

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche
Scientifique
Université de Blida 1



Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie
Département De Biologie

Mémoire de fin d'études

En vue de l'obtention du diplôme de Master dans le domaine SNV

Filière Sciences Biologiques

Option : Génétique

Thème

**Etude phylogénétique du genre *Miniopterus* en
utilisant des séquences d'ADN obtenues à travers une
banque de données moléculaire**

Présenté par

M^{elle} AISSI Assia

M^{elle} BOUALI khaoula

Devant le jury :

Mme ZATRA Y.

M.C.B USDB 1

Présidente

Mme BELKHITER S.

M.C.B USDB 1

Examinatrice

Mme DEROUCHE L.

M.C.A ESSAIA

Promotrice

Mr SAID M.

M.C.A USDB 1

Co-promoteur

Promotion : 2020/2021

Remerciements

Au terme de ce travail, nous tenons à exprimer nos remerciements et notre gratitude avant tout à ALLAH qui nous a donné la force, le courage et la volonté d'élaborer ce travail.

*Nous tenons à remercier énormément notre promotrice **Mme DEROUICHE L.** Maître de conférences à L'École Supérieure des Sciences de l'Aliment et Industries Agroalimentaires– Alger, pour son intérêt marqué envers cette étude et pour son déplacement et disponibilité tout au long de cette période et c'est grâce à son aide démesurée et son soutien permanent, ses corrections, ses conseils et ses recommandations pertinentes qu'elle nous a accordé pour mener à bien ce travail.*

*Nos remerciements aussi à notre Co-promoteur **Mr MOHAMED SAID R.** chef d'option de notre spécialité Génétique.*

Nous exprimons toutes nos reconnaissances aux membres du jury :

*A la présidente **Mme ZATRA Y.***

D'avoir bien voulu nous faire l'honneur de présider ce jury.

*L'examinatrice **Mme BELKITER***

Pour avoir accepté d'examiner notre travail.

Merci

DEDICACES

Je dédie ce modeste travail accompagné d'un profond amour

A mes chers parents, pour leur soutien, leur aide et surtout leur amour.

Qui ont consacré leur vie à mon éducation et ma réussite.

A mes chers frères

Farid, Oussama, Abd el rouf.

A ma belle-sœur Amina.

A mes petits neveux Nesrine, Ahlem, Amir et Anis.

Et

A ma grande famille BOUALI et Belaziz.

A mon amie intime et ma sœur Bisma.

A mon binôme Assia à qui je souhaite une vie pleine de bonheur et de succès.

*Je remercie infiniment mes collègues Yasmine, Marwa, Ines et Zahra pour leur
esprit de coopération.*

A toutes mes amies Nihel, Nasrin, Zahia ...

A toute la promotion Génétique (2020/2021).

A tous ceux que je connais de près et de loin.

Khaoula

DEDICACES

*Je dédie ce travail à mes chers parents, pour tous leurs sacrifices,
leur amour, leur tendresse, leur soutien et leurs prières tout au long de mes études,
A ma chère sœur Hadjer pour son encouragement permanent, et son soutien moral.
A mes chers frères Abdèrahmane, Abdelatif et Rachid pour leur encouragement.*

A toute ma famille AISSI et MECHACHE

A mon binôme et mon amie Khaoula à qui je souhaite une vie pleine de bonheur et succès.

A mes chers amies : Meriem, Fatima Zohra, Chaima, Ines, Maroua, Yasmine et Zahra.

A toute la promotion Génétique (2020/2021).

Assia

Liste des abréviations

A

ADN: Acide Désoxyribonucléique.

ADNmt: ADNmitochondrial.

B

BLAST: Basic Local Alignment Search Tool.

C

Cyt b : Cytochrome b.

D

DDBJ: DNA Data Bank of Japan.

Dnamlk: DNA Maximum Likelihood program.

DnaSP: DNA Sequence Polymorphism.

DAMBE: Data Analysis in Molecular Biology and Evolution.

D-loop: Displacement- Loop.

E

EMBL: European Molecular Biology Laboratory.

H

HAMAP: High-quality Automated and Manual Annotation of microbial Proteomes.

M

MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood.

N

NCBI: National Center For Biotechnology Information.

ND2: NADHdéshydrogénase 2.

P

PCR: Polymerase Chain Reaction.

PHYLIP: PHYLogeny Inference Package.

PhyloDraw: Phylogenetic tree Drawing system.

S

STAT5A: Signal Transducer and Activator of Transcription 5A.

U

UPGMA: Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages.

UNIPROT: Universal Protein Resource.

Liste des figures

Figures	Titres	Pages
Figure 1	Morphologie générale des chauves-souris.	3
Figure 2	Squelette des chauves-souris.	4
Figure 3	Membrane alaire de chauves-souris.	5
Figure 4	Cycle annuel des chauves-souris.	6
Figure 5	Echolocation chez les chauves-souris.	7
Figure 6	Répartition géographique de quelques espèces de genre <i>Miniopterus</i> dans le monde.	12
Figure 7	<i>Miniopterus schreibersii</i> .	13
Figure 8	Colonie de <i>Miniopterus schreibersii</i> .	13
Figure 9	Répartition géographique de l'espèce <i>Miniopterus schreibersii</i> en Algérie.	13
Figure 10	Exemple d'un arbre phylogénétique.	19
Figure 11	Les différents arbres phylogénétiques.	20
Figure 12	Diverses catégories de groupes taxonomiques.	21
Figure 13	Trois types de tracés d'arbres phylogénétiques.	22
Figure 14	La construction de l'URL.	30
Figure 15	Le choix recherche par taxonomie sur la source NCBI et écrire le nom de notre genre <i>Miniopterus</i> .	30
Figure 16	La sélection de genre <i>Miniopterus</i>	31
Figure 17	Les espèces de genre <i>Miniopterus</i> classées et non classées obtenues dans la GenBank.	31
Figure 18	Exemple des séquences nucléotidiques trouvées pour l'espèce <i>Miniopterus minor</i>	32
Figure 19	Les séquences nucléotidiques de l'espèce <i>Miniopterus minor</i>	32
Figure 20	Exemple d'une séquence nucléotidique au format FASTA et leur téléchargement en fichier.	33

Figure 21	La page principale de logiciel Fabox	34
Figure 22	La conversion des séquences sous forme Fasta par l'utilisation de Fabox.	34
Figure 23	Les séquences de Cytb ont été convertit sous format FASTA grâce à FaBox.	35
Figure 24	La page principale du logiciel MEGA version 5.	35
Figure 25	La «Barre d'action» du MEGA5 et les menus d'action associés.	36
Figure 26	Exemple des séquences ajoutées dans le logiciel MEGA et leur alignement multiple des séquences du genre <i>Miniopterus</i> en utilisant le programme ClustalW.	37
Figure 27	La construction de l'arbre phylogénétique en utilisant la méthode UPGMA.	37
Figure 28	Les paramètres utilisés pour la reconstruction phylogénétique.	38
Figure 29	Alignement trimmer (la forme Fasta).	39
Figure 30	Résultat d'alignement des séquences Cytb du genre <i>Miniopterus</i> en utilisant le logiciel FABOX.	39
Figure 31	Barre d'outils de DnaSP.	31
Figure 32	Interface utilisateur de DnaSP.	41
Figure 33	La page principal de logiciel DAMPE	41
Figure 34	Barre d'outils de DAMBE.	42
Figure 35	Barre d'outils qui fait les graphes de C/G et A/T.	42
Figure 36	Menu principal du logiciel Network 10.	43
Figure 37	Ouverture du fichier de données rdf pour le calcul du réseau MJ.	44
Figure 38	L'ouverture du fichier * out pour l'affichage visuel et l'analyse.	44
Figure 39	Reconstruction du réseau haplotypique.	45
Figure 40	Schéma montrant l'organisation de l'ADN mitochondrial et la position de Cytb.	50
Figure 41	La position du gène STAT5A sur le chromosome 17(17q21.2).	51

Figure 42	Schéma expliquant les positions des petites séquences par rapport aux grandes séquences dans l'alignement.	51
Figure 43	Arbre phylogénétique reconstruit par méthodes UPGMA basées sur 103 séquences de Cytb du groupe A de genre <i>Miniopterus</i> en utilisant le logiciel MEGA5.	55
Figure 44	Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basé sur 77 séquences de cytochrome-b du groupe B de genre <i>Miniopterus</i> en utilisant MEGA5.	58
Figure 45	Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basé sur 35 séquences de STAT5A de genre <i>Miniopterus</i> en utilisant MEGA5.	62
Figure 46	Comparaison entre les séquences de <i>Miniopterus manavi</i> et <i>Miniopterus petersoni</i> à l'aide du programme BLAST.	64
Figure 47	Comparaison entre les séquences de <i>Miniopterus ambohitrensis</i> et <i>Miniopterus cf. aelleni B</i> à l'aide du programme BLAST.	64
Figure 48	Comparaison entre les séquences de <i>Miniopterus major</i> et <i>Miniopterus petersoni</i> à l'aide du programme BLAST.	65
Figure 49	Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basé sur 7 séquences de STAT5A de deux différents genres <i>Miniopterus</i> et <i>Rhinolophus</i> en utilisant le logiciel MEGA5.	66
Figure 50	Les haplotypes des séquences Cytb de genre <i>Miniopterus</i> en utilisant le logiciel DnaSP.	67
Figure 51	Réseau haplotypique réalisé par le logiciel Network à partir de 109 séquences de Cytb de genre <i>Miniopterus</i> .	69
Figure 52	Variations des fréquences GC (A) et de AT (B) de Cytb produites à partir de DAMBE.	70
Figure 53	Les fréquences CG et AT de gène Cytb réalisées par le logiciel DAMBE.	71
Figure 54	Distribution des espèces <i>Miniopterus maghrebensis</i> et <i>Miniopterus schreibersii</i> en Afrique du Nord d'après Sebastien et al. (2014).	74
Figure 55	L'arbre phylogénétique final de cytb.	76

Liste des tableaux

N° de tableau	Titres	Pages
I	Description morphologique de quelques espèces de genre <i>Miniopterus</i> .	14
II	Les séquences d'ADN nucléaires et mitochondriales de genre <i>Miniopterus</i> extraites de la GenBank.	46
Annexe	Les séquences d'ADN (Cytb et STAT5A) de différentes espèces extraites de la GenBank.	86

Résumé

Les chauves-souris ont un rôle crucial dans l'incubation des virus parmi eux les Minioptères, appartenant au genre *Miniopterus* (Bonaparte, 1837), souvent appelé « chauve-souris à longs doigts », une espèce très répandue dans le monde ; avec leur capacité de faire la migration ces derniers sont accusés de transmettre certaines maladies virales (Ebola, coronavirus). Dans cette étude nous allons comparer les différentes espèces des Minioptères afin d'identifier les espèces proches sur le plan moléculaire et donc capables de transmettre les mêmes virus.

Afin de réaliser notre étude nous avons fait appel à des outils de bioinformatique permettant l'analyse phylogénétique tel que la construction des arbres phylogénétiques, l'identification des haplotypes, et avoir l'évolution des espèces. Parmi les logiciels utilisés nous citons : MEGA5 pour la reconstruction de l'arbre phylogénétique, DnaSP pour l'identification des haplotypes, Network pour avoir l'évolution des espèces, et DAMBE pour faire des calculs statistiques. Ces analyses sont appliquées sur 35 séquences d'un gène nucléaire 'STAT5A' pour positionner le genre *Miniopterus* par rapport aux autres genres des chauves-souris, ainsi sur 109 séquences du gène mitochondrial 'Cytochrome b' de 27 espèces et 9 sous-espèces prises dans différentes régions géographiques.

Les résultats démontrent la monophylie de genre *Miniopterus* dans deux aires géographiques différents dont l'un Africain-Européen et l'autre d'Australasie-Asie. En parallèle, la présence en Algérie selon la détermination morphologique d'une espèce qui est *Miniopterus schreibersii* qui peut être considérée comme un facteur de risque comme hôte pour certains virus.

Mots clés : *Miniopterus*, phylogénie, bioinformatique, moléculaire, Cytochrome b.

Summary

Bats have a crucial role in the incubation of viruses among them the *Minioptera*, belonging to the genus *Miniopterus* (Bonaparte, 1837), often called "long-toed bat", a species widespread in the world; with their ability to migrate they are accused of transmitting some viral diseases. In this study we are going to compare the different species of *Minioptera* in order to identify the species that are close on the molecular level and therefore capable of transmitting the same viruses.

In order to carry out our study we used bioinformatics tools allowing phylogenetic analysis such as the construction of phylogenetic trees, the identification of haplotypes, and to have the evolution of the species. Among the software used we cite: MEGA5 for the reconstruction of the phylogenetic tree, DnaSP for the identification of haplotypes, Network for the evolution of species, and DAMBE for statistical calculations. These analyses are applied on 35 sequences of a nuclear gene 'STAT5A' to position the genus *Miniopterus* in relation to other bat genera, as well as on 109 sequences of the mitochondrial gene 'Cytochrome b' of 27 species and 9 subspecies taken in different geographical regions.

The results demonstrate the monophyly of genus *Miniopterus* in two different geographical areas, one African-European and the other Australasian-Asian, in parallel the presence in Algeria according to the morphological determination of a species which is *Miniopterus schreibersii* that can be considered as a risk factor as a host for some viruses.

Key words: *Miniopterus*, phylogeny, bioinformatics, molecular, Cytochrome b.

ملخص

الخفافيش لها دور حاسم في حضانة الفيروسات من بينها الجنس *Miniopterus* (1873, Bonapert) الذي ينتمي إلى عائلة *Miniopteridae* وغالبا ما تسمى "الخفافيش طويلة الأطراف" واسع الانتشار في العالم, و مع قدرته على الهجرة قد اتهم هذا الأخير بنقل بعض الأمراض الفيروسية, في هذه الدراسة سوف نقارن الأنواع المختلفة من *Miniopterus* على المستوى الجزيئي.

من أجل إجراء دراستنا استخدمنا وسائل الإعلام الآلي الحيوي التي تسمح بتحليل دراسة النشوء لجنس *Miniopterus* وبالتالي اعتمدنا على بعض البرامج ك *MEGA5* من أجل إعداد شجرة النشوء, وكذلك *DnaSP* لتحديد الأنماط المتفردة, *Network* يعمل على دراسة تطور الأنواع, و *DAMBE* يقوم بعمل حسابات إحصائية.

يتم تطبيق هذه التحليلات على 35 تسلسلا للمورثة النووية *STAT5A* لتخصيص الجنس *Miniopterus* من بين الأجناس أخرى من الخفافيش , بالإضافة إلى 109 تسلسلا من مورثة الميتوكوندريا *Cytochrome b* من 27 نوعا و 9 أنواع فرعية مأخوذة في مناطق جغرافية مختلفة.

تظهر النتائج أحادية جنس *Miniopterus* في منطقتين جغرافيتين مختلفتين , واحدة أفريقية أوروبية والأخرى من أستراليا وآسيا. بالتوازي, و مع تحديد شكلي للنوع *Miniopterus schreibersii* تم إقرار وجوده بالجزائر و يمكن اعتباره عامل خطر كمضيف لبعض الفيروسات.

المصطلحات : *Miniopterus*, جزيئية, شجرة النشوء , المعلوماتية الحيوية, *Cytochrome b*.

Sommaire

Introduction.....	1
Chapitre I : Synthèse bibliographique	
I.1. Terminologie et modèle d'étude	3
I.1.1.Généralités sur les chauves-souris.....	3
I.1.1.1. La Morphologie des chauves-souris.....	3
I.1.1.2.Le Régime alimentaire des chauves-souris.....	5
I.1.1.3. Le Cycle annuel des chauves-souris.....	6
I.1.1.4. L'écholocation des chauves-souris.....	7
I.1.1.5.Mode de reproduction des chauves-souris.....	7
I.1.1.6. Migration des chauves souris.....	8
I.1.1.7.Position systématique des chauves-souris.....	8
I.1.2.Présentation des Miniopterus.....	9
I.1.2.1.Classification systématique des Miniopterus.....	9
I.1.2.2.Distribution géographique des Miniopterus dans le monde.....	11
I.1.2.3.Distribution géographique des Miniopterus en Algérie.....	12
I.1.2.4.Description morphologique des Miniopterus.....	14
I.1.3. Les chauves-souris comme réservoir des virus.....	17
I.2.Etude phylogénétique	17
I.2.1.Définition de la phylogénie	17
I.2.2.Phylogénie moléculaire	17
I.2.3. Représentation phylogénétique	18
I.2.4.Arbre phylogénétique	19
I.2.4.1.Caractéristiques générales des arbres	20
I.2.4.2.Différentes représentations pour les arbres	22
I.2.5.Reconstruction d'arbres phylogénétiques.....	22
I.2.6. Critères de choix entre les méthodes.....	23
I.3.Stockage de données biologiques	24
I.3.1.Banques de données	24

I.3.1.1. Les banques de données généralistes	25
I.3.1.2. Les banques de données spécialistes	25
I.3.2. Différentes étapes et logiciels d'une étude phylogénétique.....	26
I.3.2.1. Logiciels de nettoyage	26
I.3.2.2. Logiciels d'alignement	26
I.3.2.3. Calcul des distances.....	27
I.3.2.4. Logiciels de reconstruction de l'arbre phylogénétique	27
I.3.2.5. Logiciels de visualisation d'arbres phylogénétiques.....	28
Chapitre II : Matériel et Méthodes	
II.1. Analyses phylogénétiques.....	29
II.2. Extraction des données de la GenBank.....	29
II.2.1. Traitement des séquences de la GenBank	33
II.2.2.1. FaBox.....	33
II.2.2.2. MEGA.....	35
II.2.2.3. DnaSP.....	39
II.2.2.4. DAMBE.....	41
II.2.2.5. Network.....	43
Chapitre III : Résultats et discussion	
III.1. Résultats de la GenBank.....	46
III.2. Analyses phylogénétiques.....	51
III.2.1. Construction des arbres phylogénétiques.....	51
III.2.1.1 Arbre phylogénétique de Cytb du groupe A.....	51
III.2.1.2 Arbre phylogénétique de Cytb du groupe B.....	57
III.2.1.3 Arbre phylogénétique de STAT5A	60
III.2.2. Vérification des arbres phylogénétiques obtenus.....	63
III.2.3. La comparaison entre les arbres phylogénétiques obtenus.....	65
III.3. Détermination des haplotypes.....	66
III.4. Construction des réseaux phylogénétiques.....	69
III.5. Analyses statistiques moléculaires.....	70

III.6. Comparaison entre les résultats des différents logiciels utilisés.....	71
III.7.La phylogénie globale des <i>Minioptérus</i>.....	72
III.7.1. Les relations phylogénétiques au sein de clade 1 Australasie-Asie.....	72
III.7.2. Les relations phylogénétiques au sein de clade 2 Africain-Européen.....	72
III.8. Les minioptères en Algérie.....	74
III.9. L'arbre phylogénétique corrigé.....	74
III.10. Les minioptères et les virus.....	77
Conclusion.....	78
Références bibliographiques.....	80
Biblio-web.....	87
Annexes.....	88

Introduction

Introduction

L'ordre des chiroptères est un groupe unique de mammifères relativement ancien, qui est apparu sur notre planète il y a environ 65 millions d'années (Teeling et *al.*, 2005). Ses membres ont atteint le vol autonome en tant que principal mode de locomotion (Meganathan et *al.*). Particulièrement remarquables par la diversité de leur morphologie, de leurs mœurs et des habitats qu'ils occupent, avec plus de 1200 espèces à travers le monde (Stevens et *al.*, 2006).

Les chauves-souris à doigts longs, genre *Miniopterus* (Bonaparte, 1837), appartenant à la famille *Miniopteridae* sont parmi les mammifères les plus répandus dans le monde. Leur aire de répartition s'étend sur la majorité des Afrotropic (Afrique subsaharienne), Paléarctique (Afrique du Nord et Eurasie), Indomalaisie (sud et sud-est Asie) et d'Australasie (y compris l'Australie, la Nouvelle-Guinée et les îles voisines).

La phylogénie est une classification des espèces selon leur lien de parenté. L'étude de l'information génétique de différentes espèces pour former cette phylogénie est appelée l'analyse phylogénétique. Les phylogénies modernes sont généralement représentées par des arbres phylogénétiques, et illustrent une hypothèse de l'évolution verticale des espèces dans un arbre phylogénétique (Lord, 2015). La bioinformatique fournit des bases de données centrales, accessibles mondialement, qui permettent aux scientifiques de présenter, rechercher et analyser l'information. Elle propose des logiciels d'analyse de données pour les études de données et les comparaisons et fournit des outils pour la modélisation, la visualisation, l'exploitation et l'interprétation des données (Yvan et *al.*, 2007) ainsi que des analyses phylogénétiques.

Notre thème abordé est basé sur une étude phylogénétique du genre *Miniopterus* étant l'espèce de chauves-souris la plus répandue dans le monde, sachant qu'au cours de ces jours très difficiles que nous vivons avec la pandémie du coronavirus, les doigts ce tournent vers les chauves-souris les premier suspects de cette pandémie mondial comme étant le transmetteur direct de ce virus à l'homme. Nous commençons notre étude par l'acquisition des connaissances sur la biologie des chiroptères en général et les *Miniopterus* spécifiquement et leur distribution géographique dans le monde et

plus particulièrement en Algérie, ensuite voir les éléments de base de la phylogénie, qui proposent la reconstruction de l'arbre phylogénétique caractérisant l'évolution spécifique du genre *Miniopterus* et la comparaison entre leurs espèces par un outil de la bioinformatique, en utilisant plusieurs logiciels qui nous facilitent par la suite la discussion des résultats obtenus afin les rapporter à la lumière des données bibliographiques.

Enfin, on terminera cette étude par une conclusion générale où nous dégagerons les principaux résultats ainsi que les perspectives ouvertes par ce travail.

Synthèse bibliographique

I.1. Terminologie et modèle d'étude

I.1.1. Généralités sur les chauves-souris

Les chauves-souris représentent 20% des espèces de mammifères, réparties sur tous les continents à l'exception de l'Antarctique. Ainsi l'ordre Chiroptera constitue le deuxième ordre des mammifères le plus important en termes de diversité d'espèces et serait apparu il y a environ 64 millions d'années (Joffrin, 2019) qui est unifié par la capacité de voler. La plupart des chauves-souris sont nocturnes et se reposent pendant la journée et deviennent actives la nuit. elles se perchent généralement dans les fissures des parois rocheuses, dans les falaises ou dans les vieux murs, dans les arbres creux, les grottes, les anciennes mines et les recoins des bâtiments tels que les greniers (Mokrani *et al.*, 2018). Ces animaux peuvent vivre jusqu'à 25 ans (cas des grands Rhinolophes) (Ahmim, 2019).

I.1.1.1. La morphologie des chauves-souris

A-Aspect général

Les chauves-souris présentent des tailles très variables allant d'une masse d'environ 2 g pour les plus petites, à 1,6 kg pour les plus grandes (Barriquand *et al.*, 2018). Leur envergure est comprise entre 180 mm et 350 mm et leur corpulence moyenne s'apparente à celle d'une souris. Le corps est recouvert d'une fourrure, douce et molle au toucher, s'étend à tout le corps à l'exception des ailes (Nabet, 2005) (Figure 1).

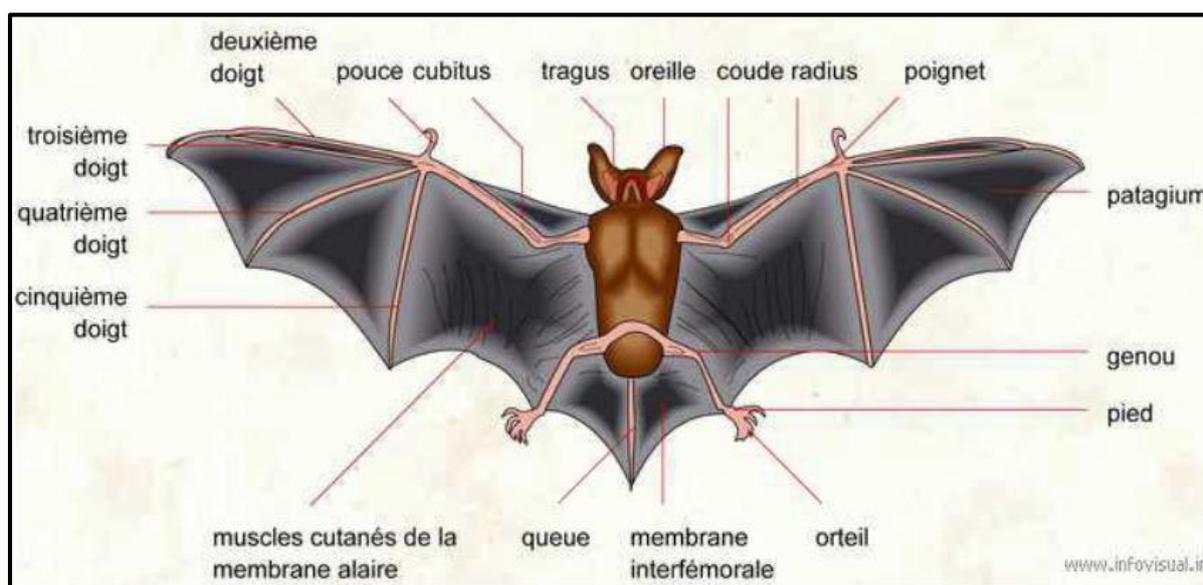


Figure 1 : Morphologie générale des chauves-souris.

B-Squelette

Le membre antérieur transformé en aile est l'organe le plus modifié et le plus caractéristique de ces mammifères.

L'articulation de l'épaule consiste en une arthrodie compliquée qui permet aux ailes d'effectuer des mouvements de rame. Les articulations de la main, des doigts et du coude sont des articulations en charnière qui assurent une bonne rigidité aux surfaces alaires lorsqu'elles sont déployées.

L'avant-bras assez long, se compose seulement du radius, l'ulna étant atrophié. Les métacarpiens 2 à 5 et les doigts correspondant sont très allongés. Le deuxième doigt se compose d'une seule phalange, le troisième de trois, le quatrième et cinquième de deux. Le premier doigt ou pouce a conservé sa forme normale et sa brièveté. Il se termine par une griffe acérée avec laquelle les chauves-souris peuvent grimper et se suspendre. Tous les autres doigts de la main sont dépourvus de griffes (Nabet, 2005) (Figure 2).

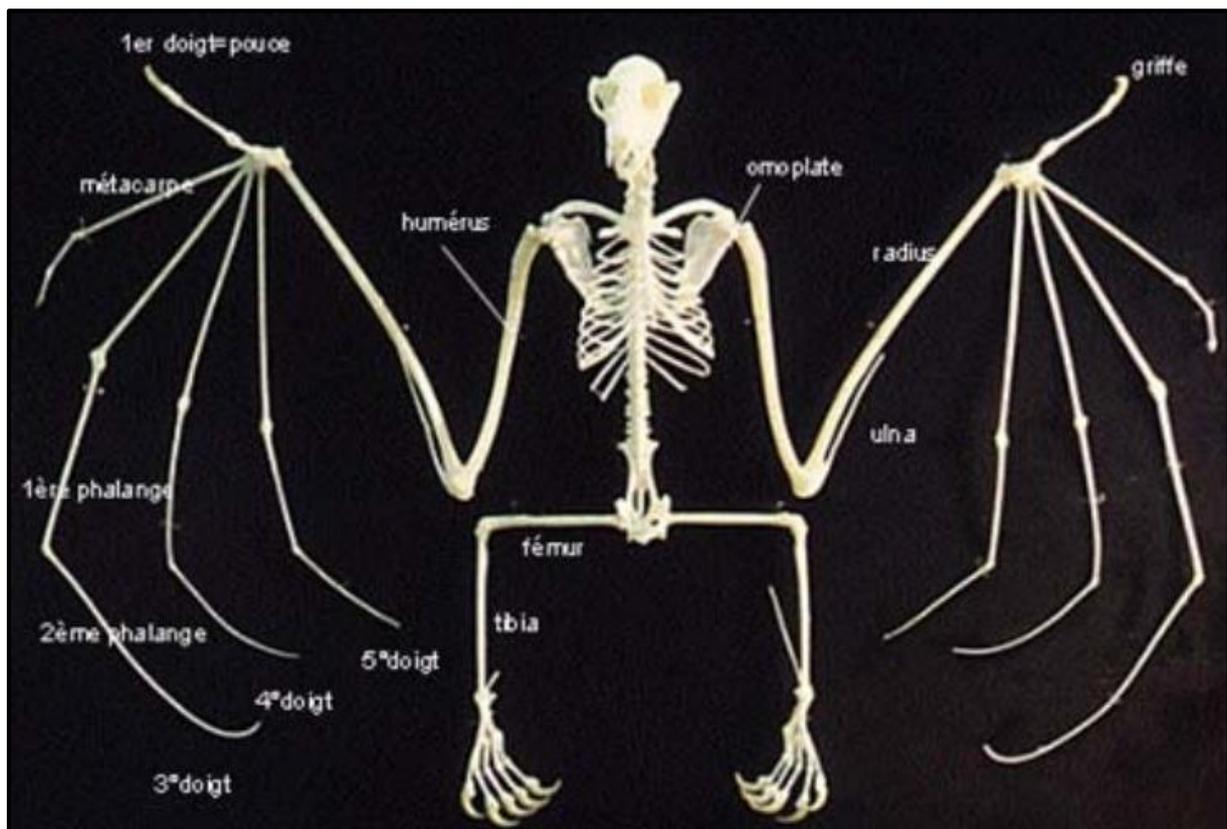


Figure 2 : Squelette d'une chauve-souris (Nabet, 2005).

C- Membrane alaire

Les chauves-souris volent avec leurs pattes : le squelette des pattes s'est donc transformé de manière à pouvoir déployer et soutenir une fine membrane : le Patagium celui-ci est en fait formé de deux surfaces de peau entre lesquelles se trouvent des nerfs, des vaisseaux sanguins et de petits muscles qui servent à le tendre de façon à ce que sa surface soit rigide. Le patagium, qui est glabre (sauf une partie de l'uropatagium) semble fragile, mais grâce à des fibres élastiques il est très souple, résistant et se reconstitue après une lésion. Il s'étend depuis les flancs jusqu'au bout des doigts et inclut également les pattes postérieures et la queue. Suivant sa localisation, on distingue le plagiopatagium, le chiro ou dactylopatagium, l'uropatagium et le propatagium (Nabet, 2005), qui sont présentés dans la figure 3.

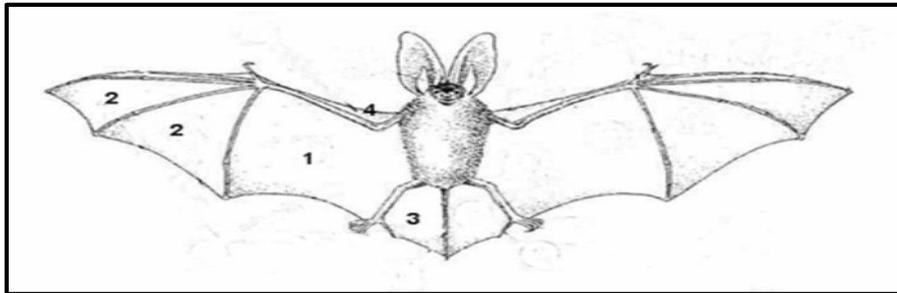


Figure 3 : Membrane alaire de chauves-souris (Nabet, 2005).

1 plagiopatagium ; 2 chiro ou dactylopatagium ; 3 uropatagium ; 4 propatagium

D-Les oreilles

Les oreilles ont une forme et une dimension variable : leur longueur varie de 13 mm chez la pipistrelle commune à 42 mm chez l'oreillard. Le tragus, lobe de peau en avant du pavillon de l'oreille et qui sert à capter les signaux de retour lors de l'écholocation, peut prendre des formes très élaborées, constituant ainsi un bon critère de diagnose.

I.1.1.2.Le régime alimentaire des chauves-souris

La distribution des chauves-souris très large ainsi que la diversité de leur régime alimentaire (insectivore, sanguinivore, frugivore, nectarivore, piscivore) permet aux chauves-souris d'occuper de nombreuses niches écologiques à travers le monde (Joffrin, 1019).

I.1.1.3. Le cycle annuel des chauves-souris

Les chauves-souris ont un mode de vie particulier. Leur cycle biologique est divisé en quatre grandes périodes (**Figure 4**) de fin novembre à début mars, les chauves-souris sont regroupées dans des sites tels les grottes des carrières souterraines, des ponts ou des arbres pour hiberner. Le printemps est marqué par leur reprise d'activité et par leur transit vers les gîtes d'été. A partir de fin mai, les femelles se regroupent pour la fin de la gestation et la mise basse. Chez la plupart des espèces, les mâles sont dispersés et isolés. Les accouplements ont lieu à la fin de l'été. Les spermatozoïdes sont stockés dans les voies génitales de la femelle fermées par un bouchon cireux (Gourmand, 2007).

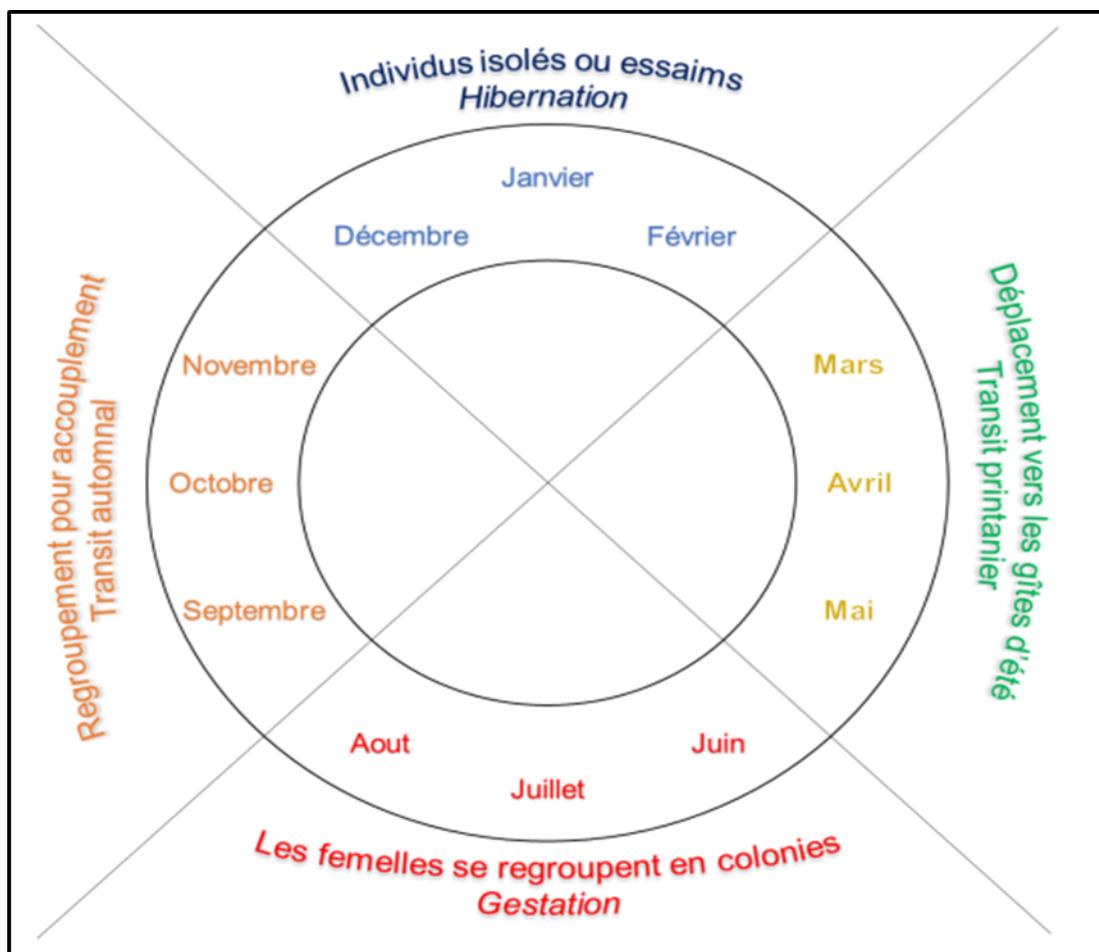


Figure 4 : Cycle annuel des chauves-souris.

I.1.1.5. L'écholocation des chauves-souris

Les chauves-souris ont une bonne vue, mais cela ne leur suffit pas pour se repérer et chasser la nuit des proies petites et agiles en plein vol. Elles disposent d'un système sophistiqué d'écholocation, qui leur permet de "voir avec les oreilles". Le principe en est très simple. La morphologie particulière de leurs larynx et pharynx leur permet d'émettre des ultrasons (à des fréquences de 20 à 120 khz) qui sont réfléchis par les obstacles et sont renvoyés vers l'émetteur de départ (la chauve-souris). Au retour, le signal est capté par le système auditif spécialement adapté, qui dresse, en quelque sorte, "une carte de l'espace aérien" en relief, où chaque branche, chaque feuille et chaque proie est parfaitement localisée. Ce système est tellement précis qu'il permet à la chauve-souris de calculer la trajectoire de sa proie et aussi sa forme (Tillon, 2002) (Figure 4).

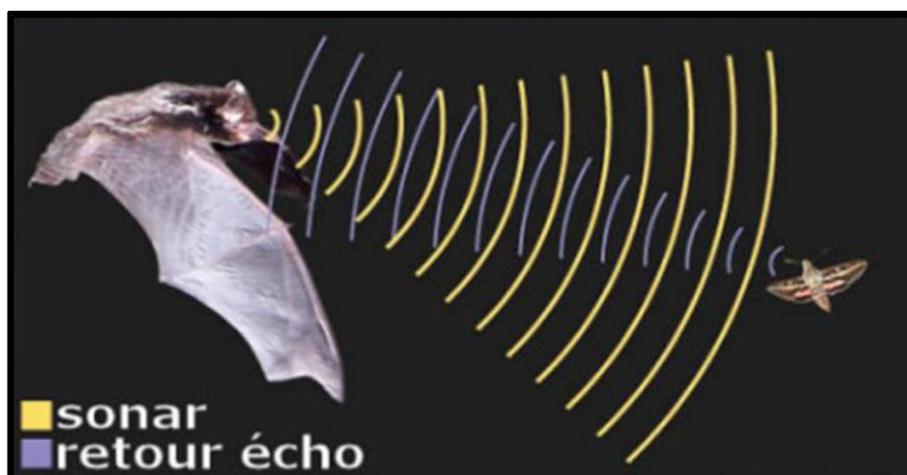


Figure 5 : Écholocation chez les chauves-souris .

I.1.1.6. Mode de reproduction des chauves-souris

La chauve-souris atteint la maturité sexuelle de la première à la troisième année. L'accouplement a lieu avant la période d'hibernation. Après avoir choisi un lieu de parturition chaud, les femelles gardent en elles le sperme « en sommeil » pendant l'hibernation, jusqu'aux beaux jours où la fécondation s'opère par l'ouverture de la membrane du sac à sperme quand les conditions favorables sont remplies (température élevée, nourriture abondante, quiétude et regroupement en nurserie). Elles donnent naissance à un seul petit par année. Les femelles élèvent les petits sans les mâles dans des colonies maternelles. Les petits sont gardés par d'autres femelles hôtes pendant que les mères chassent ; la reconnaissance se fait à l'odeur. Le jeune est autonome vers 6 à 8 semaines (Ahmim, 2019).

I.1.1.7. Migration des chauves-souris

Les migrations sont des déplacements saisonniers bis-annuels d'amplitude latitudinale marquée et orientées sur de longues distances (supérieures à 1000 km). Elles se font sur une orientation Nord-Est/Sud-Ouest ou inverse ; Nord/Sud sur certains corridors majeurs.

Les espèces migratrices : Elles ne représentent que 3% des chiroptères du monde .Ces espèces migratrices ont donc des caractéristiques communes :

- Ont des ailes étroites, un vol rapide, capturent des insectes en vol.
- N'hibernent pas sous terre (mais dans les cavités des arbres, fissure roche et des bâtiments).
- Ont un taux de reproduction supérieur.
- Ont un taux de mortalité plus élevé.

En Europe, il s'agit surtout des Noctules, des Pipistrelles, du Vespertilion bicolore ; L1 Grand Murin, la Barbastelle d'Europe, les Murins des marais et de Daubenton et le Minioptère de Schreibers (Bec et Picq, 2009).

I.1.1.8.Position systématique des chauves-souris

Les chauves-souris sont un ordre de mammifères placentaires comptant près de 1 400 espèces avec 175 genres regroupés en 20 familles (Joffrin, 1019). Parmi eux il y a sept familles les plus connus : Rhinolophidés, Vespertilionidés, Molossidés, Emballonuridae, Rhinopomatidae, Hipposideridae et la famille Miniopteridae qui est représentée par un seul genre Miniopterus qui sera notre modèle d'étude, car ils font partie des mammifères les plus répandus dans le monde (Miller-Butterworth et *al.*, 2012).

Classification	
Règne	Animal
Embranchement	Cordés
Sous-embranchement	Vertébrés
Classe	Mammifères
Sous-classe	Thériens
Infra-classe	Euthériens
Superordre	Tétrapodes
Ordre	Chiroptères (Blumenbach, 1779)
Sous-ordre01	Microchiroptères (Dobson, 1875)
Sous-ordre02	Mégachiroptères (Dobson, 1875)
Familles	-Rhinolophidés (Gray, 1825). -Molossidés (Gervais, 1856). - Emballonuridae (Gervais, 1856). -Rhinopomatidae (Bonaparte, 1838). -Vesprtilionidés (Gray, 1821). - Hipposideridae (Lydekker, 1891). - Miniopteridae (Bonaparte, 1837).

I.1.2.Présentation des Miniopterus

Le genre de chauve-souris *Miniopterus* souvent appelé «chauve-souris à longs doigts ou les chauves-souris à ailes courbées», appartiennent à la famille *Miniopteridae* (Goodman et *al.*, 2011). Le genre comprend jusqu'à 35 espèces selon Dèmos (2019).

I.1.2.1.Classification systématique des Miniopterus

La famille de *Miniopteridae* regroupe des espèces qui se représentent systématiquement comme suit :

Classification	
Règne	Animal
Embranchement	Cordés
Sous-embranchement	Vertébrés
Classe	Mammifères
Sous-classe	Thériens
Infra-classe	Euthériens
Superordre	Tétrapodes
Ordre	Chiroptères
Sous-ordre01	Microchiroptères
Sous-ordre02	Mégachiroptères
Famille	Miniopteridae
Genre	Miniopterus (Bonaparte, 1837)
Espèces	Sous Espèces
- <i>Miniopterus australis</i> (Tomes, 1858).	
<i>Miniopterus inflatus</i> (Thomas, 1903).	<i>Miniopterus inflatus rufus</i>
- <i>Miniopterus africanus</i> (Sanborn, 1936).	
- <i>Miniopterus schreibersii</i> (Kuhl, 1817).	<i>Miniopterus schreibersii blepotis</i>
	<i>Miniopterus schreibersii villiersi</i>
	<i>Miniopterus schreibersii schreibersii</i>
	<i>Miniopterus schreibersii orianae</i>
	<i>Miniopterus schreibersii pallidus</i>
	<i>Miniopterus schreibersii oceanensis</i>
	<i>Miniopterus schreibersii orianae bassanii</i>
- <i>Miniopterus magnater</i> (Sanborn, 1931).	
- <i>Miniopterus pusillus</i> (Dobson, 1876).	

- <i>Miniopterus griffithsi</i> (Goodman, Maminirina, Bradman, Christidis & Appleton, 2010).	
- <i>Miniopterus mossambicus</i> (Monadjem, Goodman, Stanley & Appleton, 2013).	
- <i>Miniopterus aelleni</i> (Goodman, Weyeneth, Ibrahim, Saïd & Ruedi, 2010).	
<i>Miniopterus maghrebensis</i> (Puechmaille, Allegrini, Benda, Bilgin, Ibañez & Juste, 2014).	
- <i>Miniopterus natalensis</i> (Smith, 1833).	
- <i>Miniopterus griveaudi</i> (Harrison, 1959).	<i>Miniopterus griveaudi griveaudi</i>
- <i>Miniopterus manavi</i> (Thomas, 1906).	
- <i>Miniopterus newtoni</i> (Bocage, 1889).	
- <i>Miniopterus fraterculus</i> (Thomas & Schwann, 1906).	

I.1.2.2. Distribution géographique des *Miniopterus* dans le monde

Les Minioptères s'étendent à travers la majorité des Afrotropique (Afrique subsaharienne), Paléarctique (Afrique du Nord et Eurasie), Indomalayen (sud et sud-est Asie) et Australasie (y compris l'Australie, la Nouvelle-Guinée et les îles voisines) (Miller-Butterworth et al., 2012). Selon Juste, (2009) et Goodman, (2011) la distribution géographique est présentée dans la figure 6 :

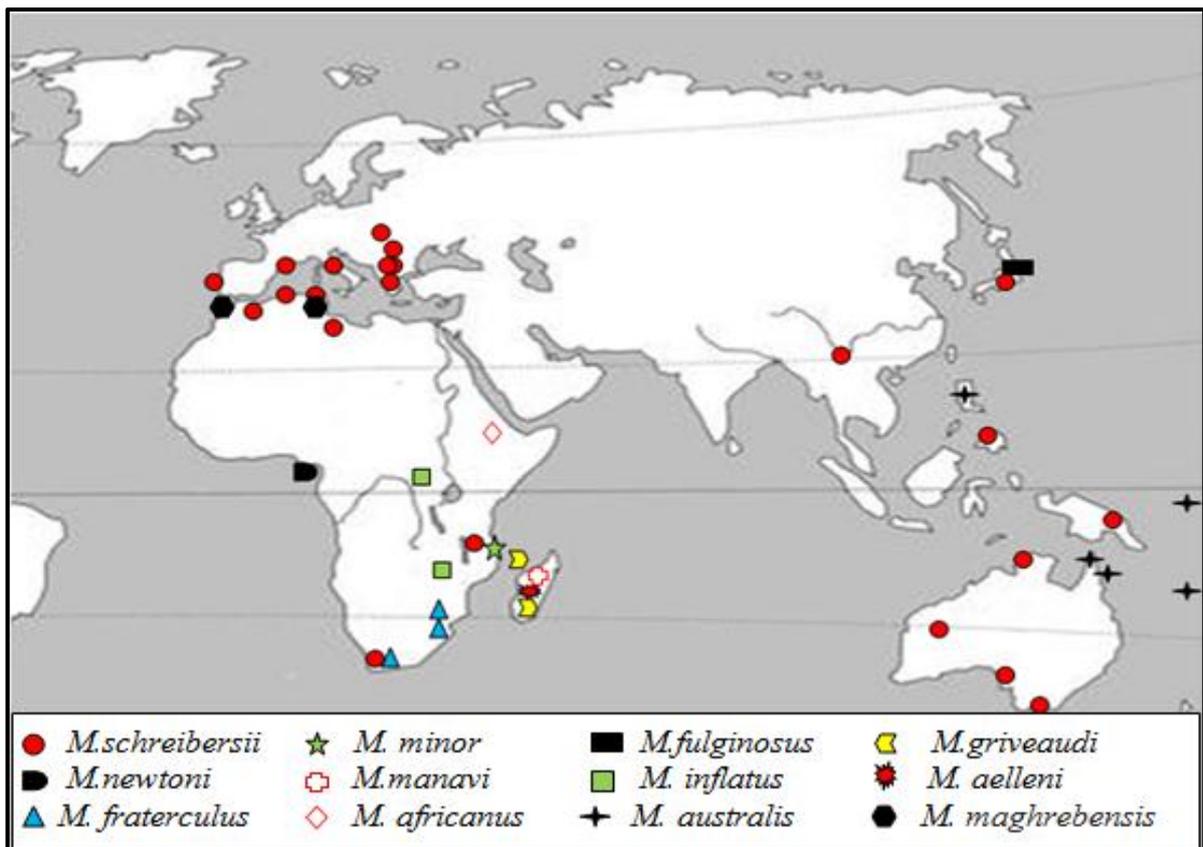


Figure 6 : Répartition géographique de quelques espèces de genre *Miniopterus* dans le monde.

I.1.2.3. Distribution géographique des *Miniopterus* en Algérie

En Algérie il y a une seule espèce *Miniopterus schreibersii* (Kowalski, 1991) représentée dans les figures 7 et 8. Selon Ahmim (2019), Khelfaoui (2018) et Bendjoudi (2019), elle est répartie dans les wilayas d’Annaba, El Taref, Guelma et Batna. Sa présence est mentionnée aussi à Bejaïa, Skikda, Jijel et Blida, ainsi que dans la région de Tlemcen (Figure 9).



Figure 7 : *Miniopterus schreibersii* (Original).



Figure 8 : Colonie de *Miniopterus schreibersii* (Original).

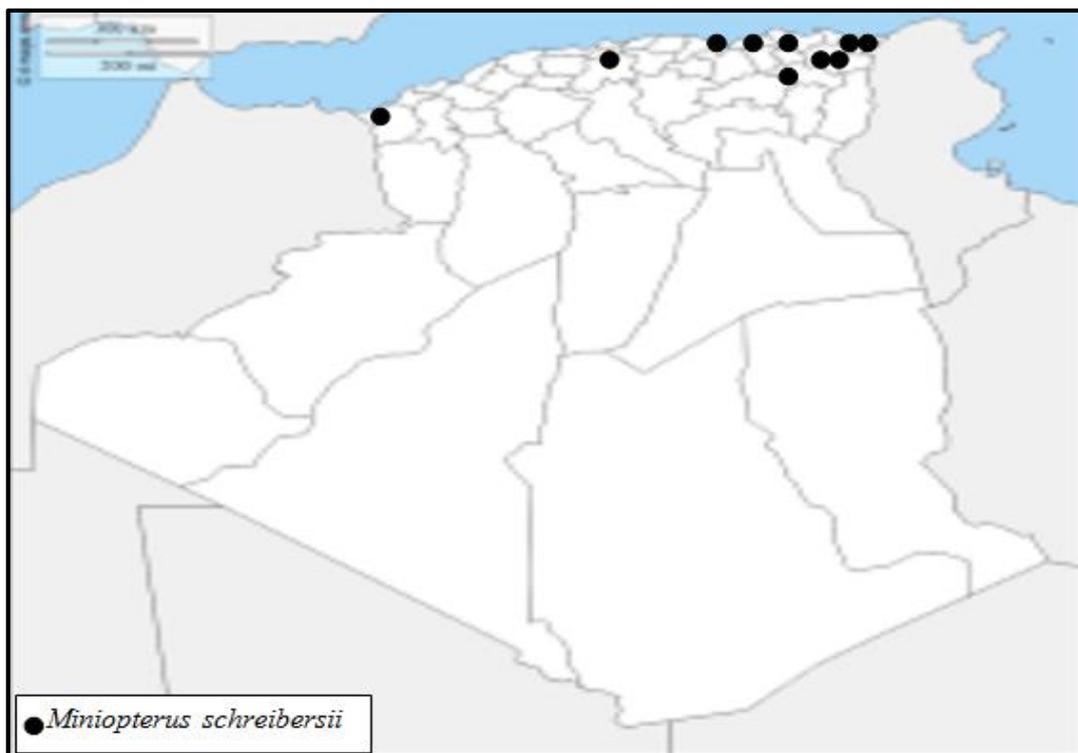


Figure 9 : Répartition géographique de l'espèce *Miniopterus schreibersii* en Algérie.

I.1.2.4. Description morphologique des Miniopterus

Le Minioptère est caractérisé par un museau court, un front très bombé et une fourrure douce et veloutée. Les oreilles sont courtes de forme presque losangique, le tragus est petit. Les ailes sont longues et pointues à leur extrémité. La seconde phalange du troisième doigt est environ trois fois plus longue que la première (Ahmim, 2019). La plupart des membres du genre se

ressemblent étroitement par la taille et la coloration du pelage, et malgré un chevauchement considérable, de nombreuses espèces ont été classés uniquement sur la base des différences de taille ou de coloration (Butterworth et *al.*, 2012) (Tableau I).

Tableau I : Description morphologique de quelques espèces de genre *Miniopterus* (Original).

Espèce	Morphologie
<i>Miniopterus schreibersi</i>	<ul style="list-style-type: none"> -La coloration de la fourrure était brun grisâtre sur la face dorsale, et légèrement plus clair et plus grise sur la face ventrale. -Avait un museau très court et un front bombé. -Les oreilles étaient très courtes et triangulaires, ne dépassant pas du sommet de la tête. -Les ailes étaient très longues et étroites et au repos, les troisième et quatrième doigts étaient pliés vers l'intérieur dans l'articulation entre la 1ère et 2ème phalanges. -La deuxième phalange du troisième doigt était environ trois fois plus longue que la première phalange (Piksa et Gubała, 2020).
<i>Miniopterus newtoni</i>	<ul style="list-style-type: none"> -Petite chauve-souris (longueur de l'avant-bras \approx 39 mm). -Manteau sombre mais aussi des individus aux cheveux rouges. -Les oreilles sont courtes et en forme carré caractéristique, ne dépassant pas de la tête (Rainho et Meyer, 2010).
<i>Miniopterus fraterculus</i>	<ul style="list-style-type: none"> - Un avant-bras plage de 42 à 44 mm et plage de masse de 6,0 à 11,0 g (Stoffberg et <i>al.</i>, 2004).
<i>Miniopterus manavi</i>	<ul style="list-style-type: none"> -La coloration des membranes des ailes et de la queue en grande partie un noir brunâtre foncé monocolore. -Une couverture visible de fourrure relativement dense sur plus de la moitié de la surface dorsale et légèrement plus clairsemée sur la face ventrale surface. -Le tragus est relativement mince le long des deux tiers distaux de sa longueur, la partie latérale distale est légèrement élargie et arrondie, et l'extrémité médiale distale

	se termine par un bord droit angulaire (Goodma et <i>al.</i> , 2008).
<i>Miniopterus aelleni</i>	<ul style="list-style-type: none"> - Pelage brun foncé sur le dos ; chez certains individus, la tête est légèrement plus claire. Poils ventraux à pointe variable avec chamois foncé, donnant un aspect légèrement marbré. - L'uropatagium a des poils fins et clairsemés sur sa surface, plus évident sur le dos, et facilement discernable à l'œil nu. -les attaches fémorales de l'uropatagium et plagiopatagium sont au même niveau et supérieur à la cheville découpé. - Sombre à moyen brun sur les ailes, passant à un brun plus clair dans la section entourant la queue. - La tige du tragus est nettement plus large proximale que la précédente (Goodma et <i>al.</i>, 2008).
<i>Miniopterus natalensis</i>	-Un tragus mesurant 4 à 6 mm (Monadjem et <i>al.</i> , 2013).
<i>Miniopterus petersoni</i>	<ul style="list-style-type: none"> -le pelage du dos et le ventre est légèrement long et dense. -fourrure colorée mélange de brun moyen entrecoupé d'un brun nettement plus clair (Goodman et <i>al.</i>, 2007).
<i>Miniopterus mossambicus</i>	<ul style="list-style-type: none"> - Comprenant une deuxième phalange allongée du troisième chiffre. -La queue fait environ la moitié de la longueur totale. -Le pelage est gris-brun sur la partie supérieure et légèrement plus pâle sur les parties inférieures, avec les poils individuels dans les parties inférieures ayant des bases sombres donnant au pelage un aspect bicolore. -L'oreille est relativement courte et arrondi (environ 10 mm de longueur). -Le tragus est long (5 à 6 mm) et largement droit sur toute sa longueur, s'épaississant légèrement vers la partie distale pointe et se resserrant vers la base (Monadjem et <i>al.</i>,2013).

<p><i>Miniopterus griveaudi</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> -Le dos est généralement brun foncé qui en certains individus ont un ton noirâtre distinct. Chez quelques animaux, y compris les adultes, le dos est d'un brun rougeâtre. - La couleur de la tête est légèrement plus claire que le dos. -La fourrure du ventre a tendance à avoir des extrémités gris-chamois, donnant un aspect marbré. -Les membranes des ailes et de la queue sont de couleur légèrement variable et généralement d'un brun foncé à moyen, devenant un brun plus clair dans la section entourant la queue. - Une arbre tragus, parfois avec une légère bride à l'extérieur margine, et la structure se termine par une tête rétractée et arrondie. -L'uropatagium est pratiquement nu sur les surfaces ventrale et dorsale, avec une clairsemée couverture de poils courts difficiles à discerner avec le l'œil nu (Goodman et <i>al.</i>, 2008).
<p><i>Miniopterus maghrebensis</i></p>	<ul style="list-style-type: none"> -Le pelage dorsal est brun châtain à brun grisâtre foncé, le pelage ventral est brun pâle. -Les poils ventraux sont bicolores, brun foncé sur les parties proximales, brun pâle à chamoisé dans les parties distales. -La peau dorsale des oreilles et les parties nues du visage sont brun grisâtre pâle, la peau ventrale des oreilles est presque sans pigments, charnus pâle à rosâtre. -Les membranes alaires sont brun foncé à brun grisâtre foncé (Puechmaille et <i>al.</i>, 2014).

I.1.3. Les chauves-souris comme réservoir des Virus

Les chauves-souris sont les réservoirs d'une grande diversité d'agents biologiques, infectieux ou non. Abrisent le plus grand nombre de virus zoonotiques chez les mammifères, devant les rongeurs. Plus de 200 virus appartenant à plus de 27 familles virales différentes ont été détectés ou isolés à partir des chauves-souris, et certains sont responsables de maladies sévères chez l'homme comme le virus Ebola, le virus Nipah ou le virus Hendra. Au cours des deux dernières décennies, de nouveaux virus issus des chauves-souris ont émergé dans les populations humaines et animales : coronavirus, et plus particulièrement les *Alphacoronavirus* et les *Betacoronavirus*. Les coronavirus représentent 35% des virus identifiés chez les chauves-souris. La famille des Coronaviridae est ainsi la famille virale la plus fréquemment détectée chez les chauves-souris chez 11 familles (sur 18 existantes) et plus de 190 espèces (Joffrin, 2019).

Une chauve-souris, du genre *Rhinolophus*, serait en effet suspectée d'héberger le virus responsable de la pandémie de Covid-19, et de l'avoir déversé, directement ou indirectement via un pangolin, dans le système respiratoire des humains, son nouveau lieu de prédilection (Leroy, 2020).

I.2. Etude phylogénétique

I.2.1. Définition de la phylogénie

La phylogénie est l'histoire de la descendance d'un groupe de taxons tels que des espèces de leurs ancêtres communs, y compris l'ordre de ramification et parfois les périodes de divergence. Le terme « phylogénie » est dérivé d'une combinaison de mots grecs. Phylon signifie « tribu » ou « clan » ou « race » et genèse signifie « origine » ou « source ». Le terme peut également être appliqué à la généalogie de gènes dérivés d'un gène ancestral commun (Patwardhan et al., 2014). La phylogénie moléculaire, dont certaines méthodes de reconstruction seront présentées par la suite l'étude de l'histoire évolutive des espèces en se basant sur une portion de leur séquence moléculaire (Diallo, 2009).

I.2.2. Phylogénie moléculaire

La phylogénie moléculaire étudie les relations entre les organismes ou les gènes en comparant des homologues de séquences d'ADN ou de protéines. Les dissimilitudes entre les séquences indiquent une divergence génétique résultant de l'évolution moléculaire au cours du temps,

alors que l'approche phylogénétique classique repose sur les caractéristiques morphologiques d'un organisme.

Il existe aujourd'hui une large gamme de marqueurs moléculaires qui peuvent être utilisés pour accomplir ce type de recherche (Patwardhan et *al.*, 2014).

A-Marqueurs d'ADN nucléaire

Les marqueurs d'ADN sont utiles pour la recherche de base, (par exemple l'analyse phylogénétique et la recherche de gènes utiles) et pour la recherche appliquée. Dans les études sur la diversité génétique, les marqueurs les plus fréquemment utilisés sont les microsatellites qui sont à présent les marqueurs les plus utilisés dans les études de caractérisation génétique des animaux d'élevage (Nijman et *al.*, 2003).

B-Marqueurs d'ADN mitochondrial

Les polymorphismes d'ADN mitochondrial (ADNmt) ont été largement utilisés lors des analyses de la diversité phylogénétique et génétique. L'ADNmt haploïde transporté par les mitochondries du cytoplasme cellulaire, possède un mode maternel d'hérédité (les animaux héritent l'ADNmt de leurs mères et non de leurs pères) et un taux de mutation élevé ; il ne se recombine pas. Ces caractéristiques consentent aux biologistes de reconstruire les relations évolutives intra et interraciales par l'évaluation des modèles de mutation de l'ADNmt. Les marqueurs d'ADNmt peuvent également fournir un moyen rapide de détecter l'hybridation entre les espèces et les sous-espèces d'animaux d'élevage (Nijman et *al.*, 2003).

I.2.3. Représentation phylogénétique

L'élaboration de technologies à haut débit serait inutile si l'on ne disposait pas des capacités d'analyse des données biologiques en croissance exponentielle. Ces données doivent se stocker dans des bases de données électroniques associées à des logiciels spécialement conçus pour la mise à jour, l'interrogation et l'extraction. Les informations doivent être facilement accessibles et flexibles aux interrogations pour faciliter l'extraction des informations pouvant être analysées pour éclaircir les voies métaboliques et le rôle des protéines et des gènes impliqués (Rischkowsky et *al.*, 2008).

La bio-informatique est fondamentale pour associer les informations provenant de sources différentes et générer une connaissance nouvelle à partir de données existantes. Elle dispose également des potentialités pour simuler la structure, la fonction et la dynamique des systèmes

moléculaires et est donc utile pour la formulation des hypothèses et pour la conduite du travail expérimental (Rischkowsky et *al.*, 2008).

I.2.4. Arbre phylogénétique

Un arbre phylogénétique est une forme de classification des espèces. Cette classification traduit les relations de descendance des espèces avec modification de leurs caractères. Les caractères sont transmis d'une génération à l'autre à travers les mécanismes d'hérédité. Un arbre est composé de quatre éléments principaux présentés dans la figure 9 (Deriham, 2017) et qui sont :

- **La racine** : désignant l'ancêtre commun des espèces représentées dans l'arbre.
- **Les nœuds externes** : ou feuilles, qui représentent les unités taxonomiques (les espèces) dont les informations ont été utilisées lors de la construction de l'arbre.
- **Les nœuds internes** : représentant des ancêtres hypothétiques.
- **Les branches** : qui montrent les relations de descendance entre les nœuds de l'arbre.

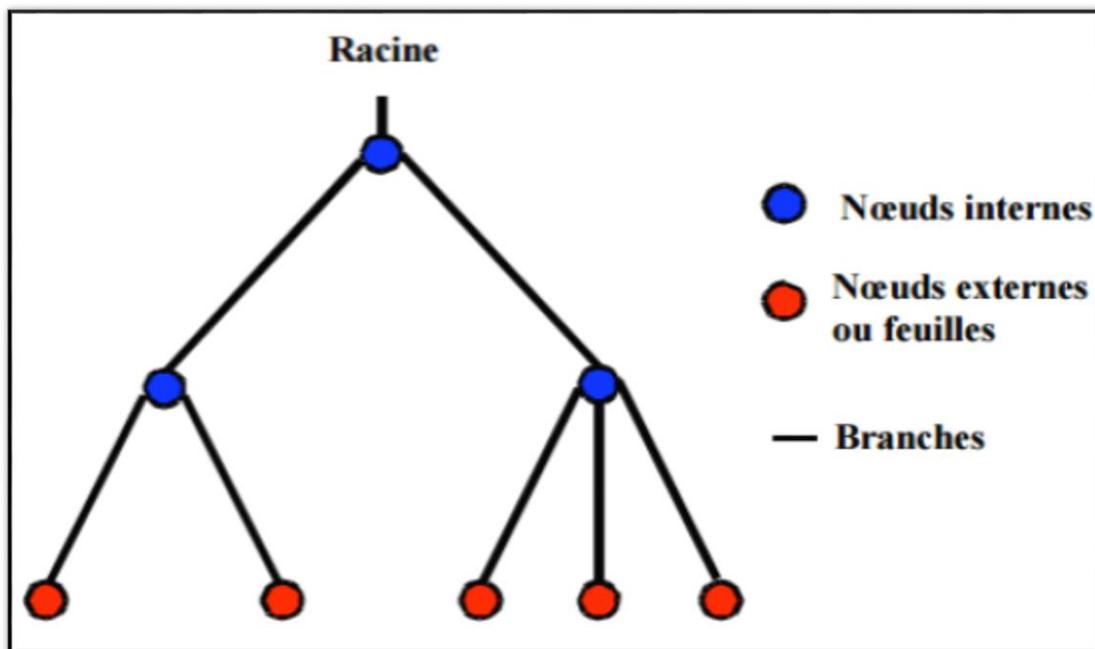


Figure 10 : Exemple d'un arbre phylogénétique.

I.2.4.1. Caractéristiques générales des arbres

Le degré d'un nœud représente le nombre de branches adjacentes au nœud. Généralement le degré est 3 pour tous les nœuds internes. Si le degré est supérieur à 3, le nœud est dit "non résolu". Considérons un arbre phylogénétique T (dont tous les nœuds internes sont résolus) et

le nombre de taxons (ou de feuilles) n , T comprend $2n-2$ nœuds, $n-2$ nœuds internes et $2n-3$ branches (Durbin et *al.*, 1998).

A-Arbre enraciné et arbre non enraciné

Un arbre est enraciné lorsque l'ancêtre commun est identifié. Il est orienté dans le sens du temps d'évolution des espèces et présente une relation de descendance entre les nœuds. Souvent, il est impossible d'identifier l'origine de diversification des espèces. Il est impossible de retrouver la racine d'un arbre phylogénétique sans faire l'hypothèse de l'horloge moléculaire. Cette hypothèse suppose que les événements mutationnels se produisent à cadence régulière au cours du temps. Elle est peu réaliste en biologie, d'où l'intérêt accordé aux arbres non enracinés. Les notions de temps et d'ancêtres se perdent avec ce type d'arbre. Il est souvent utilisé pour la classification des espèces (Rawlings et *al.*, 2002). La figure (11) présente les deux types d'arbres pour quatre espèces a, b, c, d. Les figures (b) et (c) montrent la différence dans l'évolution entraînée par un changement de la position de la racine. Sur la figure (b) le sous arbre X regroupe les espèces a et b tandis que sur la figure (c), le sous arbre X est composé des espèces b, c et d.

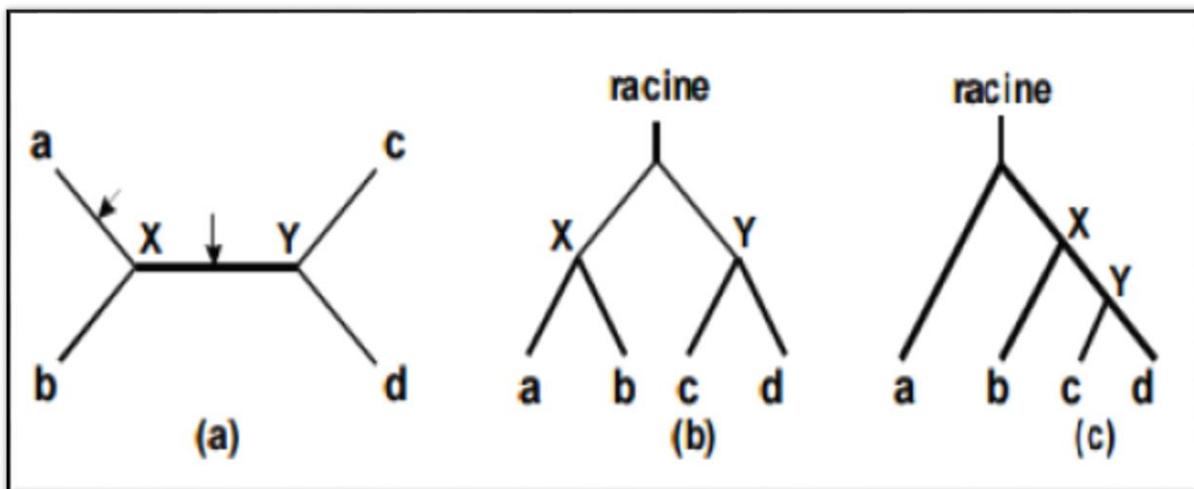


Figure 11 : Les différents arbres phylogénétiques : (b) et (c) arbres enraciné, (a) arbre non enraciné.

B-Groupes monophylie, paraphylie et polyphylie

D'après Rasmont, (1997) et Tourasse, (1992), dans le domaine de la reconstruction phylogénétique, on distingue trois groupes taxonomiques : le groupe monophylétique, le groupe paraphylétique et le groupe polyphylétique :

Groupe monophylétique : Est un ensemble d'espèces issu d'un même ancêtre commun, c'est le cas de groupe (X, Y, Z) de la figure 12.

Groupe paraphylétique : C'est lorsqu'une ou plusieurs espèces d'un groupe monophylétique partage(nt) un ancêtre commun avec des espèces appartenant à d'autres lignées, comme par exemple l'ensemble (1, 2,3) de la figure 12.

Groupe polyphylétique : Si les différentes espèces d'un groupe dérivent d'ancêtres différents, celui-ci est dit polyphylétique, c'est le cas de groupe d'espèces (A, B, C) de la figure 12.

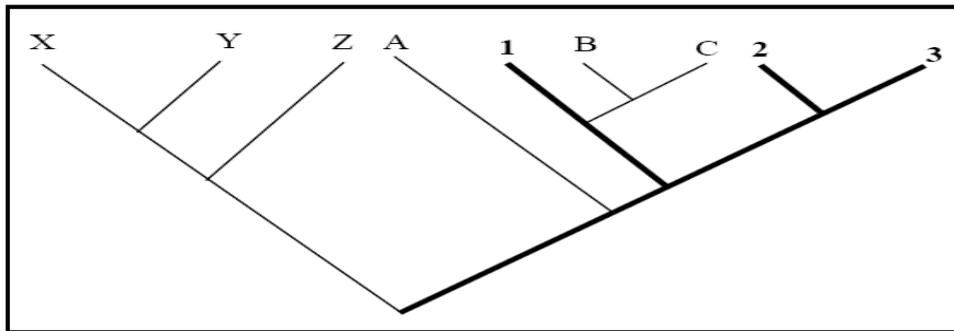


Figure 12 : Diverses catégories de groupes taxonomiques. Les taxa X, Y, Z forment un groupe monophylétique. Les taxa 1,2 et 3 forment un groupe paraphylétique. Les taxa A, B et C forment un groupe polyphylétique (Tourasse, 1992).

I.2.4.2. Différentes représentations pour les arbres

Dans la littérature, il apparaît plusieurs types de tracés d'arbres phylogénétiques. La figure 13 présente trois types de tracés les plus populaires :

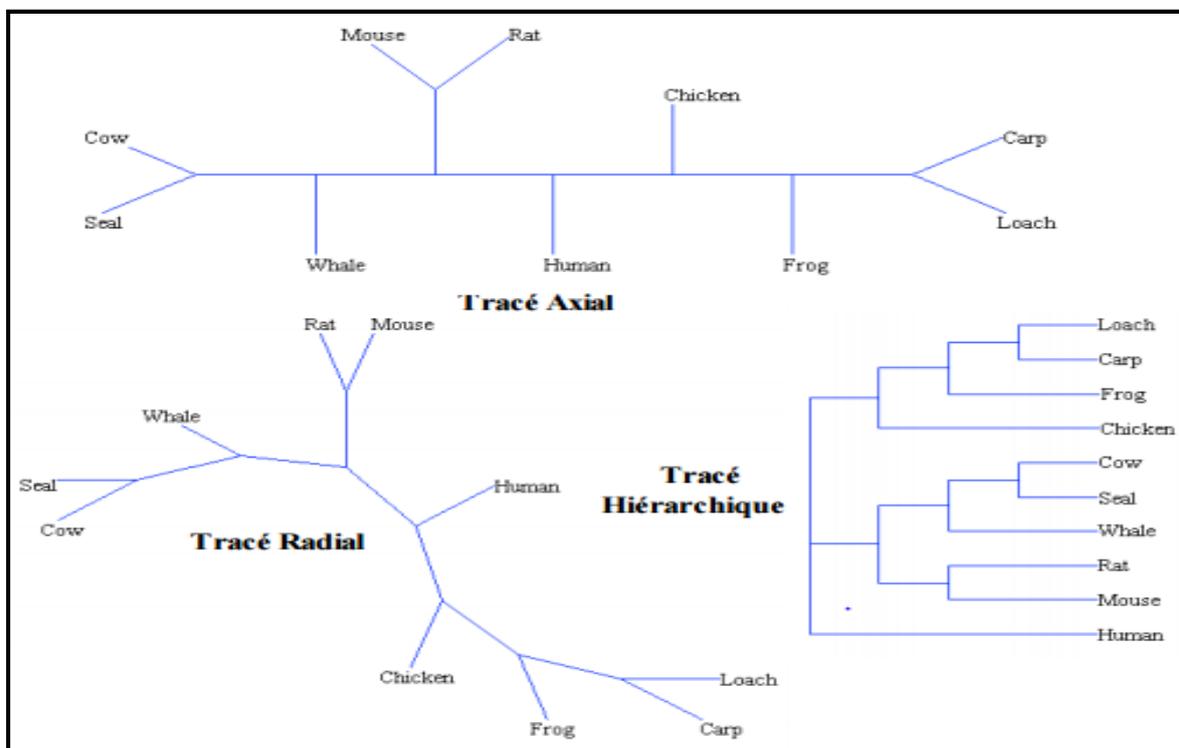


Figure 13 : Trois types de tracés d'arbres phylogénétiques (Durbin, 1998).

I.2.5. Reconstruction d'arbres phylogénétiques

La manière classique d'illustrer les relations phylogénétiques entre les espèces est de les modéliser en utilisant un arbre phylogénétique. La manière moderne consiste en la modélisation d'un réseau phylogénétique comprenant les réticulations nécessaires. A ce niveau nous présenterons seulement quelques méthodes d'inférences d'arbres phylogénétiques. Les méthodes d'inférence phylogénétique présentées sont exposées en détails dans (Swofford et *al.*, 1996 ; Li, 1997 ; Felsenstein, 2004).

La reconstruction d'un arbre phylogénétique débute par ce que l'on appelle « l'alignement » qui consiste à mettre en correspondance les sites des séquences des espèces de manière à pouvoir les comparer les unes aux autres. Les séquences utilisées pour la reconstruction peuvent être de l'ADN ou de l'ARN.

Il existe trois grands types de méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques : les méthodes de distances, les méthodes du maximum de parcimonie et les méthodes du maximum de vraisemblance, ces dernières sont appelées également les méthodes probabilistes (Tourasse, 1992 ; Nei, 1996 ; Robinson, 1997 ; Comet, 1998 ; Haubold, 2000).

- A- L'approche phénétique :** Ne tient pas compte du processus de l'évolution. Elle se contente de mesurer les distances entre les espèces et de reconstruire le meilleur arbre possible à l'aide d'une stratégie de regroupement hiérarchique.
- B- L'approche cladistique :** Cherche à établir des relations de parenté en s'intéressant aux caractères (bases ou acides aminés) dérivés, partagés par les taxons. On considère ainsi tous les scénarios d'évolution en inférant les caractères des ancêtres potentiels à chaque nœud, et on choisit l'arbre qui correspond au meilleur scénario d'évolution selon un critère préalablement choisi. Les méthodes utilisées sont essentiellement basées sur le maximum de parcimonie.
- C- L'approche probabiliste :** (ou maximum de vraisemblance), quant à elle, évalue en termes de probabilités l'ordre des branchements et la longueur des arêtes d'un arbre sous un -modèle évolutif donné. Les méthodes bayésiennes font aussi partie de cette approche.

La première approche étudie la parenté entre les taxons en s'intéressant à leur degré de similarité alors que la deuxième est basée sur la généalogie.

I.2.6. Critères de choix entre les méthodes

Les méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques sont évaluées et comparées en fonction de cinq critères (Huelsenbeck, 1995 ; Moret et *al.*, 2002) :

- **L'efficacité :** Rapidité de la méthode.
- **La puissance :** Plus une méthode est puissante, moins elle nécessite de données pour obtenir un résultat fiable.
- **La consistance :** Caractérise une méthode qui converge vers le bon arbre si on lui fournit suffisamment de données.
- **La robustesse :** Une méthode est robuste si de petites violations des hypothèses de départ ne résultent pas dans une mauvaise estimation de la phylogénie.
- **La fiabilité :** Une méthode est fiable si elle construit des arbres phylogénétiques « exacts ».

De tous ces critères, la robustesse peut être la plus importante, parce que, avec des vraies données, c'est-à-dire, données n_0+n issues des simulations, il y a un grand risque que les hypothèses posées ne soient pas respectées.

D'après (Kuhner et *al.*, 1994), et suite à leurs études de comparaison par simulation sur ordinateur de plusieurs algorithmes de reconstruction phylogénétique, l'algorithme de Neighbor-Joining, l'algorithme de Fitch-Margoliash, parcimonie et maximum de vraisemblance, ils fournissent les conclusions suivantes :

-Pour l'estimation des longueurs des branches, les deux algorithmes de distances (Neighbor-Joining et Fitch-Margoliash) ont été les plus performants.

-L'algorithme de parcimonie et l'algorithme de compatibilité fournissent des résultats similaires, et ils sont moins performants que les algorithmes précédents.

-L'algorithme de maximum de vraisemblance est le plus robuste de tous les algorithmes étudiés.

I.3. Stockage de données biologiques

I.3.1. Banques des données

Aujourd'hui les méthodes rapides de séquençages sont utilisées fréquemment et le nombre de nouvelles séquences augmente rapidement. Toutes les données issues du séquençage doivent être traitées et analysées afin d'obtenir le plus grand nombre d'informations. Il faut ainsi stocker ces séquences et toutes les informations obtenues. Pour cela, de grandes bases de données de séquences ont été mises en œuvre pour permettre un accès facile aux données. Les premières banques de données en biologie moléculaire ont traité des informations structurales sur les protéines, puis très rapidement, des séquences protéiques et nucléotidiques. Il existe différents types de bases de données biologiques : celles qui sont dites généralistes et qui stockent des séquences provenant de tous les organismes et celles dites spécialisées qui se consacrent plus particulièrement à un organisme ou à une thématique donnée.

I.3.1.1. Les banques de données généralistes

Il existe plusieurs banques généralistes publiquement accessibles. La principale banque généraliste de séquences nucléotidiques est produite par trois partenaires : **EMBL** data library (Cochrane et *al.*, 2006) en Europe, **GenBank** (Benson et *al.*, 2006) aux Etats-Unis et **DDBJ** (Okubo et *al.*, 2006) au Japon. La plupart des données de ces banques proviennent de soumissions effectuées par les auteurs. D'autres regroupent des séquences protéiques telles que **UNIPROT** (Wu et *al.*, 2006), **GenPept**, **HAMAP** (Gattiker et *al.*, 2003)...etc.

De la même manière que pour les banques de séquences nucléotidiques, leur organisation se base autour des annotations biologiques et biochimiques d'une part, et des séquences d'autre part. GenPept correspond à la traduction de l'ensemble des parties codantes de GenBank. La principale banque de protéines est **UNIPROT**. En effet, elle possède de nombreux atouts : redondance minimale, références croisées, qualité d'annotation, etc. Elle correspond à la fusion de **SWISS-PROT** (Wu et *al.*, 2006) ; **TrEMBL** et **PIR** (Wu et *al.*, 2003).

Les séquences contenues dans SWISS-PROT sont issues de la traduction des gènes annotés dans EMBL, d'autres banques protéiques, de publication scientifiques et de quelques soumissions d'auteurs. TrEMBL est la version protéique de la banque nucléotidique EMBL. Elle contient la traduction de toutes les parties codantes annotées d'EMBL en excluant les protéines présentes dans SWISS-PROT. PIR, qui maintenant n'existe plus, fournissait des informations organisées selon des critères taxonomiques et de similarité. Enfin, HAMAP est un projet développé par le groupe SWISS-PROT. Son but est d'annoter automatiquement les protéines provenant des projets de séquençage des génomes microbiens.

La banque contient également des collections de familles de protéines microbiennes générées par des experts et utilisées pour l'annotation automatique.

Ces banques généralistes permettent donc de centraliser toutes les séquences connues. Cependant, il existe tout de même un grand nombre d'erreurs, notamment au niveau des annotations des séquences ainsi qu'une redondance des informations dans certaines banques.

I.3.1.2. Les banques données spécialistes

Pour pallier ces inconvénients, l'augmentation exponentielle du volume, de la diversité des séquences et la diversité des études, des banques spécialisées ont été développées. Ces développements ont permis l'introduction d'informations spécifiques à chacune permettant ainsi d'avoir des banques adaptées aux besoins des utilisateurs. Elles répondent pour la plupart soit à des besoins ponctuels, soit à des besoins liés à des secteurs d'activité bien précis.

Parmi celles-ci, ont été développées des banques thématiques se consacrant à un domaine bien précis. Ainsi, certaines regroupent des données sur les structures moléculaires tridimensionnelles telles que la PDB (Berman et *al.*, 2000). D'autres s'intéressent à la structure en domaine des séquences protéiques comme la banque ProDom (Servant et *al.*, 2002). Il y en a également qui centralisent des données sur les signatures, caractéristiques de certaines protéines telle que PROSITE (Hulo et *al.*, 2006). D'autres encore traitent des séquences et des structures d'ARN.

I.3.2. Différentes étapes et logiciels d'une étude phylogénétique

Il existe une myriade de logiciels, implantés sur différentes machines depuis le microordinateur jusqu'à des ordinateurs les plus puissants, écrits dans tel ou tel langage, traitant tel ou tel problème. Dans le domaine de la reconstruction phylogénétique, (Felsenstein, 2004). Dans cette section, nous allons décrire quelques grandes catégories de logiciels utilisés pour les analyses phylogénétiques.

I.3.2.1. Logiciels de nettoyage

Tout d'abord toutes les séquences ont été expurgé, à l'aide de logiciels de nettoyage comme :

A- Sequencher

Est un logiciel de bio-informatique produit par la société Gene Codes Corporation, ce logiciel assemble et alignent plusieurs séquences d'ADN contiguës relativement courtes afin de créer des séquences plus longues.

B- Bioedit

Beaucoup de chercheurs dans le domaine de la biologie moléculaire ont utilisé des modules de BioEdit dedans pendant leur recherche originale. BioEdit a été employé pour des études moléculaires de différents organismes tels que des génomes de virus (Ron et *al.*, 2005 ; Chen et *al.*, 2006).

I.3.2.2. Logiciels d'alignement

D'une manière informelle, l'alignement de deux séquences consiste à mettre en évidence les similitudes et les différences entre les deux séquences. L'alignement de séquences a pour objectif de mettre en correspondance les portions homologues des molécules, afin de retrouver de la façon la plus cohérente possible le signal phylogénétique.

Evidemment, on s'offre aussi la possibilité de sauter quelques lettres (Comet, 1998). Donc l'alignement peut être vu comme une série de transformations permettant de passer d'une séquence à l'autre (Bérard, 2003 ; De Crvalho Junior, 2003). Parmi les logiciels qui font l'alignement nous avons :

A. Clustal W

Est un outil pour aligner la protéine multiple ou séquences de nucléotides. L'alignement est réalisé par l'intermédiaire de trois étapes : par paires alignement, génération de guide-arbre et alignement progressif. ClustalW-MPI est distribuée exécution parallèle de ClustalW. Chacune des trois étapes ont été parallélisés pour réduire le temps d'exécution (Li, 2003).

B- Blast

Basic local alignment searchtool, permet d'identifier des régions de similarité locale entre séquences. Le programme compare des séquences nucléotidiques ou protéiques et calcule la significativité des résultats.

C- Exonerate

Outil d'alignement de séquences deux à deux. Il permet d'aligner des séquences de nombreux modèles, soit la programmation dynamique exhaustive ou une variété d'heuristiques.

I.3.2.3. Calcul des distances

Actuellement, il y a beaucoup de programmes spécialisés pour estimer des distances évolutives entre le nucléotide ou les séquences des acides aminés et la reconstruction arbres phylogénétiques :

A-Dadaïste

Calcule une matrice de distances à partir de l'alignement multiple de ClustalW.

B-PAUP

PAUP (Phylogenetic Analysis Using Parsimony) est un logiciel de reconstruction phylogénétique mis au point par Swofford entre 1989 et 1998. C'est le logiciel le plus cité dans la littérature scientifique moderne. Il a été conçu spécialement pour faire des analyses phylogénétiques selon la méthode de parcimonie, puis il a été élargi pour inclure d'autres types d'analyses phylogénétiques telles que les méthodes de distances et les méthodes de maximum de vraisemblance, et pour réaliser des tests statistiques tels que le bootstrap et le jackknife (Swofford, 1998).

I.3.2.4. Logiciels de reconstruction de l'arbre phylogénétique

A- PHYML

PHYML est un logiciel qui implémente une nouvelle méthode de reconstruction de phylogénie à partir de séquences en utilisant le principe de maximum de vraisemblance. Cette méthode démarre avec un arbre initial fourni par l'utilisateur ou construit à partir d'un algorithme rapide basé sur les distances, puis elle améliore cet arbre à travers des réarrangements topologiques (Guindon, 2003).

B- DnaMLK

Est un programme d'inférence d'arbres phylogénétiques, pour les séquences d'ADN, basé sur le maximum de vraisemblance avec la contrainte que les arbres inférés soient en conformité avec l'horloge moléculaire. L'horloge moléculaire stipule que toutes les feuilles de l'arbre sont équidistantes par rapport à la racine (au niveau de la longueur des branches). C'est un programme connexe à DnaML. Les mêmes suppositions au niveau du modèle sont valides (plus l'hypothèse de l'horloge moléculaire). Le programme utilise également un modèle de Markov caché pour inférer différents taux d'évolution pour des sites différents. Au niveau de la parallélisation du programme DNAMLK, un parallélisme de données a été réalisé en fonction du nombre d'ensembles de données reçues en entrée et en fonction du nombre d'arbres à inférer (Felsenstein, 1993).

I.3.2.5. Logiciels de visualisation d'arbres phylogénétiques

Actuellement, il existe plusieurs programmes qui permettent la visualisation des arbres, les arbres finalisés ont alors été visualisés et annotés à l'aide des programmes : PhyloDraw, NJplot, GeneTree, Phylip (DRAWTREE et DRAWGRAM), Genedoc, Dambe, Treecon, TreeView, et Spectrum (Choi *et al.*, 2000).

A- TreeView

TreeView est l'un des programmes les plus utilisés pour visualiser des arbres phylogénétiques sous forme graphique. Ce programme est comme le programme PhyloDraw, il utilise les résultats des autres programmes (Phylip, PAUP, ClustalW...etc.), c'est à dire les matrices de distances des longueurs des branches, pour dessiner des arbres phylogénétiques sous différentes formes : forme radial, cladogramme, phylogramme...etc (Page, 1996).

B- Dendroscope

Un éditeur et un visualisateur d'arbre.

C- PhyloDraw

PhyloDraw est un logiciel de dessin d'arbres phylogénétiques. Il utilise les résultats des autres programmes de construction (Phylip, PUAP, ClustalW...etc) sous forme d'une matrice de distances pour visualiser divers types de dendrogrammes. Par exemple, les cladogrammes rectangulaires, les cladogrammes inclinés, les phylogrammes et les arbres phylogénétiques radiaux. Avec PhyloDraw, les utilisateurs peuvent ajuster la forme d'un arbre phylogénétique facilement et interactivement en employant plusieurs paramètres de commande. Ce programme peut exporter la disposition finale d'arbre vers le format d'image (Choi *et al.*, 2000).

Matériels et Méthodes

Ce travail est réalisé au niveau du laboratoire de génétique des populations et biologie de conservation des populations animales de l'Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene (USTHB) d'Alger.

L'objectif de cette étude est la comparaison entre les espèces des *Minioptères* en utilisant des outils de bio-informatique dans les analyses phylogénétiques. Afin d'identifier les espèces qui sont proches sur le plan moléculaire, et la reconstruction de l'arbre phylogénétique.

Dans ce chapitre, nous présentons des logiciels de bio-informatique en ligne téléchargés et utilisés dans notre travail.

II.1. Analyses phylogénétiques

Le but de cette partie est principalement fondé sur l'utilisation de plusieurs logiciels de bio-informatique afin d'étudier une base de données de biologie moléculaire pour positionner les différentes espèces de genre *Miniopterus* dans un arbre phylogénétique. Pour ce faire, il faut d'abord l'analyse moléculaire qui repose sur l'extraction des acides nucléiques à partir des échantillons comme l'os, tissu, poils, sang ou matériel fécal. L'extraction requiert la lyse cellulaire, l'inactivation des nucléases, puis la purification en utilisant des kits d'extraction. La quantité des acides nucléiques obtenus doit être amplifiée par la réaction de polymérisation en chaîne (PCR), et ensuite séquencée par la méthode de Sanger ou le séquençage nouvelle génération (NGS). Jusqu'au traitement des séquences qui se trouvent au niveau de la GenBank en vue de leur utilisation dans l'étude phylogénétique.

II.2. Extraction des données de la GenBank

Nous avons analysé toutes les espèces du genre *Miniopterus* une par une pour identifier le nombre des séquences nucléotidiques trouvées dans la GenBank et les récupérer, nous passons par plusieurs étapes distinctes présentées dans les figures suivantes (Figures 14,15, 16, 17, 18,19).

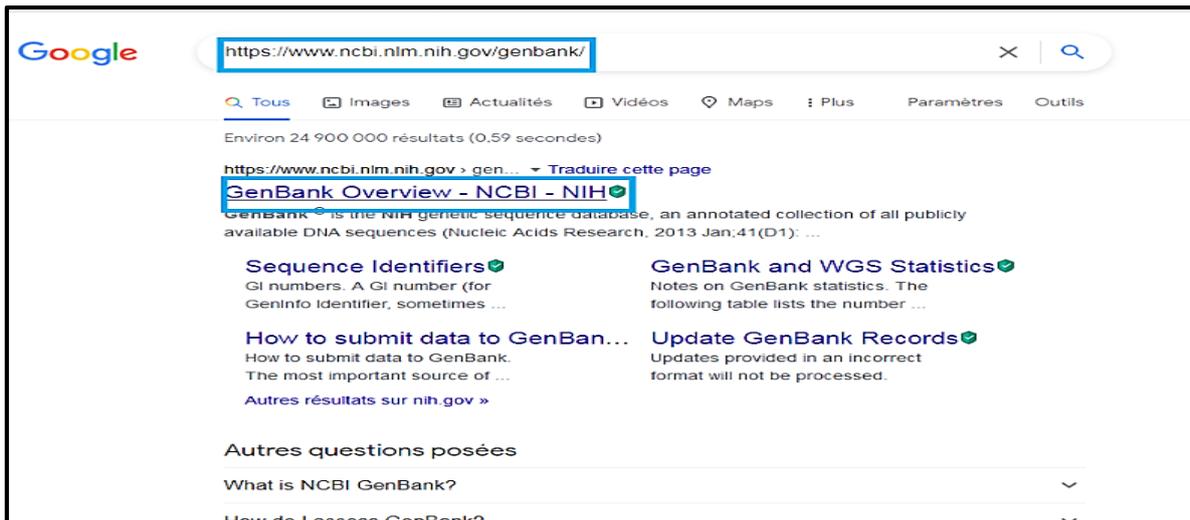


Figure 14: La Construction de l'URL (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)

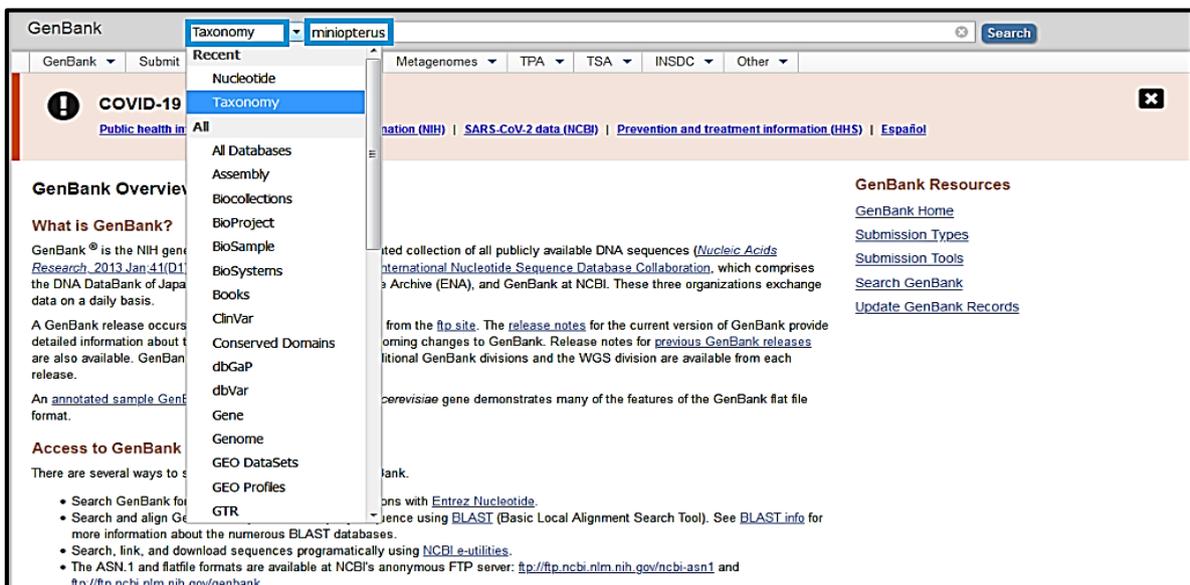


Figure 15 : Le choix recherche par taxonomie sur la source NCBI et écrire le nom de notre genre *Miniopterus*.

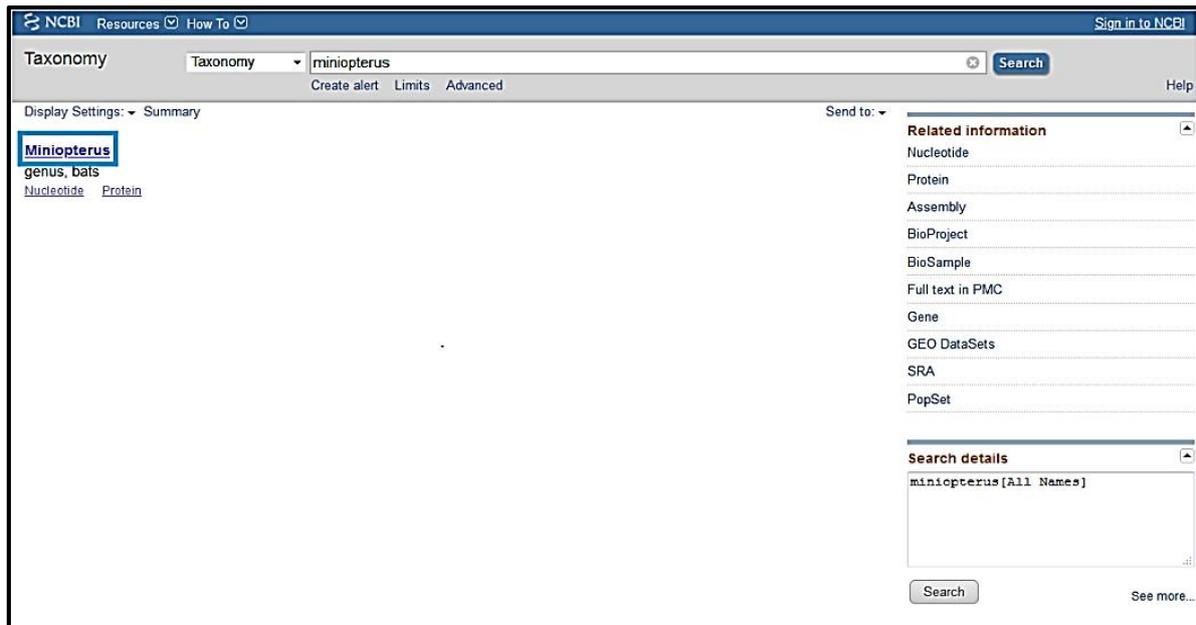


Figure16 : La sélection de genre *Miniopterus*

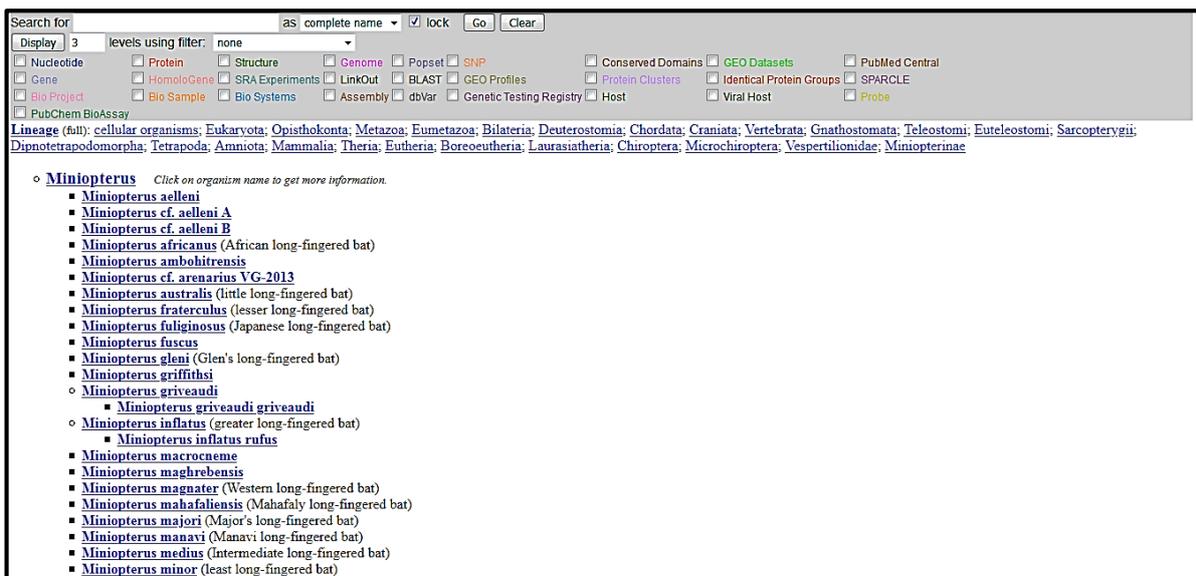


Figure 17 : Les espèces de genre *Miniopterus* classées et non classées obtenues dans la GenBank.

NCBI Taxonomy Browser

Search for: as complete name lock Go Clear

Display: 3 levels using filter: none

Miniopterus minor

Taxonomy ID: 221086 (for references in articles please use NCBI:txid221086)

current name: *Miniopterus minor* Peters, 1867 Peters 1867

Genbank common name: least long-fingered bat

NCBI BLAST name: bats

Rank: species

Genetic code: Translation table 1 (Standard)

Mitochondrial genetic code: Translation table 2 (Vertebrate Mitochondrial)

Lineage (full): cellular organisms; Eukaryota; Opisthokonta; Metazoa; Eumetazoa; Bilateria; Deuterostomia; Chordata; Craniata; Vertebrata; Gnathostomata; Teleostomi; Euteleostomi; Sarcopterygii; Dipnotetrapodomorpha; Tetrapoda; Amniota; Mammalia; Theria; Eutheria; Boreoeutheria; Laurasiatheria; Chiroptera; Microchiroptera; Vespertilionidae; Miniopterinae; Miniopterus

External Information Resources (NCBI LinkOut)

LinkOut	Subject	LinkOut Provider
Miniopterus minor taxonomy	taxonomy/phylogenetic	Arctos Specimen Database
DNA barcoding: Miniopterus minor	taxonomy/phylogenetic	Barcodes of Life
drvaddb	supplemental materials	Drvad Digital Repository
Miniopterus minor Peters, 1867	taxonomy/phylogenetic	Encyclopedia of life
Miniopterus minor Peters, 1867	taxonomy/phylogenetic	Integrated Taxonomic Information System
Miniopterus minor Peters, 1867	taxonomy/phylogenetic	Mammal Species of the World

Figure 18: Exemple des séquences nucléotidiques trouvées pour l'espèce *Miniopterus minor*.

Species: Animals (57)

Molecule types: genomic DNA/RNA (57)

Source databases: INSDC (GenBank) (57)

Sequence Type: Nucleotide (57)

Genetic compartments: Mitochondrion (56)

Sequence length: Custom range...

Release date: Custom range...

Revision date: Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary 20 per page Sort by Default order

Send to: Filters: Manage Filters

Find related data: Database: Select Find items

Search details: txid221086 [Organism: noexp] Search See more...

Recent activity: Turn Off Clear

- txid221086[Organism: noexp] (57) Nucleotide
- txid647618[Organism: noexp] (33) Nucleotide
- Miniopterus aelleni voucher FMNH 209243 cytochrome b (Cytb) gene, partial c Nucleotide
- MFPP1 - Multi FASTA ProtParam Interface
- miniopterus (1) Taxonomy

Items: 1 to 20 of 57

1. **Miniopterus minor voucher FMNH220502 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds; mitochondrial**
 1,049 bp linear DNA
 Accession: MN064736.1 GI: 1772504884
 Protein Taxonomy
 GenBank FASTA Graphics PopSet

2. **Miniopterus minor voucher FMNH:MAMM:198010 transient receptor potential cation channel subfamily C member 2 (Trpc2) gene, partial cds**
 489 bp linear DNA
 Accession: KX537514.1 GI: 1142643181
 Protein PubMed Taxonomy
 GenBank FASTA Graphics PopSet

3. **Miniopterus minor haplotype Tanga.S12.8368 cytochrome b (Cytb) gene, complete cds; mitochondrial**
 1,140 bp linear DNA
 Accession: FJ232806.1 GI: 217387357
 Protein PubMed Taxonomy
 GenBank FASTA Graphics PopSet

4. **Miniopterus minor haplotype Unguja.S13.8430 cytochrome b (Cytb) gene, complete cds; mitochondrial**
 1,140 bp linear DNA
 Accession: FJ232805.1 GI: 217387355
 Protein PubMed Taxonomy
 GenBank FASTA Graphics PopSet

Figure 19 : Les séquences nucléotidiques de l'espèce *Miniopterus minor*.

Les séquences représentatives de toutes espèces ont été téléchargées sous format FASTA à partir de la GenBank dans des fichiers (Figure 20). Ces fichiers peuvent être directement utilisés dans plusieurs logiciels de traitement et d'analyses des séquences.

FASTA

Miniopterus aelleni voucher FMNH 209243 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds; mitochondrial

GenBank: MN504219.1

>MN504219.1 Miniopterus aelleni voucher FMNH 209243 cytochrome b (Cytb) gene, partial cds; mitochondrial

GCTATTCAAACTCTTAACCGGACTGTTCCGTCATACACTACACAGCAGACACGGCAACAGCTTTCAACT
CAGTCACCCATATCTGCCGAGACGTTAACTATGGTTGAATCCTCCGCTATCTTCATGCCAATGGAGCCTC
CATATTCTTTATTGGCTATACCTCCACGTAGSCCGGGACTTTACTATGSGTCTTATACTCTCACTGAA
ACCTGAAACATTGGTATTCTCCTGCTCTTCGCTGTATAGCAACAGCCTTCATAGGATATGTAATACCT
GAGGCAAAATATCCTTCTGAGGAGCAACAGTCTACAAATCTCTTATCAGCAATCCCTACATCGGCAC
AGATTTAGTAGAATGAATCTGAGGAGGATTCTCAGTTGACAAAGCACTCTAACCAGGTTCTTCGCTTC
CACTTTCTCCCTTCCATTGTGCTTGCAGCTATAGTAAATAGTTTCATCTACTATTCNNNNNNNAACAGGAT
CCACACACCCACCGGCATCCCATCAGATATAGATGCCATCCCATTTCAACCTTACTATACAATTAAGA
CGCCCTAGGATTTCTAATTATAAATATGGCACTCCTGACCTTGGTATATTTTTCTCCAGATCTCTAGGA
GACCCGACACTACACCCAGCTAACCTCTAAACACCCACACATATTAACCCAGATGATATTTCC
TATTTGCTATGCAATCCTAGCTTCAATTCCTAATAAAGTGGAGGAGTATTAGCCCTAGTCTATCTAT
CCTAGTCTAGTATCATTCCACTTCTCCATACGTCCTCAACACCAAGCATGACTTTCCGCCCTATCAT
CAATGTCTATTCTGACTGCTAGTAGTAACTGTGCTGACTCTAACCTGAATGGAGGCCAACAGTAGAGC
ACCCCTACATTTATTGGCCAACTAGCATCCATCCTTTTACTTTAATGATCATTCTTGTCTCATACCACT
TATCAGCATTATAGAAAACCATCTACTCAAGTGA

Send to:
 Complete Record
 Coding Sequences
 Gene Features
 File
 Clipboard
 Collections
 Analysis Tool

Choose Destination
 File
 Clipboard
 Collections
 Analysis Tool

Download 1 item.
 Format
 FASTA
 Show GI
 Create File

Taxonomy
 PopSet
 Recent activity
 Turn Off Clear
 Miniopterus aelleni voucher FMNH 209243
 cytochrome b (Cytb) gene, partial c. Nucleotide

Figure 20 : Exemple d'une séquence nucléotidique au format FASTA et son téléchargement en fichier.

Au total, la GenBank contient 51882 séquences de 35 espèces et 11 sous espèces et 30 espèces non classées genre «*Miniopterus* » :

- 34 075 séquences d'ADN nucléaire.
- 17770 séquences d'ADN mitochondrial

II.2.1. Traitement des séquences de la GenBank

Pour traiter les séquences, il existe plusieurs logiciels de programmation permettant de créer des arbres phylogéniques autour de 367 programmes de bioinformatiques, parmi lesquels : PHYLIP, PAUP, MEGA, Phylo_win, ARB, DAMBE, Buddy, Bionumerics, Mesquite, PaupUp, BIRCH, Bosque, Emblazon, phangorn, Bio ++, ETE, DendroPy, SeaView, Essence (Djekoun et Hamidechi; 2010), mais nous avons choisi FaBox, DnaSP5, MEGA5, DAMBE et Network.

II.2.1.1. FaBox

Le logiciel FaBox est un logiciel de services Web simples et intuitifs qui permettent aux scientifiques d'effectuer rapidement une tâche typique avec des données de séquence. Les services vous facilitent la tâche pour extraire, modifier et remplacer les en-têtes de séquences et joindre ou diviser des ensembles de données en fonction de l'en-tête des informations. D'autres services incluent la fusion d'un ensemble de séquences en haplotypes et formatage automatisé des fichiers d'entrée pour un certain nombre de programmes de génétique des populations (Villesen, 2007).

À partir de la page principale (Figure 21), l'utilisateur peut choisir une liste de services, chacun se concentrant sur l'exécution d'une seule tâche. L'utilisateur peut saisir des données soit en téléchargeant un fichier de données ou simplement en collant des données directement dans le navigateur Web (Figure 22). Toutes les données de sortie sont automatiquement formatées pour correspondre au système d'exploitation des utilisateurs (mais ne peut être remplacé manuellement), éviter les problèmes de saut de ligne (Figure 23) (Villesen, 2007).

Welcome to FaBox (1.5) - an online fasta sequence toolbox

[FAQ](#) [FaBox](#)

FaBox
[HTTP://www.birc.au.dk/fabox](http://www.birc.au.dk/fabox)

NEWS:
 21.08.2019 Version 1.5 - Haplotypecollapser working again.
 21.03.2019 I hate my users - now I was forced to code php again..
 19.02.2019 Please stop using fabox - it is outdated!
 19.02.2019 Moved to new server - a few code changes to still work.
 18.02.2013 Added fasta sequence subtractor
 06.08.2012 Small bug in random sequence generator fixed
 29.08.2011 Update with newick parser
 10.09.2009 FaBox has moved to <http://www.birc.au.dk/software/fabox>
 16.01.2009 Added the FASTADIFF CONVERTER

Sequence 2 fasta converters (external tools)
[HCV Sequence Conversion Interface - ReadSeq at EBI](#)

Working with fasta headers
[Fasta header extractor \(and header splitter\)](#) Simple and fast way of extraction the headers from fasta files - and optionally split each header into fields based on a chosen character/word.
[Fasta header editor](#) Simple and fast way of extracting headers, edit them and reapplying them without worrying about the sequence itself.
[Fasta header replacer](#) Some programs do not like the fancy headers in fasta files and you have to live with short, unique names - that are really non-descriptive. Here you can replace headers back and forth by submitting old and new headers - which you'll typically keep in a excel spreadsheet.

Working with fasta datasets/alignments
[Fasta sequence extractor](#) Simple and fast way of extracting some sequences from a large sequence set, based on a list of headers or fuzzy matching.
[Fasta sequence subtractor](#) Simple and fast way of removing some sequences from a large sequence set, based on a list of headers or fuzzy matching.
[Fasta sequence joiner](#) Simple and fast way of joining a set of fasta sequences into one sequence
[Fasta dataset splitter/divider](#) Simple and fast way of dividing your dataset into two sets by a header keyword. It will split into sets WITH and WITHOUT the given header keyword (like 'females/males', 'population1/population2')
[Fasta alignment joiner](#) Simple and fast way of joining two alignments, sequence by sequence. It will join alignment 1, sequence 1 with alignment 2, sequence 1 and so on.... (see ...)

Figure 21 : La page principale de logiciel Fabox.

To our users Please note that the HCV database site is no longer funded. We try to keep the database updated and the tools running, but unfortunately, we cannot guarantee we can provide help for using this site. Data won't be manually curated either.

Format Converter

Purpose: Convert an input sequence or alignment to a user-specified format. See [Explanation](#).

Input

Paste your sequences here

Or upload your file: Aucun fichier sélectionné.

Options

Select input format Automatic

Select output format Fasta

Output line width 50 characters as wide as possible

Enforce sequence name uniqueness

Convert Genbank to GFF3

Replace IUPAC codes with Ns

Figure 22 : La conversation des séquences sous forme Fasta par l'utilisation de Fabox.

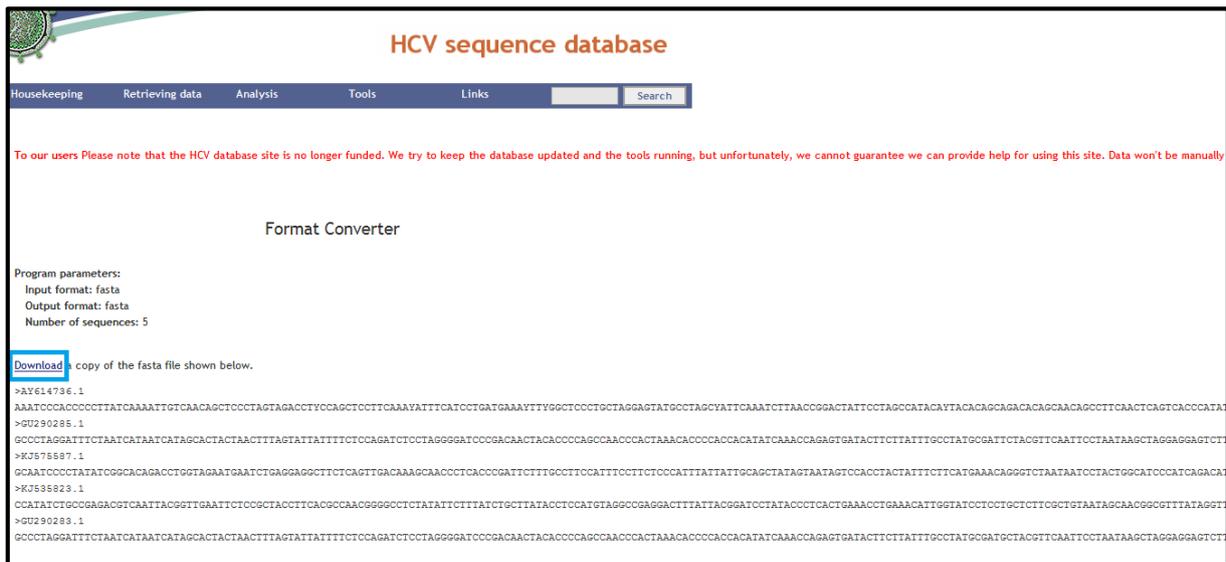


Figure 23 : Les séquences de Cytb ont été convertit sous format FASTA grâce à FaBox.

II.2.1.2. MEGA

Est un logiciel d'analyse génétique évolutive moléculaire (MEGA) convivial pour l'exploitation minière en ligne (Figure 24). A été développé dans le but de fournir une suite d'outils intégrés centrés sur les biologistes pour les analyses statistiques de l'ADN, et les données de séquence protéique d'un point de vue évolutif, qui construit des alignements de séquences et des arbres phylogénétiques, et utiliser des méthodes de bio-informatique évolutive en biologie, biomédecine et évolution, ces méthodes d'analyse et les données sont choisies par l'utilisateur (Tamura, 2011).

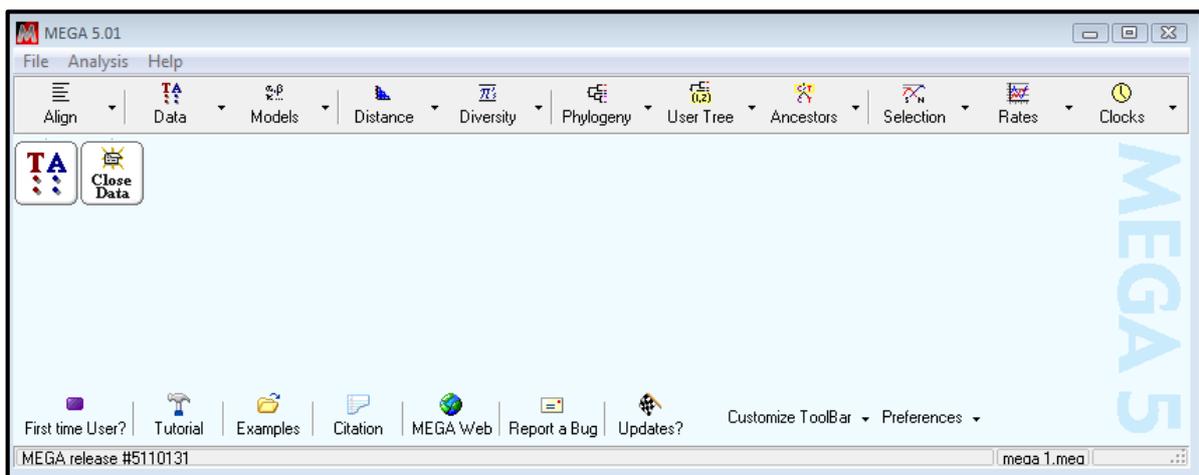


Figure 24 : La page principale de logiciel MEGA version 5.

L'interface utilisateur centrale de MEGA5 a devient désormais axé sur l'activité là où une barre de lancement fournit accès direct à la suite croissante d'outils selon le type d'analyse nécessaire via la « barre d'action » (Tamura, 2011)(Figure 25).

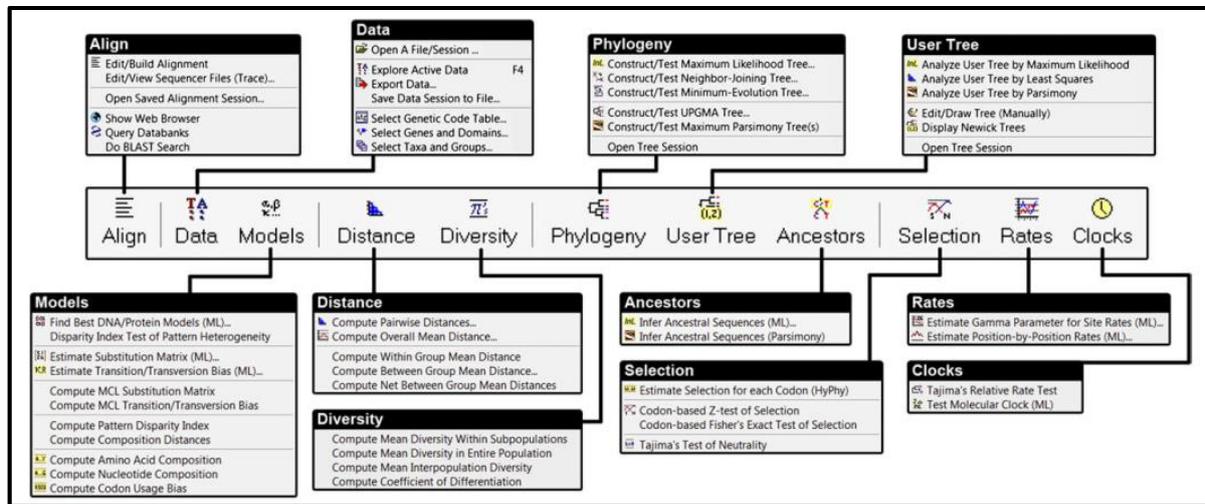


Figure 25 : La «Barre d'action» du MEGA5 et les menus d'action associés (Tamura, 2011).

Les séquences nucléotidique des espèces *Miniopterus* ont été ajoutées une par une sous format FASTA à partir de la GenBank. Après l'intégration de ces séquences dans le logiciel MEGA5, un alignement multiple a été réalisé en utilisant le programme ClustalW (Figure24), nous avons choisi ce type d'alignement parce qu'il est très utile et permet d'étudier les différences et les similitudes entre les séquences d'un même marqueur moléculaire.

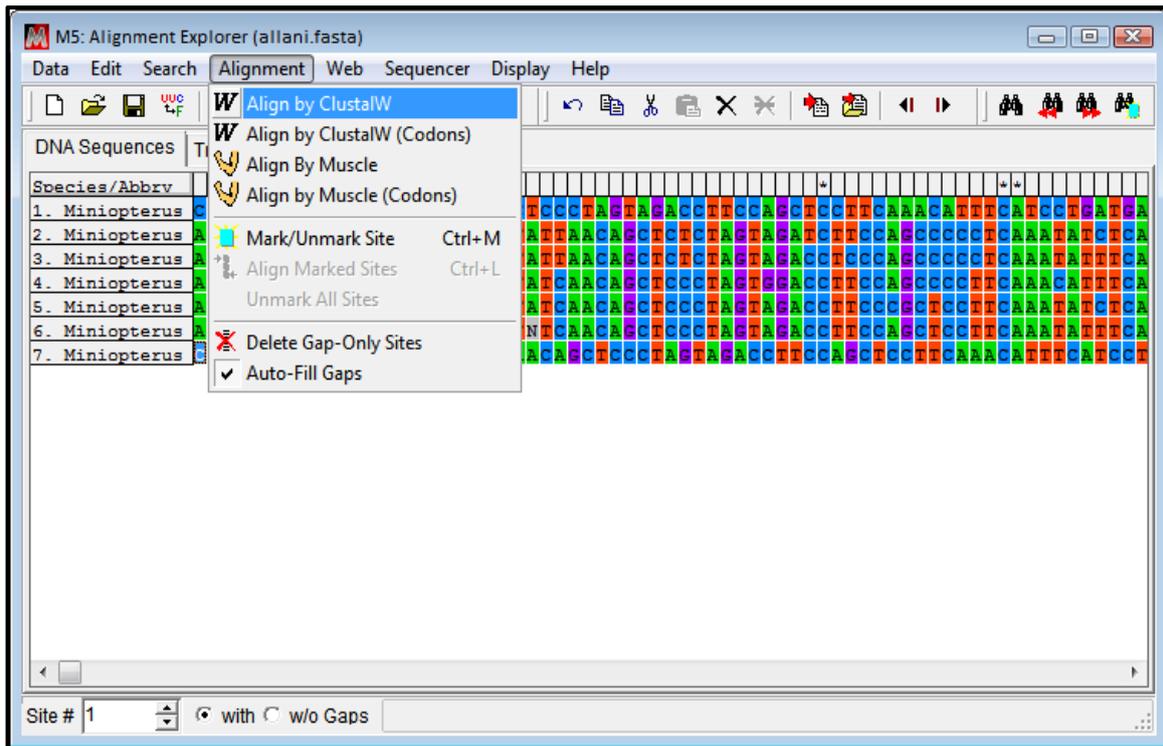


Figure 26 : Exemple des séquences ajoutées dans le logiciel MEGA et leur alignement multiple des séquences du genre *Miniopterus en* utilisant le programme ClustalW.

Une fois les séquences alignées sont ensuite comparées et servent à la construction d'arbres phylogénétiques par algorithme UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean). Cette méthode simple permet la transformation d'une matrice de distances (entre différents organismes, populations, ou séquences de nucléotides) en un arbre enraciné (Figure 27).

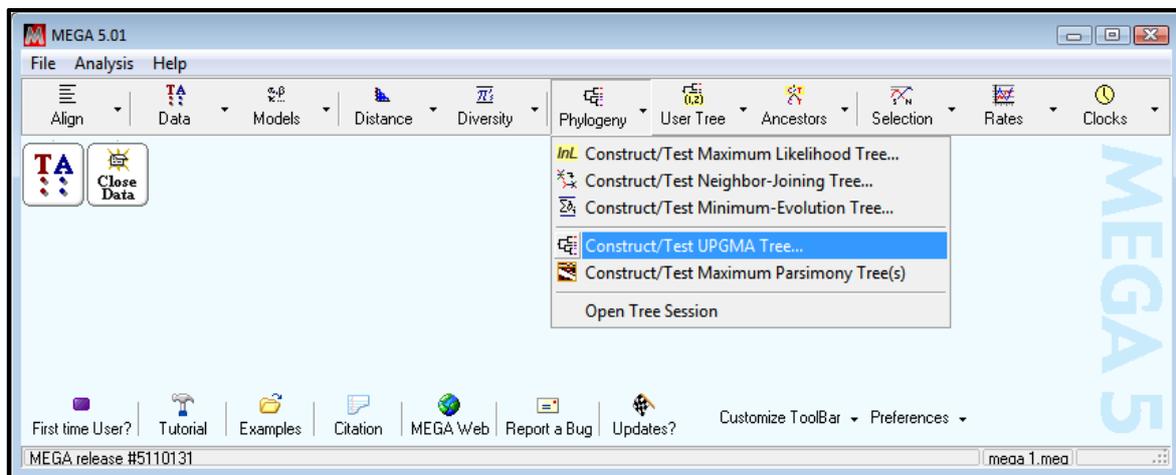


Figure 27 : La construction de l'arbre phylogénétique en utilisant la méthode UPGMA.

En utilisant le modèle de « Kimura 2-paramètres » modèle à deux paramètres de Kimura (1980) corrige les occurrences multiples, en tenant compte des taux de substitution transitionnelle et transversionnelle, tout en supposant que les quatre fréquences nucléotidiques sont les mêmes et que les taux de substitution ne varient pas entre les sites (voir la distance gamma associée). Et en utilisant aussi le programme "Bootstrap" qui a été appliqué avec un nombre de répétitions égal à 1000 (Figure27).

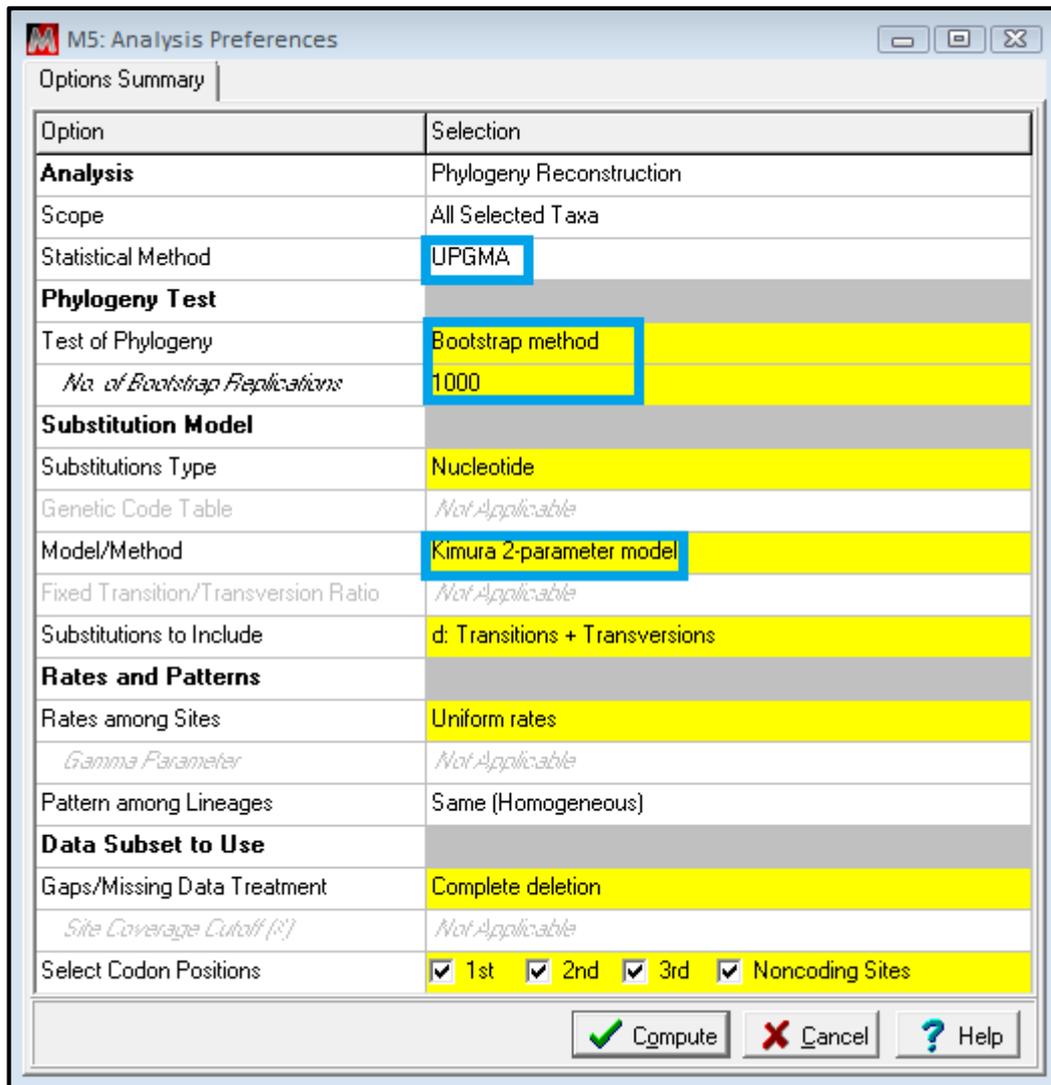


Figure 28 : Les paramètres utilisés pour la reconstruction phylogénétique.

Pour passer à l'étape suivante faut établir un Alignement trimmer. Appuyez sur " show exemple" pour l'essayer sans soumettre votre propre séquence (Figure 29). Cet alignement supprime simplement les zones limites pleines des gaps(en format Fasta), le résultat d'alignement obtenu est utilisé dans le logiciel DnaSP (Figure 30).

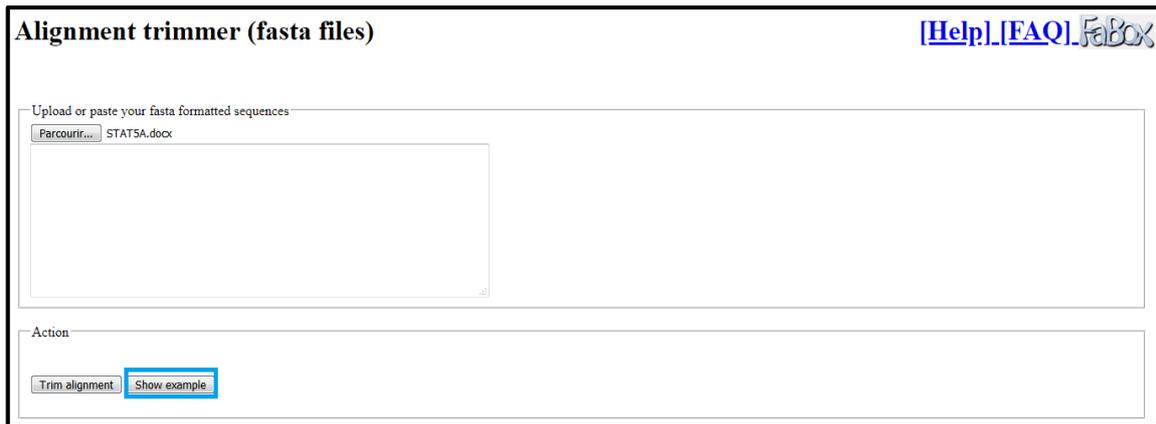


Figure 29 : Alignement trimmer (la forme FASTA).

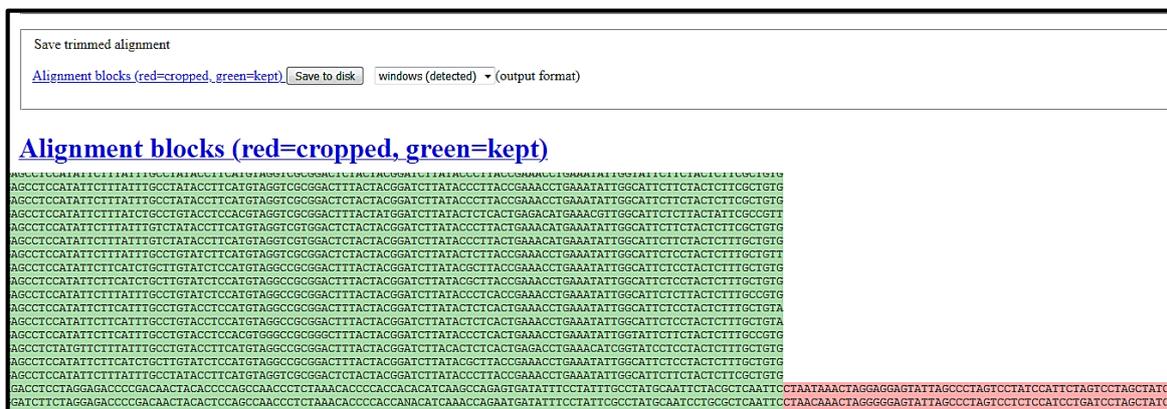


Figure 30 : Résultat d'alignement des séquences Cytb du genre *Miniopterus* en utilisant le logiciel FABOX.

- La zone rouge indiquant les gaps, leurs présences expliquées par 2 possibilités : soit la délétion des bases azotées de séquences qui contiennent les gaps, ou bien l'insertion des bases dans les séquences qui ne contiennent pas de gaps.
- La zone verte conservée indique les régions de similarité entre les séquences.

II.2.1.3. DnaSP

La version 6 du logiciel DNA Séquence Polymorphism (DnaSP), une nouvelle version de l'outil populaire pour effectuer des analyses génétiques de population exhaustives sur des alignements de séquences multiples (Figure 31) (Rozas *et al.*, 2017). DnaSP peut estimer plusieurs mesures de variation de séquences d'ADN au sein et entre des populations dans des sites non codants, synonymes ou non, ou dans diverses sortes de positions de codon, ainsi que des paramètres de déséquilibre de liaison, de recombinaison, de flux de gènes et de conversion de gènes. De plus, DnaSP peut effectuer un certain nombre de tests de neutralités.

Les résultats des analyses sont affichés sous forme de tableaux et de graphiques (Rozas *et al.*, 2020).

DnaSP accepte cinq formats de fichiers de données d'entrée : FASTA, MEGA, NBRF/PIR, NEXUS et PHYLIP. Les fichiers de données doivent stocker un alignement de séquences d'ADN multiples avec polymorphisme données (variation intraspécifique), variation interspécifique des nucléotides (variation entre les espèces), ou toute combinaison des deux. Étant donné que tous les formats sont au format ASCII (texte), les fichiers peuvent donc être visualisés et modifiés dans n'importe quel éditeur de texte brut. Le logiciel permet d'exporter et de convertir des fichiers de données dans la format Network (Librado *et al.*, 2009).

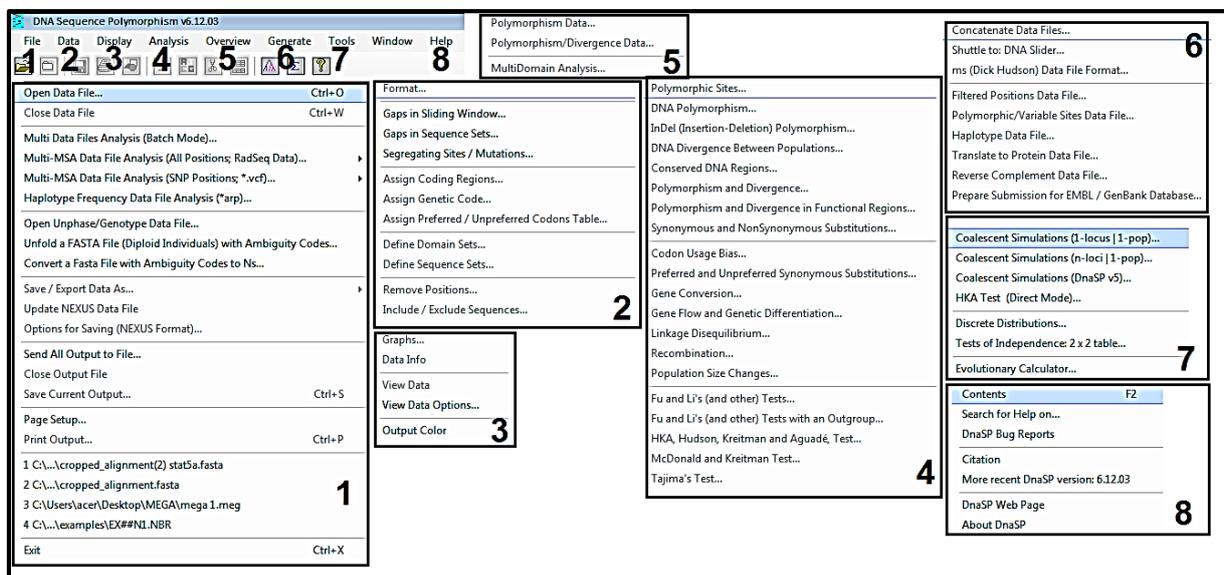


Figure31 : Barre d'outils de DnaSP.

Pour avoir les haplotypes de ces séquences, nous avons utilisé les paramètres présentés dans la figure 32. Les résultats peuvent être enregistrés sur des fichiers NEXUS ou de données de Roehl.

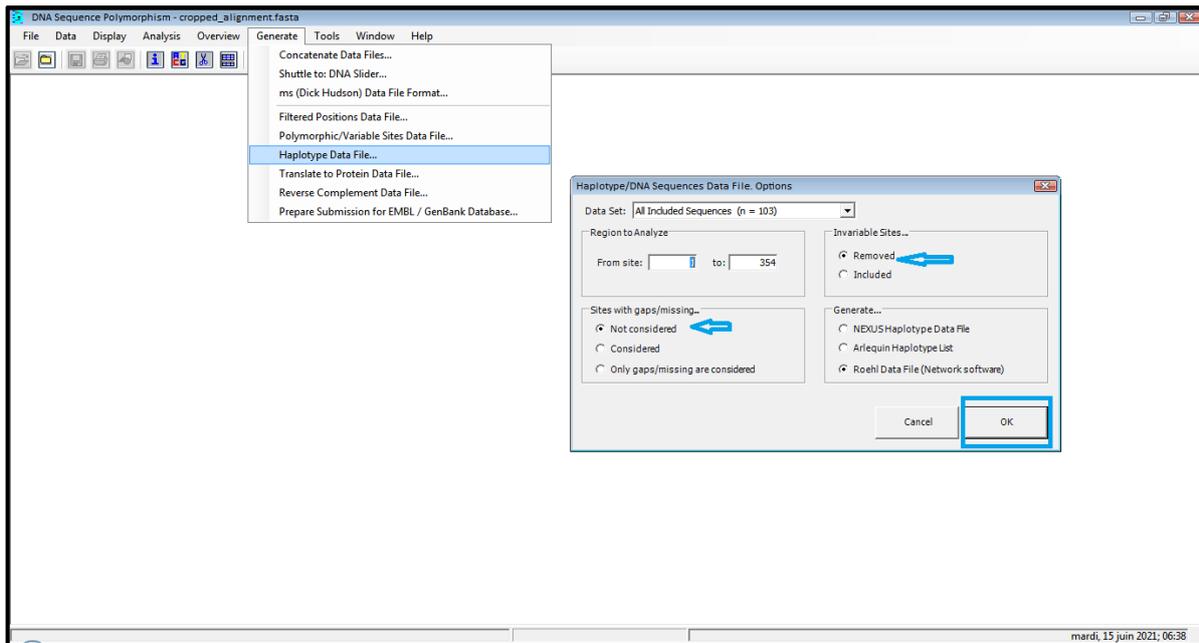


Figure 32 : Interface utilisateur de DnaSP.

II.2.1.4. DAMBE

DAMBE est un logiciel complet pour l'analyse de données génomiques et phylogénétiques sur des ordinateurs Windows, Linux et Macintosh (Figure33, Figure 34).

DAMBE est destiné à l'analyse de séquences descriptives et comparatives avec une interface graphique, conviviale et intuitive (Figure 35) (Xia, 2018).

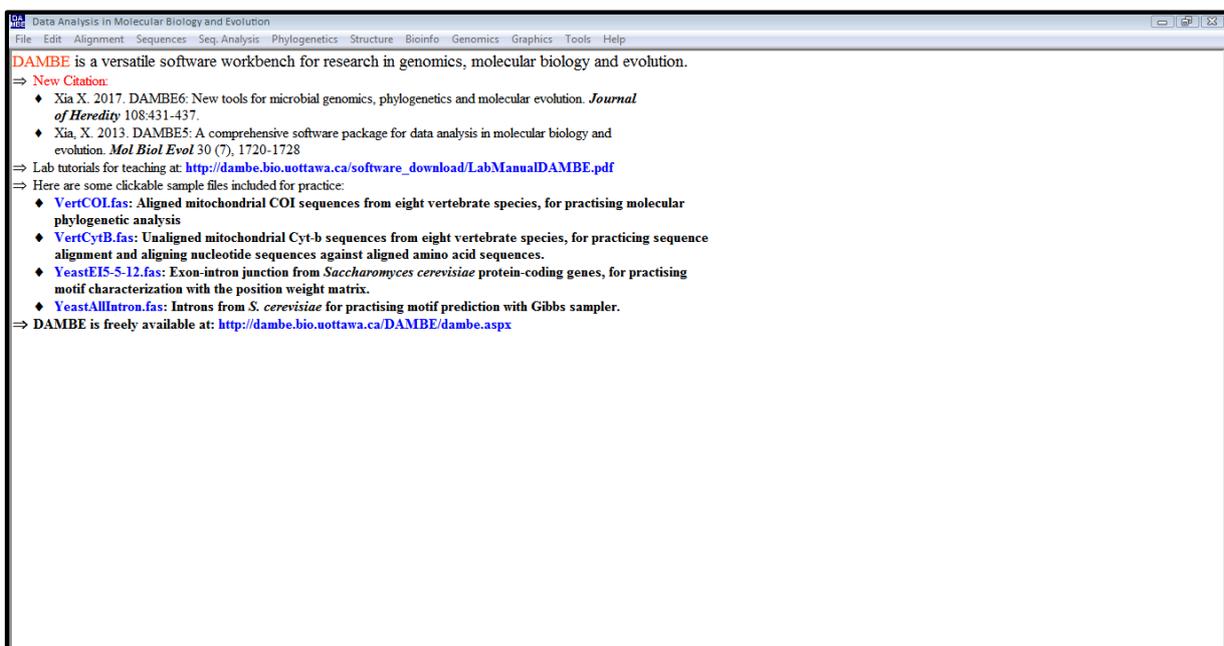


Figure33 : La page principal de logiciel DAMPE

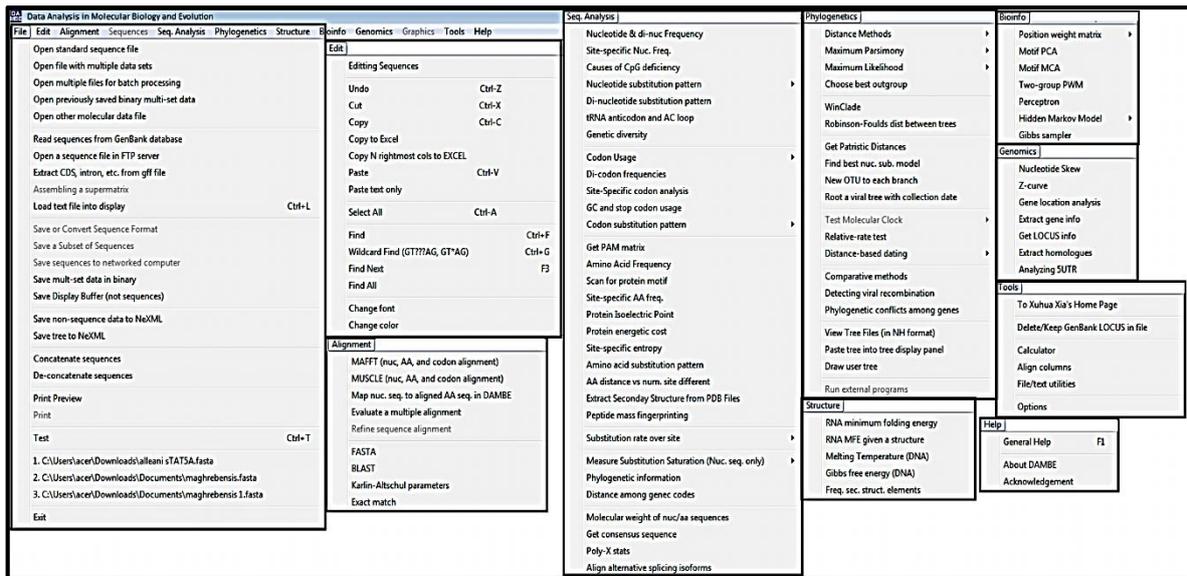


Figure34 : Barre d’outils de DAMBE.

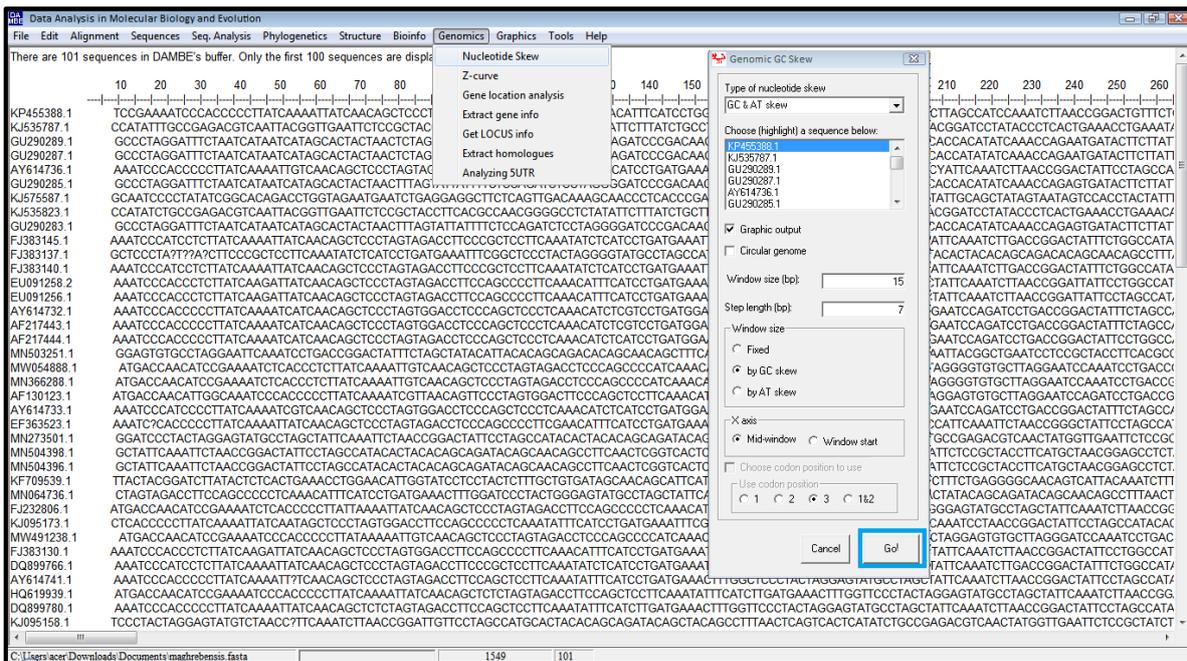


Figure35 : Barre d’outils qui fait les graphes de C/G et A/T.

II.2.1.5. Network

Logiciel Network (Figure36) est utilisé pour reconstruire des réseaux et des arbres phylogénétiques, déduire des types ancestraux et types potentiels, les ramifications et variantes évolutives par median-joining ou MJ network algorithm.

Un concept fondamental des algorithmes de construction de réseaux est la « distance » génétique entre deux séquences dans un ensemble de données. Ceci est calculé par le nombre de caractères différents entre ces séquences (guide de logiciel).



Figure36 : Menu principal de logiciel Network 10

Sélectionner le fichier rdf créé manuellement dans l'éditeur de données network ou exporté depuis le logiciel DNA alignement (MEGA) en format Fasta ou programme DnaSp (Figure37). Après avoir ouvert le fichier, les paramètres de calcul peuvent être visualisés et modifiés (Menu paramètres). Après avoir modifié les paramètres, le calcul peut être démarré (Calculer le réseau) et le fichier de résultat est enregistré (*.out) (Figure38).

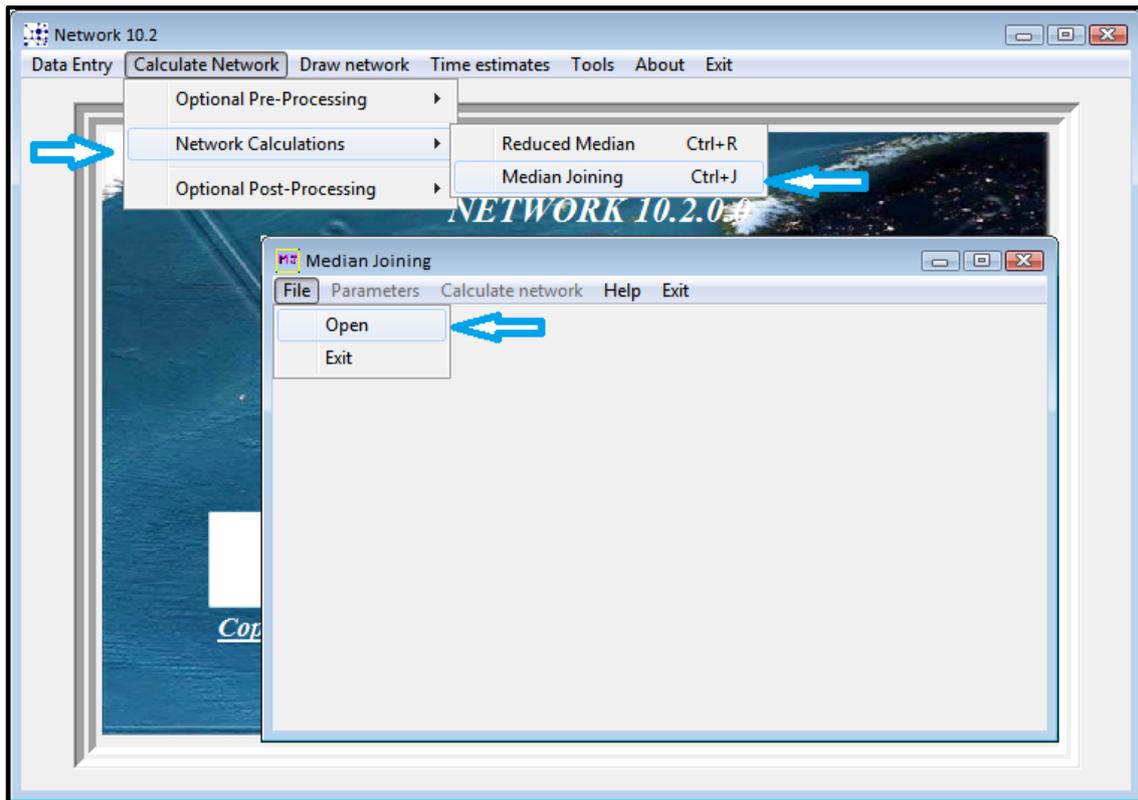


Figure37 : Ouverture du fichier de données rdf pour le calcul du réseau MJ.

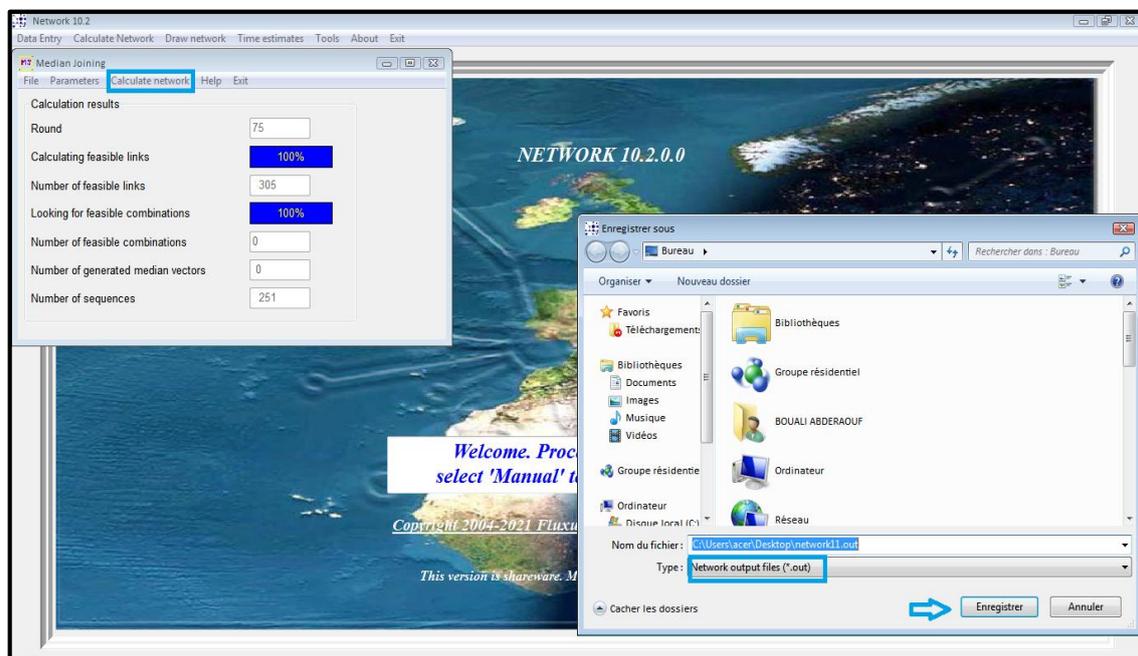


Figure38 : L'ouverture du fichier *.out pour l'affichage visuel et l'analyse.

Le fichier * out peut être ouvert, visualisé et analysé dans l'option Draw Network (Figure39).

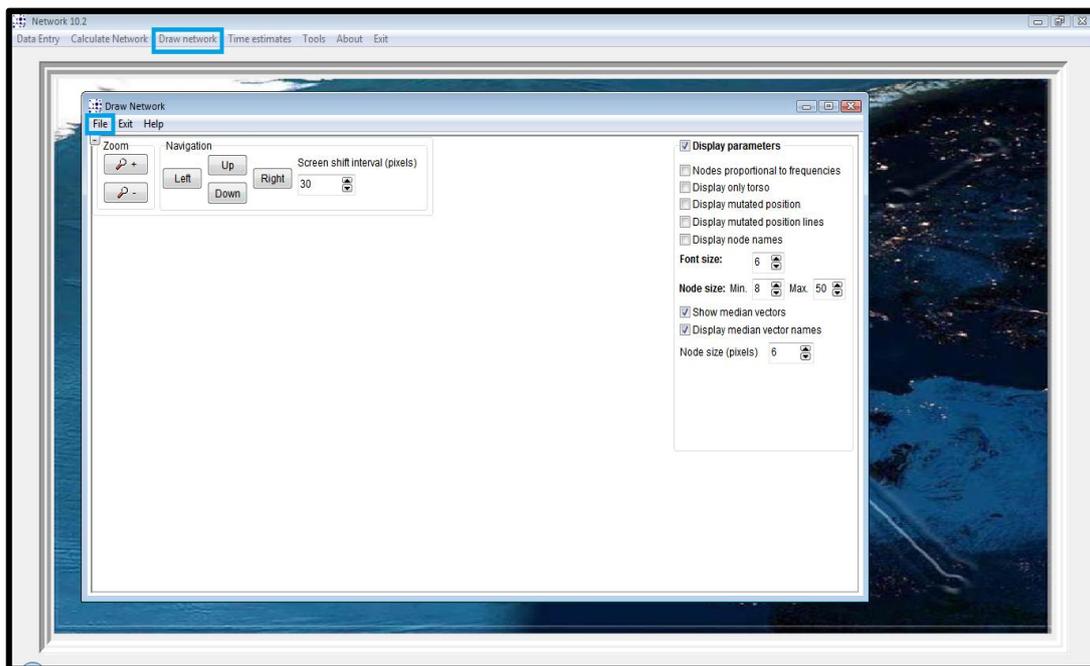


Figure 39 : Reconstruction de réseau haplotypique.

Résultats et Discussion

Cette partie consiste en la comparaison entre les espèces des Minioptères sur le plan moléculaire à partir des données de la GenBank, afin de déterminer la position de ces espèces dans l’arbre phylogénétique, et leurs évolutions par des analyses statistiques des gènes étudiés.

III. Résultats et discussion :

III.1. Résultats de la GenBank

Les séquences d’ADN des différentes espèces extraites de la GenBank selon la taille et la région géographique de la localisation de l’espèce étudiée sont mentionnées dans le tableau en annexe et résumé dans le tableau II ci-dessous.

Après l’analyse des données de la GenBank nous avons pu récupérer 144 séquences de deux gènes différents Cytochrome b et STAT5A de genre *Miniopterus* à partir de 27 espèces parmi 34 et 9 sous-espèces parmi 11 présentées. Il y a plusieurs séquences identiques à 100% pour cela nous ne prendrons en considération qu’une seule séquence représentative.

Tableau II : Séquences d’ADN nucléaires et mitochondriales de genre *Miniopterus* extraites de la GenBank.

Espèce	Nombre total des séquences	Séquences d’ADN nucléaire	Séquences d’ADN mitochondrial	Nombre total de Cytb	Nombre total de STAT5A
<i>Miniopterus aelleni</i>	33	15	18	11	3
<i>Miniopterus cf. aelleni A</i>	6	-	6	6	-
<i>Miniopterus cf. aelleni B</i>	14	-	14	14	-
<i>Miniopterus africanus</i>	16	1	15	2	-
<i>Miniopterus ambohitrensis</i>	6	5	1	1	1
<i>Miniopterus australis</i>	21	8	13	2	1
<i>Miniopterus fraterculus</i>	106	23	83	50	1
<i>Miniopterus fuliginosus</i>	15900	75	15825	1	-
<i>Miniopterus gleni</i>	45	11	34	35	2
<i>Miniopterus griffithsi</i>	16	10	6	6	2

<i>Miniopteru sgriveaudi griveaudi</i>	10	-	10	10	-
<i>Miniopterus inflatus rufus</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus macroceneme</i>	5	4	1	1	1
<i>Miniopterus maghrebensis</i>	14	-	14	14	-
<i>Miniopterus magnater</i>	67	3	64	7	-
<i>Miniopterus mahafaliensis</i>	28	10	18	18	2
<i>Miniopterus majori</i>	55	10	45	44	2
<i>Miniopterus manavi</i>	33	21	12	11	2
<i>Miniopterus medius</i>	4	-	4	1	-
<i>Miniopterus minor</i>	57	1	56	7	-
<i>Miniopterus mossambicus</i>	36	20	16	16	4
<i>Miniopterus newtonii</i>	4	-	4	4	-
<i>Miniopterus schreibersii bassanii</i>	11	-	11	1	-
<i>Miniopterus schreibersii oceanensis</i>	25	-	25	2	-
<i>Miniopterus paululus</i>	18	15	3	3	3
<i>Miniopteru sschreibersii blepotis</i>	2	-	2	1	-
<i>Miniopterus petersoni</i>	21	11	10	10	2
<i>Miniopteru sschreibersii oriana</i>	3	-	3	2	-
<i>Miniopterus schreibersii pallidus</i>	126	-	126	66	-
<i>Miniopterus schreibersii schreibersii</i>	69	-	69	59	-

<i>Miniopterus schreibersii villiersi</i>	3	-	3	3	-
<i>Miniopterus sororculus</i>	24	11	13	13	2
<i>Miniopterus griveaudi</i>	157	10	147	2	2
<i>Miniopterus inflatus</i>	32	10	22	1	1
<i>Miniopterus natalensis</i>	33529	33416	113	24	-
<i>Miniopterus schreibersii</i>	928	212	716	7	1
<i>Miniopterus sp. B165</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. B76</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. B96</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. BBRA-2009c</i>	33	10	23	23	2
<i>Miniopterus sp. BRA-2011</i>	25	10	15	15	2
<i>Miniopterus sp. clade 1 TD-20</i>	68	25	43	43	4
<i>Miniopterus sp. clade 10 TD-2020</i>	33	23	10	20	5
<i>Miniopterus sp. clade 2 TD-2020</i>	40	15	25	25	3
<i>Miniopterus sp. clade 3 TD-2020</i>	6	5	1	1	1
<i>Miniopterus sp. clade 4 TD-2020</i>	46	20	26	26	4
<i>Miniopterus sp. clade 5 TD-2020</i>	25	14	11	11	3
<i>Miniopterus sp. clade 6 TD-2020</i>	6	5	1	1	1

<i>Miniopterus sp. clade 7</i> <i>TD-2020</i>	37	15	22	22	2
<i>Miniopterus sp. clade 8</i> <i>TD-2020</i>	29	15	14	14	3
<i>Miniopterus sp. clade 9</i> <i>TD-2020</i>	20	15	5	5	3
<i>Miniopterus sp. Comoros</i> <i>clade 2</i>	9	-	9	3	-
<i>Miniopterus sp. FMNH</i> <i>167450</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. FMNH</i> <i>172602</i>	1	-	1	1	1
<i>Miniopterus sp. n. TM-</i> <i>2020</i>	5	-	5	5	-
<i>Miniopterus sp. P3</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. P4</i>	5	-	5	5	-
<i>Miniopterus sp. P5</i>	3	-	3	3	-
<i>Miniopterus sp. P6</i>	8	-	8	8	-
<i>Miniopterus sp. P7</i>	1	-	8	8	-
<i>Miniopterus sp. SMG-</i> <i>2014a</i>	1	-	1	1	-
<i>Miniopterus sp. Sororculus</i>	5	-	5	5	-
<i>Miniopterus sp. X3</i>	1	-	1	1	-
Total	51882	34075	17770	673	62

D'après le tableau ci-dessus, nous remarquons qu'il y a :

✚ 34075 séquences d'ADN génomique : STAT5A, ROGDI, COPS7A ...etc.

✚ 17770 séquences d'ADN mitochondriale : cyt b, D-Loop, ND2 ...etc.

Afin d'établir des liens de parenté entre les espèces de genre *Miniopterus*, notre étude est basée sur deux gènes ;

1. Gène de l'ADN mitochondrial : Le gène cytochrome b (cyt-b) est un gène mitochondrial impliqué dans le transport des électrons dans la chaîne mitochondriale, largement utilisé dans les études systématiques pour résoudre les divergences à de nombreux niveaux taxonomiques (Izeni et al., 2001) (Figure 40).

2. Gène de l'ADN génomique : Transducteur de signal et activateur de la transcription 5 A (STAT5A) est un facteur de transcription qui remplit des fonctions importantes dans bon nombre de ces processus. STAT5A est largement exprimé dans tout le système hématopoïétique (Fatrai et al., 2011) (Figure 41).

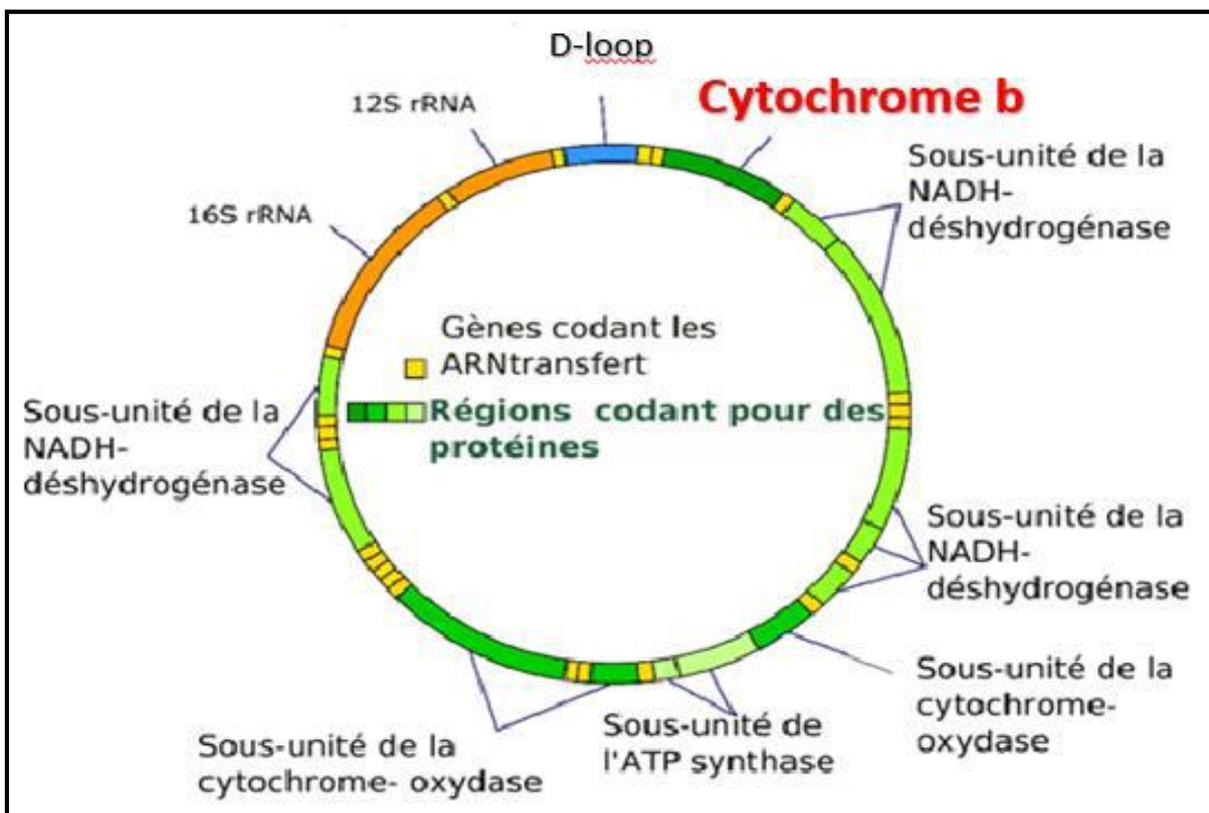


Figure 40 : Schéma montrant l'organisation de l'ADN mitochondrial et la position de Cytb.

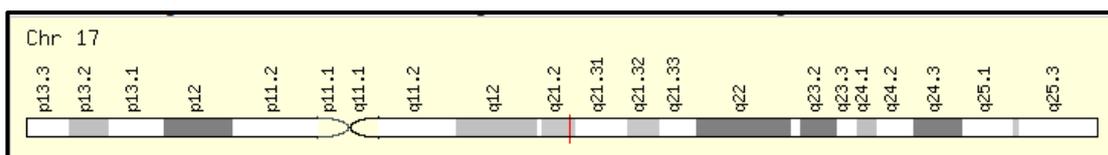


Figure 41 : La position du gène STAT5A sur le chromosome 17(17q21.2) ; localisation cytogénétique sur le bras long (q) du chromosome 17 à la position 21.2

III.2. Analyses phylogénétiques

III.2.1. Construction des arbres phylogénétiques

La construction de l'arbre phylogénétique a été réalisée à l'aide du programme MEGA5. Premièrement, nous avons choisi les séquences représentatives de Cytb et STAT5A en se basant sur l'origine géographique et la taille en effet, nous avons remarqué qu'il existe une certaine variabilité de taille entre les séquences du gène Cytb qui empêche d'avoir un bon alignement pour cela nous étions obligés de traiter les petites séquences (entre 222pb et 833pb) et savoir leurs positions par rapport aux grandes séquences (entre 1010pb et 1140pb), nous avons pu avoir deux groupes de séquences A et B.

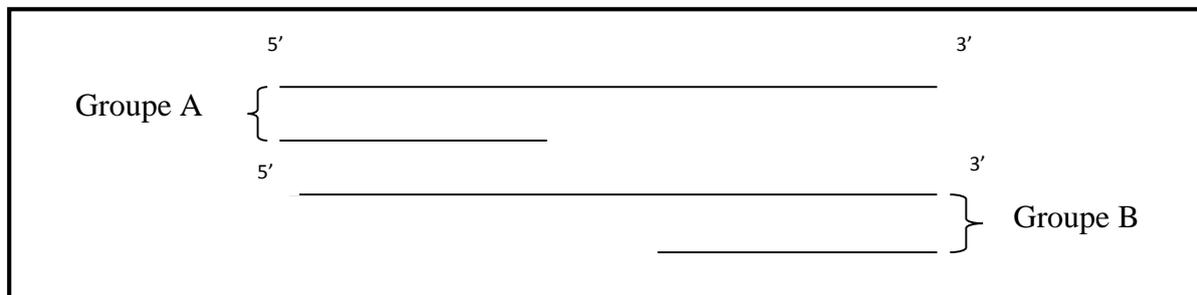


Figure 42 : Schéma expliquant les positions des petites séquences par rapport aux grandes séquences dans l'alignement.

III.2.1.1 Arbre phylogénétique de Cytb du groupe A

Groupe A : Comprend toutes les grandes séquences avec les séquences qui ont pris la position 5' dans l'alignement et qui sont :

***Miniopterus aelleni* :** Au total il y a 6 séquences, nous avons pris deux séquences de Madagascar (1116pb) et (1121pb).

***Miniopterus cf. aelleni B* :** Cette espèce représente 14 séquences de taille (1014pb), nous avons pris une séquence de Madagascar.

***Miniopterus cf. aelleni A* :** Au total il y a 6 séquences, nous avons pris une séquence de taille (1014pb) de Madagascar.

***Miniopterus africanus* :** Nous avons pris les deux séquences existantes (1049pb) de Kenya et (525pb) de Comores.

***Miniopterus ambohitrensis* :** Nous avons choisi une parmi deux séquences de taille (1014 pb) de Madagascar.

***Miniopterus australis* :** Nous avons choisi une séquence (525pb) de Vanuatu.

Miniopterus fraterculus : Au total il existe 50 séquences, nous avons pris quatre séquences (1131pb), (1140pb), (414pb) et (525pb) de l'Afrique du sud et (414pb) de Swaziland.

Miniopterus fuliginosus : Cette espèce présente une seule séquence de taille (1140pb) du Japon.

Miniopterus gleni : Au total il existe 35 séquences, nous avons choisi trois séquences (1010pb), (1124pb) et (417pb) de Madagascar.

Miniopterus griffithsi : Nous avons pris les séquences de (1014pb), (1115pb) et (397pb) de Madagascar.

Miniopterus griveaudi : Nous avons pris une séquence (1140pb) de Comores.

Miniopterus griveaudi griveaudi : Nous avons pris deux séquences (1094pb) et (1125pb) de Comores et (1125pb) de Madagascar.

Miniopterus inflatus : Nous avons choisi deux séquences l'une de Kenya (1049pb) et l'autre (390pb) du Gabon.

Miniopterus inflatus rufus : Une seule séquence de Kenya (1049pb).

Miniopterus schreibersii : Nous avons choisi trois séquences de Philippines, Japon et la Chine de taille (1140pb), une séquence de l'Espagne (755pb), une séquence de Papouasie. Nouvelle Guinée (354pb), une séquence de la Turquie (811pb), et une séquence de l'Australie (354pb).

Miniopterus schreibersii pallidus : Nous avons pris deux séquences l'une (525pb) de l'Afrique du sud et l'autre (534pb) de Liban.

Miniopterus schreibersii villiersi : Une seule séquence (390pb) de Liberia.

Miniopterus sororculus : Au total il existe 18 séquences, nous avons pris quatre séquences de Madagascar qui sont : (1014pb), (1125pb), (1131pb) et (414pb).

Miniopterus tristis : Nous avons choisi une séquence (1014pb) de Papouasie Nouvelle Guinée.

Miniopterus macroceneme : Une seule séquence de l'Afrique du sud (525pb).

Miniopterus maghrebensis : Nous avons choisi deux séquences l'une de Libye (1130pb) et l'autre (534pb) du Maroc.

Miniopterus magnater : Nous avons pris trois séquences : (1140pb) d'Inde, (1140pb) de la Chine, et (404pb) de Malaisie.

Miniopterus mahafaliensis : Nous avons pris deux séquences (1125pb) et (475pb) de Madagascar.

Miniopterus majori : Nous avons pris deux séquences (1140pb) et (414pb) de Madagascar.

Miniopterus manavi : Nous avons pris deux séquences (1125pb) et (222pb) de Madagascar.

Miniopterus medius : Une seule séquence de Malaisie (1140pb).

Miniopterus minor : Nous avons choisi deux séquences l'une de Kenya (1049pb) et l'autre (1140pb) de Tanzanie.

Miniopterus mossambicus : Nous avons pris trois séquences : (1027pb) de Mozambique, (1014pb) de la Tanzanie, et (1014pb) de Kenya.

Miniopterus natalensis : Nous avons choisi deux séquences de l'Afrique du Sud de taille (1140pb) et (525pb).

Miniopterus newtonii : Une seule séquence de Madagascar (525pb) parmi quatre séquences.

Miniopterus schreibersii bassanii : Une seule séquence de l'Afrique du sud (525pb).

Miniopterus schreibersii oceanensis : Une seule séquence de l'Australie (402pb) parmi deux séquences.

Miniopterus paululus : Une seule séquence de Philippines (1029pb) parmi trois séquences.

Miniopterus petersoni : Il existe 10 séquences, nous avons choisi deux séquences (1125pb) et (397pb) de Madagascar.

Miniopterus schreibersii blepotis : Une seule séquence de la Nouvelle Guinée (354pb).

Miniopterus pusillus : Nous avons choisi deux séquences l'une de l'Inde (1140pb) et l'autre (1140pb) de la Chine.

Miniopterus schreibersii oriana : Nous avons choisi deux séquences l'une de l'Afrique du Sud (525pb) et l'autre (354pb) de l'Australie.

Miniopterus sp. BBRA-2009c : Au total il existe 32 séquences, nous avons pris une seule séquence (1132pb) de Madagascar.

Miniopterus sp. BRA-2011 : Une seule séquence de Madagascar (1140pb) parmi 15 séquences.

Miniopterus sp. clade 1 TD-2020 : Nous avons pris une séquence de Kenya (1065pb), une séquence de l'Ouganda (1014pb), une séquence de la Tanzanie (1014pb), une séquence de Mozambique (1014pb) et une séquence de Burundi (1014pb).

Miniopterus sp. clade 10 TD-2020 : Nous avons pris une séquence de Kenya (1014pb) parmi dix séquences.

Miniopterus sp. clade 2 TD-2020 : Nous avons pris une séquence de Kenya et une séquence de Tanzanie de (1014pb).

Miniopterus sp. clade 3 TD-2020 : Une seule séquence de l'Ouganda (1014pb).

Miniopterus sp. clade 4 TD-2020 : Nous avons pris une séquences de Tanzanie (1014pb), une séquence de Kenya (1014pb) et une séquence de Mozambique (1014pb).

Miniopterus sp. clade 5 TD-2020 : Nous avons pris une séquence de Kenya (1014pb) parmi 11 séquences.

Miniopterus sp. clade 6 TD-2020 : Une seule séquence de Malawi (1014pb).

Miniopterus sp. clade 7 TD-2020 : Parmi 22 séquences existantes, nous avons choisi une séquence de l'Ouganda (1014pb) et une séquence de Kenya (1014pb).

Miniopterus sp. clade 8 TD-2020 : Parmi 14 séquences, nous avons pris une séquences de Kenya (1014pb).

Miniopterus sp. clade 9 TD-2020 : Une seule séquence de Congo (1014pb) parmi 5 séquences.

Miniopterus sp. Comoros clade 2 : Une seule séquence de Comores (1014pb) parmi 3 séquences.

Miniopterus sp. FMNH 167450 : Une seule séquence de Madagascar (1125pb).

Miniopterus sp. FMNH 172602 : Une seule séquence de Madagascar (1125pb).

Miniopterus sp. n. TM-2020 : Une seule séquence de Liberia (390pb) parmi 5 séquences.

Miniopterus sp. P3 : Une seule séquence de Madagascar (1114pb).

Miniopterus sp. P4 : Une seule séquence de Madagascar (1114pb) parmi 5 séquences.

Miniopterus sp. P5 : Une seule séquence de Madagascar (1114pb) parmi 3 séquences.

Miniopterus sp. P6 : Une seule séquence de Madagascar (1114pb) parmi 8 séquences.

Miniopterus sp. P7 : Une seule séquence de Madagascar (1114pb).

Miniopterus sp. SMG-2014a : Une seule séquence de Madagascar (1121pb).

Les relations entre les séquences de Cytb ont été représentées dans l'arbre suivant (Figure 43) :

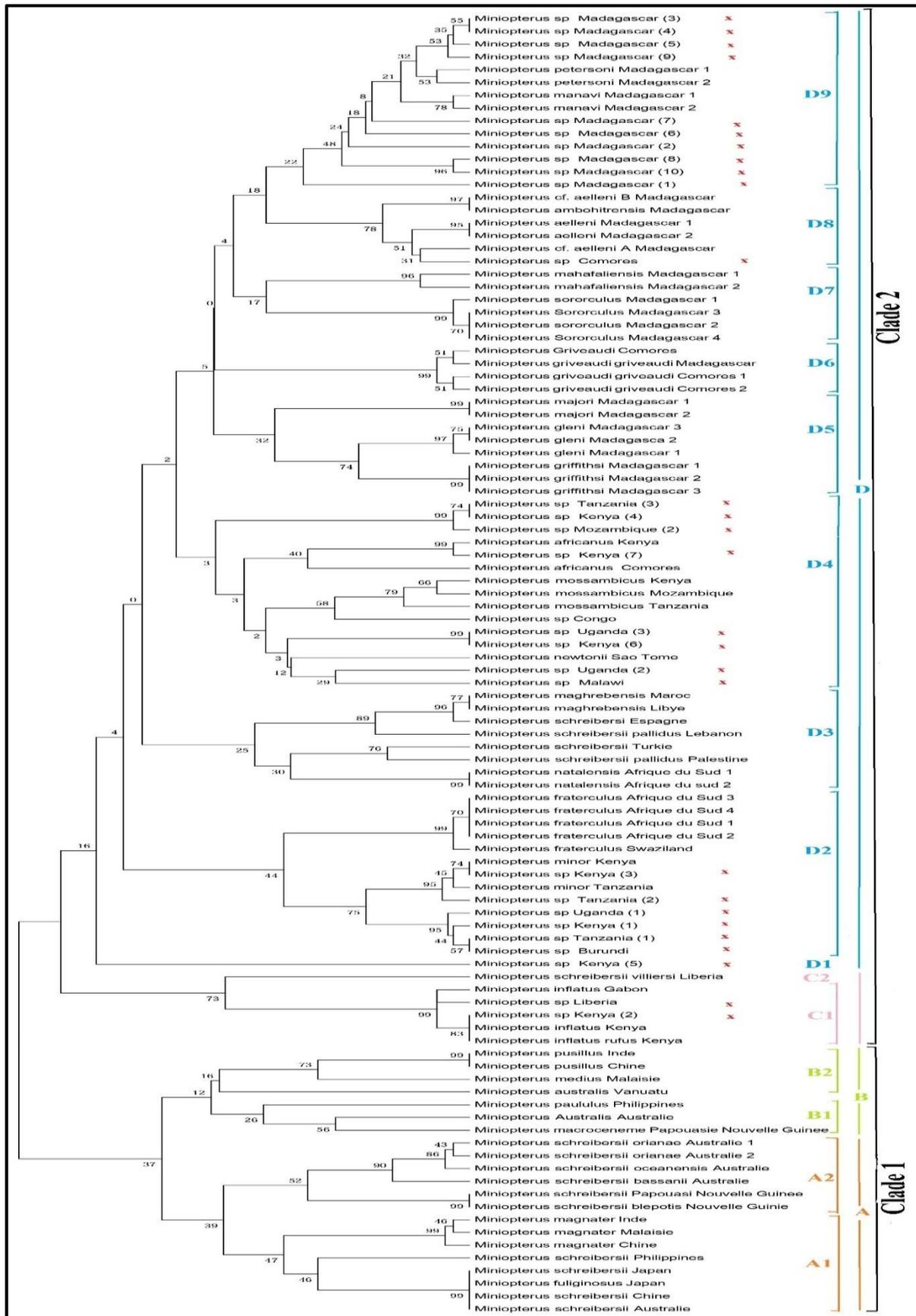


Figure 43 : Arbre phylogénétique reconstruit par méthode UPGMA basée sur 103 séquences de Cytb du groupe A de genre *Miniopterus* en utilisant le logiciel MEGA5.

D'après l'arbre (Figure 43) obtenu du groupe A de genre *Miniopterus*, nous avons remarqué qu'il y a deux clades monophylétiques répartis dans deux zones géographiques différentes :

Clade 1 Australasie-Asie : Est y compris huit taxons d'Australasie et d'Asie : *Miniopterus pusillus*, *Miniopterus medius*, *Miniopterus australis*, *Miniopterus macroceneme*, *Miniopterus paululus*, *Miniopterus schreibersii*, *Miniopterus magnater*, *Miniopterus fuliginosus*.

Ce clade est subdivisé en deux sous-clades :

Sous clade A qui se divise en :

A1 : Il renferme les espèces *Miniopterus schreibersii*, *Miniopterus magnater*, *Miniopterus fuliginosus*.

A2 : Il renferme les sous-espèces *Miniopterus schreibersii oriana*, *Miniopterus schreibersii oceanensis*, *Miniopterus schreibersii bassanii*, et *Miniopterus schreibersii blepotis*.

Sous clade B qui se divise en :

B1 : Il renferme les espèces *Miniopterus australis* et *Miniopterus macroceneme*.

B2 : Représenté par les espèces *Miniopterus pusillus*, *Miniopterus medius*, *Miniopterus australis* et *Miniopterus paululus*.

Clade 2 Africain-Européen : Il regroupe 22 différentes espèces et qui sont : *Miniopterus petersoni*, *Miniopterus manavi*, *Miniopterus aelleni*, *Miniopterus cf. aelleni A*, *Miniopterus cf. aelleni B*, *Miniopterus ambohitrensis*, *Miniopterus mahafaliensis*, *Miniopterus sororculus*, *Miniopterus griveaudi*, *Miniopterus majori*, *Miniopterus gleni*, *Miniopterus griffithsi*, *Miniopterus africanus*, *Miniopterus mossambicus*, *Miniopterus newtonii*, *Miniopterus natalensis*, *Miniopterus schreibersii*, *Miniopterus macroceneme*, *Miniopterus maghrebensis*, *Miniopterus fraterculus*, *Miniopterus minor*, *Miniopterus inflatus*.

Ce clade est subdivisé en sous-clades :

Sous clade C qui se divise en :

C1 : Il renferme l'espèce *Miniopterus inflatus* et la sous-espèce *Miniopterus inflatus rufus*.

C1 : Il représente la sous-espèce *Miniopterus schreibersii villersi*.

Sous clade D qui est le plus diversifié, il se divise en :

D1 : Il représente une seule espèce non classée *Miniopterus sp* (Kenya8).

D2 : Il contient deux espèces *Miniopterus fraterculus* et *Miniopterus minor*.

D3 : Il renferme les espèces *Miniopterus maghrebensis*, *Miniopterus schreibersii*, *Miniopterus natalensis*, avec la sous-espèce *Miniopterus schreibersii pallidus*.

D4 : Il comprend trois espèces *Miniopterus africanus*, *Miniopterus mossambicus* et l'espèce *Miniopterus newtonii*.

D5 : Il comprend trois espèces *Miniopterus gleni*, *Miniopterus griffithsi* et *Miniopterus majori*.

D6 : Il représente une espèce *Miniopterus griveaudi* et une sous-espèce *Miniopterus griveaudi griveaudi*.

D7 : Comprend l'espèce de *Miniopterus mahafaliensis* et *Miniopterus sororculus*.

D8 : Il renferme les espèces *Miniopterus cf. aelleni B*, *Miniopterus ambohitrensis*, *Miniopterus cf. aelleni A* et *Miniopterus aelleni*.

D9 : Il renferme *Miniopterus petersoni* et *Miniopterus manavi*.

III.2.1.2 Arbre phylogénétique de Cytb du groupe B

Groupe B : Il comprend toutes les séquences de grande taille décrites précédemment (entre 1010pb et 1140pb) avec les séquences qui ont pris la position 3' dans l'alignement et qui sont :

Miniopterus schreibersii pallidus : Nous avons pris la séquence d'Iran (687pb), une séquence d'Azerbaïdjan (456pb) et la séquence de la Turquie (456pb).

Miniopterus schreibersii schreibersii : Deux séquences, ont été prise, l'une de la Turquie (456pb) et l'autre de Géorgie (456pb).

Miniopterus mossambicus : Une seule séquence (833pb) de Zimbabwe.

Miniopterus sp. X3 : Une seule séquence de Madagascar (704pb).

Les relations entre les séquences de Cytb de ce groupe ont été représentées dans l'arbre suivant (Figure 44) :

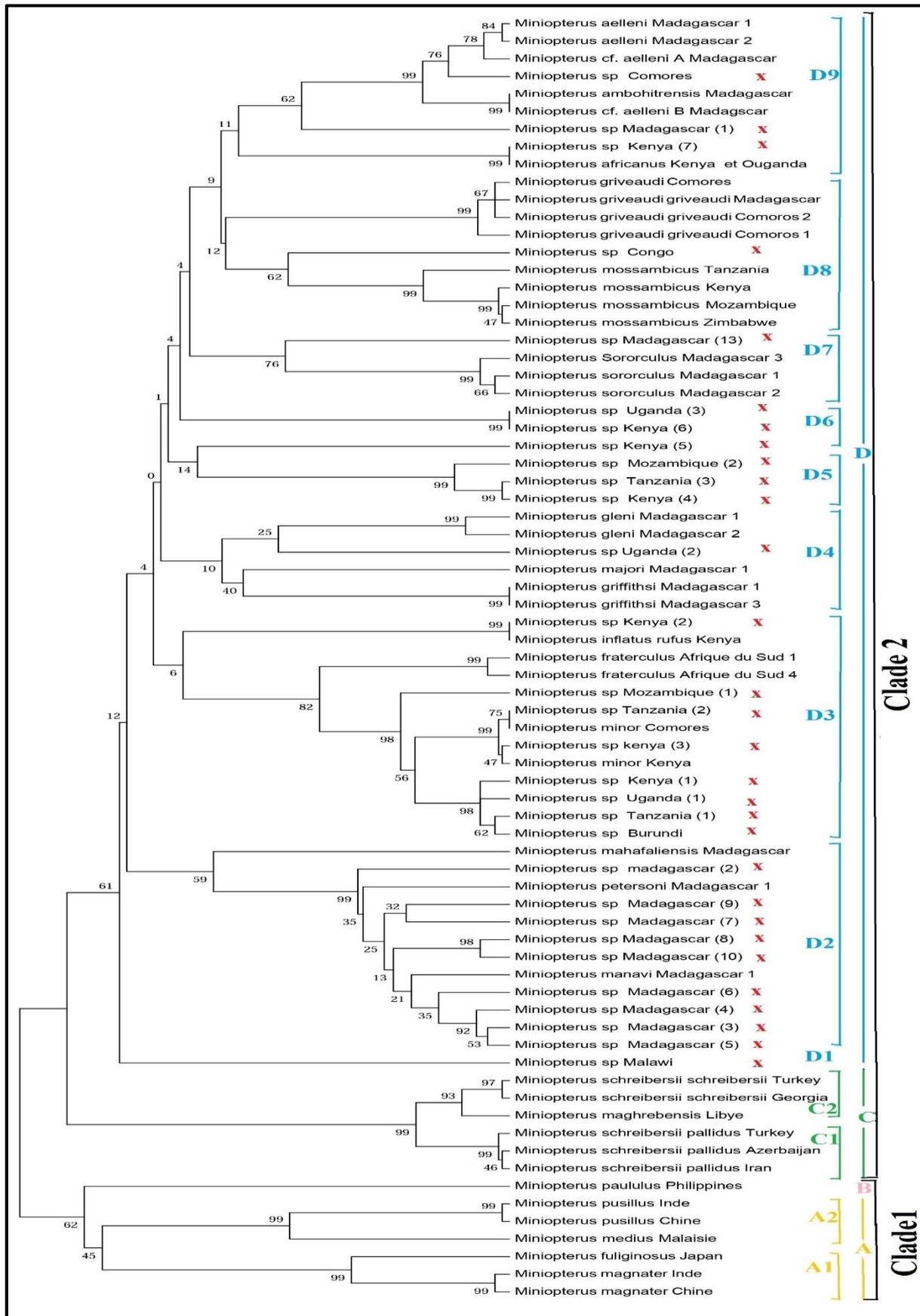


Figure 44 : Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basée sur 77 séquences de cytochrome-b du groupe B de genre *Miniopterus* en utilisant MEGA5.

D'après l'arbre (Figure 43) les séquences de Cytb du groupe B se répartissent en 2 clades principaux :

Clade 1 Australasie-Asie : Il regroupe 5 espèces différentes et qui sont : *Miniopterus paululus*, *Miniopterus medius*, *Miniopterus magnater*, *Miniopterus fuliginosus*, et *Miniopterus pusillus*.

Sous clade A : Il se divise en :

A1 : Il comprend les espèces *Miniopterus magnater* et *Miniopterus fuliginosus*.

A2 : Il renferme les espèces *Miniopterus medius* et *Miniopterus pusillus*.

Sous clade B : Il représente une seule espèce *Miniopterus paululus*.

Clade 2 Africain-Européen : Il regroupe 18 différentes espèces et qui sont : *Miniopterus petersoni*, *Miniopterus manavi*, *Miniopterus aelleni*, *Miniopterus cf. aelleni A*, *Miniopterus cf. aelleni B*, *Miniopterus ambohitrensis*, *Miniopterus mahafaliensis*, *Miniopterus sororculus*, *Miniopterus griveaudi*, *Miniopterus majori*, *Miniopterus gleni*, *Miniopterus griffithsi*, *Miniopterus africanus*, *Miniopterus mossambicus*, *Miniopterus maghrebensis*, *Miniopterus fraterculus*, *Miniopterus minor*, *Miniopterus inflatus*.

Ce clade se divise en :

Sous clade C : Il se divise en :

C1 : Il renferme la sous-espèce *Miniopterus schreibersii palludis*.

C2 : Il comprend l'espèce *Miniopterus maghrebensis* et la sous-espèce *Miniopterus schreibersii schreibersii*.

Sous clade D qui est le plus diversifié, il se divise en :

D1 : Il est représenté par une seule sous-espèce *Miniopterus sp* Malawi.

D2 : Il renferme les espèces *Miniopterus petersoni*, *Miniopterus manavi* et *Miniopterus mahafaliensis*.

D3 : Il est représenté par les espèces *Miniopterus minor*, *Miniopterus fraterculus* et la sous-espèce *Miniopterus inflatus rufus*.

D4 : Il comprend les espèces *Miniopterus gleni*, *Miniopterus griffithsi* et *Miniopterus majori*.

D5 : Il renferme trois espèces non classées *Miniopterus sp* Mozambique (2), *Miniopterus sp* Tanzanie (3), et *Miniopterus sp* Kenya (4).

D6 : Il représente trois espèces non classées *Miniopterus sp* (Uganda³), *Miniopterus sp* Kenya (5) et *Miniopterus sp* Kenya (6).

D7 : Il renferme une espèce *Miniopterus sororculus*.

D8 : Il est représenté par deux espèces *Miniopterus griveaudi* et *Miniopterus mossambicus*, avec la sous-espèce *Miniopterus griveaudi griveaudi*.

B9 : Il renferme les espèces *Miniopterus aelleni*, *Miniopterus cf. aelleni A*, *Miniopterus cf. aelleni B*, *Miniopterus ambohitrensis* et *Miniopterus africanus*.

III.2.1.3 Arbre phylogénétique de STAT5A

38 séquences du STAT5A qui ont été récupérés auprès de la GenBank et qui sont :

Miniopterus aelleni : Une seule séquence parmi trois de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus ambohitrensis : Une seule séquence de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus australis : Une seule séquence de taille (466pb) d'Australie.

Miniopterus gleni : Une seule séquence parmi deux de taille (1010pb) de Madagascar.

Miniopterus griffithsi : Une seule séquence parmi deux de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus griveaudi : Une seule séquence parmi deux de taille (533pb) de Comores.

Miniopterus inflatus : Une seule séquence (454pb) de Kenya.

Miniopterus schreibersii : Une seule séquence (456pb) de Comores.

Miniopterus sororculus : Une parmi deux séquences de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus tristis : Une parmi deux séquences de taille (533pb) de Papouasie Nouvelle Guinée.

Miniopterus mahafaliensis : Une parmi deux séquences de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus majori : Une parmi deux séquences de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus manavi : Une parmi deux séquences de taille (531pb) de Madagascar.

Miniopterus mossambicus : Nous avons pris trois séquences (533pb) de Mozambique, (533pb) de Tanzania, et (533pb) de Kenya.

Miniopterus natalensis : Une parmi trois séquences (523pb) de l'Afrique du sud.

Miniopterus paululus : Une seule séquence de taille (533pb) de Philippines.

Miniopterus petersoni : Une seule séquence parmi deux de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus sp. BBRA-2009c : Une séquence parmi deux de taille (533pb) de Madagascar.

Miniopterus sp. BRA-2011 : Une séquence parmi deux de taille (494pb) de Madagascar.

Miniopterus sp. clade 1 TD-2020 : Une seule séquence parmi deux de taille (533pb) de Kenya. Une seule séquence (533pb) de l'Ouganda, une séquence (533pb) de Mozambique et une séquence (533pb) de Tanzanie.

Miniopterus sp. clade 10 TD-2020 : Il existe cinq séquences, nous avons pris une séquence (533pb) de Kenya.

Miniopterus sp. clade 2 TD-2020 : Il existe deux séquences, l'une (533pb) de Tanzanie, et l'autre (533pb) de Kenya.

Miniopterus sp. clade 3 TD-2020 : Une seule séquence (533pb) de l'Ouganda.

Miniopterus sp. clade 4 TD-2020 : Une seule séquence (533pb) de Tanzanie.

Miniopterus sp. clade 5 TD-2020 : Il existe trois séquences, nous avons pris une séquence (533pb) de Kenya.

Miniopterus sp. clade 6 TD-2020 : Une seule séquence (533pb) de Malawi.

Miniopterus sp. clade 7 TD-2020 : Il existe trois séquences, nous avons pris une séquence (533pb) de Kenya.

Miniopterus sp. clade 8 TD-2020 : Nous avons pris une parmi trois séquences (498pb) de Kenya.

Miniopterus sp. clade 9 TD-2020 : Nous avons pris une parmi trois séquences (533pb) de Congo.

Les relations entre les séquences de STAT5A ont été représentées dans l'arbre suivant (Figure 45) :

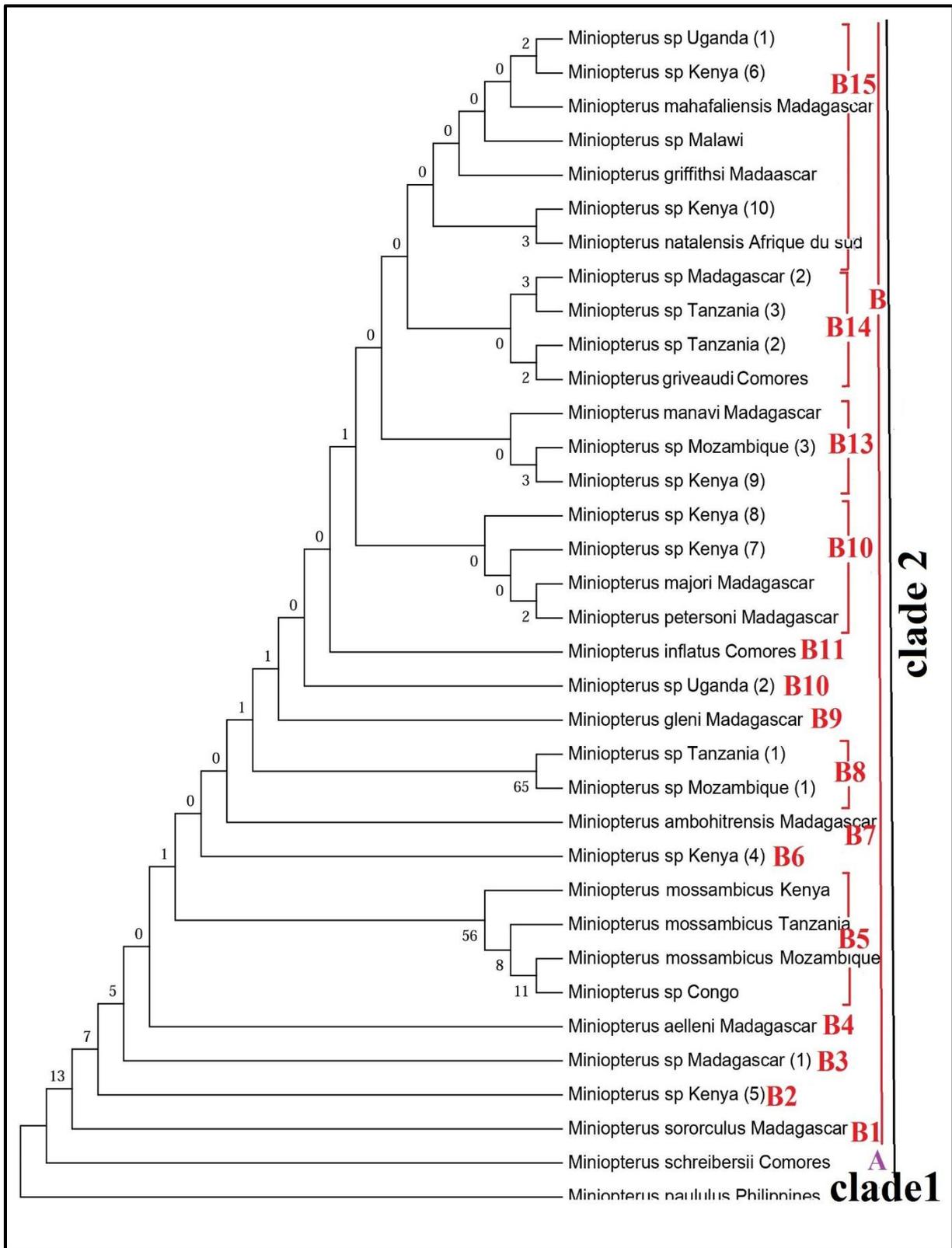


Figure 45 : Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basée sur 35 séquences de STAT5A de genre *Miniopterus* en utilisant MEGA5.

D'après l'arbre (Figure 44) les séquences de STAT5A se répartissent en 2 clades principaux :

Clade 1 : Il comprend une seule espèce *Miniopterus paululus*.

Clade 2 : Il regroupe 14 espèces et qui sont : *Miniopterus petersoni*, *Miniopterus manavi*, *Miniopterus aelleni*, *Miniopterus ambohitrensis*, *Miniopterus mahafaliensis*, *Miniopterus sororculus*, *Miniopterus griveaudi*, *Miniopterus majori*, *Miniopterus gleni*, *Miniopterus griffithsi*, *Miniopterus schreibersii*, *Miniopterus mossambicus*, *Miniopterus inflatu*, *Miniopterus natalensis*.

Ce clade se divise en deux sous clades :

Sous clade A : Il ne comprend qu'une seule espèce *Miniopterus schreibersii*.

Sous clade B : Est le sous-clade le plus diversifié, il se divise en :

B1 : Une seule espèce *Miniopterus sororculus* représentée.

B2 : Une seule espèce non classée *Miniopterus sp* Kenya(5) représentée.

B3 : Une seule espèce non classée *Miniopterus sp* Madagascar(1) représentée.

B4 : Il renferme l'espèce *Miniopterus aelleni*.

B5 : Il comprend l'espèce *Miniopterus mossambicus*.

B6 : Une seule espèce non classée *Miniopterus sp* Kenya(4) représentée.

B7 : Il renferme l'espèce *Miniopterus ambohitrensis*.

B8 : Il comprend deux espèces non classées *Miniopterus sp* Mozambique(1) et *Miniopterus sp* Tanzanie(1).

B9 : Il renferme l'espèce *Miniopterus gleni*.

B10 : Une seule espèce non classée *Miniopterus sp* Ouganda (2).

B11 : Il renferme l'espèce *Miniopterus inflatus*.

B12 : Il comprend deux espèces *Miniopterus majori* et *Miniopterus petersoni*.

B13 : Il renferme l'espèce *Miniopterus manavi*.

B14 : Il renferme l'espèce *Miniopterus griveaudi*.

B15 : Il comprend deux espèces *Miniopterus griffithsi* et *Miniopterus mahafaliensis*.

III.2.2. Vérification des arbres phylogénétiques obtenus

Pour vérifier si les séquences sont proches nous avons utilisé Blast, ce logiciel identifie des régions de similarité locale entre séquences. Le programme compare des séquences nucléotidiques ou protéiques et calcule la significativité des résultats.

Les séquences sont classées en fonction d'un "score" qui dépend de l'homologie avec la séquence requise, de la taille de la banque et de la valeur du "E-Value". Plus celui-ci est petit, plus l'homologie entre la séquence requise et celle de la banque est grande.

Nous prenons quelques exemples de comparaison entre les séquences d'un même groupe monophylétique dans les trois arbres obtenus :

Exemple 1 : Dans l'arbre phylogénétique de groupe A du Cytb nous avons comparé la séquence de *Miniopterus manavi* avec la séquence de *Miniopterus petersoni*, les résultats montrent qu'ils sont très similaires et leur pourcentage de similarité est de 97% (Figure 46) :

<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus manavi voucher FMNH:194074 cytochrome b gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus manavi	2078	2078	100%	0.0	100.00%	1125	FJ383130.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus manavi voucher FMNH:187662 cytochrome b gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus manavi	2045	2045	100%	0.0	99.47%	1125	FJ383129.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus manavi voucher UADBA43171 cytochrome b (Cyt-b) gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus manavi	2034	2034	99%	0.0	99.38%	1122	HQ619934.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus manavi voucher UADBA43172 cytochrome b (Cyt-b) gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus manavi	2028	2028	99%	0.0	99.29%	1122	HQ619935.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher Field Museum Chicago FMNH194136 cytochrome b (cytb) gene, partial cds: mitochon...	Miniopterus peter...	1951	1951	100%	0.0	97.96%	1125	EU091257.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher FMNH209186 cytochrome b (Cyt-b) gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus peter...	1943	1943	99%	0.0	97.95%	1121	HQ619936.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher Smithsonian Museum USNM577097 cytochrome b (cytb) gene, partial cds: mitochon...	Miniopterus peter...	1934	1934	100%	0.0	97.69%	1125	EU091258.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher Smithsonian Museum UADBA-GKC3356 cytochrome b (cytb) gene, partial cds: mite...	Miniopterus peter...	1934	1934	100%	0.0	97.69%	1125	EU091255.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher USNM:577106 cytochrome b (Cyt-b) gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus peter...	1916	1916	99%	0.0	97.67%	1114	KJ095193.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus petersoni voucher USNM:577102 cytochrome b (Cyt-b) gene, partial cds: mitochondrial	Miniopterus peter...	1914	1914	99%	0.0	97.67%	1114	KJ095192.1

Figure 46 : Comparaison entre les séquences de *Miniopterus manavi* et *Miniopterus petersoni* à l'aide du programme BLAST.

Exemple 2 : Pour vérifier l'homologie des séquences dans l'arbre du groupe B, nous avons comparé deux séquences de *Miniopterus ambohitrensis* et *Miniopterus cf. aelleni* B, le pourcentage d'homologie est de 99% (Figure 47) :

	La description	Nom scientifique	Note maximale	Score total	Couverture de la requête	Valeur E	Par. Identifiant	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus ambohitrensis voucher FMNH 202450 gène ...	Miniopteru...	1847	1847	100%	0.0	100,00 %	1014	MN504220.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus sp. BBRA-2009b bon UADBA:SMG16182 gè...	Miniopteru...	1842	1842	99%	0.0	99,31%	1119	FJ383135.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus ambohitrensis voucher FMNH 202452 gène ...	Miniopteru...	1840	1840	100%	0.0	99,80 %	1014	MN504221.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Minioptère cf. bon aelleni B FMNH : 202451 gène du cyto...	Minioptère...	1840	1840	99%	0.0	99,31%	1114	KJ095136.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Minioptère cf. bon aelleni B UADBA:48635 gène du cytoc...	Minioptère...	1836	1836	99%	0.0	99,21%	1114	KJ095142.1

Figure 47 : Comparaison entre les séquences de *Miniopterus ambohitrensis* et *Miniopterus cf. aelleni* B à l'aide du programme BLAST.

Les résultats obtenus par le logiciel BLAST dans la comparaison entre les séquences du groupe A, et les séquences comparées du groupe B de gène Cytb affirment leurs positions correctes dans les arbres montrés précédemment.

Exemple 3 : En comparant deux séquences du gène STAT5A, le résultat montre que la séquence prise de *Miniopterus petersoni* n'est pas proche de celle de *miniopterus majori* (Figure 48) :

	La description	Nom scientifique	Note maximale	Score total	Couverture de la requête	Valeur E	Par. Identifiant	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher FMNH202518.gène du cytoch...	Miniopteru...	2102	2102	100%	0.0	100,00 %	1140	HQ619939
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher FMNH:209170.gène du cytoc...	Miniopteru...	2047	2047	99%	0.0	99,29%	1131	JF440270.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA43264.gène du cytoch...	Miniopteru...	2045	2045	98%	0.0	99,55%	1121	HQ619953
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA43198.gène du cytoch...	Miniopteru...	2036	2036	99%	0.0	99,12 %	1131	HQ619955
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43253.gène du cytoc...	Miniopteru...	2032	2032	97%	0.0	99,55%	1115	JF440273.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43200.gène du cytoc...	Miniopteru...	2032	2032	99%	0.0	99,03 %	1131	JF440271.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA43261.gène du cytoch...	Miniopteru...	2032	2032	97%	0.0	99,55%	1115	HQ619954
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher FMNH:209175.gène du cytoc...	Miniopteru...	2021	2021	97%	0.0	99,37%	1115	JF440277.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43262.gène du cytoc...	Miniopteru...	2013	2013	97%	0.0	99,28 %	1114	KJ095168.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43199.gène du cytoc...	Miniopteru...	2013	2013	97%	0.0	99,28 %	1114	KJ095163.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43258.gène du cytoc...	Miniopteru...	2010	2010	97%	0.0	99,19 %	1115	JF440279.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Miniopterus majori voucher UADBA:43260.gène du cytoc...	Miniopteru...	2008	2008	97%	0.0	99,19 %	1114	KJ095166.1

Figure 48 : Comparaison entre les séquences de *Miniopterus majori* et *Miniopterus petersoni* à l'aide du programme BLAST.

III.2.3. La comparaison entre les arbres phylogénétiques obtenus

D'après les arbres phylogénétiques de Cytb des deux groupes A et B nous avons remarqué que les espèces sont rangées dans deux clades de la même manière dont :

Clade 1 : Il comporte principalement les espèces afro-tropicales ainsi que les espèces européennes.

Clade 2 : Il renferme les espèces d'Australasie et de l'Asie.

Nous avons remarqué aussi que les séquences qui ont pris la position 3' du groupe B qui sont *Miniopterus schreibersii palludis*, *Miniopterus schreibersii schreibersii* et *Miniopterus mossambicus* sont classées dans ces réels clades vu leurs rapprochement aux séquences similaires de mêmes espèces représentées dans l'arbre du groupe A.

Les résultats récupérés auprès du logiciel BLAST en ce qui concerne l'homologie entre les séquences du gène STAT5A est fortement incomparable avec leurs positions dans l'arbre obtenu.

Selon Démos (2019) l'usé d'un marqueur mitochondrial dans une étude phylogénétique a pour but de déterminer les taxons frères, tandis qu'un marqueur nucléaire est pour établir le lien de parenté entre les exo groupes, et pour cela nous allons utiliser le gène STAT5A pour spécifier le genre *Miniopterus* par rapport à un autre genre de chauves-souris qui est *Rhinolophus*, et retracer l'arbre phylogénétique en utilisant le logiciel MEGA5 (Figure 49).

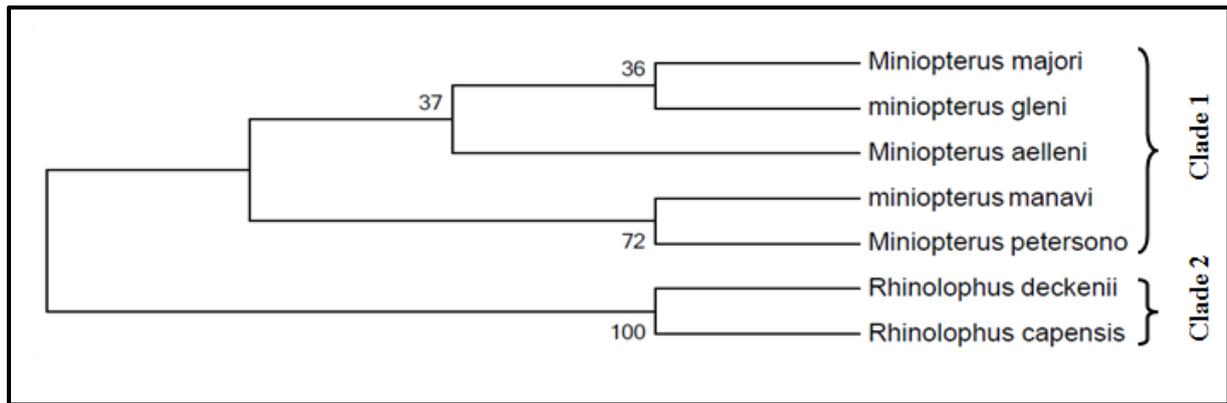


Figure 49 : Arbre phylogénétique reconstruit par la méthode UPGMA basée sur 7 séquences de STAT5A de deux différents genres *Miniopertus* et *Rhinolophus* en utilisant le logiciel MEGA5.

D'après la figure (49) le genre *Rhinolophus* a été représenté comme un groupe externe.

Dans la suite du travail on s'est basé sur les séquences du Cytb ou nous avons combiné les séquences des deux groupes A et B déjà présenté.

III.3. Détermination des haplotypes

Selon Andrzi, (2010) le polymorphisme de l'ADN de la région de contrôle mitochondrial a été évalué par la diversité des nucléotides et la diversité des haplotypes. La divergence génétique a été mesurée par le nombre moyen de différences de nucléotides par paires et le nombre moyen de substitutions de nucléotides. Les statistiques pertinentes ont été calculées avec DnaSP v. 6.12.03.

L'analyse de Cytb de l'ADN mitochondrial révèle une diversité génétique très importante, Il y avait un total de 169 sites polymorphes et un total de 82 haplotypes ont été trouvés dans les 109 séquences étudiées, 66 haplotypes privés ont été détectés, ceux-ci ne se retrouvent que dans une seule population, ainsi 16 haplotypes comportant une diversité haplotypique de 2 à 4 séquences identiques. La diversité des haplotypes (Hd) était de 0,9939 donc très élevée au sein de notre échantillonnage (Figure 50).

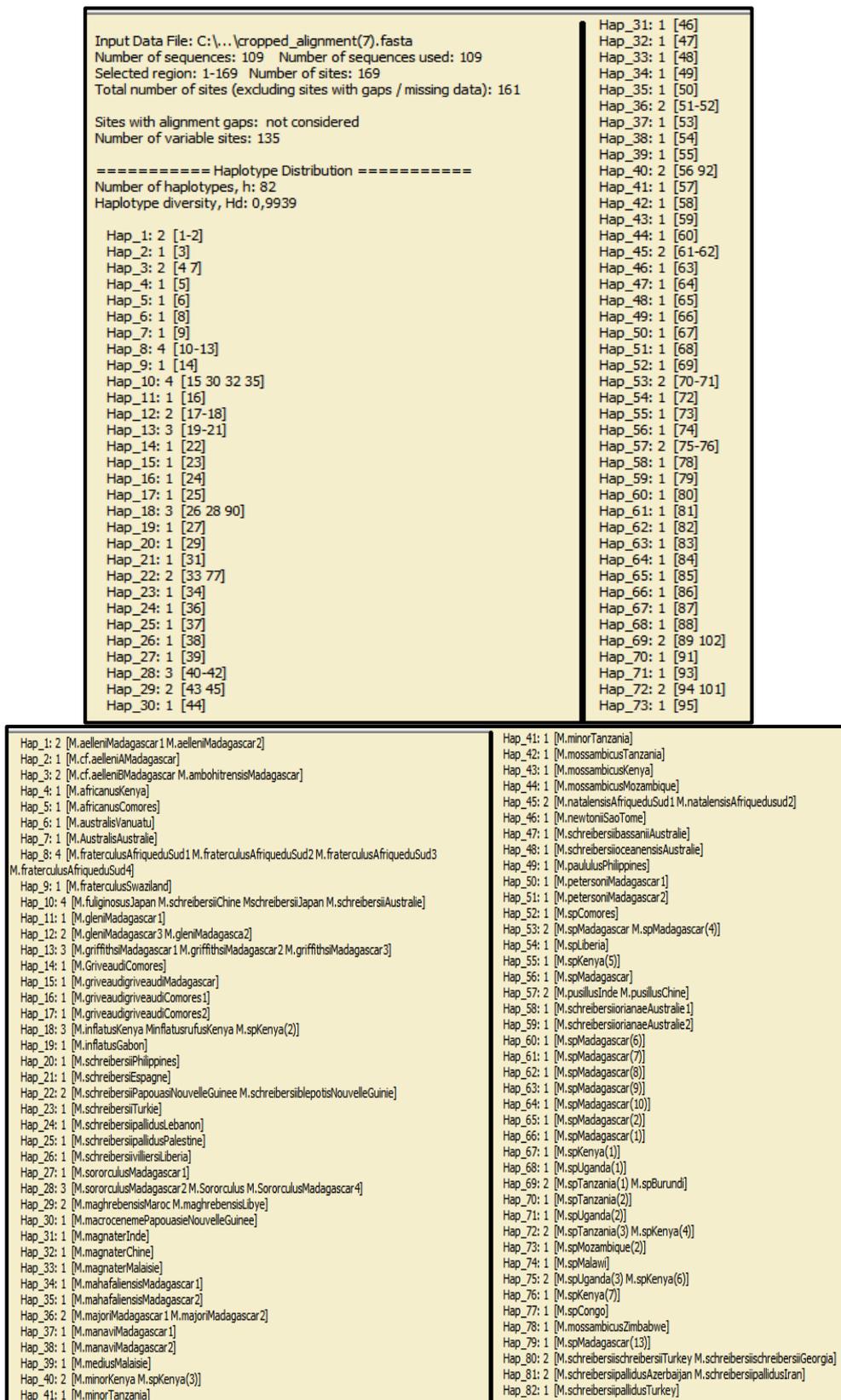


Figure 50 : Les haplotypes des séquences Cytb de genre *Miniopterus* en utilisant le logiciel DnaSP.

A- Les haplotypes uniques ou privés

Nous avons détecté 66 haplotypes uniques dans les espèces suivantes :

M. aelleni A Madagascar, *M. africanus* Kenya, *M. africanus* Comores, *M. australis* Vanuatu, *M. Australis* Australie, *M. fraterculus* Swaziland , *M. gleni* Madagascar(1), *M. griveaudi* *griveaudi* Madagascar, *M. griveaudi griveaudi* Comores(1), *M. griveaudi griveaudi* Comores(2), *M. inflatus* Gabon, *M. schreibersii* Philippines, *M. schreibersii* Espagne, *M. schreibersii* Turquie, *M. schreibersii pallidus* Liban, *M. schreibersii pallidus* Palestine ,*M. schreibersii villiersi* Liberia, *M. sororculus* Madagascar(1), *M. macroceneme* Papouasie Nouvelle-Guinée, *M. magnater* Inde, *M. magnater* Chine, *M. Madagascar*2, *M. manavi* Madagascar1, *M. manavi* Madagascar2, *M. medius* Malaisie, *M. medius* Malaisie, *M. minor* *M. magnater* Malaisie, *M. mahafaliensis* Madagascar1 , *M. mahafaliensis* Kenya, *M. sp* Kenya(3), *M. minor* Tanzania, *M. mossambicus* Tanzania, *M. mossambicus* Kenya , *M. newtonii* SaoTome, *M. schreibersii bassanii* Australie, *M. schreibersii oceanensis* Australie, *M. paululus* Philippines, *M. petersoni* Madagascar1 , *M. petersoni* Madagascar2, *M. sp* Comore, *M. sp* Liberia, *M. sp* Kenya(5), *M. sp* Madagascar, *M. schreibersii oriana*e Australie1 , *M. schreibersii oriana*e Australie2, *M. sp* Madagascar(6), *M. sp* Madagascar(7), *M. sp* Madagascar(8), *M. sp* Madagascar(9), *M. sp* Madagascar(10), *M. sp* Madagascar(2), *M. sp* Madagascar(1), *M. sp* Kenya, *M. sp* Ouganda(1), *M. sp* Tanzania(2), *M. sp* Ouganda(2), *M. sp* Mozambique(2), *M. sp* Malawi *M. sp* Kenya(7), *M. sp* Congo, *M. mossambicus* Zimbabwe, *M. sp* Madagascar(13), *M. schreibersii pallidus* Turquie.

B- Les haplotypes comportant 2 à 4 séquences

Les haplotypes comportant une diversité génétique sont les suivants :

Hap_1 : *M. aelleni* Madagascar1 et *M. aelleni* Madagascar2.

Hap_3 : *M. aelleni* B Madagascar et *M. ambohitrensis* Madagascar.

Hap_8 :*M. fraterculus* Afrique du Sud1 et *M. fraterculus* Afrique du Sud2 et *M. fraterculus* Afrique du Sud3 et *M. fraterculus* Afrique du Sud4.

Hap_10 : *M. fuliginosus* Japan et *M. schreibersii* Chine et *M. schreibersii* Japon et *M. schreibersii* Australie.

Hap_22 :*M. schreibersii* Papouasi Guinée et *M. schreibersii blepotis* Guinée.

Hap_28 : *M. sororculus* Madagascar2 et *M. Sororculus* et *M. Sororculus* Madagascar4.

Hap_29 :*M. maghrebensis* Maroc et *M. maghrebensis* Libye.

Hap_36 :*M. majori* Madagascar1 et *M. majori* Madagascar2.

Hap_40:*M. minor* Kenya et *M. sp* Kenya (3).

Hap_45 : *M. natalensis* Afrique du Sud1 *M. natalensis* Afrique du Sud2.

Hap_53: *M. sp* Madagascar et *M. sp* Madagascar (4).

Hap_57 : *M. pusillus* Inde et *M. pusillus* Chine.

Hap_69 : *M. sp* Tanzanie(1) et *M. sp* Burundi.

Hap_72 : *M. sp* Tanzanie(3) et *M. sp* Kenya(4).

Hap_75 : *M. sp* Ouganda(3) et *M. sp* Kenya(6).

Hap_80 : *M. schreibersii schreibersii* Turquie et *M. schreibersii schreibersii* Georgie.

III.4. Construction des réseaux phylogénétiques.

Les réseaux des haplotypes représentant les relations évolutives et phylogénétiques entre les différents haplotypes, générés par le programme Network version 10.2.0.0, ont montré deux haplogroupes (Figure 51) sur les 109 séquences de Cytb obtenues.

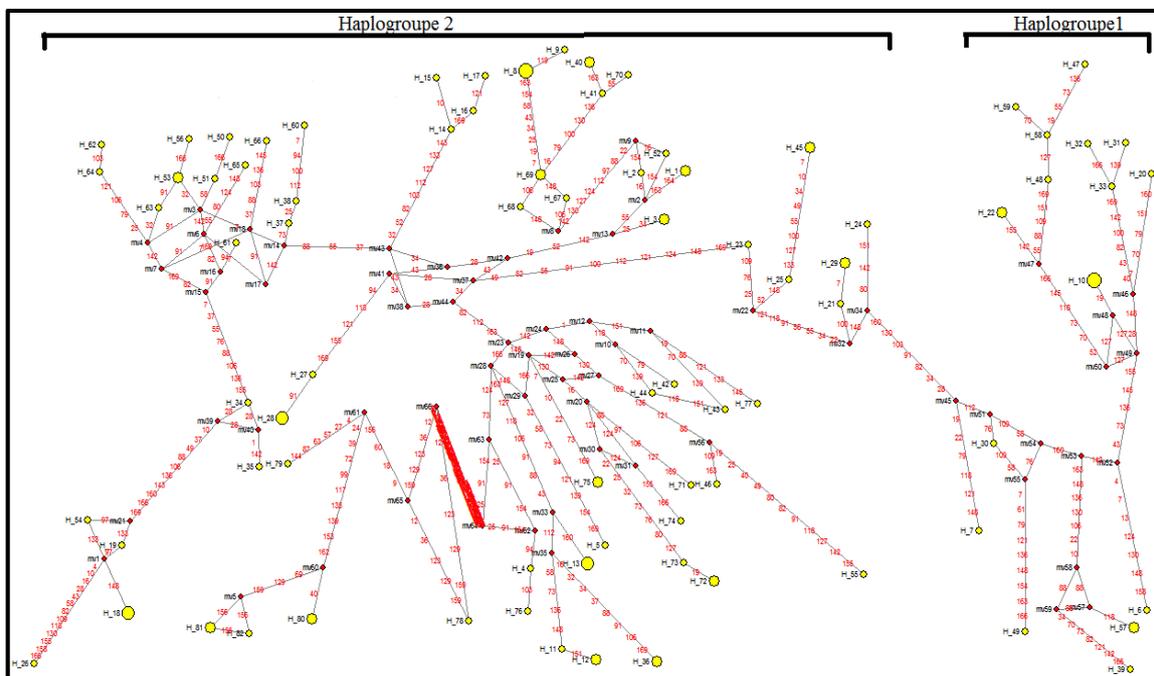


Figure 51 : Réseau haplotypique réalisé par le logiciel Network à partir de 109 séquences de Cytb de genre *Miniopterus*.

Dans le réseau d'haplotype, la taille du cercle est proportionnelle au nombre d'haplotypes identiques observés dans l'ensemble de données. La longueur des branches est proportionnelle au nombre de mutations entre les haplotypes. Les chiffres au-dessus des branches en rouge indiquent le nombre de mutations entre les haplotypes. D'après les travaux de Saitou (1987), plus deux séquences homologues sont différentes, plus la distance évolutive qui les sépare est

grande, et donc les séquences ont divergé il y a plus longtemps, à l'inverse, plus deux séquences homologues sont proches, plus la distance évolutive qui les sépare est faible.

A-Haplogroupe 1

Correspond aux groupes d'Australasie et d'Asie pour les haplotypes suivants : H7, H10, H20, H22, H30, H31, H32, H33, H37, H39, H48, H49, H58, H57, H59, H69.

B-Haplogroupe 2

Correspond aux groupes africain-européen pour les haplotypes suivants : H1, H2, H3, H4, H5, H6, H8, H9, H11, H12, H13, H14, H15, H16, H17, H18, H19, H21, H23, H24, H25, H26, H27, H28, H29, H34, H35, H36, H38, H40, H41, H42, H43, H45, H46, H47, H50, H51 ; H 52, H53, H54, H55, H56,H57, H60, H61, H62, H 63, H64, H65, H66, H67, H68, H7 , H71, H7, H73 , H74 , H75 ,H76, H77 , H78, H79, H80, H81, H 82.

III.5. Analyses statistiques moléculaires.

Le logiciel DAMBE est destiné pour l'analyse de séquences descriptives et comparatives avec une interface graphique, conviviale et intuitive (Xia, 2018).

GC/AT skew :

Nous avons choisi la séquence de *Miniopterus Australis* dans le but d'obtenir le graphique GC skew qui correspond à $G-C / G+C$ et le graphique AT skew qui correspond à $A-T / A+T$ (Figure 52).

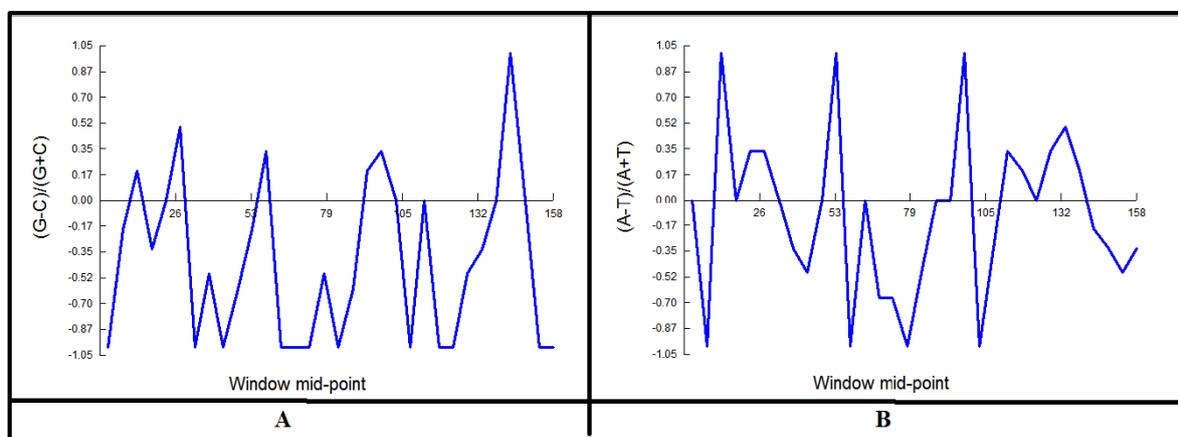


Figure 52 : Variations des fréquences GC (A) et de AT (B) de Cytb produites à partir de DAMBE.

D'après ces 2 variations (A et B) nous remarquons que les deux spectres de dérivation de la composition nucléotidique (A et B) varient de -1 à +1, par conséquent l'écart de GC et AT sont négatives ce qui représente la richesse de C sur G et la richesse de T sur A.

Selon la comparaison entre les fréquences AT et GC (Figure 53) nous remarquons que la fréquence globale de AT skew de gène cytochrome b est plus élevée que CG skew. Qui indiquant un taux plus élevé de substitutions. D'après Ballard et Whitlock (2004), les taux de mutation de l'ADN mitochondrial sont plus grands que ceux de l'ADN nucléaire, mais le rapport entre la variation de l'un et de l'autre n'est pas constant et dépend des gènes en question l'absence de recombinaison signifie que toute la molécule a la même histoire. Dans notre étude, les séquences sont riches en paires A/T que les paires C/G, donc le génome mitochondrial est moins stable.

```
Nucleotide skews for sequence: M.AustralisAustralie
Global GC Skew = -0,33333
Global AT Skew = -0,10588
Sliding window size optimized with GC skew.
Window size = 7; stepsize = 5
Circular genome: No
```

Figure 53 : Les fréquences CG et AT du gène Cytb réalisées par le logiciel DAMBE.

III.6. Comparaison entre les résultats des différents logiciels utilisés

Pour tester l'efficacité des travaux concrétisés dans notre étude, nous comparons les résultats de différents logiciels utilisés. La construction d'un arbre phylogénétique de gène Cytb à l'aide du programme MEGA nous a permis d'obtenir une répartition des espèces en deux clades, représentant le clade d'Australasie et d'Asie ainsi le clade africain-européen. Ces derniers montrent leurs existences en réseaux haplotypiques dans deux haplogroupes major avec la même distribution géographique présentés dans l'arbre ; sachant que Nicole (2008) a affirmé dans ces travaux que les analyses localisées sur les réseaux sont plus précises, chose que nous a mené a confirmé nos résultats par des réseaux haplotypiques de gène Cytb.

Les diversités haplotypiques et nucléotidiques sont estimées grâce au programme DnaSP. D'après Nei, (1987) qui a définit la diversité haplotypique (H_d) comme la probabilité que deux gènes tirés au hasard dans un échantillon soient identiques, ces séquences identiques sont représentées dans notre arbre phylogénétique dans le même clade, et représentées dans le Network par des cercles est proportionnelle au nombre d'haplotypes identiques observés dans l'ensemble de données et les haplotypes uniques représentées par des points.

Les analyses statistiques faites montre que le gène de cytochrome b mitochondrial a un taux élevé de substitutions, et selon Meganathan, (2011) le génome mitochondrial a un taux de mutation plus élevé et un manque de recombinaison, qui est conduit à leur utilisation dans des

analyses phylogénétiques pour comprendre les relations entre les taxons. Grâce à ces mutations nous avons remarqué qu'il y a une diversité importante dans le genre *Miniopterus* qui peut le classer en plusieurs espèces et sous-espèces.

III.7. La phylogénie globale des *Miniopterus*

L'examen de la taxonomie globale chez les *Minioptères* que nous avons réalisé indique une appartenance en deux clades monophylétiques et géographiquement séparés, selon Burland et al. (1999) ; Mc Cracken et al. (1994) ; Petit et Mayer (1999) cette séparation indique qu'un flux génétique se produit dans ces différents aires géographiques.

III.7.1. Les relations phylogénétiques au sein de clade 1 Australasie-Asie

Le regroupement de ce clade apparaît bien lié, il renferme des groupes monophylétiques répartis dans des aires géographiques différentes d'Australie, de la Nouvelle Guinée et de l'Asie.

M. fuliginosus du Japon se retrouve en proximité avec *M. magnater*, ces dernières ont été récupérées comme des espèces frères dans notre arbre phylogénétique sachant qu'elles représentent des différences significatives dans les caractères crâniens dentaires signalés auparavant dans les travaux de Li et al. (2015).

D'après Christidis et al, (2014) les espèces de *M. schreibersii* de l'Australie sont dérivées de l'espèce *M. schreibersii* de l'Espagne malgré qu'ils ne sont pas regroupés de la même manière dans notre arbre, donc cette grande distance géographique conduit à leurs divergences, il a été apparu de nouvelles sous-espèces formant un groupe monophylétique : *M. schreibersii oreanae*, *oceanensis*, *bassani* et *blepotis* caractérisant cette région, sachant que Cardinal et Christidis (2002) ont montré qu'ils sont morphologiquement distincts.

Dans notre distribution les deux espèces *M. macrocneme* et *M. australis* apparaissent bien liées et regroupées avec d'autres espèces asiatiques *Miniopterus paululus*, *M. pusillus* et *M. medius*, et ce qui a été affirmé par Kitchner et Suyanto (2002) qu'elles semblent comme des espèces frères.

III.7.2. Les relations phylogénétiques au sein de clade 2 Africain-Européen

Ce clade comporte la majorité des espèces représentantes du genre *Miniopterus*, constitué principalement par une faune endémique de Malgaches qui est composée d'un mélange de taxons originaires d'Afrique et de Madagascar. Nous avons récupéré une divergence de cinq lignées relativement profonde entre les espèces de Madagascar (D5, D6, D7, D8 et D9), chaque lignée a été récupérée comme un groupe monophylétique et qui se divise en : (D5) *M. majori*, *M. Gleni* et *M. griffitsi*, (D6) *M. griveaudi*, (D7) *M. mahafaliensis*, *M. sororculus*, (D8) *M. manavi*, *M. petersoniet* (D9) *M. aelleni*, *M. aelleniA*, *M. aelleni B*, *M. ambohitransis*, *M. manavi*, *M. petersoni* (D8) ont été récupérées comme espèces sœurs et morphologiquement distinct, ils sont liées à un groupe comprenant cinq espèces génétiquement distinctes montré dans l'arbre construit par Christidis et *al.* (2014) qui représentent des espèces cryptiques distinctes mais étroitement liées, désignées dans notre arbre par les espèces *Miniopterus sp* Madagascar 5, 6, 7, 8, et 9.

Les Minioptères de Madagascar sont considérés comme un rayonnement adaptative vu leurs diversités génétique ainsi leur chevauchement des caractères morphologiques, donc l'identification des espèces dans cette région appuyées sur un système d'analyse de séquences moléculaires.

En ce qui concerne les relations phylogénétiques au sein des espèces africaines, elles divergent dans notre arbre en deux groupes monophylétiques dont le groupe C1 renferme l'espèce *M. inflatus* qui a été étroitement liée à *M. fraterculus* mais qui se révèle paraphylétique, D2 comprenant les espèces *M. fraterculus*, *M. minor* ainsi D4 *M. africanus*, *M. mossambicus* et *M. newtoni* qui ont été détectées comme des taxons frères, Demos et *al.* (2019) ont nommé avec confiance ces espèces selon leur emplacement et les caractéristiques moléculaires qui les diffèrent.

Malgré la grande distance géographique qui les sépare, ces dernières sont intercalées par le groupe D3 incluant *M. schreibersii* de l'Espagne, *M. maghrebensis* et *M. s. pallidis*, il a été montré que ces espèces s'étendent vers les groupes comprenant les échantillons africains.

M. natalensis et la sous-espèce *M. s. pallidis* européenne sont proches, leur divergence de séquences suggère qu'ils partagent un ancêtre commun.

Demos et *al.* (2019) n'ont indiqué qu'une seule espèce avec une distribution mondiale, *M. schreibersii* forme un complexe d'espèces paraphylétiques, avec au moins 7 espèces et sous-espèces différentes présentes dans l'Europe, l'Asie mineure et en Afrique du nord sauf la sous-espèce *M. s. villersi* n'est pas étroitement apparentée à *M. schreibersii*.

III.8. Les minioptères en Algérie

Les minioptères ont été étudiés dans certains pays d'Afrique du Nord incluant en Algérie ; l'espèce européenne *Miniopterus schreibersii* a été classé dans les travaux de Khelfaoui, (2018), Bendjoudi (2019) et Ahmim, (2019). Une nouvelle espèce cryptique se trouve en sympatrie avec *Miniopterus schreibersii* a été déterminée dans l'Afrique du Nord, ces derniers semblants similaires pour cela l'identification de la nouvelle espèce a été basée sur des analyses moléculaires et crâniennes dentaires (Sebastien et *al.*, 2014). Les analyses moléculaires des *Miniopterus maghrebensis* n'a pas été établi en Algérie, mais vu leur aire de répartition représenté par la zone sombre dans la figure 54 qui s'étend du nord du Maroc et le nord de la Tunisie passant par le sud des hautes montagnes de l'Atlas indiquant sa présence, ainsi leur capacité de migrer vers d'autres niches écologiques cette espèce est probablement présente (Sebastien et *al.*, 2014).

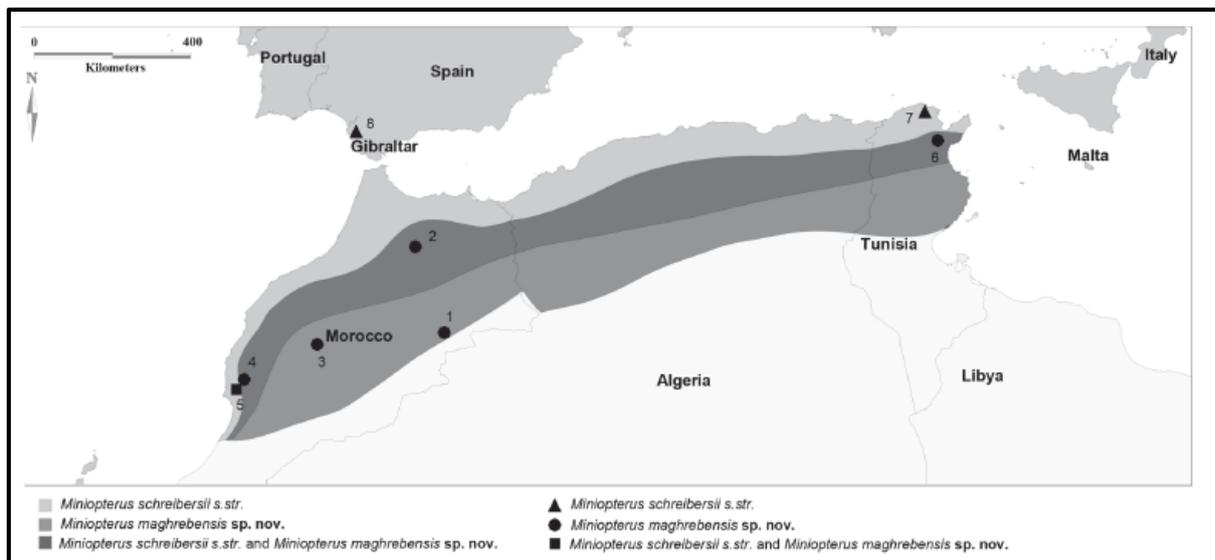


Figure 54 : Distribution des espèces *Miniopterus maghrebensis* et *Miniopterus schreibersii* en Afrique du Nord d'après Sebastien et *al.*, (2014).

III.9. L'arbre phylogénétique corrigé

Correction de l'arbre d'après la plateforme bio-informatique Blast qui a permis de trouver les régions similaires entre deux ou plusieurs séquences de nucléotides en comparant les régions homologues. Nous avons identifiés les espèces non classées comme suit :

-*Miniopterus sp* Madagascar (1) : ressemble à 93 % au *M. aelleni B.*

-*Miniopterus sp* Madagascar (2) : ressemble à 95,64 % au *M. petersoni* et à 95.64 % au *M. manavi*.

-*Miniopterus sp* Comores ressemble à 98 % au *Miniopterus aelleni A.*

- *Miniopterus sp* Congo à 93 % ressemble au *Miniopterus mossambicus*.

-*Miniopterus sp* Madagascar (3) et *Miniopterus sp* Madagascar (4) ils peuvent être, soit *Miniopterus petersoni* ou *Miniopterus manavi* parce qu'ils ont le même pourcentage (97 %).

-*Miniopterus sp* Kenya (1) et *M. sp* Ouganda (1), *M. sp* Tanzanie (1), *M. sp* Mozambique (1) et *M. sp* Burundi, *M. sp* Tanzanie (2) et *M. sp* Kenya (3) se ressemblent à 96% au *Miniopterus minor*.

-*Miniopterus sp* Kenya (2) et *Miniopterus sp* Liberia sont des *Miniopterus inflatus rufus* à 98 %.

-*Miniopterus sp* Ouganda (2) et *Miniopterus sp* Malaw, *Miniopterus sp* Ouganda (3) et *Miniopterus sp* Kenya (6) sont des *Miniopterus mossambicus* à 91%.

-*Miniopterus sp* Kenya (5) ressemble au *Miniopterus gleni* à 90 %.

-*Miniopterus sp* Tanzanie (3), *Miniopterus sp* Kenya (4), *Miniopterus sp* Mozambique (2) ressemblent au *Miniopterus mossambicus* à 90 %.

-*Miniopterus sp* Kenya (7) ressemble au *Miniopterus africanus* 98 %.

Selon Steven (2014) les *Miniopterus sp* : 5, 6, 7, 8, 9, 10 et le *Miniopterus sp* 13 sont des *Miniopterus manavi*.

La présentation finale de notre arbre corrigé est comme suit (Figure 55) :

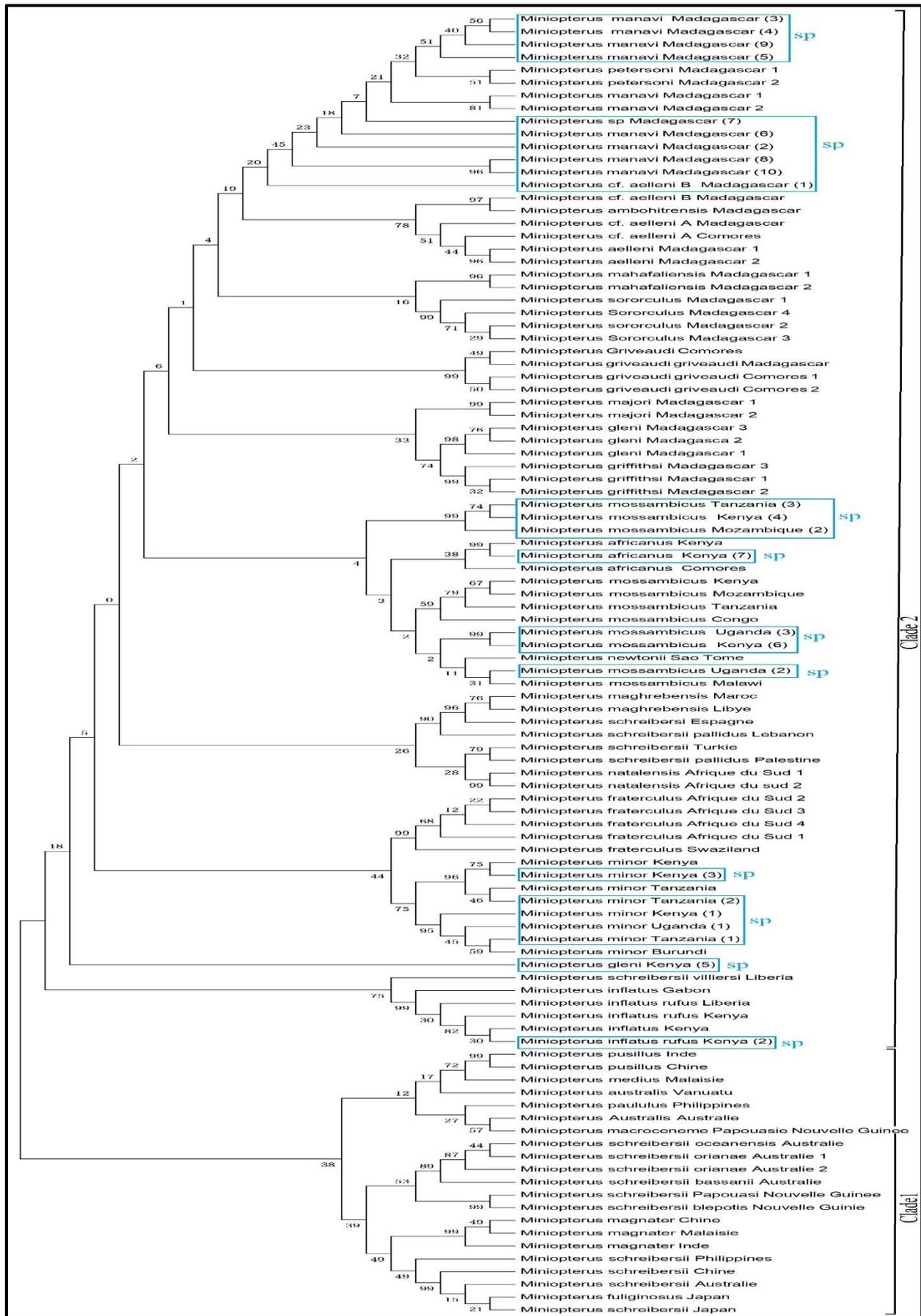


Figure 55 : Arbre phylogénétique final de Cytb.

III.10. Les minioptères et les virus

Les chauves-souris sont connues comme un réservoir potentiel de nombreux virus pathogènes pour l'homme, Depuis l'apparition du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS) de 2002-2003, il a été montré que les chauves-souris sont des hôtes naturels pour coronavirus du SRAS en raison de la riche diversité et de leur distribution mondiale incluant trois espèces de genre *miniopterus*, *miniopterus schreibersii*, *miniopterus fuscus* et *miniopterus fuliginosus* (Xing-Yi et al., 2016).

Récemment après l'écllosion du SRAS-CoV-2 en 2019, une première analyse biologique moléculaire fait sur différents virus dans des espèces de chauves-souris nichant dans une grotte de Wavul Galge, au Sri Lanka a détecté la présence de SRAS-CoV-2 chez *miniopterus fuliginosus* comme réservoir naturel (Muzeniek et al., 2021).

il a été identifié que les minioptères sont des hôtes naturels pour certains virus comme le virus d'Ebola qui a été détecté chez *Miniopterus schreibersii* d'Espagne en 2002 (Kemenesi et al., 2018). Cette découverte peut mener à dire que les chauves-souris de la même espèce d'Europe peuvent être considéré comme hôte pour le virus d'Ebola tant qu'elles se retrouvent en sympatrie avec l'espèce en question et qui sont similaire sur le plan moléculaire et morphologique. Cette approche peut être adoptée pour les espèces de *Miniopterus schreibersii* de l'Afrique du Nord incluant l'espèce de l'Algérie à la suite de migration des chauves-souris et tant qu'elles partagent les mêmes caractéristiques.

D'autre part, Zeghib et al. (2019) ont montré la présence d'un genre de virus *Mischivirus*, et que les *Miniopterus schreibersii* sont les principaux hôtes pour ce genre de virus, ce dernier a été révélé dans les lignées de *Miniopterus schreibersii* en Algérie, malheureusement les chauves-souris et les virus zoonotiques sont à la fois négligées et peu étudiées en Algérie.

Conclusion

Conclusion

Miniopterus est un genre de chauves-souris de la famille de l'Ancienne classification *Miniopteridae* qui ne comprend que le genre *Miniopterus*, renfermant 20 espèces actuellement reconnues du domaine afrotropicale et 15 espèces d'Eurasie et d'Australasie. Depuis 2003, le nombre d'espèces reconnues de *Miniopterus* est passé de 19 à 35 espèces. Vu l'intérêt de notre étude qui a été basé sur la classification et les liens entre les espèces au sein de genre *Miniopterus*, nous avons utilisé la phylogénie cette discipline utile aussi dans différents domaines, en l'épidémiologie et la génétique des populations. C'est une procédure incontournable pour retracer l'histoire évolutive des organismes de tous niveaux taxonomiques. Cette analyse est également d'une grande importance pour clarifier les modèles évolutifs des espèces et pour comprendre l'évolution adaptative au niveau morphologique et moléculaire.

Notre travail a été élaboré à l'aide des différents logiciels tel que : MEGA5 pour la reconstruction de l'arbre phylogénétique, DnaSP pour la détermination des haplotypes (une séquence nucléotidique, qui peut être commune à plusieurs individus, mais diffère des autres haplotypes par une ou plusieurs substitutions de nucléotides), nous avons utilisé aussi le Network pour tracer les réseaux phylogénétiques, et DAMBE pour faire les calculs statistiques. Les analyses phylogénétiques ont été appliquées sur 35 séquences d'un gène nucléaire STAT5A pour définir le genre de *Miniopterus* des autres genres de chauves-souris, ainsi 109 séquences de Cytb mitochondrial afin de classer les différents taxons.

Le résultat de l'analyse phylogénétique de STAT5A montre la spécificité du genre en formant un groupe externe à part. En parallèle, les résultats obtenus par le Dnasp sur les séquences de Cytb confirment dans une large mesure les résultats de MEGA5, dont les séquences identiques de chaque haplotype de différentes espèces correspondent au même clade dans l'arbre phylogénétique. Nous avons aussi remarqué que les résultats obtenus par Network sont comparables avec MEGA5, ils ont montré l'existence de deux haplogroupes pour le gène Cytb représenté par deux clades distincts et géographiquement séparés qui sont le clade Africain-Européen qui inclut la majorité des espèces organisées en groupes monophylétiques et se répartissent dans la région de Malgaches ainsi qu'en Afrique Subsaharienne et en Europe. Le deuxième clade d'Australasie-Asie des groupes monophylétiques se répartissent dans les régions d'Australie et les îles aux alentours de l'Asie.

Une seule espèce *Miniopterus schreibersii* est classée en Algérie comme espèce sœur avec *Miniopterus schreibersii* Européenne, ainsi une nouvelle espèce cryptique *Miniopterus maghrebensis* a été détectée en Tunisie et au Maroc, supposant que cette dernière est présente en Algérie mais les analyses moléculaire n'ont pas encore été faites.

Les *Miniopterus schreibersii* d'Espagne ont été considérées comme espèce hôte pour le virus d'Ebola, comme les *schreibersii* de l'Europe et de l'Afrique du Nord partagent les mêmes caractéristiques, et à la suite de migration des chauves-souris la propagation du virus d'Ebola reste possible.

Différentes recherches ont signalé que les relations phylogénétiques entre les espèces du genre *Miniopterus* restent mal comprises à cause de l'apparente uniformité morphologique présentée par le genre qui entrave le consensus sur la classification et les limites de leurs espèces.

Références Bibliographiques

Références bibliographiques

- **Ahmim M., 2019.** Les mammifères sauvage d'Algérie répartition et biologie de la conservation. Les Editions du Net, 314p.
- **Audra P., Barriquand L., Bigot J., 2016.** L'impact méconnu des chauves-souris et du guano dans l'évolution morphologique tardive des cavernes / The little known impact of bats and bat guano in the late stages of cave morph... *Karstologie*, 68 : 1-20.
- **Bec J., Picq H., 2009.** Les transhumances des chauves-souris des exemples dans le sud de l'Auvergne. *Alter Eco*, 15600
- **Bendjoudi D., Yedou W., Beneldjouzi A., Mechouk N., Bendjeddou L., 2019.** On bat ectoparasite (nyteriibiidae, streblidae, siphonaptera, mesostigmata and ixodidae) from chrea national park (central atlas mountains), Algeria. *Bull. Soc. zool. Fr*, 144,2,67-76.
- **Burland T., Barratt E., Beaumont M., Racey P., 1999.** Population genetic structure and gene flow in a gleaning bat, *Plecotus auritus*. *Biologir Science*, 56 (5) ,1241- 1244.
- **Berman H. M., Westbrook J., Feng Z., Gilliland G., Bhat T. N., Weissig H., Shindyalov I. N. & Bourne P. E., 2000.** The Protein Data Bank. *Nucleic Acids Res*, 28(1), 235–42.
- **Comet J. P., 1998.** Programmation Dynamique et Alignements de Séquences Biologiques. Thèse de doctorat en Informatique. Dir. Thèse : Henry J. Univ de Technologie de Compiegne : 5-38. 216p.
- **Christidis., Goodman S., Naughton K., Appleton B., 2014.** Insights into the Evolution of a Cryptic Radiation of Bats : Dispersal and Ecological Radiation of Malagasy *Miniopterus* (Chiroptera: Miniopteridae). *Plos One* ,9 ,3.
- **Choi J. H., Jung H. Y., Kim H. S., and Cho H. G., 2000.** PHYLODRAW: A Phylogenetic Tree Drawing System. Department of computer science, Pusan National University, Pusan, Korea.
- **Cardinal B., Christidis L., 2000.** Mitochondrial DNA and morphology reveal three geographically distinct lineages of the large bentwing bat (*Miniopterus schreibersii*) in Australia. *Australian Journal of Zoology*, 48 :1–19.
- **Demos T., Webala P., Lutz1.H., Kerbis J., Peterhans., Steven M. Goodman., Cortés-Delgado N., Bartonj M., Patterson.B., 2020.** Multilocus phylogeny of a cryptic radiation of Afrotropical long-fingered bats (Chiroptera, Miniopteridae). *Zoologica Scripta*, 49 (1) ,1-13.

- **Durbin L., Brennan K., Shiomi K., Cooke J., Barrios A., Shanmugalingam S., Guthrie B., Lindberg R., Holder N., 1998.** Eph signaling is required for segmentation and differentiation of the somites. Received March, 5.
- **Franck A., Cochrane B., Garey J., 2006.** Phylogeny, Biogeography, and Infrageneric Classification of *Harrisia* (Cactaceae). *Systematic Botany*, 38 (1), 210– 223.
- **Farias I, Orti G., Sampaio T., Schneider H., Meyer A., 2001.** The Cytochrome *b* Gene as a Phylogenetic Marker : The Limits of Resolution for Analyzing Relationships Among Cichlid Fishes. *Molecular Evolution*, 53 : 89-103.
- **Furman A., Postawa T., Öztunç T., Çoraman E., 2010.** Cryptic diversity of the bent-wing bat, *Miniopterus schreibersii* (Chiroptera: Vespertilionidae), in Asia Minor. *Evolutionary Biology*, 10 ,121.
- **Felsenstein J., 2004.** Inferring phylogenies. Sunderland (MA) : Sinauer Associates : 66.
- **Fatrai S., Wierenga A., Daenen S., Vellenga E., Schuringa J., 2011.** Identification of HIF2 as an important STAT5 target gene in human hematopoietic stem cells. *BLOOD*, 117,12.
- **Guindon S., 2003.** Méthodes et algorithmes pour l'approche statistique en phylogénie, Thèse de Doctorat en Biologie. Dir. Thèse : O Gascuel. Univ. Montpellier II, 9-50. 155p.
- **Goodman M., Bradman M., Maminirina P., Christidis L., Appleton B., 2008.** A new species of *Miniopterus* (Chiroptera: Miniopteridae) from lowland southeastern Madagascar. *Mammalian Biology*, 73 :199-213.
- **Goodman S., Ramasindrazana B., Schoeman C., 2011.** Morphological, bioacoustical, and genetic variation in *Miniopterus* bats from eastern Madagascar, with the description of a new species. *Zootaxa*, 2880 : 1–19.
- **Hulo N., Bairoch A., Bulliard V., Cerutti L., De Castro E., Langendijk-Genevaux PS., Pagni M. & Sigrist C. J., 2006.** The PROSITE database. *Nucleic Acids Res*, 34(Database issue), D227–30.
- **Izeni P., Guillermo O., Iracilda S., Horacio S., Axel M., 2001.** The Cytochrome *b* Gene as a Phylogenetic Marker : The Limits of Resolution for Analyzing Relationships Among Cichlid Fishes. *Molecular Evolution*, 53:89–103.
- **Joffrin L., 2019.** Écologie et évolution de coronavirus dans des populations des chauves-souris des îles de l'ouest de l'océan indien. Thèse de Doctorat en Sciences du vivant : Université de la Réunion, 218p.

- **Juste J., Ferrández A., Fa. J., Masefield W., Ibáñez C., 2007.** Taxonomy of little bent-winged bats (*Miniopterus*, Miniopteridae) from the African islands of São Tomé, Grand Comoro and Madagascar, based on mtDNA. *Acta Chiropterologica*, 9 (1) , 27–37.
- **James. S., Rogers, Swoffo. D., 1998.** A Fast M ethod for Approximating Maximum Like lihoods of Phylogenetic Trees from Nucleotide Sequences. *Systematic Biology*, 47(1) 77- 89.
- **Khelefaoui F., Kebaci A., Benyacoub S., 2018.** Nouvelles données sur les Insecta et les Acarina, ectoparasites des chauves-souris (Mammalia : Chiroptera) en Numidie orientale, Algérie. *Bull. Soc. zool. Fr*, 143(2) ,63-73.
- **Kowalski K., Rzebick-Kowalska B., 1991.** Mammals of Algeria. Polish Academy of Sciences. Institute of Systematics and Evolution of Animals, Wroclaw, 353 pp.
- **Kitchener D. J., Suyanto A., 2002.** Morphological variation in *Miniopterus pusillus* and *M. australis* (sensu Hill 1992) in southeastern Asia, New Guinea and Australia, *Records of the Western Australian Museum*, 21: 9-33.
- **Kemenesi G., Kurucz K., Dallos B, Zana B., Földes F., Boldogh S., Görföl T, Carroll M., Jakab F., 2018.** Re-emergence of Lloviu virus in *Miniopterus schreibersii* bats, Hungary, 2016. *Emerging Microbes & Infections*, 7 (1), 1-4.
- **Kuhner K., Felsenstein J., 1994.** A Simulation Comparison of Phylogeny Algorithms under Equal and Unequal Evolutionary Rates. *Molecular Biology and Evolution*, 11 (3), 459–468.
- **Li1 S., Sun K., Lu G., Lin A., Jiang T., Jin L., Hoyt J., Feng J., 2015.** Mitochondrial genetic differentiation and morphological difference of *Miniopterus fuliginosus* and *Miniopterus magnater* in China and Vietnam. *Ecologie and Evoluton*, 5(6) ,1214-1223.
- **Li B., 2003.** ClustalW-MPI: ClustalW analysis using distributed and parallel computing. *Bioinformatics* ,19(12),1585–1586.
- **Librado P., Rozas J., 2009.** DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 :1451–145.
- **Lord E., 2015.** Flux De Travaux Et Lerus Application En Bioinformatique. Thèse Du Doctorat En informatique : Université Du Québec à Montréal, 4, 233.

- **Mokrani Y., Mimeche F., Nouidjem Y., Saheb M., 2018.** Rapid assessment of cave dwelling bat diversity in the Chebket ES–Sellaoua Mountains (Eastern Algeria). *Arxius de Miscel·lània Zoològica*, 16 : 112–120p.
- **Muzeniek T., Perera T., Siriwardana S., Bas D., Kaplan F., Öruc M., Becker-Ziaja B., Schwarz F., Premawansa G., Premawansa S., Perera I., Yapa W., Nitsche A., Kohl C., 2021.** Detection of Alpha- and Betacoronaviruses in *Miniopterus fuliginosus* and *Rousettus leschenaultii*, two species of Sri Lankan Bats. *Vaccines*, 9, 650.
- **Miller-Butterworth C., Murphy W., O'Brien S., Jacobs D., Springer M., Teeling E., 2007.** A Family Matter: Conclusive Resolution of the Taxonomic Position of the Long-Fingered Bats, *Miniopterus*. *Mol. Biol. Evol.*, 24(7), 1553–1561.
- **Meganathan P., Dubey., Jogayya., Haque I. Forensic., 2011.** Validation of a Multiplex PCR Assay for the Forensic Identification of Indian Crocodiles. *Forensic Sci*, 56, 5.
- **Monadjem A., Guyton J., Naskrechi P., Richards., 2020.** Cryptic Diversity in the Genus *Miniopterus* with the Description of a New Species from Southern Africa. *Acta chiropterologie*, 22(1) :1.
- **Mccracken G., Mccracken M., Vawter T., 1994.** Genetic Structure In Migratory Populations Of The Bat *Tadarida Brasiliensis Mexicana*. *Ournal of Mammalogy*, 75 (2), 500–514.
- **Moret D., Siepe A., Tang J., Liu T., 2002.** Inversion Medians Outperform Breakpoint Medians in Phylogeny Reconstruction from Gene-Order Data. *Wabi*, 2452 :521-536.
- **Nabet F., 2005.** Les Chauves-souris de : Biologie et mesure de production. Thèse de doctorat en Médecine-Pharmacie : l'universite Claude-Bernard-Lyon, 1, 132.
- **Nei M., Takezaki N., 1996.** Genetic Distances and Reconstruction of Phylogenetic Trees From Microsatellite DNA .*Genetics*, 144:389-399.
- **Nijman., Otsen M., Verkaar E, Ruijter C., Hanekamp E., Ochieng J., Shamshad S., Rege J., Hanotte O., Barwegen M., Sulawati T., Lenstra J., 2003.** Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity*, 90 : 10–16.
- **Nicolas J., Tourasse., Gouy M., 1999.** Accounting for Evolutionary Rate Variation among Sequence Sites Consistently Changes Universal Phylogenies Deduced from

- rRNA and Protein-Coding Genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13(1), 159–168.
- **Nicole W., Steven M., WILLIAM T., Manule R., 2008.** The biogeography of *Miniopterus* bats (Chiroptera: Miniopteridae) from the Comoro Archipelago inferred from mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*, 17:5205–5219.
 - **Piksa K., Gubala. W., 2020.** First record of *Miniopterus schreibersii* (Chiroptera: Miniopteridae) in Poland a possible range expansion?. *Mammal Research*, 66 : 211–215.
 - **Petit E., Excoffier L., MayerF., 1999.** No Evidence of bottleneck in the postglacial recolonization of Europe by the noctule bat (*Nyctalus Noctula*). *Evolution*, 53(4), 1247–1258.
 - **Peters J. L., McCracken K.V., Zhuravlev Y. N., Lu Y, Wilson R. E., Johnson K. P., Omland K. E., 2005.** Phylogenetics of wigeons and allies (Anatidae : *Anas*) : the importance of sampling multiple loci and multiple individuals. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 35 :209–224.
 - **Patwardhan A., Ray S., Roy A., 2014.** Molecular Markers in Phylogenetic Studies- Review. *Phylogenetics & Evolutionary Biology* ,2 ,2.
 - **Puecemaille S., Allegrini B., Benda P., Gurun K., Sramek J., Ibanez C., Just J., Bilgin R., 2014.** A new species of the *Miniopterus schreibersii* species complex (Chiroptera: Miniopteridae) from the Maghreb Region, North Africa. *Zootaxa* ,379(4) :1 ,108-124.
 - **Rischkowsky B., Pilling D., 2008.** L'Etat des Ressources Zoogénétiques pour l'Alimentation et l'Agriculture dans le Monde, 393-410.
 - **Ron S., Santos J., Cannatella D., 2006.** Phylogeny of the túngara frog genus *Engystomops* (*DPhysalaemus pustulosus* species group ; Anura: Leptodactylidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 39 ,392–403.
 - **Rozas J., Ferrer-Mata A., Sanchez-DelBarrio J., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S., Sanchez-Gracia, 2017.** DnaSP 6 : DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. *Mol. Biol. Evol*, 34(12) ,3299–3302.
 - **Ron A., Fouchier M., Vincent M., Anders W., Theo M Bestebroer., Sander H., Derek S., Guus F Rimmelzwaan., Björn O., and Albert D. M. E Osterhaus ., 2005.** Characterization of a Novel Influenza A Virus Hemagglutinin Subtype (H16) Obtained

- from Black- Headed Gulls. *J. Virol.* 79(5) : 2814–2822.
- **Stoffberg S., Jacobs D., Miller-Butterworth C., 2004.** Field identification of two morphologically similar bats, *Miniopterus schreibersii natalensis* and *Miniopterus fraterculus* (Chiroptera: Vespertilionidae). *African Zoology*, 39(1), 47-53.

 - **Sebastien ., Puecemaille S., Allegrni B., Benda P., Gurun K., Sramek J., Ibanez C., Just J., Bilgin R., 2014.** A new species of the *Miniopterus schreibersii* species complex (Chiroptera: Miniopteridae) from the Maghreb Region, North Africa. *Zootaxa*, 379 (4) :1 ,108-124.

 - **Sayers E., Cavanaugh M, Clark K., Pruitt K., Schoch C., Sherry S., Karsch-Mizrachi I., 2020.** GenBank. *Nucleic Acids Research*, 49(10).1093.

 - **Saitou N., Nei M., 1987.** The Neighbor-joining Method : A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Neighbor-joining Method*, 4,4.

 - **Servant F., Bru C., Carrere S., Courcelle E., Gouzy J., Peyruc D. & Kahn D., 2002.** ProDom : automated clustering of homologous domains. *Brief Bioinform*, 3(3),246–51.

 - **Sebastien ., Puecemaille S., Allegrni B., Benda P., Gurun K., Sramek J., Ibanez C., Just J., Bilgin R., 2014.** A new species of the *Miniopterus schreibersii* species complex (Chiroptera: Miniopteridae) from the Maghreb Region, North Africa. *Zootaxa*, 379 (4) :1 ,108-124.

 - **Stevens R., Willig M., Richard E., Strauss., Lundberg P., 2006.** Latitudinal Gradients in the Phenetic Diversity of New World Bat Communities. *Oikos*, 112: 41-50.

 - **Teeling E., Springer M., Madsen O., Bates P., Stephen J, William M., 2005.** A Molecular Phylogeny for Bats Illuminates Biogeography and the Fossil Record. *Science*, 307, 580

 - **Tillon L., 2002.** Elles aussi, elle saiment les insectes... Les chauves- souris. *Insectes*, 166,3.

 - **Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S., 2011.** MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28 (10), 2731–2739.

 - **Takezaki N., Nei M., 1996.** Genetic Distances and Reconstruction of Phylogenetic Trees From MicrosatelliteDNA. *Genetics* 144 :389-399.

 - **Villesen, 2007.** FaBox: an online toolbox for FASTA sequences. *Molecular Ecology*

Notes, 7 :965–968.

- **William O., Ballard., Michael C., Whitlock M., 2004.** The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13 : 729–744.

- **Wu CH., Apweiler R., Bairoch A., Natale D A., Barker WC., Boeckmann B., Ferro S., Gasteiger E., Huang H., Lopez R., Magrane M., Martin M. J., Mazumder R., O’Donovan C., Redaschi N. & Suzek B., 2006.** The Universal Protein Resource (UniProt): an expanding universe of protein information. *Nucleic Acids Res*, 34(Database issue), D187–91.

- **Wu CH., Yeh L. S., Huang H., Arminski L., Castro-Alvear J., Chen Y., Hu Z., Kourtesis P., Ledley R. S., Suzek B. E., Vinayaka C. R., Zhang J. & Barker W. C., 2003.** The Protein Information Resource. *Nucleic Acids Res*, 31(1), 345–7.

- **Weyeneth N., Goodman S., Stanley W., Ruedi M., 2008.** The biogeography of *Miniopterus* bats (Chiroptera: Miniopteridae) from the Comoro Archipelago inferred from mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*, 17:5205–5219.

- **Xia X., 2018.** DAMBE7 : New and Improved Tools for Data Analysis in Molecular Biology and Evolution. *Mol. Biol. Evol.* 35 (6), 1550–1552.

- **Xing-Yi., Ning W., Wei Z., Ben H., Bei L., Yun-Zhi Z., Ji-Hua Z., Chu-Ming L., Xing-Lou Y., Li-Jun W., Bo Wang1, Yun Z., Zong-Xiao L., Zheng-Li S.,2016.** Coexistence of multiple coronaviruses in several bat colonies in an abandoned mineshaft. *Virologica Sinica* , 31 (1) ,31–40.

- **Yvan S., Inaki I., Pedro L., 2007.** A review of feature selection techniques in bioinformatics. *Bioinformatics*, 23 (19), 2507–2517.

- **Zeghib S., Herczeg R., Kemenesi1 G., Zana1 B., Kurucz K., Urbán P., Madai M., Földes F., Papp H., Somogyi1 B., Jakab1 F., 2019.** Genetic characterization of a novel picornavirus in Algerian bats: coevolution analysis of bat-related picornaviruses. *Scientific Reports*, 9, 15706.

Biblio-Web

Biblio-Web

Blast: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

DAMBE: <http://dambe.bio.uottawa.ca/DAMBE/dambe.aspx>

MEGA: <http://www.mybiosoftware.com/mega-5-05-molecular-evolutionary-genetics-analysis.html>

Fabox: <https://users-birc.au.dk/palle/php/fabox/>

Guide Network: https://www.fluxus-engineering.com/Network5000_user_guide.pdf

Annexes

Tableau: Les séquences d'ADN (Cytb et STAT5A) de différentes espèces extraites de la GenBank.

<i>Miniopterus aelleni</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	STAT5A	3	533	MN504151
	Cytb	1	1,116	MK799655
	Cytb	10	1,121	JF440225

<i>Miniopterus cf. aelleni B</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	14	1,114	KJ095143

<i>Miniopterus cf. aelleni A</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	6	1,114	KJ095129

<i>Miniopterus africanus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya et Ouganda	Cytb	1	1,049	MN064734
Comores	Cytb	1	525	EF363524

<i>Miniopterus ambohitrensis</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	1	1,014	MN504220
	STAT5A	1	533	MN504153

<i>Miniopterus australis</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Vanuatu	Cytb	1	525	AY614735
Australie	Cytb	1	354	AF217440
Amérique du Nord	STAT5A	1	466	AJ865401

<i>Miniopterus fraterculus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Afrique du sud	Cytb	40	1,131	MN790912
	Cytb	2	414	DQ899761
	Cytb	6	525	AY614755
	STAT5A	1	466	AJ865402
	Cytb	1	1,140	AJ841975
Swaziland	Cytb	1	414	EU091246

<i>Miniopterus fuliginosus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Japan	Cytb	1	1140	AB085735

<i>Miniopterus gleni</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	2	1010	MN504384
	STAT5A	2	533	MN504190
	Cytb	13	417	EU091250
	Cytb	20	1,124	JF440238

<i>Miniopterus griffithsi</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	1	1,014	MN504385
	STAT5A	2	533	MN504192
	Cytb	2	1,115	JF440240
	Cytb	3	397	FJ619518

<i>Miniopterus griveaudi</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Comores	Cytb	1	1140	FJ232802
Madagascar	cytb	1	718	JF440251
Comores	STAT5A	2	533	MN504194

<i>Miniopterus griveaudi griveaudi</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	6	1,125	FJ383145
Comores	Cytb	1	1,094	FJ383137
Comores	Cytb	3	1,125	FJ383137

<i>Miniopterus inflatus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Gabon	Cytb	1	390	MN849183
Comores	STAT5A	1	456	GU328382

<i>Miniopterus inflatus rufus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya	Cytb	1	1049	MN064735

<i>Miniopterus schreibersii</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Philippines	Cytb	1	1140	MK064109
Chine		1	1140	MF630868
Espagne		1	755	DQ120911
Japan		1	1140	AY208140
Papouasie Nouvelle Guinée		1	354	AF217444
Turkey		1	811	HM011051
Australie		1	354	AF217440
Comores	STAT5A	1	456	GU328383

<i>Miniopterus schreibersii pallidus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Palestine	Cytb	1	525	AY614736
Iran	Cytb	28	687	KJ575587
Azerbaïdjan	Cytb	3	456	GU290285
Turkey	Cytb	1	456	GU290283
Lebanon	Cytb	1	534	KJ535823

<i>Miniopterus schreibersii schreibersii</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Turkey	Cytb	3	456	GU290289
Georgia	Cytb	3	456	GU290287

<i>Miniopterus schreibersii villiersi</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Liberia	Cytb	3	390	MN849191

<i>Miniopterus sororculus</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	Cytb	2	1,014	MN504405
	Cytb	11	1,131	JF440286
	Cyt-b	1	1114	KJ095195
	Cyt-b	2	1125	DQ899773
	Cyt-b	3	414	DQ899774
	STAT5A	2	533	MN504215

<i>Miniopterus pusillus</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Inde	Cytb	1	1140	MW054888

<i>Miniopterus petersoni</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar	STAT5A	2	533	MN504213
	Cytb	8	1125	EU091258
	Cytb	2	397	EU091256
Chine	Cytb	1	1140	MN366288

<i>Miniopterus schreibersii blepotis</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Nouvelle Guinée	Cytb	1	354	AF217444

<i>Miniopterus sp. BBRA-2009c</i>				
Localisation	Gènes	Répétitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (1)	STAT5A	2	533	MN504155
	Cytb	23	1132	JF440229

<i>Miniopterus sp. BRA-2011</i>				
Localisation	Gènes	Répétitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (2)	STAT5A	2	494	MN504188
	Cytb	15	1140	HQ619945

<i>Miniopterus sp. clade 1 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya (1)	Cytb	32	1065	MN503247
	STAT5A	2	533	MN504157
Ouganda (1)	Cytb	1	1014	MN504267
	STAT5A	1	533	MN504160
Tanzania (1)	Cytb	8	1014	MN504266
	STAT5A	1	533	MN504159
Mozambique (1)	Cytb	1	1014	MN504258
	STAT5A	1	533	MN504158
Burundi	Cytb	1	1014	MN504226

<i>Miniopterus sp. clade 10 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya (2)	Cytb	10	1014	MN504378
	STAT5A	5	533	MN504186

<i>Miniopterus sp. clade 2 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Tanzania (2)	Cytb	5	1014	MN504291
	STAT5A	1	533	MN504163
Kenya (3)	Cytb	20	1014	MN504287
	STAT5A	2	533	MN504161

<i>Miniopterus sp. clade 3 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Répétitions	Taille (pb)	Locus
Uganda (2)	Cytb	1	1014	MN504293
	STAT5A	1	533	MN504164

<i>Miniopterus sp. clade 4 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Tanzania (3)	Cytb	4	1014	MN504316
	STAT5A	1	533	MN504168
Mozambique (2)	Cytb	2	1014	MN504315
Kenya (4)	Cytb	20	1014	MN504307
	STAT5A	2	533	MN504166
Mozambique (3)	STAT5A	1	533	MN504167

<i>Miniopterus sp. clade 5 TD-2020</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya (5)	Cytb	11	1014	MN504330
	STAT5A	3	533	MN504171

<i>Miniopterus sp. clade 6 TD-2020</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Malawi	Cytb	1	1014	MN504331
	STAT5A	1	533	MN504172

<i>Miniopterus sp. clade 7 TD-2020</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Uganda (3)	Cytb	1	1014	MN504351
Kenya (6)	Cytb	21	1014	MN504350
	STAT5A	3	533	MN504175

<i>Miniopterus sp. clade 8 TD-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Kenya (7)	Cytb	14	1014	MN504360
	STAT5A	3	498	MN504178

<i>Miniopterus sp. clade 9 TD-2020</i>				
Localisation	Genes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
République démocratique du Congo (1)	Cytb	5	1014	MN504370
	STAT5A	3	533	MN504181

<i>Miniopterus sp. Comoros clade 2</i>				
Localisation	Genes	Répétitions	Taille (pb)	Locus
Comores (1)	Cytb	3	1140	FJ232801

<i>Miniopterus sp. FMNH 167450</i>				
Localisation	Gènes	Répétitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (3)	Cytb	1	1125	FJ383132

<i>Miniopterus sp. FMNH 172602</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (4)	Cytb	1	1125	FJ383133

<i>Miniopterus sp. n. TM-2020</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Liberia	Cytb	5	390	MN849188

<i>Miniopterus sp. P3</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (5)	Cytb	1	1114	KJ095174

<i>Miniopterus sp. P4</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar(6)	Cytb	5	1114	KJ095179

<i>Miniopterus sp. P5</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar (7)	Cytb	3	1114	KJ095182
<i>Miniopterus sp. P6</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar(8)	Cytb	8	1114	KJ095190

<i>Miniopterus sp. P7</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar(9)	Cytb	1	1114	KJ095191

<i>Miniopterus sp. SMG-2014a</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar(10)	Cytb	1	1121	KM886100

<i>Miniopterus sp. X3</i>				
Localisation	Gènes	Repetitions	Taille (pb)	Locus
Madagascar(13)	Cytb	1	704	KJ095198