTTTCTTTTGTGGTATTCCACCTCTTGCTTGCTTCTGGTC
CAAAGATGAAATCCTTAGTAATAGTTGGTTGTATTACCCATTTTTTGAATAATAGCCTCTTTTACTGCA
GGATTAACCGCATTTTATATGTTTCGGATATATTTACTTACTTTTGATGGGGATTTGCGTGTCCATTTTA
AAAATTATAGTAGTACTAAAGAGGGTTCGTTGTATTCAATATCCTTATGGGGAAAAAGTTTATCCAAAGG
AATCAATAGGGATTTTTGTTTTATCAACAACGAAAAGTGGAGTTTCTTTTTTTTTCACAAAATATATCAAAA
ATTTCTGTTAATACAAGAAATAGAATACGATTCTTTAGTAGTCCCTTGGGAGTTAAAAACACTTTTGTCT
ATCCTCATGAAACAGGAAATACTATGCTATTTCTCTTCTTATATTACTCCTTTTTTACTTTGTTCAATTGG
ATTTATAGGAATCCATTTTGGATAATGGAGTAATGGATAATGAAATATCGGAGTTAACCATATTTATCAAAG
TGGCTAACTCCTTCAATAAACTCTTTCCAGGAAAGTTATCCATAAATTCATATGAATTTATCACTAATG
CAATTTATTCTGTAAGTTTAGCTTTTTTTTTGGTCTATTCATAGCATATATCTTCTATGGATCCGCTTATTC
TTTTTTTTCAGAATTTGAATTTTTAAAAATTTCTTATAAAAAGGAAATCCCCAAAAGACCC

Bromus madritensis L.

>KP996997.1 *Bromus madritensis* isolate Bmadri3 external transcribed spacer, partial sequence

```
GCATGAGTAGCATTGGATACATGTCTGCCGGTAGATCCCCCGTTGTA CTTCGGCCGACTACCGGCGCTGT
GTCCCGTCACTCTTGTGGCATTGTCCCGATGGATTGAACTTGTGGCTTGCCTGCTAGTACCCGACCTACG
GGAAGTGGTGTTCGAATAATTGTTGCCTCACGGTGGACGCCCTTTGGGTGTGCCATTGTGACCGAATAG
CGTTTGGCGGCTTGCCTCGTACAACAGCCATATAATGTGCATGTTGATATCACGGCAACCTCGCTCTCGC
TTTTGGTCTAGGATGCTGCTCACGATAAAGGCTCGAGGCCCTTCGGGTTGCCCTTGATCCGAAACAATGTT
CTCTCTCGAAATGGCGATAACCGGGTACATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACAGTTATGTGGTAGGATAT
GCAACCCTATGATCCGGCCCTCATGGATGATGAGACATTCCCAATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAGCCG
GGTACATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACAGTTACGTGGTAGGATATGCAACCCTATGATCCGGCCGTCAT
GGAGGATGAGACATGCCCGCTCAAAAGCGACAACCTGGCTCGGCTGTTGCGTTTGTCTTTCCACGCAAGTG
GAATTGCAGGGTAACTACCGACGCTGGACGTCACCGAGG
```

Aegilops triuncialis L.

>EU096535.1 *Aegilops triuncialis* avenin-like protein gene, complete cds

```
ATGAAGGTCTTCATCTGGCTCTCCTTGGCCCTCGCAGCAACCACCGCCATTGCCAGTTGGAAACCAT
GTAGCCAGGGCTATGGGCAATCTCAACAACAACAACAACCTGGTCAACGACAGTTGCTGGAGCAGATGAC
GCCGTGTCTGGCATTCTGCAACAAAACCTGTAGACCAGTGAAGTCCATTCTCCAGACGCAAGTCGAG
CAACTTAGCAGGTGCCAGATCGTACAATAACCAATGCTGCCAGCAGTTGGCGCAGATCCCAGAGGGAACCC
GGTGCCATGCCAGCCACTTCGTGGTTGAGGCTATCATAACAACAACAATCCCAACAACAATTGCAGGAGCG
GCAACAGCAAGCTCAACATAAGAGCATGAGGATGTTGCTTGAGAACCTATTATTGATGTGCGACATCTAC
GTCCCGGAACAATGCCAGCAGCAACAACAACCTGGGGCAACAACAACAACAACAGTTGCAGGAGCAGTTGA
CACCGTGCAGCATTCTGCAACAGCAGTGTAGCCAGTGACAGTGCCATTCCCCAGATACCGGTGGA
TCAGCCTACCAGCTGCCAAAATGTGCAGCACCAATGTTGCCGACAGCTATCACAGAACCAGAGCAATTC
CGTTGCCAAGCCATCCACGACGTGGCGGAGGCTATCAGGCAACAACAACCCCAACAACAATGGCAGGGTA
TGTACCAGCCCCAGCAGCCAGCACAACTTGAGAGCATTAGGATGTGCTTCAGGACCTGCGGTTCGATGTG
TAGCATCTACATCCCAGTACAATGCCCCGCCCCACCGGCTACAACAGTCCATCGGTGGCTACCTTACT
GGTGGTGCCTGCTAG
```

Anagallis arvensis L. (*Anagallis arvensis* var.)

>AF547739.1 *Anagallis arvensis* var. *arvensis* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence

```
TCGAAACCTGCCTAGCAGAACGACCCGCGAACTTGTCTTCTCATGTGGGGATGCGCCGTCAGGGTCCCCGA
TCCTGCGGTGCCATCCTCCGTCGGGGGCGGGAGCTCTGCTCACGTCCCCGGCCAACTAACGAACCCCGGC
GCAAACCGCGCAAGGAATATCTAACAAGTGATCGAGCCGTCGCTCCCGTTCTCGGGCTGCGATCGGCG
AGAGAATCTTGCATATAACAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGT
AGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGC
CCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCTACAACGCGTCGCCCCCACCCTTTCGTGG
AGGGGGCGGATACTGGCTCCCCGTACGCCCCGCGTGCAGGTCGGCCTAAAAGCGAGTCCCGACGATCGAAG
TCGTGGCAATTGGTGGTTGTAATAATGCCGTTTCTCTTTGTGCGCGCTTCCTTCGGTATGGTTGGCTCCC
TGACCCTGAAGCTCCATGCATTTGGTGCCTCGATCGCG
```

Adonis dentata (*Christella dentata*)

>AB575650.1 *Christella dentata* chloroplast DNA, psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence, specimen_voucher: TNS:763878

```
AACGTAATGCTCACAACCTCCCCCTAGACCTGGCTTCTGTTGAAGCTCCTTCTACAACGGATAATATCC
TTCTGGTTATGTGGCACAACCTGGATACCAAACCTCTTAACTCCGGAAGGAGGTTTGGTGTCCAACGAGAT
GAAGGTTTCGTGCGGTAGAACGGATAGAGAGGATGATAACAGCTTGTGACAATTTACAATATCAGTTCC
CAACCTTGAATTCTGAAAACCTATTTGGAATATCCTTCTGCAATTTGATGGATTACGAAGTTTCTACTCC
GATTTGCAGAATGCTTGTAACTCTCCACCTAAATCTTTTAGATAAAAAGAAATGAGAGTGCATTCCTGAT
TTCAAAGATTTTCTTTTTCTATTGTCTCGTTATATACATAAAGTCAACATGTATGTGTATCAACCGAAGA
```

ACCTATCTAGCTTGCTTAACGGATAGATCTCGTTCACGTCCGGGGGGGGGGCCAACTAAATCGACAGAGG
GGGCGG

***Reseda alba* L.**

>AF209665.1 *Reseda alba* ATP synthase beta subunit (atpB) gene, partial cds;
chloroplast gene for chloroplast product
GGTCCGGTACTGGATGTAGCCTTTCCCTCCGGGAAAGATGCCTAATATTTACAACGCTCTAGTAGTTAAGG
GTCGAGATATCATTGGTCAACAAATTAATGTAACCTGTGAAGTACAGCAATTATTAGGAAATAATCGAGT
TAGAGCTGTAGCTATGAGCGCTACGGAGGGTCTAATGAGAGGAATGGAAGTGCTTGATACGGGAGCTCCT
CTAAGTGTTCCAGTCGGGGGGGCAACTCTAGGACGAATTTTCAACGTGCTTGGAGAGCCAGTTGATAATT
TAGGTCCTGTAGATACTGGCACAACATTTTCTATTTCATAAAATCTGCGCCTGCTTTTCATACAATTAGAGAC
AAAATTATCTATTTTTGAAACAGGAATTAAGTAGTGGATCTCTTAGCCCCCTATCGTCGTGGAGGAAAA
ATAGGACTATTCGGCGGGGCTGGCGTGGGTAAAACAGTACTCATTATGGAATTGATCAACAACATCGCCA
AAGCTCATGGTGGTGTATCCGTTTTTGGTGGAGTAGGCGAACGTAAGTACTCGTGAAGGAAATGATCTTTACAT
GGAAATGAAAGAATCCGGAGTCATTAATGAGCAAAATCTTGCAGGAATCAAAAGTGGCTCTAGTATACGGG
CAGATGAATGAACCGCCGGGAGCTC

***Ziziphus lotus* (L.)**

>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
AACCTGCCCAGCAGAACGACCGGCGAACCCGTGAAAAACACACGGGGGGCCCTCGCGGCTCGTGCCCGG
TGCCCCCTTCGGCCGGAGGGCCGCATCCCGCGCCCCGCGCGGCTGCGGCTTTCCCGGCCGACAAACGA
ACCCCGGCGCAAACCGCGCAAGGAACACCTAACGAATTGGCATTACCCCCCGCTCCGGATACGT
TGCGCGGTTCGGGGTGCAGCTGATTCTGTATTCTATATGTCAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCG
GCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATC
GAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCGTTAGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACACAACG
TTGCCCCCCCCAACCCCGACCCCGTCCGGGGAAAGGAGGGGGCGGATGCTGGCCTCCCGTGTGCCACGG
TCCGCGGCTGGTCAAACCGGGTCCCCTGCGACGAGTGCCGAGCAATCGGTGGTGTCCATCCCTCGG
CTCCCCGCTGCGTGCAGGATCGCTGTGCGGCCCCAGAGACCCCGGTGCGCCGCCCCGTGCGGCGTCTT
CCAACGCGACCCAGGTCAAGCGGGGCTACCCGCTGAGTTTAA

Thymelea hirsuta (*Cardamine hirsuta*)

>AH006550.2 *Cardamine hirsuta*
TAAATAGTCATTACATTTAAATAAAATAAACCTTAATATTAATTAATAGAWTATAGCAGTATATC
AATTTTTTCATTTAATTTTATTAATTTCTAAATAAGCCAATCTTTATTAGATCAGAAATCTTTTTTTN
NN
NN
NN
NN
AAACTSAAAAACATATATATGTTATGTAATATATAACCATATTGAATTGCAAATAAAAAAATGATAGAAT
AGTTAATGATAGAATATTTGTTGATTAGACTAAATCAACATGGGTGGGGTTACAAAAAATGAAACAAGAT
ACCCAAGAAATAAGTATCTATATGTAATGAATTCCAAGTTTTCGGC

***Daphne gnidium* L.**

>GQ167393.2 *Daphne gnidium* isolate DG50_CAZ NADH dehydrogenase subunit F
(ndhF) gene, partial cds; chloroplast
ATTAATTTTAAAAATTACAGTGGAAAAAAGTAGTTTTATTTTATTCAATAAAATTATGGGGTAAAGAAG
AGGAAAAACGATTAACAGAAATTTTCTTTTATTCTTTTATTAACAACATAATAACCAACATACTTT
TTTGTTTTGAAGAAGCCATATGAAATTCGGAGTAAAGTCAAAGGGAGGCTCTTCTGACTATTACTCAT
TTTGAATCTAATAAACTTTTTATTATCCTCATGAATCGGATAATACTATGCTATTTTCTATCCTTTTAT
TAGTTCTATTTACTCTCTTTATTGGAGTTATAGGAATTCCTTTCAATCAACAAGAAATTCATTTAGATAT
ATTATCTAAATTGTTAACTCCAGCTATTGATCTTTTACATCAAAATTCAAAAGATTCTGTAGATTGGTAT
GAATTTTTTCAAAATGGAATTTTTTTCAGTCAGTATAGCTTTTTTTTGGAAATATTTATAGCATCCTTTTAT
ATAATCCTTTTTATTCTCTTTACAAAATTTGAACTTCTTTAATTTTTTTTGTGAAAAGAGGACCTAATAG

AAAAATTTGGGACAAAATAATCAATTTTTTATATAAATTGGTCATATAATCGTGCTTATATAGATAGTTTT
TATGACATGTCCTTAACAAAAACTACAAGACGATTATCTGAACTAACCGAATTTTTTGGATAGCGAACTA
TTGATGGAATTCTAAATGGGTTAGGCATTTCTGTTTTTTAATAGGAGAAGGTATCAA

➤ **Fasta format de la station de Sidi-Djlali**

Eryngium maritimum L.

>GU186915.1 *Eryngium maritimum* RpoB (rpoB) gene, partial cds; and rpoB-trnC
intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
CATTCCCTCATTTCCGTCTCGGAGCATTTTTTCATTTCCCATTTATCAAAAAATCCCATTCTTCGCTCATT
CTTCATGGAATCATATATATGATCTAGCAATGATGGAATTTTTTATTCTGTTTACTGAATCACATGAAATT
TAACACAACCTCCATATCTGGAATAGAATGTATGAAATACGTATGAACGGAGGAATAAAGAAAAATTTCTA
CTCAAATTCGAATTTGAGAAACAGATACAAATGGAAAGGAATTGAGAAAAACAATTCTAGAAAAAGAATTC
TGCCACTTGGGCTTACTATATTATGGAATTTTTGTAGAGAATATCAAAAAGAGATTCCATTTCTACCATTAT
TATGATATTAATATTACATAGTCCAATCTGCTTGAATACCAGAAAACTCAAAGGATTCAGCAGTTTATC
TTTTCGCTAAGATAAAAAACATAAAACTCAGAAACAATAGAGAGTGGATTCTTTAGTACTAAATCACTTTT
AGAGATTCCATTGTTAAAAAAAAGGATTCACAGAGAAGAGAGGCATTTTTTACCTATTTTTTTAGTAAAT
TTTTAGCATACGGGGGGGATTGTGAAGTGTATAAGAGGGGTTGTATTTTTTTTATTAAATAGGTACAGGCA
AATATAGATATATCTATAGACCTTTTCCTTTATTG

Allium roseum L.

>GU388391.1 *Allium roseum* haplotype 2 tRNA-Thr (trnT) gene, partial
sequence; trnT-rps4 intergenic spacer, complete sequence; and ribosomal
protein S4 (rps4) gene, partial cds; chloroplast
CGGTTTCGATTCCGATAGCCGGCTTTTTTCTCTATTGATTTTCCATAATTGAGAATCTCTCCCCTCCATTT
CTCCAAACGTTGAGTCACTAATCTATAATCTATTATGTCAATGTAATTATAAAAAAGTTGATTAGATCC
AATTAGATTTATATTTTATATATATAATAAAATCATAAAACAGAGCCTTAATCTTCTTTCCATAATATACA
ACAAAAAATATGGATATTAACACAATACACTTCATTCTATTTTTGTAATATTTCAATAGATTTTCGCTTTGC
TTTTATTTATCCTTTAGTTTGTTCAGTCTTAATTTTTGATTTCTTCTGTAAAATGAATAAAATTTCAATAA
AATAAAAAGGAGTCTTTACTTTATGTCTCGTTACCGAGGACCTCGTTTTCAAAAAAATACGCCGTCTGGGG
GCTTTACCGGGATTAATAATAAAAGACCTAGATC

Atractylis carduus

>AY826232.1 *Atractylis carduus* internal transcribed spacer 1, partial
sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal
transcribed spacer 2, partial sequence
TCGAAGCCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAACGTGTAAACACAACCGGGCATCGGGGGACCGGGTGCAAC
CCCGGAACTCGGGGCCCGTTCGGCGTGCCTGGATGGCGTCCCCAGGGGGCGTCCAGAGCGTTCCGTCG
GCATGAAAACAAACCCCGGCACAACACGTGCCAAGGAAAACAAAACCTTAAGAAGGGTGCCTCTCGTGTG
CCCCGTTTCGCGGTGTGCGCATGGGTCTGTCGCTCTCTAGAACCAACGACTCTCGGCAACGGATATCT
CGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCA
TCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTTCGCGCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCAT
CGCGTCCGCCCTGACCACACCTACCCCATAGGGTTCACGTGATGTCAGGGGCGGATATTGGCCTCCCGTGC
CCACGGTGTGGCTGGCCTAAACAGGAGTCCCTTTGACGGGCGCACGGCTAGTGGTGGTTGTAAAGGCC
TCGTATCGAGCCGTGCGTCTGAGTGCAGGGAAACGCTCGTAAACGACCCCAACCGTCTCGTGA
CGATGCTTCGA

Atractylis cancellata L.

>AY013522.1 *Atractylis cancellata* maturase K (matK) gene, partial cds;
chloroplast gene for chloroplast product
ATGGATAAATTCCAAAGCTATTTAGGGCTAGATAGATCTCAACAACACTACTTCTTATATCCACTTATCT
TTCAGGAGTATATTTATGTACTTGGCTCATGATCATGGTTTTAAATAGATCGATTTTGCTGGAAAATGCAGG
TTATGATAAAAAATCCAGCTTACTGATTGTGAAACGTTTTAATCACTCGAATGTATCAACAGAATCATTG
ATTCTTTCTGTTAATGAGTCTAAACAGACTCCATTTTTTGGGGGACAACAAGAATTTTTTATTCGAAGTAA

TGTCAGAGGTATCTTCAATCATTATGGAAATTCATTGTCTCTGCGATTAATATCTTCCCTAGAAAGGAA
AGGGGTAGTCAAATCCGCTAATTTACGATCAATTCATTCAATANTTTCTTTTTTAGAGGACAACCTTTTCA
CATTTAAATTATGTATTAGATATACTAATACCTTACCCAGCCCATCTGGAAATCTTGGTTCAGGCTCTTC
GCTATTGGATAARAGATGCTTCCCTCTTTGCATNTCTTAAGATTCTTTCTCCATGAGTATCATAATTGGGA
TAGTCTTATTACTTCAAATTCAAAGAAAGCCAGTGCTTCTTTTTCAAAAAGAAATCACAGACTATTCTTC
TTCCTATATACTTCTCATGTATGTGAATATGAATCTGGCTTCATCTTTCTCCGTAACCAATCTTCTCACT
TACGATCAACATCTTCTGGAGCCCTTCTTGAACGAATATATTTCTATGGAAAAATAGAGCATCTTGCAGA
AGTTTTTACTAGGGCTTTTCAAGTTAATTTATGGTTGTTCAAAGATCCTTTCATGCACTATGTTAGGTAT
CAAGGAAAATCAATTCTTGCTTCAAAGGGGACGTTTCTTTTGATGAATAAATGGAAATATTACTTTGTCA
ATTTCTGGAAATCTTATTTTTTCTGTGGTCTCAACCAGGAAGGATTTATATAAACCAATTATCCAATCA
TTCC

Atractylis humilis

>HG324301.1 *Atractylis humilis* satellite DNA locus HinfI, clone 11
TAACTTTTGTACGGGAGTCCGTTTTCAGGCCACGAACATCAAAAACGAAGCAATGGACGTTATGCACGT
TTCCAGCATTTTCAGATTCTTGAAATCAAACATTATCCGGCGACAATCCGGTAAATTCGATTTTCGTACGTT
CTTCGGCTTTTTCGAATGGATGGCCGCAGTAGTTTGTGGCACGGGAGGGGTTTTCTTCAGGTTCTTTCAGG
CACAAACCTACTCATTAAACATTATGGAGGGCCCCCGTAAATTTTCCGAAGAGTCGCCAAGGGATTCTCCG
GATGTGTCCGGACGAGGCTAACAAAGTGTACCCCCGTTGGTGTCTGGGCAAAAACATTAACGACCT

Carthamus Coeruleus L. (*Stentor coeruleus*)

>EU088112.2 *Stentor coeruleus* clone STCE2 microsatellite sequence
GATATTAACATGTCAAATGTTGATATGAATTTTATAAAAATTTGTAAAAAGAAAAAACATGTTAAAAAAA
AAGAGATTTTCAGATGAAGAAGATTATAGAGAAGATATTTTATTAGGAAATAAACATGATAATGAACCTTT
TAATAATATAAAACCAAATAAAAATTCAAAAAATGATGAAAATAATAAAAAGTTTCATTATATGATTATTTG
ATAAAAAATAAAGGAAAAGTAGTACAAGAAAAACAATTAGAAAATCAAATAATAAAAATTAATAAAAATTA
GTGAAAGTGATAATGATGAAAAAGAAAAAGATTAAGTAGTGATGAAGATTATGTTTCTGATAGTGATGA
TTATGATGAACAAAAAGTTAATCATTATATTGGAAATAAATTTAAAGAAGATGATGATGAAAAAGAATTA
AAAGAACTTTAAAAGAAATTA

Cathananche lutea L. (*Japonica lutea*)

>AB197025.1 *Japonica lutea lutea* mitochondrial ND5 gene for NADH
dehydrogenase subunit 5, partial cds, country: Japan: Shimane
AGTTCATTCATCAACTTTAGTTACTGCTGGTGTATTTATTTAATTCGATTTAATTTATTATTAGTTAAT
ATATTTTTCTTAAAAATTTTATTATTATTATCAGGTTTAACTATATTTATAGCTGGTATTTCTGCTAATT
ATGAATTTGATATAAAAAAATTTATTGCTTTATCAACTTTAAGACAATTAGGTTTAAATAAAGAATTTT
AAGAATAGGATTTTATGATTTAGCTTTTTATCATTATTGACTCATGCTATATTTAAAGCATTATTATTT
ATATGTGCTGGTATAATTATTATCATAATAAATGATAATCAGGATATTCGTTTTATAGGAGGTTAAGAA
ATTATATTCGGATAACTTCATTATGTTTAAATATTTCTAATTTAGCTTTATGTGGAATTCCTTTTTTACG
T

Centaurea incana

>JX259218.1 *Incana incana* isolate E44 NADH dehydrogenase subunit 3 (ND3)
gene, partial cds; mitochondrial
ATAAACATAATCTCCTTCATAATCTCACTATCCCTAGCCCTAAGCATCACCCCTAGCCATAATGAACCTGT
GAATCGCCCAAGCAAGCCAGACTCAGAGAAGTTATCCCCATACGAATGTGGATTTCGACCCACTAGGATC
AGCCCGACTGCCGTTCTCTATCCGATTTTTCTGGTAGCAATCCTATTCTTACTATTTGACCTAGAAAT
GCCTTACTATTACCACTCCCATGAGCTACCCAACCTACAAAACCTGATACCTCTCTACCACTAACCA
CTCTCATCTACTACTAACACTAGGACTGGTATACGAATGAACCCAG

Centaurea pullata L.

>DQ319154.1 *Centaurea pullata* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAGCCTGCATAGCAGAACGACCCGTGAACATGTAATCTCAATCGGGCATCGTGGGATTAGGTGCGAG
CCTTACCCCTGCGATGCTTGCTGGCATGCGTTCAAGGTGCCTATCTCTAGGCATTGTGGACGTTTGTG

GCACCAAACAAAACCCCGGCACGGCATGTGCCAAGGAAAACAAAATCAAGAAGGGTCCGTCTCGTGTT
GCCCCGTTTTTCGGTGTGCACGCGGGTTCGTGGCCTCTCATTAACCATAAACGACTCTCGGCAACGGATATC
TCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACC
ATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAGCCTTTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGGCGTACGCA
TCGCGTCGCCCTAGACCGTTCTCCCTCATGGGGATGTTTGGTTTGGGACGGAGATTGGTCTCCCGTGGCCG
ATGGTGTGGTTGGCCTAAAAAGGAGTCCCCTTTGCGGACGCACGGCTAGTGGTGGTTGTCAAGGCCTTCG
TATCGAGCCGTGCGGATGCTAGGAAGTGCCTCTCCAAAGACCCTAATGTGTGCTAATGACGATGCTTC
GA

Bellis annua L.

>KP175147.1 *Bellis annua* isolate IH13 tRNA-Leu (trnL) gene, partial
sequence; chloroplast
ATTGGATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTTCAATTCAGAGAAACCCGGAATTAAT
AAAAATGGGTAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAAGCAAAGGTTTCAGAAAGCGAAAAATAAAA
AAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGTTATTCTAACGAATGGAGTTAATTGTATACATTGGTATAGGA
ATCCTTCTATCGAACTTCAGAAAAGTGAAGGATAAGCCTGTATACATAATACAAAAGAATTGGTGTGAA
TCGATTCCATATTGAAAAAGAATCCAATATTAATTGATCAAACCATTCACTCCATAATCTGATAGATCT
TTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGAGAGAGTCCCGTTATACATGTCAATACTGGCAACAAT
GAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATCAAAAATCATGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAAG
GGCCATTTGACTCCCTAATTCTTTATCATATCCTTTTTTTTTATCCTTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAACTCC
TATCTTTCTCATTCACTTTTAGACAAAAGGATCTGAGCGAAAAAGCTGTTCTCTTATCACATGTCACATT
ATATATGAAACATGTACAAATGAACATCTTTGAGCAAGGAATCTCCGTTTGAATGATTACGATCGAGAT
TTTTATTCACTGAACTTACAAAGTTGTTCTTTTGACAAATTATAGGAACTGGATGAGGTTTTGTAAAT
AACCTTTCAATTGACATAGACCCACGTTCTCTAGTAAAATGAAAGAGGATGAGACATCAGGAATAGTTGG
GATAGCTCAG

Chrysanthemum coronarium (L.)

>EF577292.1 *Chrysanthemum 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
AAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCAACCCTGCAAAGCAGAACGACCCGTGAACAC
GTAATAATAACCGAGCGCCGAGTGGGTTAAGCGTTTTGTTTGATCCTCTCGGTGCTTTGTGCGATGTGCAT
TAACTCGAGTCCTTTTGGGCCTTGTGAGTGTGTCATTGGCGCAATAACAACCCCCGGCACAATGCGTGCC
AAGGAAAATAAACTTAAGAAGGCTTGTTCATGTTTGCCCCGTTTCGCGGTGTGCTCATGGGATGTGGCT
TCTTTATAATCACAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAA
TGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCCTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAAGC
CTTTTGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCGCAAATCTATGTTGGGGGC
GGATATTGGTCTCCCGTGTCTATGGCGTGGTTGGCCAAAATAGGAGTCCCTTCGATGGACGCACAACTA
GTGGTGGTCGTAAAAACCCTCGTTCTTTGTTTTGTGTCGTTTCGTTGCAATGGAACACTCTATAAAAAACC
CAATGTGTTGTCTTAGGATGACGCTTCGACCCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCTGAGTTAAG
CATA

Chrysanthemum grandiflorum (L.) (*Helianthemum grandiflorum*)

>EU002326.1 *Helianthemum grandiflorum* ribosomal protein S4 (rps4) gene,
partial cds; and rps4-trnS intergenic spacer, partial sequence; chloroplast
AGTAAGACGCCTAAGGCCAAAAAAACCAATTCACCCCGGGAAAAAATCTCAATATCGTATTCGTTTAG
AAGAAAAACAAAATTGCGTTTTTCATTATGGTCTTACAGAACGACAATTACTTAAATACGTCCGTATAGC
CGGAAAAGCCAAAGGGTCAACAGGTCAGGTTTTACTACAATTACTTGAAATGCGTTTTGGATAACATCCTT
TTTCGATTGGGTATGGCTTCAACGATTCCCTCAAGCCCGCAATTAGTTAATCATAGACATATTTTAGTTA
ATGATCGGATAGTGGATATACCAAGTTATGGTTGCAAACCTGGCGATATTATTTCTGTGAGGGCTGAACA
AAAATCTAAAACCTCTGATTCAAAATTATCTCGATTTCATCGATCCCTAAAAAAGTACCAAAACATTTGACC
GTTTCGCACATTACAATATAAAGGATTAGTCAATCAAATAATAAATAGGAAATCGGTGCGTTTGCAAAATA
ATGAATTGCTTGTGTCGAATATTATTTCTCGTCAGACTTAAAAAACCTAACAGAAAATGAAAAAATAA
AAGGGGGGTTGTACAAAATCTCCCTTTCCCTAACTTAAAGTTAAGTAAACAACACAACACAAGTCAA
AGGTAAGAAGAAAGGGCTTTTTGAGGATCTTTTTTTCCGATTCATCTATCCTAGATGATCAGTAGGTAGATT

TTCAGTCTTAATCTCTCTGATCCAGAGATTTGAAATAGAGAATCCAGATCAAAGAAAGGTCGAACTTTTT
TGTATCCCTTTTTTGATACATTGGGATTGTGATGAATTAA

Echinops spinosus (L.) (*Echinops spinosissimus*)

>EU531606.1 *Echinops spinosissimus* isolate assem48.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
AGGAAGATTTTCGCGAGACTCTGCTTGGTAAACGGGTCGATTATTCAGGGCGGTCAGTGATTGTCGTGGGC
CCTTCACCTTGCAATTACATCGATGTGGATTGCCTCGCGAAATAGCAATAGAACTTTTCCAGGCATTTGTAA
TTCGTGACCTAATTAGAAAACATCTTGTCTCGAACATAGGAGTTGCTAAGAGTCAAATTCGGAAAAAAAAA
ACCGATTGTATGGGAAATACTTCAGAGAATTCTGGATGACCATCCTGTATTGCTGAATAGAGCACCTACT
CTGCATAGATTAGGCATACAGGCATTCCTCCCCGTTTTAGTGGAAAGGGCGTGCTATTTGTTTACATCCAT
TAGTTTGTAAAGGGCTTCAATGCAGACTTTGACGGGGATCAAATGGCTGTTTCATGTGCCTTTATCTGCGGA
GGCTCAATCAGAGGCACGTTTCTTATGTTTTCTAATATGAATCTTTTGTCTCCAACCTATTGGAGATCCC
ATTTCCGCACCAACTCA

Hedypnois cretica (L.) (*Hedypnois rhagadioloides*)

>KU586761.1 *Hedypnois rhagadioloides* voucher 17PV12 tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; plastid
GGTTATCGTTCAAGTGTGCGGCTAAAGCCTTCAATGGTACGCAGTCAAATGCTAGAAAATGCATTTATAA
TTGAAAATGCTATTAAGAAGTTTGAGACTATTGTTCCAATTATGCCTCTGATTGGATCATTGGCTAAATC
CAAATTTTGTAAACGCATTGGGGCATCCTATTGGTAAGGCGATTTGGGCTGATTTCTCAGATTCTGATATT
ATTGACCGCTTTGGGCGTATATACAGAAATCTTTCTCATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAAAGAGTT
TGTATCGAGTAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCTAGAACTTTAGCTCGTAAGCATAAAAAGTACTGT
GCGTGCTTTTTTTGAAAAGATTTCGGCTCGGAATTATTGGAAGAATTCTTTACGGAAGAAGAACAAGTTTTT
TCCTTGACCTTTCCAAGAGTTTTCTTCCATTTTCGCGTAGGTTATCTAGAAGGCGTATTTGGTATTTGGATA
TTATTTGTATCAATGATTTGGCCAATCATGAATGATTTCGTTATGAAACCTTG

Senecio cineraria (L.)

>AY426614.1 *Senecio bicolor* tRNA-Leu (trnL) gene, intron; chloroplast
CGAAATCGGTAGACGCTACGGACTTAATTGAATTGAGCCTTGGTATGGAACTTACTAAGTGATAACTTT
CAAATTCAGAGAAACCTGGAATTAATAAAAAATGGGTAATCCTGAGCCAAATCACGTTTTCCGAAAACAA
ACAAAGGTTTCAGAAAGCGAAAAGAAAAAAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAGTTGTTCTAACGAATG
GAGTTGATTGTCTTACATTGGTAGAGGAATCCTTCTATCTTCAGAAAAGATGAAGGATAAACCTGTATAC
ATAATACAGAAGAATTGGTATAAATCGATTCTGAGAATCGAATATCCATTGATCAAACCATTCCTCCAT
AATCTGATAGATCTTTTGAAGAAGTGTGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCGTTCTACATGTCAATACC
GGCAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAATCCGTCGATTTCAAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCT
ATC

Ceratocephalus falcatus (L.) (*Sathon falcatus*)

>AF029116.1 *Sathon falcatus* 16S ribosomal RNA gene, mitochondrial gene for mitochondrial RNA, partial sequence
CTGCTCAATGAATTAATCAATTAGATAGCTGCAGTATTAATAACTGTACAAAGGTAGCATAATAATTAGT
TTTTTAATTAATAATCTAGAATGAATGATTAAATGAAATATAGACTATATCAAATTTAATAAATAAATTTT
TTATTTAATTAATAAATTTAATAAATTTTAAAGACGAGAAGACCCTAAGAATTTTTATAATTTAATTA
TTATTTAATTAATAAATTTAATTTAATTTGGGGAAATTTAAAAATTTAATAAATTTTTTATTAAAAAA
ACATTTATTTTTGAATAAATATTAATTTTTTAAAGAAAATAAATTAATTTACCTTAGGGATAACAGCATAA
TTTTTTAATAAGTTTACATTTATAAAAAAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAGATTAATTTAATAGA
GAATATTAATTTAAGTCTGTTTCGACT

Cistus villosus L.

>GF112181.1 Dv6-GQL0M Microsatellite *Dikerogammarus villosus* enriched partial genomic library *Dikerogammarus villosus* STS genomic, sequence tagged site
AGTCACCCAATCACACACGCCCGCTGGCTTGCTCCATATCCGTGCTTCCTGTTAACCATCTCCCACGAAC
ACCGATTTTCATTGCTCTTAAGCCTTGTTTCCCGGTCACCCTATAACGAACACTGCCTATGTTTCCCCAAA
TCCTTGATTTCTCTTACCCTCCTACACAAACCTCCTGAGATACTCTAAATCCTTGCTTCCAATTCAACC
TTTCACACACACACACATCATGAGTTGTTACAAATCTTATCTTCTTAGCAATCCTATCATACTCACCACC
TGAGTTGCCCTAAATCCTTGCTTCCCTAGTCACTCTGCCACACACACACCTAC

Bromus rubens L.

>KP996890.1 *Bromus rubens* isolate Brube4 external transcribed spacer, partial sequence
GGATACGTGTCTGCCGGTAGATCCCCCGTTGTAGTTCGGCCGACTACCGGCGCCGTGTCCCGTCACTCTT
GTGGCATTGTCCCGATGGATTGAACTTGTGGCTTGCGTGCTAGTACCCGACCTAAGGGAAGTGGTGCTTC
GGATAATTGTTGCCTCACGGTGGACGCCCTTTGGGTGTGCCATCGTGACCGAATAGCGCTTGCGGCGTTG
CCTCGTACGACAGCCATATAATGTGCATGTTGATATCACGGCAACCTCGCTCTCGCTTTTTGGTCTAGGAT
GCTGCTCACGATAAAGGCTCGAGGCCCTTCCGGTTGCTCGATCCGAAACAATGTTCTCTCTCCGAAATG
GCGATTACCGTGTTCATGTCTTGCCTCTACCTCTCCACGTTTACGTGGTAGGATACGCAACCCTATGGAT
ACGGCCCTCATGGAGGAGGAGACATGCTTTCTCTAAAGTGGGGACAACCGTGCTCATGTCTTGCCTCTAC
CTAGCCACAATAAGTGGTAGGATACGCAACCTATGGGGCGATCCACATGTAGGACAAGGCATGCTCTGTC
TGAATGGCGATTACCGTGTTCATGTCTTGCCTCGATCTCTCCACAGTTAATTTCTGTGGTAGGATAAGC
AACCCTATGGATACGGCCCTCATGGATGATGAGACATTACAATGCTCTCTCCGAAATGGCGATAACCGG
GTACATGTCTTGCCTCTATCTCTCCACAATTACGTGGTAGGATATGCAACCCTATGATCCGGCCCTCATG
GAGGATGAGACATGCCCGCTCAAAGCGACAACCTGGCTCGGCTGTTGCGTTTTGTCTTTCCACGCAAGTGG
GATTGCAGAGTAACTACCGACGCTGGACGTCACCGA

Avena alba (*Marchantia polymorpha alba*)

>KU758836.1 *Marchantia polymorpha alba* mRNA, complete cds
ATGGATCGGTATCAAAGGGTAGAGAAACCCCGCCAGAGACTCCGATAAGCGAAAATGAGATCCGCATCA
CCACTCAGGGAAGATGCGTAACTACATCACATATGCGACGACACTTCTTCAGGACAAGGGTGCCTTCAGA
GATCGTCTTGAAGGCTATGGGTCGTGCTATTAACAAGACAGTCACTATTGCTGAGATTATAAAGAGGAGG
ATTGCGGGCCTTACCAGAACACGTCCATTGGTTCCACTGACATCACGGACCTTTGGCAACCCTTGAAG
AGGGCCTGCTTCCGTTGGAACTACACGACACGTTTCTATGATAACAATAACTTTGTCAACGAAGGAGCT
TGACAAGACTTCTACAGGATATCAGCCACCCTTCCCGCGGATCAAGTGAAGCCGTTGGCAGAATTCGAC
TTCGAAGGAGGTAACGGCACTCCGACAGGAGAATATAATGGCGTTGATGCTGGATGGAGTCGTGGTTCGAG
GTCGCAGTCGCGGCCGAGGTAGGGGGCGTGCATTCCGGGGTTCGCGGCAGAGGCTTTGGTGGGTTCAGACCT
ACAGCAAGAGGCAGGAGGCTATGATGACATAGGTGCTGGTGGTGGTCCGATGTAGCTCCGCGTGGTTCGAGGT
GACACAACCTGAAGGTACTGCTGCAATGAAAACCCCTTGGAGGGCGTGGGCGGGGTAGAGGAAGGGGACGAG
GGAGAGGCCGAGGATTCGCGACAGACGGTCCAATGCAGGGGGCAGGAGGAGCTGGAGCAATGTAA

Dactylis glomerata L.

>KJ529470.1 *Dactylis glomerata* voucher UZ 27.07 NADH dehydrogenase subunit F (ndhF) gene, partial cds; chloroplast
CGCGTTCATTTTCAAATACAGTACCACTAAAGAGGGTTCCTTGTATTCCATATCCTTATGGGGAAAAA
AGATACCCAAAGGAGTTAATAGGGATTTTCGTTTTATCAACAACAAAACAAAGAGTGGAGTTCTTTTTT
TTCACAAAATATAACAAAATTCAGGTAATGCAAGAAATAGGATAGGATGCTTTAGTACGTCTTTGGG
GCTAAAACACTTTTGCCTATCCGCATGAACCGGGAAATACTATGTTATTTCTCTTCTTATATTACTGC
TTTTTACTTTTATTCATTGGATTTATAGGAATTTCTTTTTGATAATGGAGCAATGGATAATGGAATAGCGGA
GTTAACCTATTAGCAAAGTGGTTAACTCCCTCAATAAACTTGAICTCAGGAAAAGTTCTAATTTCTTCTATA
AATTCATATGAATTTTACTAATGCTATTTCTTCTGTAAGTTTAGCTATTTTCCGGTTACTTATAGCAT
ATATCTTATATGGATCCGCTTATTTCTTTTTTTCAGAATTTGGATTTAATAAATTCCTTTTACAAGGAAAG
TCCGAAAAATACTTTTTCGATCAAGTAAAAAAAAGATATACAGTTGGTTCATATAATCGCGGTTATATA
GATATTTTCTATACTAGGGTCTTTACT

Echinaria capitata (L.)

>KJ529361.1 *Echinaria capitata* voucher UZ 13.07 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

AATTGGAATAGTTTTATTACTTCAATGAAATCCATTTTTCTTTTTAAAAAAGAAAAATAAAAGACTATTTTC
GATTCCTATATAACTCTTATGTATCAGAATATGAATTTTTCTTGTTGTTTCTTCGTAAACAATCTTCTTG
CTTACCATTAGCATCTTCTGGAACCTTTTTTGGAACGAATCCACTTTCTAGGAAGATGGAACATTTTGGG
ATAATGTACCCTGGTTTTTTTTAGGAAAACCATATGGTTTTTTATGGATCCTCTTATGCATTATGTTTCGAT
ATCAAGGAAAGGCCCTTTTTGACATCAAAAAGGTACTCTTTTTTTGAACAAAAAATGGAAATGGTACCTTAT
CAATTTGTGGCAATATTTTTTCTCTTTTTGGACTCAGCCACGAAGGATCCATCTAAACCAATTAGCAAAC
TCTTGCTTTGATTTTTATGGGGTACCTTTCAAGTGTACCAAAAAAGTCCTTTGTTAGTAAGGAATCAAATGC
TGGAGAATTCATTTCTAATAGATACTCGAATGCAAAAATTAGATAACCATAGTTTCTGCTACTGCCCTCAT
AGGATACTTATCAAAAGCTCAATTTTTGTACTGGATCGGGCCATCCTATTAGTAAACCCATTTGGACAGAT
TTATCAGATTGGGATATTCTTGATCGATTTGGTCGGATATGTAGAAATCTTTTTTCATTATCATAGTGGAT
CTTCGAAAAAACGGACTTTGTATCGACTAAAGTATATACTTCGACTTTCTGCGCTAGAACTTTAGCTCG
TAAACATAAAAGCACGGTACGAACTTTTATGCAACGATTAGGTTTCGGCATTTTTAGAAGAATTCTTTACC
GAAGAAGAGCTAGTTTTTTCTTTGATGTTTACCACAAAACAACCCCTTTTTTCTTTCCGTGGATCGCACAGTG
AGCGTATTTGGTATTTTATGATATTATACGTATCAACGACCTGGTGAAGCCTCTTAATTAA

Aegilops ventricosa L.

>EU096545.1 *Aegilops ventricosa* avenin-like protein gene, complete cds
ATGAAGGTCTTCATCCTGGCTCTCCTTGCCCTCGCAGCAACCACCGCCATTGCCAGTTGGAAACCCACAT
GTAGAGCGGGCTTTGGACAATCCCAACAACAACAACAACCTGGTCAACGACAGTTGCTGGAGCAGATGAA
GCCGTGTGTGGCATTCTTCAACAACAAGGTGACCCCATGAGAATGCCATTCTCCAGCAGCAAGTGGAG
CAACTTAGCAGCTGCCAGATCGTGCAACACCAATGCTGCCAGCAGTTGGCGCAGATCCCAGAGCGAACCC
GGTGCCACGCCATCCACATCGTGGTAGAGGCTATCATTCAACAACAATCCCAACAACAATGGCAGGAGCC
CCAACAGCAAGCACAACATAAGAGCATGAGGATGTTGCTTGAGAACCTATCATTGATGTGCAACATCTAC
GTCCCGGTACAATGCCAGCAGCAACAACAACACTGGGGCAACAACAACAACAACAGTTGCAGGAGCAGTTGA
CACCGTGCACGACATTCTGCAACAGCAGTGTAGCCAGTGACAGTGCCATTCCCCAGATACCGGTGGA
TCAGCCTACCAGCTGCCAAAATGTGCAGCACCAATGTTGCCGACAGCTATCACAGATCCCGGAGCAATTC
CGTTGCCAAGCCATCCACAATGTGGCTGAGGCTATTAGGCAACAACAACCCCAACAACAATGGCAGGGTA
TGTACCAGCAGCCAGCACAACCTTGAGAGCATCAGGATGTGCTTCAGGCCTTGCGGTGCATGTGTAGCAT
CTACATCCCGGTACAATGCCCGCCCCCACCAGCTACAACATTCCCATGGTGGCTACACTGGGTGGTGGC
TGCTAG

Hordeum murinum L.

>KP793204.1 *Hordeum murinum* voucher H5.1 rps16-trnQ intergenic spacer, complete sequence; chloroplast

TGCAAAGTGGTATAGAAAATTGATCCAATATGGATGGAATCATGAATAGTCATTGGTTTAGTTTTTTGTA
TACTAATTAATAAATAAACTTGCTATCTATGGAGCAATATGGATAAAAAGAAAGTAAGTATTTATCCGGGA
AGCCTCCGCCAAGATCCAATTTAATAAACCCATATTCTAATTCTATCATATGAATGAAACATAGAAAAA
GACGACTAAACAAGTTTGCTTAAACTTATTTATTTAATTTCCACCCTCAACGGATGGCTCGAGATG
ATCAATCTTGAAGTGAGAAGAGAAGAATTGACTCTTCTCAATAAATAAACTATCAACCTCCAAAAAAGT
TTAATTCATTTAATTACTAGAAATTCGAATTTCTATTAGTAATATATTTTTTCCGTACCAAAAAACAATTAAC
TATATAACTAAATAAACTATTCCAATGAATAGATTGAAAGTTTTTTGGTAGTTATAGAATTTCTCGTACTTC
TTCGACTCGAAGACCAAAAGGAAGAAAAAATATGATTAAGTGATTATTAAGTGATTATTAAGTGATTATT
AAGTGATTATAGTAGAGGCATATCCTGAATGTGCCTGATAGATCCCATTTTTTTCATGAAAATAAAGATAG
TCAATTTGACTGGACTTAAGACTTTTATTATGTTTTCTGAGAAAAAATAAGATATCATTATTTCTTTAAT
AAACTTTTTGTCTCATACGGAGTACTATATGATTTTACCAGTTTTGTTTCATCAGAAACAA

Stipa pennata L.

>JF698202.1 *Stipa pennata* ribosomal protein S3 (rps3) gene, partial cds; chloroplast

AGACTTGGTACAACCCAAAAACATCATTCTTTTTGGTTCGCGCAACCAAAAAATTAATTTGAAGGTCTAC
AGGAAGATAAAAAATAAGGAATTGTATCAAGAACTATATACAAAAGAATAGGAAAAAGGGCTCGAATAG
AAAAATAGAATCAGAATCAAGTTCCGAAGTAATTACACATAATAGAAAAACGGACTCAGGCTCAAGTTCC
GAAGTAATTACACATATAGAAATTCAAAAAGAAATCGATACGATCCACGTCATAATCCATATAGGATTC

CAAATTTATTAAAGAAAAAGGAGCAATCGAAGAATTAGAGAAAGATCTACAAAAGGAAGTTAACTCTGT
AAACCAGAGACTTAATATTGCTATCGAAAAAGTGAAAGAACCTTATAGACAGCCTAACATTCTTGCAGAA
TATATAGCTTTCCAATTAATAAATAGAGTTTCATTCCGAAAGGCAATGAAAAAGCCATTGAATTAACTA
AAAAAGCGGATATAAGGGGAGTAAAGTAAAAATTGCGGGCCGTCTCGGAGGAAAAAGAAATTGCACGTGC
CGAATGCATCAAAAAGGGTAGACTTCCCCTCCAAACAATTGCGGCTAAAAATTGATTATTGCTGCTATCCA
ATTGCAACTATCTATGGAGTATTAGGTGTAAAAATTTGGATATTCGTAGACGAAGA

Echium vulgare

>EU919617.1 *Echium vulgare* tRNA-Lys (trnK) gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, partial cds; plastid

TCTAGTCAATAATACTATTAAAAAGTTAGATACTCTTCTTCCAATTATTCCAATGATTGCATCATTGGCT
AAAGCTAAATTTTGTAAACATATTAGGGAATCCCATTAGTAAGCCGGCTCGGACTGATTATCAGATTTTG
ATATTATTGACCGGTTTGGGCGTATATCCAGAAATCTTCTCATTATCATAGTGGATCTTCAAAAAAAAA
GAGTTTGTACCGTATAAAGTATATACTTCGACTTTCTTGTGCTAAAACCTTTGGCTCGGAAACACAAAAGC
AGTATGCGTGCTTTTTTGA AAAAATCAGGCTCGGAATTATTGGAAGAGTTCCTTACGTCGGAAGAAAAAG
TACTTTCTTTAACCTTTGCAAAAGCTTCTTCTACTTTACGGGGAAGTAGGATTTGGTATTTAGATATTAT
TTGTATCAATGATTTAGTCAATGACCAATAATTCGTTATGAGATCTAAAAAGTCAAAACATAACAATTT
TTTTTTAGTATTCTGAAATGTAAATGCAGTATAGAAACGTAATACGGGTAAATCAACCGAGTATTCCAG
TTTTTCTA

Erodium guttatum

>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

CAGTAGGATTGAGTCTCATAATAATCAAAAAAGTGAAAGATGGCGAAATTCGTTTCGAAAAATTGTCGAA
TACAAAGGATTTCGATAGCAAATGGATCGATTAATTCAATAAGAAATGGAATGGGAACTGACGGTCCATTA
CCCCAGTACCCGGCACTATCCAACCGAATCCAATGCATTTTTTTATTTATTCAATTCAATGCGTGAGTTTT
CAAGTTCAACCAACCCAAAAGATCAAACGGATACAGAAAAATCTTGAAAAAGTATTTCACTGTCTATTG
TTATATAACAATACTACCCATATTCTCTATCGAATTCGAATCTGAGCTCTATTTAACTTACCATTTCAGTAT
TTCTATCTCACTGTCCCCCTTTTTGCGGATTCAATTAGGACCAACCTGTTCTTTTTTTTATACCTATATCC
TTTTCGTGGACGAATTGTGCACCCTTTGACATATAGGATTTACATAGACAACCTATATCACTGTCAAGGGA
GAATTCCTTATTATTTTCGATATTTTCGATTCAAAAAAAGGTAAGAAAGTCGAAACTTTAAAAACAACGATT
GGGTTGCGCCATACATAGGAAAGAGTATAACAATAATGATGTGTTTTGTCGAATCAAAATCAAAAAACCGCAGT
CTAATCCCAATCTAAATAGGGAACCCCTTTGATTAGTTGATAATGGTTAGTTGAGAGTTTTGCAAAAGAT
TTCTCCGAAAGGGTTCATTAACCTCGTAATTCCTGCCGAGTAGATCTTGTTTTGTTGTTGCGAGAATTCAG
AATTCACGAGTTGTAGGGAGAACTTATGTCAACCACAAACAGAGACTAAAGCAAG

Erodium moschatum

>KX824069.1 *Erodium moschatum* clone 2 NADH dehydrogenase subunit 1 (nad1) gene, exon 2 and partial cds; mitochondrial

GGAGCCGTAAGCGCGGTGGGGGGTGAGAGAGGACGTGCTCGTACGGTTCATAGAAGGCTCTGAAAGAGTC
GTTGATTGTTGAGAAGTTTCACTGCTCTATATTGCAAAATATGCCTTTCTAGGAGCATTACGATCTGCAGC
TCAAATGGTCTCTTATGAAGTATCCATTGGTCTTATTCTTATTACTGTACTAATATGTGTAGGTTCTTGT
AATTTGAGTGAGATTGTCATGGCGCAAAAGCAGATATGGTTCCGGTATTCCCTTGTTCCCTGTATTGGTTA
TGTTCTTTATTTCTTGTCTAGCAGAAACGAATCGAGCTCCCTTTGATCTTCCAGAAGCGGAAGCTGAATT
AGTTGCAGGCTATAATGTAGAATATTCTTCAATGGGGTTTGTCTTTTTTTTTTTGGGAGAGTATGCCAAT
ATGATCTTAATGAGTAGTCTATGCACATTGCTCTTTCTAGGAGGTTGGCTGCCTATCCTAGATCTTCCCA
TTTTACAGAAGATCCCCGGCTCGATCTGGTTTAGTATCAAGGTGATTCTCTTTCTCTTTCTATATATATG
GGTCCGTGCAGCATTTCACGATATCGTTATGATCAATTAATGGGACTTGATGAAAGTCTTCTTGCCT
CTATCATTAGCTCGGGTAGTCGCCGTTTCTGGTCTTTTAGTCACCTTTCGATGGCTTCCTTAA

Euphorbia exigua L.

>HQ900606.1 *Euphorbia exigua* voucher Barres 44 & al. (BC) internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence
TCGAAACCTGCCCAGCAGAACGACCCGCGAACGCGTTTATCAACCGAGGGGTCGCCGTCGGATTTCGTCCG
GCGTCGGTCTCTCATCGGGCCCCGTAACAAAACCCCGGCGCAGAACGCGCCAAGGAATCGATAACGAAAA
GATCGCACGCCCCGAGCGCCCCGGAGACGGTGTGTGCGAGGGAGCGTTGCGCTTTGAGAACCAAAACGAC
TCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGACGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATT
GCAGGATCCCGTGAACCATCGAGTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTTTCGGCCGAGGGCACGTC
TGCCTGGGTGTCACTCAATCGTCGCTCCCAACGCATTCCGAGGGATGCGAACGGGACGGAAGATGGCTTC
CCGTGGACGTGAGTCCGTGGTTGGCCCAAATGCCCGGTCTCGGCATCCNCGCCACGACAATCGGTGGTT
GCGAGACCCTCGCCATTTCGTGCTGTGCCTCGGATGTTTGTGCGGACCGACCGGACCCCGAAGC

Medicago orbicularis (L.)

>JN635683.1 *Medicago orbicularis* auxine transporter-like protein 4 (Lax4) gene, partial cds
TGGTTTTGAAGTTCTTGATGGATTACTAGGTAGATATTGGAAAGCATTGGGGTTAGCCTTCAATTGCACTT
TTCTCCTCTTTGGATCTGTCATTCAGCTTATAGCATGTGCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
NNNTAATATATATTACATAAATGATAAATTGGACAAAAGGACTTGGACTTATATTTTTGGAGCTTGTGT
GCTACAACGTGTTTCATACCTTCCTTCCACAATTATCGTATTTGGTCATTTCTTGGTCTTGGAAATGACCA
CTTATACTGCTTGGTATATGGCTATAGCTGCTATAGTTAATGGCCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
NNNNNNNATAGAAAATGTGGTACACTCTGGTCCAACAAAGCTAGTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN
NNNNNGGAGATTATGCATGCAATGTGGAAACCTCAAAGTTCAAGTACATATATTTTTCTGGCAACTTTGT
ACGTTTTTACATTAACGATTCCTTCAGCTGTTGCCGTTTACTGGGCTTTTGGTGATGAGTTGTTAAACCA
TTCCAATGCTTTCTCT

Medicago rugosa

>JX297557.1 *Medicago rugosa* voucher PI 233254 shatterproof mRNA, complete cds
ATGGAGCTACCAAATGAAGGTGGAGAAGGATCTTCTCAAAAAGAAAATGGGAAGAGGAAAAATTGAAATCA
AGAGGATTGAAAACACTACCAATAGGCAAGTCACTTTTTGCAAACGACGCAATGGATTGCTGAAGAAAAGC
TTATGAGTTATCCGTTCTTTGTGATGCCGAAGTTGCTCTTGTAGTCTTCTCCACTCGCGGTCGTTTGTAT
GAATATGCCAACAACAGTGTAGAGCAACTATTGAAAGGTACAAAAAGCATGTGCTGCTTCCACTAACG
CAGAATCTGTATCTGAAGCTAATACCCAGTTTTACCAGCAAGAATCATCGAAATTGAGAAGACAGATTCG
AGATATTCAGAATCTAAATAGACACATCCTTGGTGAAGCTCTAGGATCTCTAAGTCTCAAAGAACTGAAG
AATCTCGAGGTTAGATTGGAGAAAGGTTAAGCAGAGTTAGATCTAGAAAGCATGAGACTTTGTTTGTCTG
ATGTGGAGTTCATGCAAAAAGCGGAAATTGAGCTGCAAAAACCATAACAATTATCTAAGGGCTAAGATAGC
GGAACATGAGAGAGCTCAACAACAGCAACATAATTTGATGCCAGATCAAACAATGTGTGATCAGTCCTTA
CCTTCATCACAAGCATATGACCGAAATTTCTTTCCGGTAAATCTTCTTGGATCAGATCAGCAGCAGTATT
CGCGTCAAGATCAAACCGCTCTTCAGCTTGTGTGA

Astragalus armatus L.

>EU531616.1 *Astragalus armatus* isolate assem60.0.2 RNA polymerase C (rpoC1) gene, partial cds; chloroplast
AGTTTGCAAAAGAAGGAAGATTTTCGAGAACTCTGCTTGGCAAACGAGTTGATTATTTCGGGGCGTTCTG
TTATTGTGCTAGGTCCATCACTTTTATTACATCAATGTGGATTGCCCGGAAAATAGCAATAGAGCTATT
TCAGACATTTCTAATTCGTGGTTTAATTCGAAAACATTTTGTCTCAAACATAGGCGTTGCTAAGAGTAAA
ATCCGGGAAAAGAACCATTGTATGGGAAATACTTCAAGAAGTTATGCGGGGACATCCCGTATTGCTGA
ATAGAGCGCTACTTTGCATAGATTGGGCATACAGGCATTCACCCATTTTAGTGGAAGGGCGTGCTAT
TTGTTTACATCCATTAGTGTGTAAGGGATTCAATGCAGACTTTGATGGAGATCAAATGGCTGTTTCATGTG
CCTTTATCTTTGGAGGCTCAAGCAGAAGCCGTTTACTTATGTTTTCTCATACGAACCTCTTGTCTCCGG
CTATTGGGGATCCCATTTCCGTACCAACTCA

Herniaria hirsuta L.

>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

```
CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTTCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCAGCGAACATGTTTCCA
TCGGCACCTAAACGAACCCCGGGCGGGACTGCGCCAAGGAACATGAACTCAATGCGCCTCCCCCGTGCCC
GGTTTACCGGTGCTCGGGCTTGGTGCCATGTTTAAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTC
TCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGT
CTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAAGCCTCGGCTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCTC
CCCCTCACCCACCCGGGCGGGGAGGAGGATGGCCTCCCGTGCCTCACCGGGCGGGCTGGCCTAAATAGG
GAGCCCACGGAGCAGAGCTGCCGCGGCGATTGGTGGCTCGTCGCGCTGCGCTGCCCTAAGGGAGCTCGAA
GGACCCTGAACGTCGCTCTTTGCGACCTCACCGTTGCGACCCAGGTCAGGCGGGACTACCCGCT
```

Minuartia montana L.

>JX645237.1 *Minuartia montana* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast

```
TTACTGGGTGAAAGATGCCCCGTCTTTACATTTTTTACGATTCTTTCTTTATGAGTATCATAATTGGAAT
AGTCGTCTTATTCCAAAAAAGACATTTCTATTTTTTCGAAAAAGGAATCAAAGATTATTCTTGTCTTAT
ATAATTTTCATGTATGTGAATACGAATCCATTTTTATTTTTTCTTTGCAAACAATCCTCTCATTACGATC
AACATCTTATAGAGCCCTTCTTGAACGCATTTATTTATATGGAAAATTAGAATATTTAGTAAACCTTTTT
ACTAAGGATTTTGGCGTTATCTTATGGCTTTTTCAAAGACCCTTGCCGCATTCTTTTAGGTATAAAGGAA
AATGCATTCTGGCCTCCAAAGGGACATCCCTTTTTATGCATCAATGGAAATTTATCTTATACATTTTTG
GCAATGTTATTTTTCTGTATGGTCTCAACCAAGAAGAATCTATATTAATCCATTATCAACTTATTTTTCTT
GACTTTATGGGTTTTCTTTCAAGTGGACAACCTCACTTCTTTAGTGGTACGGAGTAAAAATGTTAGAAAAATG
GATTTATAATAGATAATAACAATAAGAAGTTCGATCCTAAAATGCCAATTAGTCTTCTGATTGGGTCGTT
GGCTAAAGCGCAATTTTGTAAACGGATCAGGAAATCCTATTAGTAAGTCGGCTTGATCGATTTATCGGAT
TCCG
```

Paronychia argentea

>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

```
CAAGGTTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTTCGAAACCTGCAACAGCAGAACGACCAGCGAAC
ATGTTTATCATTGGCCGAGGGCGGACACCCTGCTCGCGCAGGGGATAAGCCCCGCGGCACACTAACAAACC
CCGGCGCGGACTGCGCCAAGGAACAAAACTGAACATGCGCACCTGCGCCGCGACCGGTAACCCGGACGC
GGCTGCGGAGCCATTACTTAAACAATAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAG
AACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGT
TGCGCCCGAAGCTTCGGSTGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATTGNGTNTCCCTCACCCGCTCG
CACGCGGGAGGGAAGGATGATGGCCTCCCGTGCCTAACCGGGCGCGGNTGGCCTAAAAACGGAGCCCTCG
GCTGTGAGCCGCCGCGCATTGTTGGTGGTGAATTCATTCAATTCGTSGCGCTYCTCTTAGCCCNGTGATGC
TCGAGCGACCCAGA
```

Silene glauca

>KU831986.1 *Erica glauca* subsp. *glauca* isolate *glauca_gl_MP850* trnT-trnL intergenic spacer region, partial sequence; chloroplast

```
TAAATTATTGAATAGTCCCTATTAACCTCTATTCTTTTCTTCTTATCTACTATTCAATTACGAATTAATA
TGAATAAAGAATATAATAAAAAAATGTTATAGAACATAAAAAATGAATATAAATAACCATACGATATTA
TATATATATATAAAATATATATATATATATATTATATATAATTAAACATTTTCTATTTTTTTTAA
TTTTTTTTAAAAATTTTTTTTATTACATTTTCGCTATTTTTTTTGCATATTAGAAATGTCTAATTACTAAATTA
TTTTTTTTAATAAAAAATAATAATTTTTTTTTTCGAATATTATATATAAATCAATCGATTTCTCTAGTTTA
TATAATTATTTATATATTTATATAAATATATAGATTTTTTCTATAATATATTTTATATCGATTTTTTATA
```

TTCCGTGATGATGATAAATATGATCTAAAATCCGTTGAATCTATTTAATCTAATTAACAAGTCATTTGAA
TTCGAATAATTCGAATGAATGGTCCACTCCTCCGCTTGCCCTAAAGGTGTAAGTTTAGACGAAAAAA
AAAAAGATTTAATCATTTAAGTATTCCAAACTACATCATATATATGTGGTATATATATTGAATAGCATA
TTCAATAAATGGTAGAATCATTTTTGATTGACCTAAACGTAGGTCTCCTATAGAAGGAAGATCAAAGAAT
ATAGCTAAAGAAGAAAAACAATTTTTAGAGAGAGGAATC

Velezia rigida L.

>AY936322.1 *Velezia rigida* maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast
GGTTCAAACACTTCGGTACTGGGTGAAAGATGCTTCGTCTTTGCATTTATTACGATTCTTTCTTTATGAG
TATCGTAATTGGAATAGTCTTTTTATTTTAAAAAAATCCATTTCTATTTTTCTAAAAAGAAATCAAAGAT
TATTTTTGTTCTTATATAATTTCCATATATGTGAATACGAATCCATTTTCGTTTTCTTTGCAACCAATC
CTCTCATTTACGATCAACATCTTATAGAGTGTTCCTTGAACGCATTTATTTCTACGTAAAATTTGACTAT
TTAGTCAAACCTTTTTATAAGGATTTTGGCGTTATCTTATGGCTTTTCAAGGACCCCTCCCCGCACTCTG
CTAGGTATAAAGTAAAATTCCTTTATGCATCAAAGGGATGCCCTTTTTGATGCATAAATGGAAATTTTA
CTTTATAAATTTTTGGCAATGTCATTTTTCTGTGTGGTCTCAACCAAGAAGAATCTATATTAATAGATTA
ACAACCCATTTTTTTGACTTTATGGGTTTTTGTTTAAGTGTACAACCTCACTTCTTCCATGGTACGGAGTC
AAATGTTAGAAAATGCATTTAGAAATAGATAATACGATTAAGAAGTCTATCCGAAAATTTCCAATTAGTCC
TCTGATTGGATCGTTGGCTAAAGCGCAATTTTGTAACGGATTAGGGCATCCTATTAGTAAGTTGGCTTGG
GTAGATTTGTTCGGATTCTGATATTATTAATCGA

Plantago albicans L.

>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
AGAAGNNCANTGAACCTTATCATTTAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCG
GAAGGATCATTGTCGATATCTGAAAAGTAGACCTGTGAACACGTGTTTAAACAAGAACGGTGCCTTGTTGG
GCAAGAGCAATCCTGCTTGGCGAGGTGCCGTGCCCTGCCCGGTGCTAGCATCTGGTGGGCTAACGAAACCC
GGCGCGCAAGCGCCAAGGAAAACAAATTAGAATCGTTGCCCTGCGGCTCCCGTCCGCGGTGTTGCTGT
GGGGATGCAGCGTATCTTGAAAGTCAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAA
GAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAG
TTGCGCCCCGACGCCATCTGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCCGCCCTCCCAAT
CCCTTGTTGGTTTGGTGTATGGGGCGGATAATGGCTTCCCGTTAGCTCGGTTAGCTTAAAGGGATCCCTCA
ACGATGGATGTCACAACAGTGGTGGTTGAAAGATCATTGGTGTGTTGTGCTTACCCTGTGCTTGGCT
AGGGCATCATATAAACAATGGCGTGAAAGCGCCTTCGACCGGACCCAGGTCAGACGGGACTACCCG
CTGAGTTTAAGCATATCAATAAGCGGGGAGAAGAACTTACAAGGATTCCC

Plantago lagopus L.

>KX037416.1 *Plantago lagopus* voucher UofC 39176 ribosomal protein S16
(rps16) gene, intron; plastid
TTTNCATCACCATTTTCCATTTATCNNGTAATAAATGATGAAGGTGCTCTTATCTCGACATTGTTACATT
GGCATTGGAACCCCTTTTTTNGGGGGGGGGTGTGTTAATAGTTTACGATGGAGCTCGAGTCGAAAAGAATTC
ATTTCTTTTTTCGGGGTCAAGAATCTAGGGTTAATGCCAATCAATTAGAACAACCTTCGTAAATATATCCTC
TTCCATATATTATATACAAATNTAAATATACAAATTTCTNAGGATCGGATGCAAACAAGTTTGAATTC
AAAAAAAAAAAAAAAAAATTTGTTGCAATTGATCAAACCTTTTTGGATTCAAAGTGCAAAGTGTATTACGGGG
AATCAACTGTCCGTACGATTCTTTAATCAACAAGGGGTATGTTGCTGCCATTTTGAAGCATTAAGAAAA
GAAGCACCGAAGTCATGTCTAAACCAATGATAAAAAAAAAAGGATCCAAAAACAAGGAAATGCCGTTTGA
ATTGTCTCGNTAGTCTCAAGAATTAGNTNAAACNCAANAANCTAAATCGAATTTTAAACGAGACAAAAAA
NGNGGGGTAAAGACTCCNCAAAAAAGGAAATTTGACTAAAGATTTTCTTTGCAAAATCTCTAACTTGAGTT
ATGAGTNCGAANGGTTNTTTTTTTTTNNTAAAAAGACTGAAATCCTAGNATAGTCTAGGGAATAGGCTCT
TTTGTCAATTTTTTTNNTAAAAAATNNGNANTTGCATACATANACAAAACTTTGAAGGAAATCATTTTTTC
TCGAGCCGTACGAAGAGAAAACTTCATATNCGTTCATAGGGGG

Reseda luteola L.

>DQ987050.1 Brassicales tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe (trnF) gene, partial sequence; chloroplast

```
CTTTCAAATTCAGAGAAAACCCTGGAATTAACAATGGGCAACCCTGAGCCAAATCCTGTTTTACGCGAACA
GACAAGGGTTTAGAAAAAGGGGAGGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTT
CACTACCTTGTGTTCCCTAAAGAGAAAAACTTATATTGCATAAGTATATCTAATGTAATACTATTTAAAA
TTGAATATTGATTTTAAAAAAATGCATTCCATAGTCTGATAAAATAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAG
ATAGAGTCCTATTCTACATGTCAATACTGACAACAATGAAATTTATCGTAAGATGAAAAATCCGTCGACTT
TTAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAACTTTATCCCTCCAAAAGAGTCTGTTTGATGCTCT
ACCAAATTTTTATTTTTTAGTTATTCAACAATTCATTATCATTGCGTTGATCCTACTTTTTTACAAACGT
ATCTGAGCAGAATTTTATATCTTATTACAAGTCTTGTAGGATATATAAGACTCATACAAATGAGCAAAAA
ATACCGATTTGACTGATTTACAATCTATAGCATTATTCATTTTAAAACCTATAAAGTATTCCTTTTGAAA
ATCTAAGAAATTCCTCGGTCCAAGACTTAATACTTTGATTTTTCTTTTCATTGACATAGACCTAAGTCATC
GCGTAAAATGAAGATGATGCTTCGGTAA
```

Reseda phyteuma subsp

>FJ477071.1 Reseda phyteuma isolate R.phyl tRNA-Leu (trnL) gene, partial sequence; trnL-trnF intergenic spacer, complete sequence; and tRNA-Phe (trnF) gene, partial sequence; chloroplast

```
CTTTCAAATTCAGAGAAAACCCTGGAATTAACAATGGGCAACCCTGAGCCAAATCCTGTTTTACGAGAACA
GACAAGGGTTTAGAAAAAGGGGAGGGATAGGTGCAGAGACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTT
CACTGCCTTGTGTTCCCTTGTGTTGAGAAAGGAATCTTTCTTGCGAAACTTCAGAAAAGGATGAAGGAGAAA
AACTTATATTGCATAAGTATACCTAATGGAATACTATTTTAAAATTTAATATTCATTAATAAAAAAAAAATGC
ACTCCATAGTCTGATAAAATAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCTATTCTACATGTCAAT
ACTGACAACAATGAAATTTATCGTAAGATGAAATCCGTCGACTTTTAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCC
TCTATCCCCAACTTTATCCCTTCAAAGAGTCTGTTTGATGCTCTACCTAATTTTTTTTTTAGTTATTCA
AAAATTCATTATCATTGCGTTGATCCTACTCTTTTACAAACGTATCTGAGCAGAATTTTGTATCTTATT
ACAAGTCTTGTAGGATATATGAGACTCATACAACTGAGCAAAAAATACCGATTTGACTGATTTACAATCG
ATAGCATTATTCATTTTCAAACCTATAAAGTATTCCTTTTGAAAGATCTAAGAAATTCCTCGGTCCAAGACT
TAATACTTTGAGTTTTCTTTTCATTGACATAGACCTAAGTCATCGCGTAAAATGAAGATGATACTTCGGT
AA
```

Scabiosa stellata L. (*Rosa stellata* subsp.)

>AB012000.1 Rosa stellata subsp. mirifica chloroplast matK gene for maturase, complete cds

```
ATGGAAGAATTTCAAGGATATTTAGAATTATATAGATCTCAGCAACATGACTTCCTATAACCCACTTATCT
TTCGGGAGTATATTTATGCACCTTGCTCATGATCGTGGTTTTAAATAGATCCGTTTTGTTGGATAATGTAGG
TTATGACAAGAAATCTAGTTTACTAATTATAAAACGTTTAAATAGTCAATGTATCACCAGAATCATTTT
ATTATTTCCGTTAATGATTTCGAATCAAATAAATTTTTGGGGTACAACAAAAATTTGTATCTCAAATGA
TATCGGAGGGATTTGCAGTCATTGTGGAAATTCGGTTTTCCCTACGATTAGTATCTTCCTTAGAGGAGAC
AGAAATCGTAAAATCTTATAATTTACGATCAATTCATTCAATATTTCTTTTTTAGAGGACAAAATTTCCA
CATTTAAATTATGCATCAGATGTACTAATACCCTACCCATTTCATCTGGAAATCTTGGTTCAAACCCCTC
GCTACTACGTGAAAGATCCCTCTTCTTTGCATTTATTACGGCTCTTTCTTCACGAGTATTATAATTGGAA
TACTCTTATTACTATTACTCCAAAAAAATCCATTTTTGCAAAAAGTAATCAAAGATTATTCTTGCTCCTA
TATAATTCTTATGTATGTGAATACGAATCCATTTTACTTTTTCTCCGTAACCAATCTAATCATTTACGAT
TAACCTCTTCTGGGATTCTTTTTGAGCGAATACGTTTTTATGAAAAATAAAATATCTGTGCAAGAAAGT
CTTTGCTAACGATTTTCCGGCCACCTTATGGTTCTTCAAGGATCCTTTTATACAGTATGTTAGATATCAA
GGAAAATCGATTCTGGCATCAAAGATACTCCTCTTCTGATGAATAAGTGGAAATATTATCTTGTCCATT
TTTGGCAATGTCATTTTTATGTATGGTCTCAACCAGGAAGAATCCATAGAAACCAATTAATCCAAGCATTC
CTTTGATTTTTTGGGTTATCTTTCAAGCATAACGACCAATATTTTCAGTGGTACGGAGTCAATTGCTAGAA
AATTCGTTTTTAAATGGATAATGCTATGAAGAAGCTTGATACATTATTTCCAATTATTCCAATGATAGGAT
```

CGTTGGCTAAAGTGAAATTTTGTAAACACATCAGGGCATCCTATTAGTAAGTCCAGCTGGGCGGATTCGTC
GGATTCTGATATTATCGACCGATTTGTGCGTATAGGCGGAAACCTTTCTCATTATTATAGCGGATCTTCA
AAAAAAGAGTTTTGTATCGAATAAAATATATACTTCGACTTTCTGTGTTAAAACCTTTGGCTCGTAAAC
ACAAAAGTACTGTACGCACCTTTTTTGAAGGATTAGGTCTAAATTATTGGACGAATTTCTTTACGGAAAG
AGAACAGATTTTTTCTTTGCTCTTTCCAAGAACTTCTTCTACTTTGAAGAGGTTTTATAGAGGGCGGATT
TGGTATTTGGATATTTTGTGTATCAATGATCTAGTTAATCATGAATGA

Biscutella auriculata L.

>DQ452057.1 *Biscutella auriculata* internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTCGATACCTGTCCAAAACAGAACGACCGCGAACAAAACGATCAT
CACTCTCGGTGAGCCGGTCTCTTTATTGATGCCGTGCTTGCCGATTCCGTGGTCTGTGTTTGTCCCAA
CTGAGTGTCTCATCTCAGTTGGTGCAAGCGCAGAGCTTCCGGATATCACAAAACCCGGCAGAGAAGTG
TCAAGGAACATGCAACCAAACGGCTAGCATTTCGCTGCCCTGGAAACAGTGTGTGTGCGGATGTGATGCTG
CAATATTAAGTCTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAA
ATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCAAG
CCTTCTGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTCACTAATCGTTCGTCGTCCTTCTCGGATAAGGGAC
GGAAGCTGGCCTCCCGTGTGTTACCGCACGCGGTTGACCAAAATCCGAGCAAAAAGATGCAAAAGAGCGTCT
CGACATGCGGTGGTGAACATTCCTCGTGATTTTGTGCGAACTCTTGTCTGGAAGCTCATTATGACCCA
AGTTCATTAACGCGACCCAGGTCAAGCGGGATCACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAA
AAGAACTAACAAGGATTCCCT

Raphanus raphanistrum L.

>GQ248192.1 *Raphanus raphanistrum* voucher USDA PI271451 maturase K (matk) gene, partial cds; chloroplast

AGATGCCTCTTCTTTGCATTTTTTTCGGTCTGTCTATAACGAGTATTGCAATTGGAAGAATTTTGATAGT
AAAAAAAATCAATTTTGAATCCAAGATTTTTATTGTTCTTATATAATTCTCATGTATATGAATACGAAT
CCATCTTTTTTTTTCTACGCAAGCAGTCTTTCTATTACGATCGACATCTTATGACGCTTTTTTTGAGCG
AATTTTTATTCTATGGAAAAATACAACATTTTTTAAAAGTCTTTGTTAATAAATTTCCGGCGCTTTTAGGG
TTGTTCAAGGATCCTTTCCTACATTATGTTAGATATCATGGAAAATACATTCTGGCAACAAAAGGATACGC
CACTTCTGATGAATAAATGGAAATTTTTATTTTTGTTAATTTATGGCAATGTTATTTTTCCGTATGGTTTTCA
ATCGCAAAAGGTTAATATAAATCAATTATCTAAAGATAATTTAGAATTTCTGGGTTATCTCTCAAGTTTG
CGACTAAATCCTTTAGTGGTACGTAGTCAAATGCTAGAAAACCTATTTCTAATAGATAATGTTAGAATAA
AATTGGATAGCAACATTCCAATTTTTTCTATTATTGGGTGCTTGGCTAAAGATAAATTTGTAATGTATT
AGGGCATCCCATTAGTAAAGCGACCTGGACGGATTCATCAGATTCTGATATTCTCAACCGATTTGTGCGT
ATATCCAGAAATATTTACATTATTACAGCGGATCTTCAAACAAAAGAATTTGTATCGAATAAAATATA
TACTTCGTC

Sinapis arvensis L.

>FJ870905.1 *Sinapis arvensis* beta-ketoacyl-CoA synthase (FAE1) gene, complete cds

ATACAAATACATCTCATCGCTTCCACTACTATTCTCCGACACACACACTGAGCAATGACGTCCGTTAACG
TAAAGCTCCTTTACCATTACGTACATAACCAACCTTTTCAACCTTTGCTTCTTTCCGTTAACGGCGATCGT
CGCCGAAAAGCCTATCGGCTTACCATAGACGATCTTACCACCTTATACTATTCTATCTCCAACACAAC
CTCATAACCATCGCTCCACTTTTGCCTTCCACCGTTTTTCGGTTCGGTCTCTACATCGCAACCCGGCCCA
AACCAGTTTACCTCGTTGAGTACTCATGCTTACCTTCCACCAACGCATTGTAGTTCAAGTATCTCCAAGGT
CATGGATATCTTTTATCAAGTAAGAAAAGCTGATCCTTCTCGGAACGGGACGTGCGATGACTCGTCTGG
CTTGACTTCTTGAGGAAGATTCAAGAACGTTCCGGTCTAGGCGATGAAACTTACGGGCCAGAGGGGCTGC
TTCAGGTCCCTCCTCGGAAGACTTTTCGCGGCGGCGGTGAAGAGACGGAGCAAGTAATCATCGGTGCGCT
TAAAATCTATTGAGAACACCAAAGTTAACCTAAAGATATAGGTATACTTGTGGTGAACCTCAAGCATG
TTAATCCAACCTCCGTCGCTCTCCGCGATGGTTCGTTAACACTTTCAAGCTCCGAAGCAACGTAAGAAGCT
TTAACCTTGGTGGCATGGGTTGTAGTGCCGGCGTTATAGCCATTGATCTAGCAAAGGACTTGTGTCATGT
CCATAAAAATACGTATGCCCTTGTGGTGAGCACAGAGAACATCACTTATAACATTTACGCTGGTGATAAT
AGGTCCATGATGGTTTTCAAATTGCTTGTTCGGTGTGGTGGGGCCGCTATTTTGTCTCTCAACAAGCCTG
GAGATCGTAGACGGTCCAAGTACGAGCTAGTTCACACGGTTTCGAACGCATACCGGAGCTGACGACAAGTC
TTTTCGTTGCGTGCAACAAGGAGACGATGAGAACGGCAAAACCGGAGTGAGTTTTGTCCAAGGACATAACC
GATGTTGCTGGTTCGAACGGTTAAGAAAACATAGCAACGTTGGGTCCGTTGATTCTTCCGTTAAGCGAGA

AACTTCTTTTTTTCGTCACCTTCATGGGCAAGAACTTTTTCAAAGATAAAAATCAAACATTACTACGTCCC
GGATTTCAAACCTTGCTATTGACCATTTTTGTATACATGCCGGAGGCAGAGCCGTGATTGATGTGCTAGAG
AAGAACCTAGCCCTAGCACCGATCGATGTAGAGGCATCAAGATCAACGTTACATAGATTTGGAAACACTT
CATCTAGCTCAATGTGGTATGAATTGGCATAACATAGAAGCAAAAAGGAAGGATGAAGAAAAGGTAATAAAGT
TTGGCAGATTGCTTTAGGGTCAGGGTTTTAAGTGTAACAGTGCGGTTTTGGGTGGCTCTAAGCAATGTCAAG
GCTTCGACAAACAGTCCTTGGGAACATTGCATCGACAGATAACCCGGTAAAAATTGATTCTGATTCAGCTA
AGTCAGAGGTTTCGTGTCCAAAACGGTCGGTCCTGATAAATGATGTTTGCTCTCTTCGTTTCTTTTTTA
TTTGTTAACTAATAATAATTTGATGGCTACGATGTTTCTCT

Alyssum campestre L. (*Tulostoma fimbriatum* var.)

>KU843914.1 *Tulostoma fimbriatum* var. *campestre* voucher Knudsen0171
translation elongation factor 1-alpha gene, partial cds
TGTGCTATCCTTATCATTGCTGGTGGTACTGGTGAGTTTCGAGCCGGTATCTCCAAGGACGGTCAGACTC
GCGAGCAGCTCTCTTGGCCCTTACCCTTGGTGTCCGTCAGCTCATCGTCTCTGTCAACAAGATGGACAC
CACCAAGTGGAGCGAGGACCGTTTTCAACGAAATTATTAAGGAAACCTCTGCCTTCATTAAGAAGGTCGGT
TACAACCCGAAGGCTGTTGCCTTCGTGCCCATCTCCGGCTGGCACGGTGACAACATGTTGGAGGAATCCA
GCAAGTGAGTCTAAATTTTTTTTTCATCAGATAAAAGATCATATCTAATCTAAATCACTCCGTGTGTAGCAT
GCCATGGTACAAGGGCTGGACCAAGGAGACCAAGGCTGGTGTGTCGTCAGGGCAAGACCCTCCTCGATGCC
ATCGATGCCATCGAACCCCTGTTTCGTCCCTCCGACAAGCCCTCCGACTTCTCTCCAGGATGTCTACA
AGATTGGTGGTATTGGTACAGTGCCCGTCGGTCGTGTTGAGACTGGTATCATCAAGGCTGGCATGGTTGT
CACCTTTGCTCCTTCCAACGTCACCCTGAAGTGAAGTCCGTCGAAATGCACCACGAGCAGCTCGAGCAA
GGTAACCCTGGTGACAACGTCGGTTTTCAACGTCAGTAAGAACATTTCTTCTTGGTTTTCGATATAATA
TCTAATGTATATAAAGGAACGTCCTCCGTCAGGATATCCGTCGTGGCAATGTCGCTTCTGACTCCAAGAA
CGACCCCGCCAGGGAAGCTGCCTCCTTACCAGCCAGGTCATCGTCCTTAACCACCCCGGTCAAATTGGT
GCTGGCTACGCACCCGTCCTCGATTGCCACACCCGACACATTGCCTGCAAGTTTCGGTGAACCTTAAGGAGA
AGATTGATCGCCGAACAGGTAATCCCTCGAAGACAACCCCAAGTTCGTCAAGTCTGGTGATGCTGCCAT
CGTCAAGCTTATTTCCAGCAAGCCCATGTGTGTCGGTAAAG

Thymelea passerina (L.) (*Passerina amoena*)

>EU859538.1 *Passerina amoena* x *cyanea* voucher LSUMZ B55143 NADH
dehydrogenase subunit 3 (ND3) gene, partial cds; mitochondrial
GAACATAGTGTTATTCATGTTAACCTTATCACTAACCCTAAGCATCCTCCTAACCGCATTAATTTCTGA
CTCGCCAGATAACCCAGACTCAGAGAACTATCCCCATACGAATGCGGATTTCGACCCCTAGGATCCG
CCCGACTTCTTTTTCAATCCGCTTTTTCTAGTAGCCATTCTCTTCTTATTTCGACCTAGAGATCGC
CCTACTCCTTCCACTCCCATGAGCCATCCAACCTACAATCCCCTATAGCTACCTTAACCTTAACCTTCTGTA
CTCATCTCCCTCCTTACCCTGGGGTTAGTATACGAATGAATTCAGGCGGATTAGAATGAGCAGAATAAC
AGAAAG

Ziziphora capitata L.

>KP278564.1 *Ziziphora capitata* from Turkey internal transcribed spacer 1,
partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal
transcribed spacer 2, partial sequence
CGCCGGCGTGCTCCCTCGGGGCGCGCCGCGCGGGCTAACGAACCCCGGCGCGGAACGCGCCAAGGAAAAC
CAAACCCAGCGCCCGCCCCGGCGCCCCGTTTCGCGGGGAGTGCCGGGGTGCCGGGCGTCTGTCAAAATG
TCAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTT
GGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGCCG
AGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCATCGCGTCGCCCCCACCCCGCGCGCACCGCCGGGTTCGTGGGG
GGCGGACAATGGCCCCCGTGCCTCGGCGCGCGCGGCCGCCAAATGGGATCCCCGGGCGGCTGGCG
TCGCGACAAGTGGTGGTTGAACATCTCAATCTCTCTCGTCGTC

Rosmarinus officinalis L.

>HM749050.1 *Rosmarinus officinalis* microsatellite ccmpa sequence; and *Ycf3*
(*ycf3*) gene, exon 2 and partial cds; plastid
GGATCGACCTCTATTACATAAGTGGATTCCGGGTTTTTATCTCACATCACGAGAATAAGTATATCTACCA
TCATGACATAAGTACGCAGTTATTATTGATTGGCCCCAATCTCGCCAATTGATCTTTACGGTGCTTCC
CCCACCAATTAGATTCTTTTTTTTTTATCCATAGAAAAAAGTAGCTAGGTATATCTATTTATTTTCTTCAT

ATTTCAACTTTTTATGAATATAAAGTTTCTTTCTTTGCTACAGCTGATAAAAAATCGTTGTTTTAGACGATG
CATATGTAGAAAGCCTTTTTTTGTTTTTACTTCTATAGTGAAGATAGTCGCACGTAATGACAGATCACGG
CCATATTATTAAGCTTGTGGTAAGAATGGATTTTCGTTCTAGTCTCGAAAATAATATCCAAAGCTTT
CGTGTGTTCTCCATTACTTGTATGGATAAGACCTATATTATAGAGTATATAAATTTCGATCATAGG

Salvia verbenaca (L.)

>KJ747298.1 *Salvia verbenaca* isolate 141 ribosomal protein L32 gene, partial cds; and rpl32-trnL intergenic spacer, partial sequence; plastid
AAGGCTATTGGGCGGCGTTAAAAGCATTTTTCTTTAGGGAAATCTCTTTCTACCGGGACTTCAAAAAGTTT
TTTTGTGCGACAAACAAATAAAATCAAAAAATAAGTTATTAAGAAAATAAAGCGGAAACCTAGAACCGAC
CTGATTCAAAAATGGAACCTTCCGTTTCAAAAAAAAATTCCCAATTCCATTTCTGGTGAATTAATCA
ATAGGAAATGGAATTCTTCTGTTTACTTTGACCAATTTAAACAAAGTTTTATCAATGAACAAAAAATA
CTAGATTTATATTTTAGTATGTTTTGTTTCCAGGATGGGAGTCTTCTTTTTCCCATCAATCTATTTGTAA
TATAATATTTCTTTTTTGTACAACCTTGCTTACTTTTGGATTTTATATATATTCTTATATAGAGCCCTA
TAGCTCTCACCATCAATTCACGCAAAAACACTTAATGAAAATATTCTGGATAAATATGTGTGAATTTGGA
AAAATCTAAAATATTTTTTTGTTTATTGATAAAACTTATTTTTGGGTTGTACTTTTTAAAATGAAAATCA
AATAAATAAAAAACGGTAAATTAATAAATGGGGTCTTAATTCCTAGTAAGACTTGCTGGTTTTACAAGAG
TTCCAGTGGAAAAGAGTCTAAAATCCACAACAAAACGAAAACCTAAACTAAAATAATGAACCTTCAAGT
ACATATTTGAACAAATTTTTATTTCATCGATTTGAATCTTTTCTAGAAAATATTGCAACCAATAGAATCT
TAAATCTAGACGATTTCTTATTCATAGGC

Sideritis montana L.

>KF529771.1 *Sideritis montana* isolate SN-6 tRNA-Leu (trnL) gene, partial
sequence; chloroplast
GACTTAATGATAATTAAATTGAGCCTTATTGTGGGAAACCTACTAAGTGATGACTTTCAAATTCAGAGAA
ACCCCGGAATTAATCAAATGGGCGATCCTGATCCAAATCCTGTTTTTCAAAAACAAAGTTCAAAAAACC
AAATAAAGGATAGGTGCAGAGACTCAACGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACTGCGTTGGTAGAGG
AATCCTTTTTACGGAACTTCAGAAAGGATGAAGGATAAACGTATCTATCGAATACTATATCAAATGATT
AATGATGGCCGAATCTGTATTTTTTAATATGAAAATAGAAGAATTGGTGTGAATTGATTCTATATTGA
AGAAAAATCGAATATTCATTCATCAAACCACTCACTCCATAGTCCGGTAGATCTTTTAAAGACCTGATT
AATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCCCATTCTACATGTCAATACTGGCAACAATGAAATTTATAGTAAG
AGGAAAATCCGTCGACTTT

Ajuca chamaepitys

>HQ902771.1 *Ajuca chamaepitys* voucher SA1959 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
TTGACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCCTC
AATCCGGAGTTCCGCTGAAGAAGCAGGGCCGCGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGACAAC
TGTGTGGACCGGATGGACTTACCAGCCTTGATCGTTACAAAAGGGCGATGCTACCACATCGAGCCGTTCTT
GGAGAAAAGATCAATATATCTGTTATGTAGCTTACCCTTTAGACCTTTTTGAAGAAGTTCTGTTACTA
ACATGTTTACTTCCATTGTAGGAAATGATTTGGATTCAAAGCCCTACGTGCTCTACGTCTGGAAGATCT
GCGAATCCCTCCTGCTTATATTAATAAATTTCCAAGGCCCTCATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAA
TTGAACAAGTACGGCCGCTCTGTTGGGATGTACTATTAACCGAAAATTGGGGTTATCCGCTAAAAACT
ATGGTAGAGCAGTTTATGAATGTCTTCGAGGTG

Lactuca viminea (L.)

>KU586733.1 *Lactuca viminea* voucher 140PJM12 internal transcribed spacer 1,
partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal
transcribed spacer 2, partial sequence
TCGAACCCTGCAAGGCAGAACGACCCGTGAACATGTAACCACAACGGGGTGACAGGGATAAGGGCCTCGG
CCTTGATCCCCTAACCTTCCCGACCTAATTCATGGCGTCTTTTTTTGGGGCATCATGGATTTTCGTTGGA
CCATAACAAAACCCCGGCACGGAATGTGCCAAGGAAAACAAAAATGAGAAGGACGCGTCTGTATCGCCC
CGTTCGCGGTGTGCGTGTGTTCTTGTCTCTTGAATCACAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTCGG
CTCACGCATCGATGAAGAACGTAGCAAAATGCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCG
AGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCCATCCGGCTGAGGGCACGCCTGCCTGGGCGTCACGCATCGC
GTCGCTCCCCACCATACTCCCCGAAGGGTTGGCGTGGTGTGGGGGCGGATAATGGCCTCCCGTGCTTG

TGTTTCGGTTGGCCTAAATAGGAGTTCCCTTCGGCGGACACACGACTAGTGGTGGTTGAATAGACCCCTCG
TTCTGTGTTGTGTGTCGCGAGCTGTGAGGGCAGCCCTCATCAAAGACCCCATTGTATTGTCTTCGGACGA
TGCTTCGA

Quercus ilex L.

>EU628561.1 *Quercus ilex* internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence
TCGAAACCTGCACAGCAGAACGACCCGCGAATTGGTGACAACCGACGGGGGGCGGGGGCGCTCGTCGCC
CCTTCGCGCCTCAAGGGGGCGGGGACCTCGCGTCTCTTTGCCCGCAAACCGAACCCCGGTGCGGAACGCG
CCAAGGAAATTGAACCAAGAGAGCCACGCTAGAGGCCCGGACACGGTGTGCCCTGGCGTGGCGTCTT
ACGAATTATTTAAAACGACTCTCGGCAACGGATATCTAGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAAT
GCGATACTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGCGAATCATCGAGTTTTTTGAACGCAAGTTGCGCCCCGAAGCC
ATTGCGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACGCATCGTTGCCCCCCAAACTCCGGTTCGGGCGGGGC
GGAAGTTGGCCTCCCGTGCCTGCTTGCAGCGCGGTTAGCCCCAAAAGCGAGTCCCTCGGCGACGAGCGCCA
CGACAATCGGTGGTTTTTTTCGACCCTCGTTCCCGTGTGCGCGCCCCGTGCCCCGTACGCGCTCTTGCG
ACCCTTACGCGTGCCTCGGCGGCGCTCCCAAC

Juniperus oxycedrus L.

>KU183500.1 *Juniperus oxycedrus* voucher 20150321-1-M1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence
GTGAACCTGCAGAAGGATCATTAAAAAATTATTAGAGTGCACCTTTATTGTGGCTCAAAAATATAATTCTC
AACTCCCAACTTTTAAAGCCACTTTGTATGAGGTTTTTCTTATAACAATTTGGCAAATGTGATGTGACTT
TAAATCATATTGCATTATAACACCCCTTTTTCAACCATTATTTTACACAAGTATGTTAAGAATGTAAAA
CCTTTAAAATCAATATAACTTTTAAACAATGGATCTCTAGGCTCTCACGTTGATGAAGAACACAGTGAAAT
GTGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCAAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCTTTTGGT
ATTCCAAAAGGCACACCTGTTTGTAGTGTGATGAAACCCTCTCACYAATTAACCTTTTTCRTAAGGTTTTT
TAGTGGATGTTGAGTGTGCTGTTTTATATAGCTCATTAAATACATAAGCTCCTTTTATCATTGATTTGAT
TGGATTGACTTGTGATATAAAGAWAAATCTTCATCAAGGAAGTGTGATGTTGTATATACAGCCAGTC
ATTTTCTGATAAAGAGGGCTACCAAACCCCAAGAAGAGTTTTTCATCTTTAAAGTGAAAGATTCTACTAT
ATCTTTTAAAGACCTCAAATCAGGTGGAATTACCCACTGAACTTAAGCATATCA

Papaver rhoeas L.

>GQ248175.1 *Papaver rhoeas* voucher USDA PI533721 maturase K (matk) gene, partial cds; chloroplast
TTGCGATTCTTTCTCCATGAGTATCGTAATTGCTATAGTCTTATTACTCAAAAATAAAGCAATTTCCCTTT
TTTCAAAGGAGAATCAACGCTTTTTCTTCTTCCCTATATAATTCTCATGTATATGAATGCGAATCCATATT
AGTTTTTCTCCGTAAACAATCTTTTCGTTTACGATCAACATCTTTTAGAATCCTTCTTGAGCGAATAAAT
TTCTATGGAAAAATGGAGCATCCTGTAGTAGTGTTTAGTAATGATTTTTAGACCTTCTATGGTTGTTCA
AGGATCCTTTTATGCATTATGTCAGATATCAAGGAAAATCAATTCTGGCTTCAAAGGGAAGTACTCTTTT
GATGAATAAATGGAAATGGAATCTTGTAATTTATGGCAATGTCATTTTTCTTGTGGTCTCAACCAGAT
AGAATTAAGATAAATAAATTATCCAATCATTCCCTCGAGCTTTTGTAGCTATCTTGCAAGTGTACGACTTA
ACCCTTCGGTGGTAAGGAGTCAAATGATAGAAAGTACATTTATAATGGATATTTGTATTAAGAAGTTTGA
TACCAAAGTCCCAATTATTTCTTTGGTTGGGTCGTTGGCTAAAACGAAATTTTGTAAAGTTTCAGGGCAT
CCCATTAGTAAGCCGGCTTGGGCCGATTTATCAGATTCTGATATTCTCGATAGATTTGGACGTATATGCA
GAAATCTTTCTCGTTATTACAGCGGATCTTCAAAAAAAGAGTTTTGT

Lavatera maritima (*Malva wigandii*)

>EF689690.1 *Malva wigandii* clone Lma304 cellulose synthase Alb (Ces1b) gene, partial sequence
CCCTTTGTGTCCTGCCATGAATGCAATTTCCCATTTGCAAGACTTGTTTTGAGTATGACATCAAGGAAG
GTCGAAAAGCTTGTCTGCGTTGCGGTAGTCCATACGATGGTATGTATGCTTTTGTGTTGTTGTTGTTG
TGTGTCTTCCAAATGCTTGTGTTGATTTCCCATGTAGTGAACTTTTTAAACTGCTTGCATTGACCACTTTG

AACTCCTCAGAGAACGTGTTGGATGATGTCAAAAAGGCGTCTGGCGAACAATCCATGATGGCTGCACACG
CGAAGGATGTTGGAGTTCATGCAAGACATATCAGCAGTGTGTCTACATTGGATAGTGGTATGTAATATCA
ATTTCTTCAATACTATTGAACAAAAGAGTGGATCATAAAGCACTAACTGCCTCCTTCGATGTTTTCGTGT
AGAAATGACTGAAGACAACGGGAACCCGATTTGGAAGAACAGGGTGGAAAAGTTGGAAGGAAAAAGAAAAAC
AAGAAGAAAAAGCATGCAACAACCAAGGTTGACAGAGAGGCTGAAGTCCCACCTGAGCAACAAAATGGAAG
ATAAACCGTAAGTATAAAGACGAAGCAGATCAATGATAAGATTTTTCTTGGTGCAATGTTTTTGTATA
TTTAAGTTTTACTGATATGTAAAAATTGTATTTGAAGAGCACCAGATGCTTCCCAGCCCCTCTCCACTAT
AATTCCAATTCCGAAAAGCAAACCTGCACCGTACCGAACTGTGATCATCATGCGATTGATCATTCTCGGT
CTTTTTTCCATTACCGAGTAACCAACCCCTGTTGACA

Les résultats :

Les cladogramme des stations d'étude.

Figure 28 : Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Tlemcen d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).

Figure 29 : Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station d'Hafir d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).

Figure 30 : Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Sebdou d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).

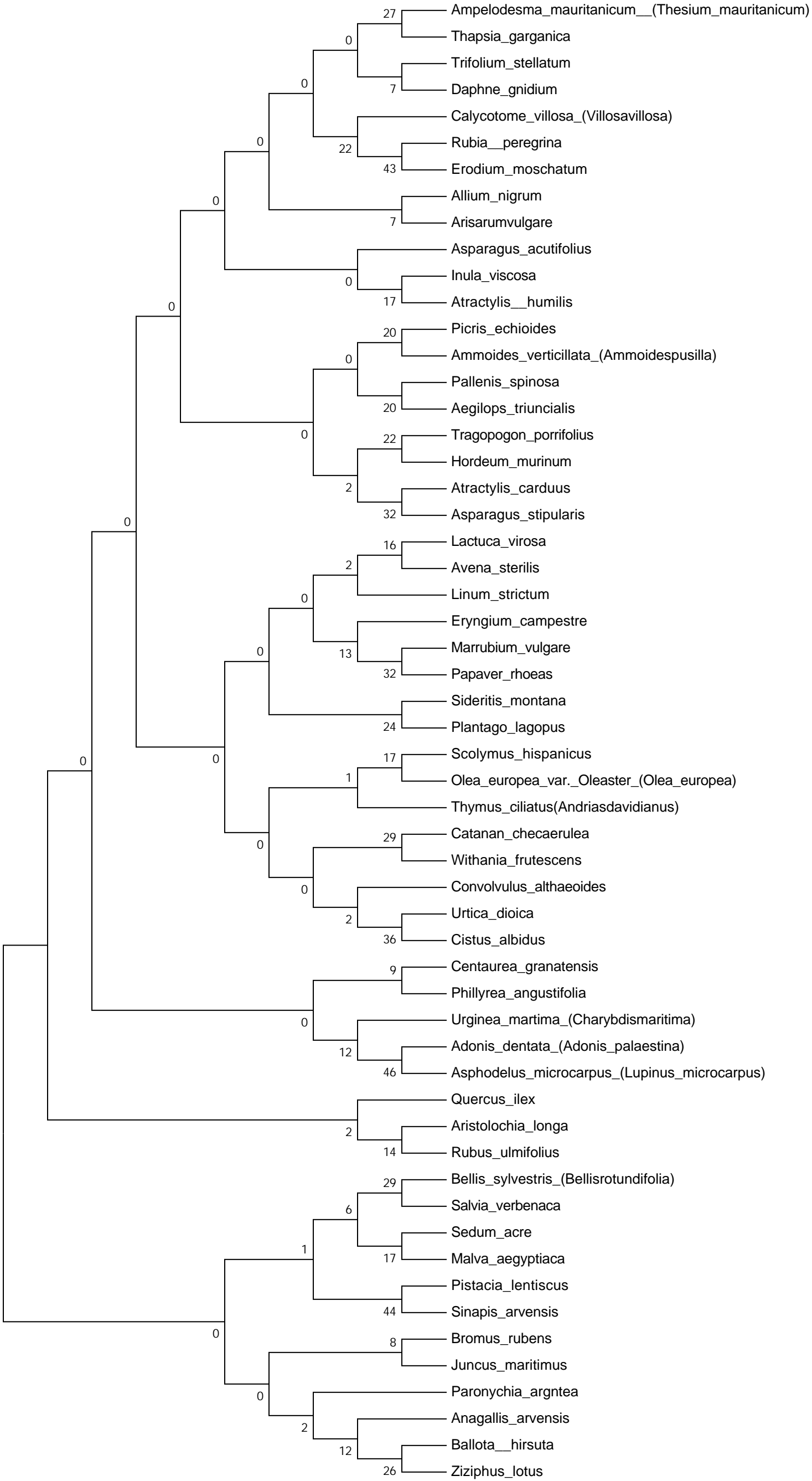
Figure 31 : Arbre phylogénétique des espèces végétales de la station de Sidi-Djilali d'après logiciel MEGA 0.06 et la méthode de (N.J).

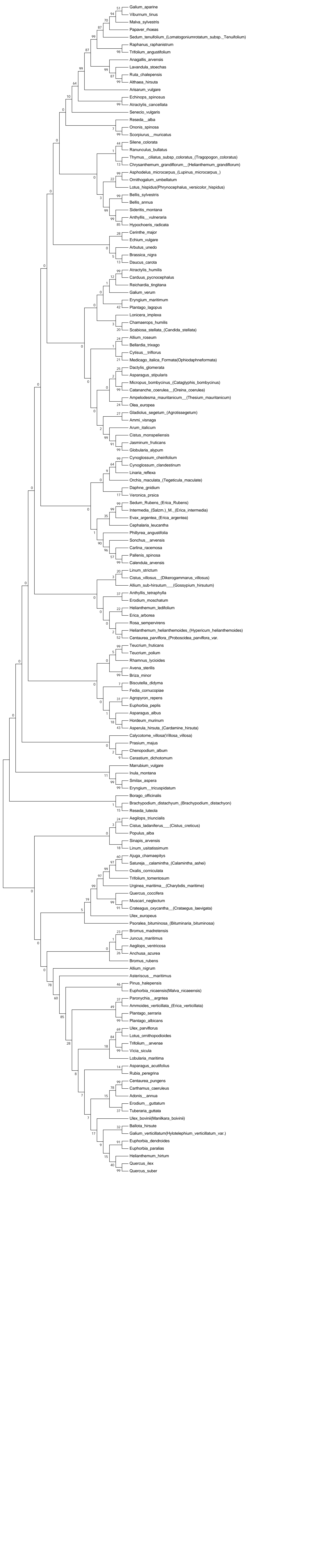
La figure 28 est pour le premier cladogramme.

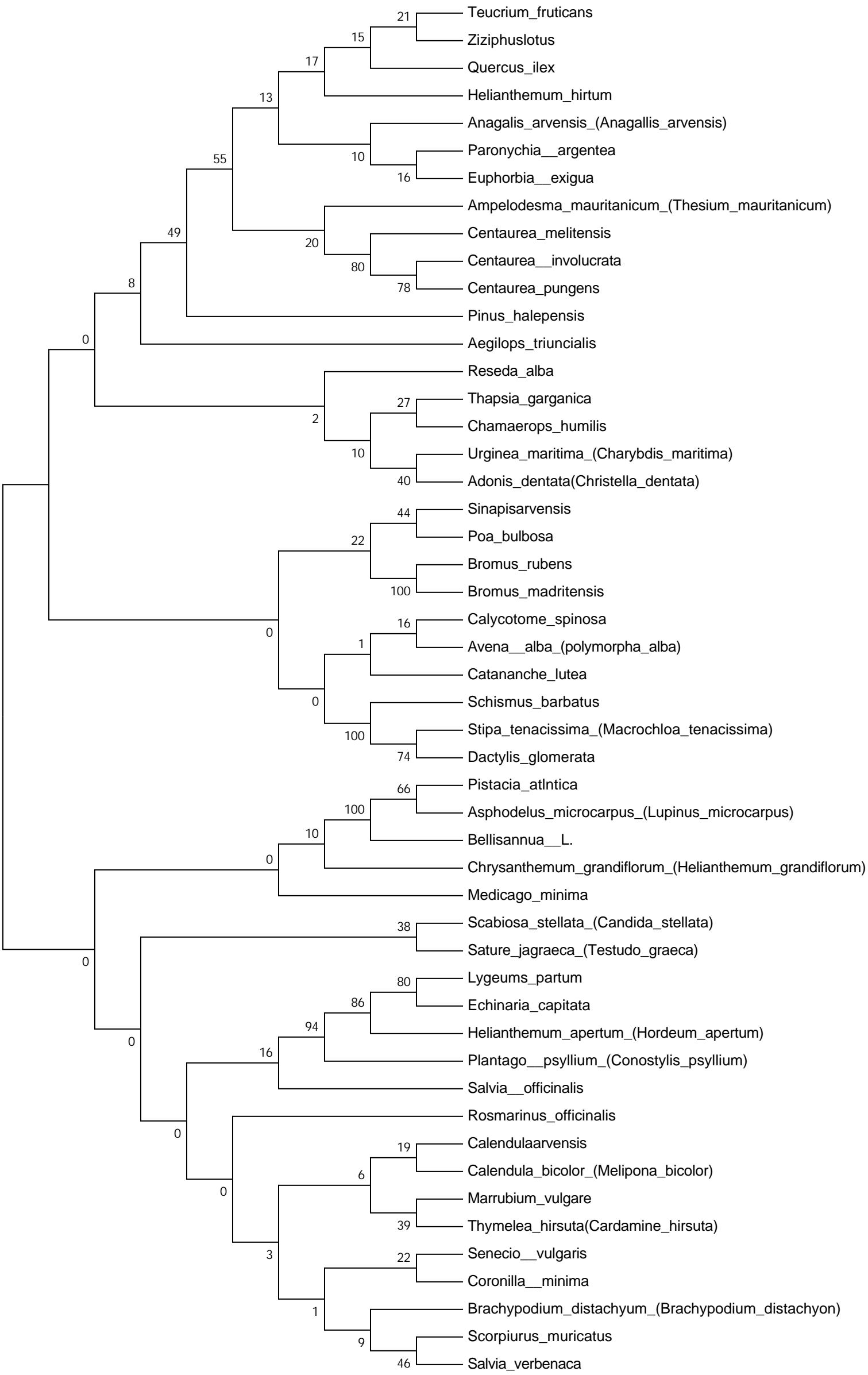
La figure 29 est pour le deuxième cladogramme.

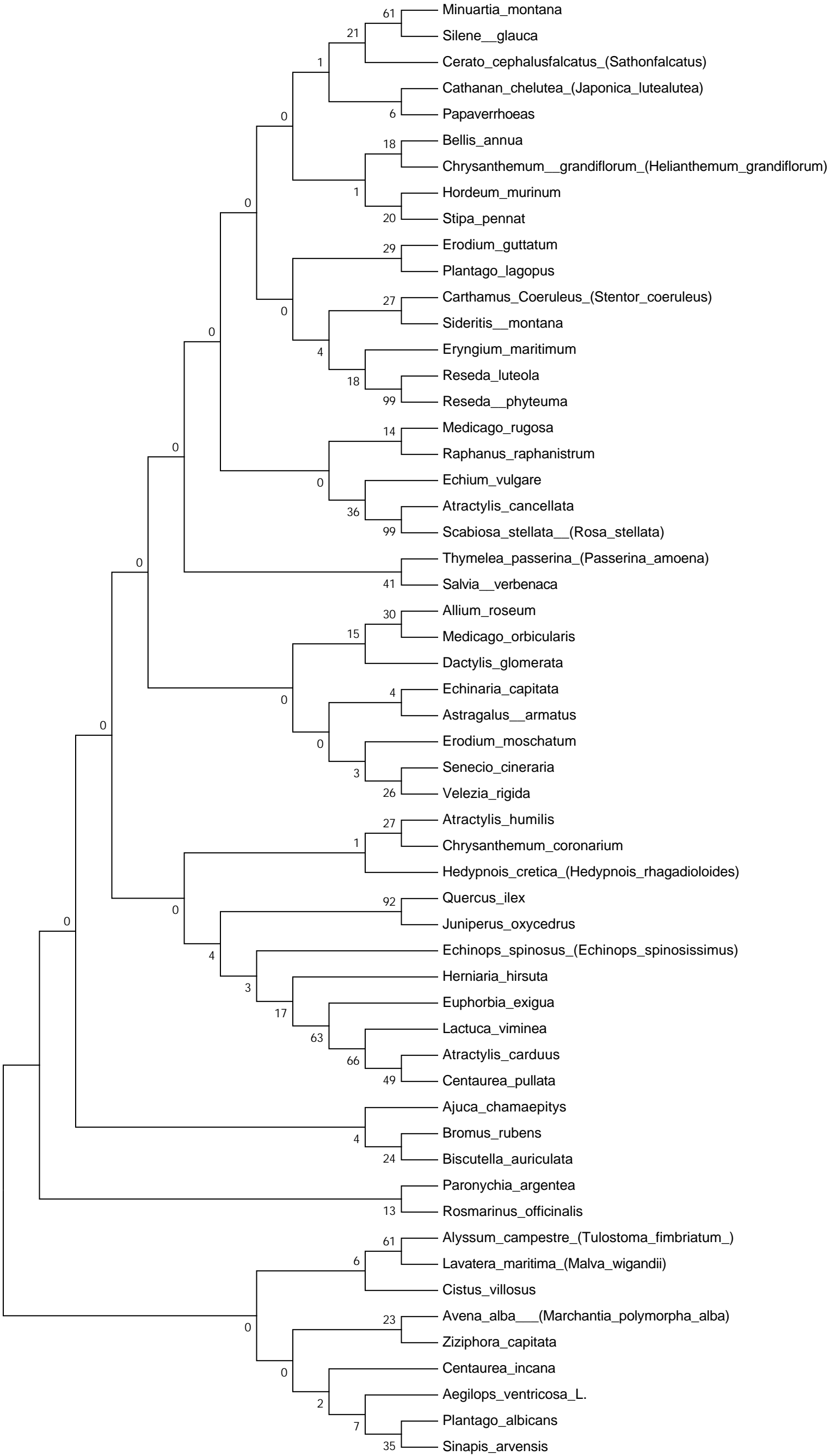
La figure 30 est pour le troisième cladogramme.

La figure 31 est pour le quatrième cladogramme.









ملخص: تعتبر منطقة تلمسان (غرب الجزائر) خزان كبير من التنوع البيولوجي النباتي. ولكن هذه المنطقة قد خضعت لضغوط

النشاط البشري والحيواني مما أدى إلى تحطم الغابات. تم تنفيذ هذا العمل على مستوى Matorrals للمنحدر الجذب شمال غرب

الجزائر. في هذه الدراسة اعتمدنا على المعايير النباتية والبيئية والجغرافية الحيوية. مقارنة النسب البيولوجية يدل على أهمية تواجد النباتات التي تتحمل الظروف السيئة مما يعكس اضطراب الغطاء النباتي فتتحول إلى اراضي قاحلة.

يتم توسيع هذا البحث من قبل توليفة النشوء والتطور بفضل البرنامج neighbor-joining وطريقة الذي سمح بتسليط الضوء على العوامل البيئية التي ميزت تطور هذه الأصناف في التكيف مع تغير المناخ الذي تمر به المنطقة.

الكلمات المفتاحية: النشوء والتطور, Thérophytes, تلمسان, تشبيه torrals قاحلة.

RESUME :

La région de Tlemcen (Algerie occidentale) est un grand réservoir de la biodiversité végétale. Mais cette région a subi une pression anthropozoogène importante conduisant à la déforestation et la dématerralisation.

Ce travail a été réalisé au niveau des matorrals du versant sud de la région de Tlemcen au nord-ouest d'Algérie. Dans cette étude nous avons adoptés des critères floristiques, écologiques et biogéographiques.

La comparaison des spectres biologiques montre l'importance des Thérophytes. Cette thérophytisation témoigne la perturbation des formations végétales des certaines écosystèmes qui se transforme en pelouse.

Cette recherche est étoffée par une synthèse phylogénétique par le logiciel MEGA 0.06 et la méthode neighbour-joining qui a permis de mettre en exergue les facteurs écologiques qui ont jalonné l'évolution de ces taxons en adaptation avec les changements climatiques qu'a connu la région.

MOTS CLES : Phylogénie, Thérophytes, Tlemcen, Matorrals, Semi-arid.

ABSTRACT:

The region of Tlemcen (Western Algeria) is a great reservoir of plant biodiversity. But this region has undergone significant anthropozoogenic pressure leading to deforestation and dematerialisation.

This work was carried out at the matorrals level of the southern slope of the Tlemcen region in the north-west of Algeria. In this study we adopted floristic, ecological and biogeographical criteria.

The comparison of biological spectra shows the importance of Therophytes. This therophytisation demonstrates the disruption of plant formations of some ecosystems that turns into lawn.

This research is supplemented by a phylogenetic synthesis using the MEGA 0.06 software and the neighboring joining method, which highlighted the ecological factors that marked the evolution of these taxa in adaptation to the climate change in the region.

KEY WORDS: Phylogeny, Therophytes, Tlemcen, Matorrals, Semi-arid.