

**Étude phylogénique au sein du genre *Bertiera*
(Rubiaceae) en Afrique
&
conception et gestion de base de données des
Rubiaceae au Cameroun**

Par:

Charlemagne Nguembou Kamgang

Doctorant ph.D

Université de Yaoundé I (Cameroun)

& Université Libre de Bruxelles (Belgique)

Le genre *Bertiera*

- Ligneux à port variable (Herbacée, liane, arbrisseau et arbuste)
- Inflorescences variables, pseudocapitules à thyrsiques.
- Petites fleurs (< 25 mm de longueur & 2 mm de diamètre).
- Fruits, baies pluri-ovulaires, globuleux, succulentes, de 10 - 12 mm de diamètre, vert, bleu porcelaine, rouge à orangeâtre ou blanc à maturité.



1



2



3



4



5

- 1- *B. bicarpellata*
- 2- *B. laxa*
- 3- *B. racemosa*
- 4- *B. globiceps*
- 5- *B. retrofracta*

(Photos : Vincent Droissart)

Le genre *Bertiera*

- Présent dans le sous - bois des forêts primaires et secondaires.
- Distribution: Présent en Afrique et en Amérique Latine, 60 espèces reconnues dans le monde (Govaert et al, 2006)
- En Afrique, confiné à la Région Guinéo – Congolaise (White, 1979)
43 espèces recensées.

Pourquoi réviser le genre *Bertiera*?

- Grande variabilité des ports et des inflorescences (Nguembou & al., 2003).
- Position taxonomique encore non résolu (Robbrecht & al., 1994; Robbrecht & Manen, 2006, Davis & al., 2007).
- Grande variabilité intraspécifique par rapport à la variation interspécifique (Robbrecht & al., 1994; Nguembou & al., 2003).
- Dernière Révision du genre (Wernham, 1912).

Objectifs de l'étude

- *Préciser la délimitation taxonomique au sein du genre Bertiera en Afrique sur base morphologique.*
- *Vérifier s'il existe une ou plusieurs lignées évolutives au sein du genre, retracer le schéma de l'évolution des taxons.*

Objectifs de l'étude

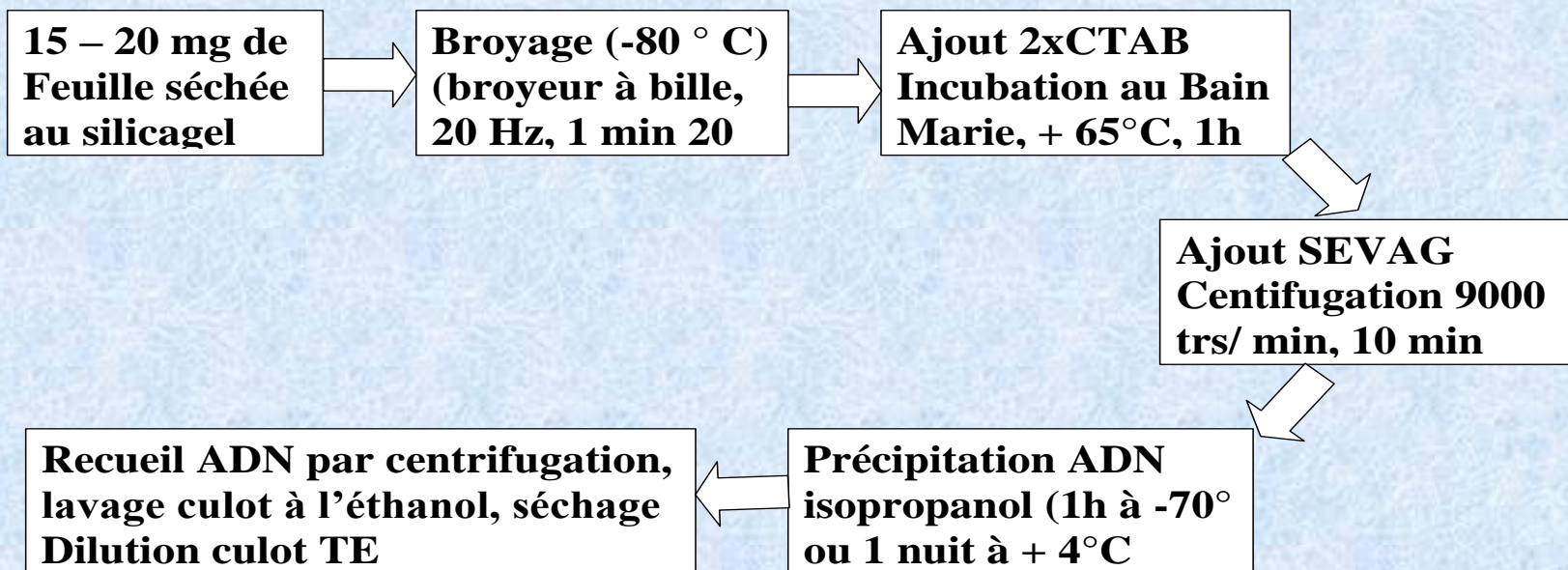
- *Identifier le ou les centres de diversité du genre en Afrique et expliquer les mécanismes de dispersion des taxons.*
- *Déterminer si les facteurs écologiques ont un effet sur la morphologie des espèces et déterminer de quelle est la réponse des taxons à cette influence.*

Méthodologie



M. Koffi Guillaume du Laboratoire d'Étho – Écologie Évolutive de l'ULB

➤ Extraction de l'ADN



Méthodologie

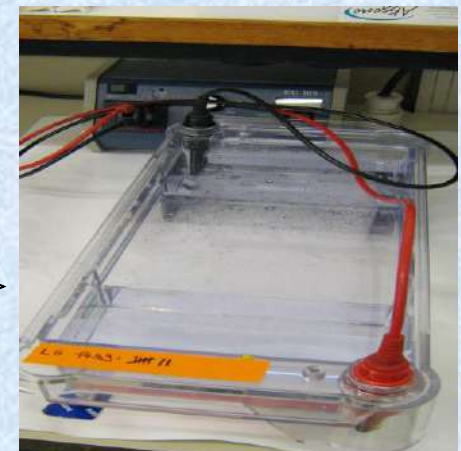
➤ Amplification de l'ADN

* La réaction d'amplification (PCR) en 40 cycles dans un thermocycleur PTC-100 (Bio-RAD) à partir des amorces universelles (Kress & al., 2005).



* La purification du produit PCR sur des colonnes à filtre.

* Vérification de la quantité d'ADN du produit purifié par électrophorèse sur gel d'agarose.



Méthodologie



➤ Séquençage de l'ADN

La lecture des séquences d'ADN opérée à l'aide d'une électrophorèse sur capillaire par un séquenceur de modèle ABI 3100 Applied Biosystems.

Résultats

- 30 échantillons en cours d'analyse, correspondant à 20 espèces et représentant 75% de la variabilité observée au sein du genre.
- 1 gène et cinq régions intergéniques testés (*rbcL*, *psbA – trnH*, *psbM – trnD*, *rpl36 – infA – rps8*, *trnL – F* et *trnC – ycf6*).
- Amplification sans succès de *trnL – F*.
- Séquençage avec succès du gène *rbcL*, *psbA – trnH* et *trnC – ycf6*.

SeqMan - [Alignment of Contig 1]

File Edit Sequence Contig Project SNP Net Search Window Help

450 460 470 480 490 500 510 520 530 540 550

Translate Consensus ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGYTGTTCA

NKC18_rbcL.q2k.abl (1>571) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC19_rbcL.p2k.abl (1>685) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGCCATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC19_rbcL.q2k.abl (44>659) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGCCATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC20_rbcL.p2k.abl (1>686) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC21_rbcL.p2k.abl (35>686) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC21_rbcL.q2k.abl (19>688) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC22_rbcL.p2k.abl (1>680) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC22_rbcL.q2k.abl (1>642) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC23_rbcL.p2k.abl (1>674) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC23_rbcL.q2k.abl (1>617) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC24_rbcL.p2k.abl (1>546) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC24_rbcL.q2k.abl (1>642) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC25_rbcL.p2k.abl (55>567) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC25_rbcL.q2k.abl (1>591) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC26_rbcL.p2k.abl (37>622) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC26_rbcL.q2k.abl (1>604) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC27_rbcL.p2k.abl (39>663) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC27_rbcL.q2k.abl (1>672) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC28_rbcL.p2k.abl (9>635) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC28_rbcL.q2k.abl (11>685) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC29_rbcL.p2k.abl (16>640) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC29_rbcL.q2k.abl (1>626) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC29_rbcL1.p2k.abl (3>517) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC30_rbcL.p2k.abl (1>637) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC30_rbcL.q2k.abl (1>677) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC3_rbcL1.p2k.abl (8>635) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC3_rbcL.p2k.abl (1>663) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC3_rbcL.q2k.abl (1>693) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC4_rbcL.p2k.abl (38>621) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC4_rbcL.q2k.abl (1>687) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC5_rbcL.p2k.abl (7>686) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC5_rbcL.q2k.abl (10>683) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC6_rbcL.p2k.abl (1>645) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC6_rbcL.q2k.abl (1>619) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC7_rbcL.p2k.abl (1>620) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC7_rbcL.q2k.abl (1>617) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC8_rbcL1.p2k.abl (7>542) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC8_rbcL.p2k.abl (2>666) ← ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC8_rbcL.q2k.abl (1>675) → ATAAGCA-ATAAATTTGCTCTTCTTCTCCAGGAACTGGCTCGATGTGATAGCATCGCCCTTTGTAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC9_rbcL.p2k.abl (173>497) ← ATAA-CATATATATTGATTTTCTTCTCCAGCAACGGGCTCGATGTGTAGCATCGTCTTCTTGTAAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

NKC9_rbcL.q2k.abl (1>514) → ATAA-CATATATATTGATTTTCTTCTCCAGCAACGGGCTCGATGTGTAGCATCGTCTTCTTGTAAACGATCAAGGCTGGTAAGCCCATCGGTCCACACAGCTGTCCA

Unspecified Search

Démarrer Yahoo! Messenger Mes images Microsoft Excel - haplne... SeqMan - [Alignment ... Doc1.doc - Microsoft Word FR << 11:50

Portion de séquence, en rouge les sites polymorphes pour le gène *rbcL*

SeqMan - [Alignment of Contig 1]

File Edit Sequence Contig Project SNP Net Search Window Help

Position: 54 475 bp

120 130 140 150 160 170 180 190 200 210 220

Translate Consensus GGAKGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGgaatctaKGAT

NKC18_trnC.p2k.abl(1>354) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC18_trnC.q2k.abl(1>343) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC19_trnC.p2k.abl(29>366) → GGAGGGCGTTATTATTAATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTTGAATATAGGAT

NKC19_trnC.q2k.abl(11>365) ← GGAGGGCGTTATTATTAATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTTGAATATAGGAT

NKC1trnC1.q2k.abl(59>361) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC20_trnC.p2k.abl(1>343) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC21_trnC.p2k.abl(41>346) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC21_trnC.q2k.abl(8>351) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC22_trnC.p2k.abl(50>207) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC22_trnC.q2k.abl(70>359) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC23_trnC.p2k.abl(1>340) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC23_trnC.q2k.abl(1>349) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC24_trnC.p2k.abl(1>338) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC25_trnC.p2k.abl(1>340) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGG-TTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC25_trnC.q2k.abl(1>346) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC26_trnC.p2k.abl(1>339) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC26_trnC.q2k.abl(40>368) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC27_trnC.p2k.abl(1>277) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC27_trnC.q2k.abl(1>337) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC28_trnC.p2k.abl(39>346) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC28_trnC.q2k.abl(12>344) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC29_trnC.p2k.abl(32>327) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC29_trnC.q2k.abl(1>330) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC2trnC1.p2k.abl(1>339) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTGGAATCTAGGAT

NKC30_trnC.p2k.abl(1>344) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC30_trnC.q2k.abl(1>329) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC3trnC1.p2k.abl(1>339) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC3trnC1.q2k.abl(1>331) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC3_trnC.p2k.abl(50>354) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC3_trnC.q2k.abl(6>359) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC4_trnC.p2k.abl(1>339) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCG-----TTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC4_trnC.q2k.abl(1>343) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCG-----TTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC6_trnC.p2k.abl(1>370) → GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC6_trnC.q2k.abl(1>353) ← GGATGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCTGGAATCTAGGAT

NKC7_trnC.p2k.abl(8>332) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----GAT

NKC7_trnC.q2k.abl(1>362) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC8trnC1.p2k.abl(1>341) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC8trnC1.q2k.abl(24>333) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC8_trnC.q2k.abl(12>338) → GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT

NKC9_trnC.q2k.abl(60>340) ← GGAGGGCG---CTATT--TATTAATGCTTGTGGATTGCAAGCATTCCGGTGGCGTTTTTGAAGTGGTTTTTTTGAAGAGATTGTAATCTCT-----TGAT---AT

Unspecified Search

Démarrer Yahoo! Messenger Mes images Microsoft Excel - haphe... SeqMan - [Alignment ... FR 11:35

Portion de séquence, en rouge les sites polymorphes pour le locus *trnC*

Intérêts du stage pour la taxonomie au Cameroun

- Peu de taxonomistes au Cameroun.

37 volumes de la flore du Cameroun, un seul écrit par un taxonomiste camerounais (les Araceae, Nyame Ntepe).

- Traitement partielle de la flore du Cameroun sur les Rubiaceae (Sonké et al.).
- Quasi inexistence d'étude phylogénique par des taxonomistes camerounais: *Rinorea* (Violaceae). (Achoundong et al., 2005).

Intérêts du stage pour la taxonomie au Cameroun

➤ Collaboration scientifique:

- * Contribution par collecte des spécimens.
- * étude aspects écologiques comme compléments et/ou support aux résultats de phylogénie.

➤ Enseignement:

- * Élaboration d'un cours sur la Taxonomie et la phylogénie.

Conception et gestion d'une base de données des Rubiaceae au Cameroun

A suivre ?

Remerciements

- Au point focal de la Belge «Global Taxonomy Initiative»
.
- Au Prof Olivier Hardy et ses collaborateurs du Service d'Étho – Écologie Évolutive de l'ULB.
- Au Bureau des Relations Internationales de l'ULB.
- Au Prof Jean Lejoly du Laboratoire du Botanique systématique et de Phytosociologie de l'ULB.

Je vous remercie pour votre attention

