



Université Mohamed Khider de Biskra
Faculté des sciences exactes et des sciences de la nature et de la vie
Département des Sciences de La Nature et de la vie
Filière : Sciences Biologiques

MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : Biochimie Appliquée

Présenté et soutenu par :
Berrhaile Sirine, Kellali wissal taous

Le lundi 10 juin 2024

Génome mitochondrial et évolution phylogénétique des Acridomorphes

Jury :

| | | | | |
|-------------|--------------------------|------------|-----------------------------|-------------------|
| M. | Moussi Abdelhamid | Pr | Université de Biskra | Rapporteur |
| Mme. | Benrezak Sara | MAB | Université de Biskra | Président |
| Mme. | Mejadba Aicha | | Université de Biskra | Examineur |

Année universitaire : 2023 - 2024

Remerciements

Tout d'abord, nous tenons à remercier le Dieu tout-puissant qui nous a donné la santé, la volonté, le courage et la patience nécessaires pour mener à bien notre projet.

*Nous a donné la santé, la volonté, le courage et la patience pour compléter
Notre formation et de pouvoir mener à bien ce travail de recherche.*

Nous voudrions exprimer ma profonde gratitude au professeur Moussi

*Ainsi que pour ses conseils, sa gentillesse et sa confiance, qui a été déterminants
dans la réalisation de ce travail.*

Je n'oublierai pas de remercier les membres des jurys.

Ma famille, mes parents, mes sœurs et frères ainsi

Que mes amis de la promotion 2023/2024 de Master.

Dédicaces

Je dédie respectueusement mon diplôme et ma joie à celle qui a fait de moi une femme. À ma mère, je voudrais exprimer ma plus profonde gratitude. Ta patience, ton amour inconditionnel et ton soutien constant ont été une source de force et de motivation tout au long de mon parcours. Merci de m'avoir encouragée, d'avoir cru en moi et d'avoir toujours été à mes côtés, même dans les moments les plus difficiles. Ta présence et tes sacrifices ont rendu cette réalisation possible. Merci du fond du cœur.

À l'esprit de ma chère grand-mère, qu'elle repose en paix. Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à ma grand-mère dont l'amour et le soutien continuent de m'inspirer chaque jour, même après sa disparition. Sa sagesse, sa gentillesse et ses encouragements ont laissé une trace indélébile dans ma vie. Merci grand-mère, pour tout ce que tu as fait pour moi. Tu me manques tous les jours. Que dieu te bénisse.

À mes merveilleux frères, Ayman et Khalil, sources de force dans ma vie

À ma sœur, ton soutien indéfectible, ta sagesse et tes encouragements ont été une source de force pour moi tout au long de mon parcours. Merci pour ta présence rassurante, pour avoir cru en moi et pour m'avoir guidée avec tant de bienveillance. Je te suis infiniment reconnaissante pour tout ce que tu as fait pour moi.

Sans oublier mon binôme

A tous ce que j'aime et ceux qui m'aiment.

Berrhail sirine

Je dédie cette réussite à la petite fille de six ans en moi, gardienne de ce rêve pour lequel elle s'est sacrifiée. Aujourd'hui, elle est si fière de ce quelle est devenue. Je suis reconnaissante pour mes succès, mes échecs, et ma force. Oui, je suis fière de moi.

Ce jour marque la fin des cinq années les plus belles et les plus difficiles de ma vie. Le chemin n'a pas été court, et il n'aurait pas dû l'être. Grâce à Dieu, je vis aujourd'hui un rêve longtemps attendu, désormais réalité dont je suis immensément fière.

À mon ange pur, ma force après Dieu, mon premier et éternel soutien, au sens de l'amour, de la vie, du sacrifice et du dévouement, à la chérie de mon cœur et à la compagne de ce chemin difficile, au sourire de l'existence, à celle dont les prières ont été le secret de mon succès et les tendresses le baume de mes blessures, à ce que j'ai de plus précieux, ma mère.

À celui qui m'a soutenu sans limites et donné sans compter, à mon modèle, à mon mentor, qui a insufflé dans mon cœur et mon esprit l'amour de la science, le désir de réussir et l'esprit de compétition, à mon grand-père Taher Kellali.

À celui qui m'a appris la patience, qui m'a montré comment me relever après une chute et essayer de nouveau, à mon père qui, loin des yeux, près du cœur.

À celle qui m'a tendu inlassablement la main dans mes moments de faiblesse, qui a cru en mes capacités, ma sœur Ghosn Elban.

À celle qui me rappelle ma force et se tient derrière moi comme une ombre, ma petite sœur Mouna

À mon soutien, mon refuge et mon espoir permanent, mes frères, Mouchir et Lotfi.

À mon âme sœur et meilleure amie, celle qui m'a encouragée et soutenue, qui a participé à cette victoire, Sirine.

Merci à vous tous, pour votre amour, votre soutien, et vos prières. Vous avez rendu ce rêve possible.

Clarification

Nous avons utilisé divers outils pour la rédaction du manuscrit de ce mémoire de master. Parmi ces outils, nous avons utilisé des sites de traduction ainsi que des outils d'intelligence artificielle pour améliorer la formulation des phrases et corriger les erreurs linguistiques et grammaticales.

Table des matières

Liste des tableaux I
Liste des figures II
Liste des abréviations III
Introduction 1

Partie bibliographique

Chapitre 01

Généralités sur la mitochondrie et le génome mitochondriale

1. Mitochondrie..... 3
 1.1. Définition..... 3
 1.2. Structure..... 3
 1.2.1. Membrane externe..... 3
 1.2.2. Membrane interne 3
 1.3. Fonction..... 3
 1.3.1. Production d'énergie 3
 1.3.2. Homéostasie du Ca²⁺ 3
2. Génome mitochondriale 3
 2.1. Définition..... 3
 2.2. Évolution 4
 2.2.1. Taille 4
 2.2.2. Origine 4
 2.3. Structure et composition..... 5
 3.3. Expression des gènes mitochondriaux 5

Chapitre 02

Acridomorphe

1. Définition 6
2. Taxonomie 6
3. Morphologie 6
 3.1. Externe 6

3.2. Interne:.....7
 4. Biologie8

Chapitre 03

Etude phylogénétique

1. Phylogénie
 2. Arbre phylogénétique9
 2.1. Anatomie de l'arbre phylogénétique9
 2.2. Représentations graphiques de l'arbre phylogénétique**Error! Bookmark not defined.**
 2.3. Construction de l'arbre phylogénétique9
 2.3.1. Méthodes de caractère9
 2.3.2. Méthode de distance9
 3. Phylogénie de genre *Acridomorpha*9

Partie expérimentale

Chapitre 01

Méthodologie

1. Téléchargement des séquences et identification des espèces13
 2. Construction de l'arbre phylogénétique13
 2.1. NGPhylogeny13
 2.1.1. Alignement multiple des séquences13
 2.1.2. Ajustement de l'alignement14
 2.1.3. Construction de l'arbre phylogénétique14
 2.1.4. Visualisation de l'arbre14
 3. Lecture des groupes et clades de l'arbre phylogénétique13
 3.1. Groupe monophylétique13
 3.2. Groupe paraphylétique14
 3.3. Groupe polyphylétique14

Chapitre 02

Résultats et discussion

1. Téléchargement des séquences20
 2. Construction de l'Arbre Phylogénétique20

2.1. Alignement des séquences**Error! Bookmark not defined.**

2.2. Reconstruction de l'arbre20

Conclusion44

Liste Bibliographique.....45

Résumé

Liste des tableaux

Tableau 1. Taille de quelques génomes mitochondriaux4

Tableau 2. Séquences téléchargées depuis de GenBank20

Liste des figures

Figure 1. Organisation du génome mitochondrial.....5

Figure 2. Morphologie externe d'un *acridien*.....7

Figure 3. Morphologie interne des *acridiens*7

Figure 4. La succession des états biologiques8

Figure 5. Exemple d'une arbre phylogénétique.....9

Figure 6. Les différentes représentations d'un arbre phylogénétique.9

Figure 7. Les paramètres de téléchargement des séquences par la plate forme GenBank 13

Figure 8. Fichier forma fasta 13

Figure 9. Interface de la plateforme NGphylogeny..... 14

Figure 10. Outil MAFFT sur le service web NGPhylogeny 13

Figure 11. Outil iTOL sur le service web NGPhylogeny 13

Figure 12. Schéma représente d'arbre monophylie..... 13

Figure 13. Schéma représente le groupe d'arbre paraphylie 14

Figure 14. Schéma représente Groupe d'arbre Polyphylie..... 14

Figure 15. Exemple d'alignement des séquences par l'ogiciel Mega 1121

Figure 16. Classification de l'arbre phylogénétique au niveau de familles20

Figure 17. Résultats de l'analyse des Acridomorphe sur l'arbre phylogénétique par inférence bayésienne20

Liste des abréviations

| | |
|-----------------|--|
| D-Loop: | Displacement loop |
| BMGR: | Block mapping and Gathering with eutropt |
| UPGMA: | Urweighted pair group method with arithmetic |
| NJ: | Neighbor jining |
| BLAST: | Basic local alignement search tool |
| MSA : | Multiple sequence alignement |
| SI : | Information système |
| Trimal : | Triming alignments |
| PB : | Paires de base |

Introduction

Introduction

L'étude du génome mitochondrial a changé notre compréhension de l'évolution et de la diversification des espèces (Li et *al.*, 2022). Ce petit génome, différent du génome nucléaire et hérité de manière maternelle, offre un outil puissant pour retracer les lignées évolutives et les relations phylogénétiques (Lavrov et *al.*, 2016). Chez les Acridomorphes, un taxon diversifié de sauterelles comprenant plus de 19894 espèces réparties mondialement (Cigliano M et *al.*, 2024), l'analyse du génome mitochondrial permet de décrypter des aspects clés de leur évolution et de leur biogéographie (Françoso et *al.*, 2020).

Les Acridomorphes, appartenant à l'ordre des Orthoptères, présentent une grande diversité morphologique et écologique, s'adaptant à une variété de niches environnementales (Song, 2018). Cette diversité a suscité de nombreuses questions sur les mécanismes évolutifs qui soutiennent leur radiation adaptative et les relations phylogénétiques entre les différentes sous-familles et espèces.

L'analyse phylogénétique est une méthode puissante utilisée pour étudier les relations évolutives entre les espèces (Jarabo, 2014). Dans le contexte des Acridomorphes, elle permet de reconstruire les arbres phylogénétiques en comparant les séquences génomiques, en particulier les séquences du génome mitochondrial (Rokas, 2011).

Dans cette étude, nous explorons la diversité génétique et les relations phylogénétiques des Acridomorphes en utilisant les séquences mitochondriales. Notre objectif est d'élaborer un arbre phylogénétique des Acridomorphes à partir des séquences mitochondriales issues de la GenBank, pour mettre les relations au sein de ce groupe.

Ainsi, ce travail s'articule autour de plusieurs axes principaux : d'abord, une revue de la littérature sur le génome mitochondrial, une présentation détaillée des Acridomorphes, leur classification et leur diversité, l'étude phylogénétique et les méthodes de construction de l'arbre phylogénétique. Ensuite, la méthodologie employée pour rechercher et sélectionner les séquences de génome mitochondrial des différentes espèces des Acridomorphes disponibles dans GenBank. Puis, nous utiliserons des outils bioinformatiques pour aligner et traiter ces séquences, afin de construire un arbre phylogénétique représentant l'histoire évolutive du genre Acridomorpha, et

Finalelement, une discussion des résultats obtenus. Les résultats de cette étude contribueront à une meilleure compréhension des mécanismes évolutifs qui ont façonné la diversité actuelle des Acridomorphes et fourniront un cadre pour de futures recherches dans ce domaine.

Partie bibliographique

Chapitre 1

Généralités sur la
mitochondrie et le génome
mitochondriale

1. Mitochondrie

1.1. Définition

Les mitochondries, présentes dans toutes les cellules eucaryotes sauf les globules rouges, sont des organites oblongs mesurant de 1 à 2 à 10µm de longueur et de 0,5 à 1µm de largeur. Leur nombre par cellule chez l'homme varie de 500 à 2000, selon le type cellulaire et les besoins énergétique (Hammam, 2012).

1.2. Structure

1.2.1. Membrane externe

La membrane externe (MME) contient des enzymes pour la biosynthèse des acides gras et interagit avec d'autres organites via la MAM, permettant le partage de fonctions telles que la signalisation du calcium et le transfert de lipides (Nunnari et *al.*, 2012).

1.2.2. Membrane interne

La MMI est essentielle pour assembler les complexes respiratoires, transporter les lipides et les protéines mitochondriales. Elle régule aussi la diffusion ionique, créant le gradient de protons nécessaire à la phosphorylation de l'ATP (Nunnari et *al.*, 2012).

1.3. Fonction

1.3.1. Production d'énergie

La chaîne respiratoire transfère les électrons via des réactions redox et comprend cinq complexes protéiques transmembranaires. Ces complexes sont essentiels pour la production d'ATP par la mitochondrie en présence d'oxygène (Saneto et *al.*, 2013).

1.3.2. Homéostasie du Ca²⁺

Les mitochondries contrôlent les niveaux de Ca²⁺ cytoplasmique avec le réticulum endoplasmique, ce qui influence de nombreux processus essentiels comme le cycle de Krebs, l'apoptose, la transmission neuronale et la contraction musculaire lisse (Picard et *al.*, 2013).

2. Génome mitochondriale

2.1. Définition

Le génome mitochondrial est une molécule circulaire d'ADN double brin contenant 37 gènes pour la chaîne respiratoire, avec une région non codante appelée D-Loop contenant l'origine de réplication et les promoteurs des brins (Annabelle et *al.*, 2011).

Chapitre 1 Généralités sur la mitochondrie et le génome mitochondriale

2.2. Évolution

2.2.1. Taille

Les génomes mitochondriaux varient en taille et en organisation chez les eucaryotes. Chez les mammifères, le génome est compact (16 à 20 kpb) (Figure 1). Avec des copies d'ADN circulaire, tandis que chez les plantes (Tableau 01), il est plus grand (200 à 2400 kpb) et comprend de l'ADN circulaire et linéaire. Les plantes ont un taux de mutation 100 fois plus faible que les animaux, évoluant principalement par recombinaisons génétiques, tandis que les animaux évoluent principalement par mutations (Samouelian et *al.*, 2009).

Tableau 1. Taille de quelques génomes mitochondriaux (Samouelian et *al.*, 2009).

| | Espèce | Taille (kpb) | Nb. Gène |
|----------------------|--------------------------------------|--------------|----------|
| Homme | <i>Homo sapiens</i> | 16 | - |
| Algue rouge | <i>Chondrus crispus</i> | 25.8 | 51 |
| Levure | <i>Schizosaccharomyces cervisiae</i> | 78 | - |
| Hépatique(bryophyte) | <i>Marchantia polymorpha</i> | 186 | 94 |
| Arabette | <i>Arabidopsis thaliana</i> | 366 | 58 |
| Betterave | <i>Beta vulgaris</i> | 386 | - |
| Melon | <i>Cucumis mays</i> | 2400 | - |
| Insect | <i>Locusta migratoria</i> | 15902 | - |

2.2.2. Origine

La théorie de l'endosymbiose suggère que les mitochondries et les chloroplastes dérivent de procaryotes ayant été phagocytés par des cellules hôtes primitives il y a environ 1200 millions d'années pour les mitochondries et 900 millions d'années pour les chloroplastes (Shiha et *al.*, 2013). Les mitochondries, probablement liées à une lignée de protéobactéries de type α (Gray et *al.*, 1999). Les mitochondries sont des organites semi-autonomes produisant de l'énergie sous forme d'ATP en oxydant les glucides. Elles sont issues d'une symbiose entre des cellules primitives et des α -protéobactéries, possédant leur propre ADN mais transférant certains gènes au génome nucléaire de l'hôte, suggérant une co-évolution entre les deux génomes (Saccone et *al.*,

Chapitre 1 Généralités sur la mitochondrie et le génome mitochondriale

2006). La coévolution entre les génomes mitochondrial et nucléaire est parfois difficile à démontrer (Zhang et *al.*, 2013).

2.3. Structure et composition

La matrice mitochondriale contient de multiples copies de l'ADN mitochondrial (ADN mt) et des éléments nécessaires à sa réplication et à son expression. Cet ADN mitochondrial, molécule circulaire double brin de 16,5 kb (Figure 1).Dépourvue d'histones, est structuré en complexes protéiques nucléaires appelés nucléoïdes, contenant chacun une dizaine de molécules d'ADN mitochondrial (Legros et *al.*, 2004) (Satoh et *al.*, 1991). Il présente a peu de régions non codantes, mais il comporte deux exceptions, dont une région de contrôle de 1200 pb appelée D-Loop avec une structure en triple brin, comprend des séquences clés pour la régulation de la réplication et de la transcription, dont une région de 30 pb pour l'origine de réplication du brin léger. Les gènes sont les mêmes chez tous les mammifères étudiés (Saccone, 2000) (Macino et *al.*, 1980)L'ADNmt contient 37 gènes codant pour 13 protéines des complexes I II III IV V de la chaîne respiratoire, 22 ARN de transfert et deux ARN ribosomiques (Anderson, et *al.*, 1987).

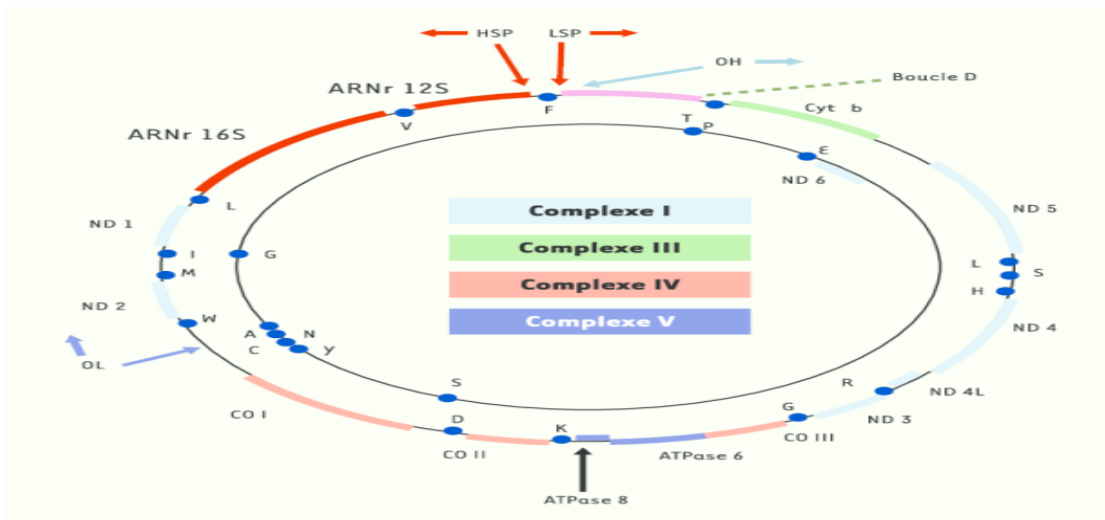


Figure 1. Organisation du génome mitochondrial (May-Panloup et *al.*, 2013).

3.3. Expression des gènes mitochondriaux

La diversité des génomes mitochondriaux ne semble pas influencer le nombre de gènes identifiés, qui reste similaire entre les organismes. Ces gènes codent pour des protéines, des ARN ribosomiques ou des ARN de transfert. Les plantes ont plusieurs promoteurs pour la transcription du génome mitochondrial, contrairement aux vertébrés et à l'algue *C. crispus*. Des ORF non

Chapitre 1 Généralités sur la mitochondrie et le génome mitochondriale

exprimées résultent de recombinaisons intergénomiques. Les ARN messagers mitochondriaux subissent une maturation par édition, et la traduction varie selon les organismes, avec un code génétique modifié dans certains cas (Samouelian et *al.*, 2009).

Chapitre 2

Acridomorphe

1. Définition

Les Acridomorphes sont des insectes terrestres de taille moyenne à grande, souvent connus sous les noms de sauterelles, criquets et grillons, bien que certains groupes n'aient pas de désignation commune. Ils sont parfois des ravageurs majeurs en agriculture en raison de leur appétit, leur capacité à se nourrir de nombreuses plantes, leur haute fécondité et leur aptitude à se déplacer en masse sur de longues distances. Leur répartition est mondiale, avec une diversité plus marquée dans les régions tropicales. Ces insectes possèdent des antennes courtes et sont particulièrement nuisibles dans les zones agricoles (Latchininsky et *al.*, 1992).

2. Taxonomie

Acrodiorpha est un groupe d'insectes créé par MacLeay en 1821 de rang de nanoordre appartenant à l'infraordre Acrididea Targioni-Tozzetti, 1882, au sous-ordre Caelifera Ander, 1936, et à l'ordre Orthoptera Latreille, 1810. Acrodiorpha regroupe, selon un ordre croissant, 1 458 sous-espèces, lesquelles représentent 10 327 espèces. Ces espèces appartiennent à 2 216 genres, eux-mêmes répartis en 63 tribus. Ces tribus sont classées dans 88 sous-familles, qui appartiennent à 29 familles, regroupées en 8 super-familles (MacLeay, 1821), (Cigliano M et *al.*, 2024). Acridomorpha est donc un groupe taxonomique très riche, témoignant d'une grande diversité biologique au sein des insectes.

3. Morphologie

3.1. Externe

Les membres d'Acridomorpha présentent des caractéristiques morphologiques typiques des sauterelles et des criquets. Leur corps, généralement allongé, est divisé en trois parties : la tête, le thorax et l'abdomen (Figure 2). Le thorax est muni de trois paires de pattes et de deux paires d'ailes. Les pattes postérieures sont puissantes et adaptées au saut. Les ailes antérieures, appelées tegmina, sont généralement plus étroites et résistantes, tandis que les ailes postérieures sont larges et membraneuses, permettant un vol efficace. Leur tête est souvent dotée de grands yeux composés, et leurs antennes sont relativement courtes comparées à celles d'autres orthoptères comme les Ensifera. Leurs pièces buccales sont de type broyeur, adaptées à leur régime alimentaire principalement herbivore. Les couleurs et les motifs peuvent varier considérablement,

allant du vert ou brun terne à des couleurs vives et des motifs élaborés, souvent utilisés pour le camouflage ou pour éloigner des prédateurs (Mestre, 1988; JAGO, 1963).



Figure 2. Morphologie externe d'un *acridien* (Lecoq, 2012).

3.2. Interne:

Les Acridomorpha, comme la plupart des insectes (Figure 3), possèdent un squelette externe chitineux et un système circulatoire ouvert. Leur système respiratoire est constitué de trachées reliées à des sacs aériens, et la respiration se fait par des stigmates situés sur les côtés de l'abdomen. Leur système nerveux comprend des ganglions cérébraux et une chaîne nerveuse ventrale. Le système digestif est divisé en trois parties distinctes, assurant une digestion efficace (Uvarov, 1966).

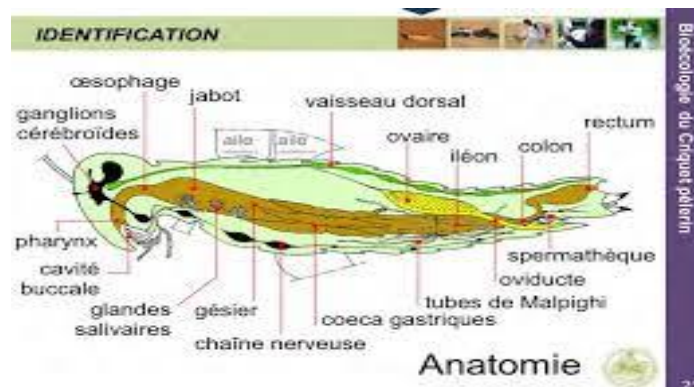


Figure 3. Morphologie interne des *acridiens* (Lecoq, 2012)

4. Biologie

Sur le plan biologique, les Acridomorphes sont essentiellement herbivores et se nourrissent principalement de diverses plantes, ce qui peut les rendre nuisibles dans les zones agricoles en raison des dommages qu'ils peuvent causer aux cultures. Leur cycle de vie comprend généralement trois stades principaux: l'œuf, la nymphe (ou larve) et l'adulte. Les œufs sont souvent pondus en grappes dans le sol ou rarement dans les tissus végétaux, et les nymphes ressemblent aux adultes mais n'ont pas d'ailes complètement développées. Les Acridomorpha sont également connus pour leurs capacités migratoires. Certaines espèces, comme le criquet pèlerin (*Schistocerca gregaria*), peuvent former de vastes essaims migrateurs qui traversent de grandes distances, dévorant la végétation sur leur passage et causant une dévastation agricole considérable. Les comportements de communication comprennent souvent la stridulation, où les insectes frottent certaines parties de leur corps pour produire des sons utilisés pour attirer les partenaires ou avertir les rivaux. Les cycles de vie et les comportements reproductifs peuvent varier en fonction des conditions environnementales, certaines espèces étant capables d'entrer en diapause (période de dormance) pour survivre à des conditions défavorable (site web 2).

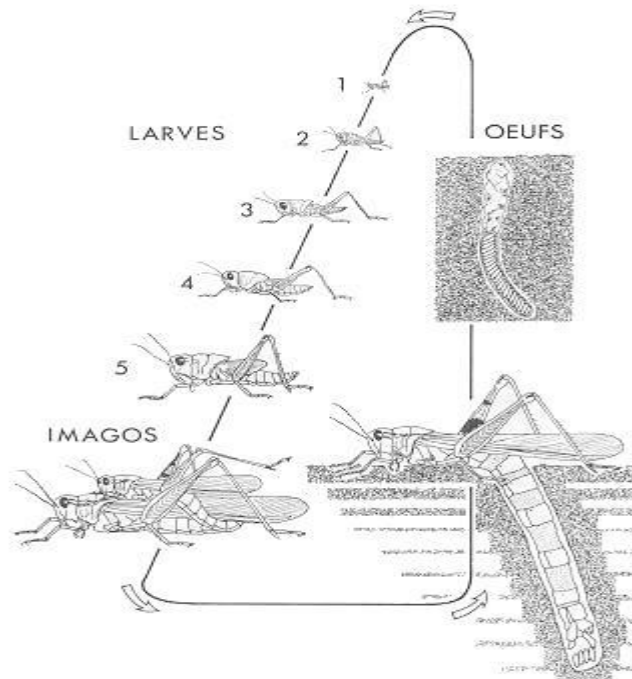


Figure 4. Succession des états biologiques (site web 2).

Chapitre 3

Etude phylogénétique

1. Phylogénie

La phylogénie consiste en l'étude de la succession d'un ensemble de taxons, comme les espèces, partir de leurs ancêtres communs, incluant l'ordre de ramification et parfois les périodes de divergence (Patwardhan et *al*, 2014).

La phylogénie moléculaire est une discipline scientifique qui utilise les séquences d'ADN et d'ARN pour obtenir des informations sur l'histoire évolutive des êtres vivants (Lopez et *al*, 2002).

2. Arbre phylogénétique

Un arbre phylogénétique, aussi appelé cladogramme, est un schéma ramifié qui représente les relations évolutives entre des groupes d'être vivants (Chaput, 2024).

Il s'agit d'un outil visuel puissant utilisé par les biologistes pour retracer l'histoire de la vie sur terre et comprendre la diversité des espèces.

2.1. Anatomie de l'arbre phylogénétique

L'anatomie phylogénétique d'un arbre est composée de divers éléments essentiels qui permettent de représenter les interactions évolutives entre diverses espèces. L'ancêtre (la racine) commun le plus récent est au sommet de l'arbre, les branches représentent les lignées évolutives différentes (Figure 5). Les points de divergence où des espèces différentes ont émergé sont les nœuds de l'arbre, tandis que les branches terminales, aussi connues sous le nom de taxons, représentent les espèces individuelles. Le degré de divergence génétique ou d'évolution entre les espèces peut être mesuré par les distances entre les branches (Chaput, 2024).

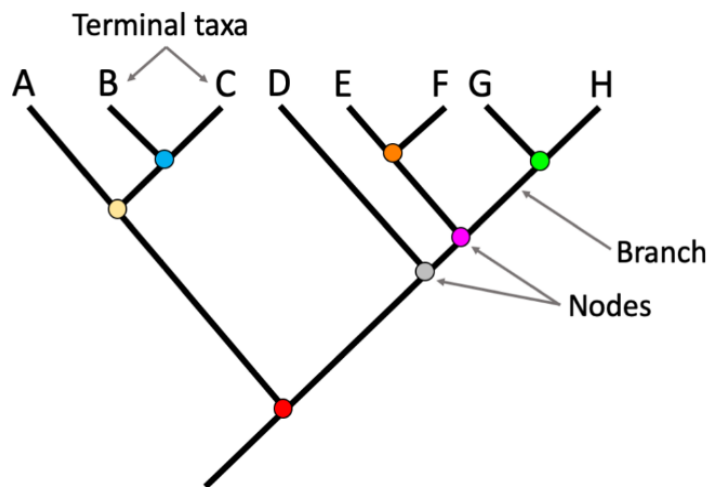


Figure 5. Exemple d'une arbre phylogénétique (site web 1).

Cladogramme: le type le plus simple. Représente uniquement la relation de parenté entre les taxons (figure 5), sans indiquer les distances évolutives. Ce type est utilisé pour illustrer la relation hiérarchique entre les groupes d'organismes (Willis, 2019) (Figure 5. A1, A2, A3).

Dendrogramme: similaire à un cladogramme, mais avec l'indication des distances évolutives approximatives entre les taxons. Les branches sont généralement plus longue pour les groupes plus éloignés les uns des autres. Ils sont souvent utilisés en biologie moléculaire informatique pour illustrer la ramification basée sur la mise en cluster de gènes ou de protéines (Raveendran et *al*, 2020).

Les phénogrammes: se concentre sur les ressemblances phénotypiques entre les taxons. ne représente pas nécessairement la relation évolutives exactes, mais peut être utile pour regrouper les taxons en fonction de leurs similitudes.

Les phylogrammes: représentent un arbre phylogénétique à échelle où les branches sont en proportion du degré de divergence évolutive entre elles. Par exemple, on peut mesurer la longueur d'une branche en fonction du nombre de substitutions nucléotidiques qui y sont présentes. Les échanges ont eu lieu entre les points de connexion connectés (Choudhuri, 2014)(Figure 6).

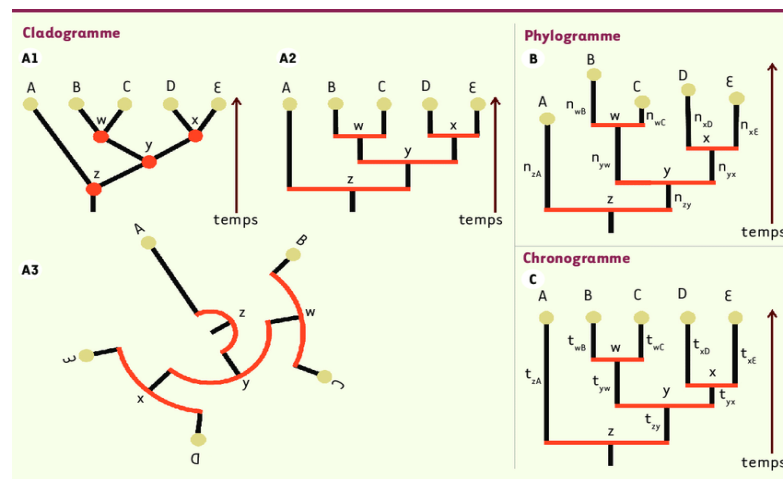


Figure 6. Les différents types d'arbres phylogénétiques (Casane et *al.*, 2012).

Un arbre phylogénétique peut être :

Arbre enraciné: c'est un schéma pratique qui montre l'histoire évolutive, il possède une racine claire qui représente le dernier ancêtre commun universel, cette racine est à partir de

Laquelle les autres groupes taxonomiques sont descendus et ont divergé au fil du temps. Comme il est évident que l'arbre enraciné symbolise l'évolution du temps, il est aisé de mettre en évidence les groupes plus anciens ou plus récents qu'il renferme (Choudhuri, 2014).

Arbre non enraciné: ce diagramme phylogénétique ne possède pas de racine définie, ce qui signifie que l'ancêtre commun n'est pas identifié. Ce genre d'arbre n'est pas le point de départ de l'évolution des groupes d'intérêt. Il ne représente quelle rapport entre les organismes, quelque soit le sens de la ligne temporelle évolutive. Il est donc difficile d'analyser les rapports évolutifs des groupes au temps à l'aide d'un arbre non raciné (Graham et *al.*, 2022).

2.3. Construction de l'arbre phylogénétique

La construction d'un arbre phylogénétique peut être réalisée à l'aide de divers logiciels disponibles en ligne, tels que NG-phylogeny et Phylogeny, parmi d'autres. Plusieurs méthodes d'inférence phylogénétique peuvent être appliquées pour obtenir l'arbre le plus représentatif des données. Ces méthodes peuvent être regroupées en deux grandes catégories, chacune offrant des approches distinctes pour la génération de l'arbre phylogénétique.

2.3.1. Méthodes de caractère

La méthode de la maximum parcimonie, le maximum de vrais semblance et la méthode bayésienne peuvent être utilisées directement pour l'inférence de l'arbre phylogénétique. Les deux dernières sont les plus fréquemment employées car elles reposent sur des modèles évolutifs avancés qui reposent sur des méthodes statistiques (Horiike, 2016).

2.3.2. Méthode de distance

Cette méthode utilise une matrice de distance évolutive. Son avantage c'est la rapidité de calcul, ce qui permet de traiter une grande quantité des données. Les méthodes représentatives sont les méthodes UPGMA (Unweighted Pair Group Methodwith Arithmetic) et NJ (Neighbor-Joining) (Wang, 2019).

3. Phylogénie de genre *Acridomorpha*

La phylogénie des *Acridomorpha* vise à comprendre les relations évolutives entre les différentes espèces de ce groupe. Les relations évolutives au sein du *Acridomorpha* ont été étudiées de manière approfondie à l'aide de diverses méthodes. Des analyses phylogénétiques basées sur les séquences des sous-unités du cytochrome oxydase mitochondriale ont révélé que

Les Acridoidea forment un groupe monophylétique (Dong et *al.*, 2015). Les analyses cladistiques se concentrant sur les traits morphologiques ont proposé une division des Acridinea en deux super-familles distinctes, les Acridoidea et les Pamphagoidea, révélant également une relation étroite entre les Chrotogonidae et les Pamphagidae (Sheng-quan, 1999). En outre, l'examen des plaques sous-génitales féminines des Pamphagidae, des Chrotogonidae, des Pyrgomorphidae, des Catantopidae, des Acrididae, des Oedipodidae, des Arcypteridae et des Gomphoceridae au sein des Acridoidea (Dirsh et *al.*, 2009).

Deuxième partie :
Partie expérimentale

Chapitre 1 :

Méthodologie

Cette étude consiste à collecter, sélectionner, vérifier, traiter et analyser une série de séquences nucléiques des génomes mitochondriaux des Acridomorphes, puis construire un arbre phylogénétique basé sur des preuves moléculaires pertinentes, dans le but de mettre en lumière leurs liens évolutifs entre les taxons.

1. Téléchargement des séquences et identification des espèces

Dans cette étude, nous avons recherché les séquences des Acridomorphe en utilisant la plate forme GenBank (figure 7). GenBank est une base de données publique vitale contenant une vaste collection de séquences nucléotidiques de diverses espèces, facilitant la recherche en génétique et en biodiversité. Il héberge des séquences de plus de 2,9milliards des séquences nucléotidiques pour 504000 espèces (Hardyta, 2023). Cette base de données est gérée par le National Center for Biotechnologie Information (NCBI) et ses données stockées sont disponibles gratuitement en ligne

The screenshot shows the GenBank search results page for the query 'Acridomorpha'. The search criteria are: Nucleotide sequence type, Acridomorpha organism, genomic DNA/RNA molecule type, and a sequence length filter from 15000 to 20000 bp. The results show 637 items, with the first item being 'Sphingonotus coeruleipes mitochondrion complete genome' (15,599 bp circular DNA). The interface includes various filters on the left, a central taxonomy box for 'Acridomorpha', and a 'Results by taxon' section on the right.

Figure 7. Les paramètres de téléchargement des séquences par la plate forma GenBank

Pour le téléchargement des séquences recherchées, nous avons accédé au site web de GenBank à l'adresse suivante: [GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/). Ensuite, nous avons sélectionné "nucleotide" dans la boîte de dialogue à côté de la barre de recherche sur l'interface de GenBank et avons saisi "Acridomorpha". Parmi les options affichées sur le côté gauche de l'interface, nous avons choisi "génomique DNA/RNA" comme type de molécule, "Nucleotide" comme type de séquence, "mitochondriaux" pour les compartiments génétiques, et spécifié une longueur de séquence de 15000 à 20000 pb. Nous avons ainsi obtenu des séquences,

parmi lesquelles nous avons sélectionné des séquences en cochant les cases correspondantes. Ces séquences ont été téléchargées au format Fasta (Figure 8) et lues à l'aide du Bloc-notes.



Figure 8. Fichier forma fasta

Nous avo (LES CRIQUETS RAVAGEURS, 2007) (LES CRIQUETS RAVAGEURS, 2007)ns ajouté un groupe externe (out-group) dans les séquences que nous avons téléchargées pour former une racine pour l'arbre phylogénétique. Afin de sélectionner correctement le groupe externe, il est nécessaire qu'il soit étroitement lié au groupe étudié, mais moins quelles relations entre les espèces étudiées. Il est essentiel des saisir l'évolution des caractéristiques au fil de l'arbre phylogénétique (Horiike, 2016). Dans notre étude nous, nous avons sélectionné le genre *Tetrix* comme outgroup avec deux séquences. *Tetrix* est un membre de nanordre Tetraguidea, qui, avec le nanordre étudié (*Acridomorpha*), fait partie de la même infraordre : *Acrididea*.

2. Construction de l'arbre phylogénétique

Pour effectuer les différentes étapes de la construction de l'arbre phylogénétique, nous avons utilisé NGPhylogeny.

2.1. NGPhylogeny

NGPhylogeny.fr est un site web spécialisé dans l'étude de la phylogénèse (Figure 9). Il propose une gamme complète d'outils et de méthodes de travail qui conviennent à divers contextes et niveaux d'expertise des utilisateurs (Lemoine et al., 2019).

Ce service web créé en 2008, a été développé dans le but de simplifier l'exécution de flux de travail phylogénétique, et est aujourd'hui largement utilisé. NGPhylogeny.fr a été conçu pour être plus souple en ce qui concerne les outils et les flux de travail, être facilement installable et évolutif. Dans leur dernière version, il intègre de nombreux outils (par exemple TNT, FastME, MrBayes, etc.) ainsi que de nouveaux développés au cours des dix dernières années (par exemple PhyML, SMS, FastTree, trimAl, BOOSTER, etc.). Ces outils couvrent un large éventail d'utilisations (recherche de séquences, alignement de séquences multiples, sélection de modèles inférence arborescente et dessin d'arbres) et un large panel de méthodes standards (distance, parcimonie, maximum de vraisemblance et bayésienne). Ils sont intégrés dans des flux de travail déjà configurés (« One click »), personnalisables (« Avancé ») ou construits de toutes pièces (« À la carte ») (Lemoinenet *al.*, 2019)

Phylogeny.fr basés sur les étapes suivantes: recherche de séquence basée sur BLAST; alignement de séquences multiples; conservation de l'alignement; l'inférence d'arbres phylogénétiques; visualisation de l'arborescence.



Figure 9. Interface de la plateforme NGphylogeny

Pour construire un arbre génique, il y a des étapes à suivre pour obtenir un arbre sous la forme d'une figure facilement descriptible et interprétable. Ces étapes sont les suivantes:

2.1.1. Alignement multiple des séquences

L'alignement de séquences multiples (MSA) fait référence à l'alignement de trois séquences biologiques ou plus, telles que l'ADN, l'ARN ou les protéines, pour identifier les relations évolutives et les modèles communs. La MSA est cruciale dans les flux de travail de la recherche scientifique, car elle aide à comprendre les similitudes entre les gènes et les protéines (Mohammedi, Afshana, Khalid, & Masoodi, 2022). Dans cette, on a choisi l'algorithme MAFFT qui est un outil crucial en bio-informatique pour aligner trois séquences biologique ou plus, telle que l'ADN, l'ARN ou les protéines (Xie, Zan, Chu, Su, Xu, & Liu, 2023).

Après avoir accédé à la plateforme NGphylogeny, nous avons sélectionné l'option "phylogeny analysis" dans la barre de menu, puis l'option "a la carte". Dans la fenêtre qui est apparue, nous avons choisi la première étape, "Multiple alignment", en sélectionnant la méthode MAFFT (Figure 10).

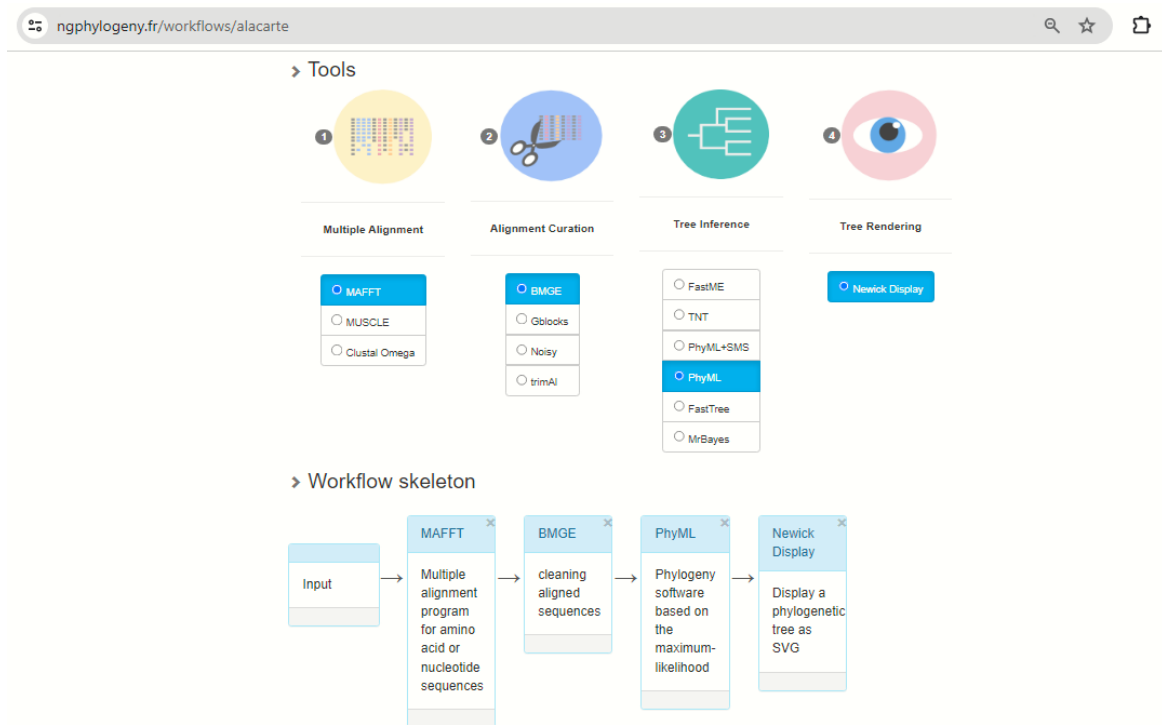


Figure 10. Outil MAFFT sur le service web NGPhylogeny

Ensuite, nous avons cliqué sur le bouton "Create Workflow". Enfin, nous avons sélectionné le fichier contenant les séquences au format Fasta en cliquant sur "choisir un fichier" et soumis le fichier en appuyant sur "submit".

2.1.2. Ajustement de l'alignement

Cette étape on la fait car l'alignement multiple est souvent incomplet, cela peut causer un mauvais alignement et des lacunes importantes, donc ralentit les calculs et peut avoir un impact sur les conclusions sans être biologiquement. Dans cette étude nous avons utilisé le logiciel BMGE (Block Mapping and Gathering with Entropy) qui est conçu pour améliorer la qualité des alignements de séquences multiples en sélectionnant des régions adaptées à une construction précise des arbres phylogénétiques (Benbya et *al.*, 2019).

Dans le cadre de notre étude phylogénétique sur la plateforme NGphylogeny, nous avons d'abord cliqué sur "Phylogeny Analyses" dans la barre de menu. Ensuite, nous avons sélectionné l'option "A la carte" et choisi "BMGE" à l'étape "Alignement Curation"(Figure 9). Après cela, nous avons appuyé sur le bouton "Create Workflow". Dans la boîte de dialogue qui est apparue, nous avons cliqué sur "Choisir un fichier", sélectionné le fichier souhaité, puis cliqué sur "Submit".

2.1.3. Construction de l'arbre phylogénétique

Pour construire notre arbre phylogénétique, nous avons accédé à la plateforme NGphylogeny et cliqué sur "phylogeny analyse". Nous avons ensuite sélectionné l'option "A la carte" dans le menu contextuel qui est apparu. Par la suite, nous avons choisis la méthode "PhyML" à l'étape "Tree Inference"(Figure 10).

2.1.4. Visualisation de l'arbre

L'arbre phylogénétique a été visualisé à l'aide du logiciel iTOL (Figure 11). Qui est un outil en ligne accessible depuis le lien <https://itol.embl.de/>. iTOL propose différentes options courantes pour visualiser les arbres phylogénétiques et supporte différents formats d'affichage, tels que les arbres racinés ou non racinés, les arbres rectangulaires ou les arbres radiaux. Pour notre recherche, nous avons employé iTOL afin de représenter visuellement l'arbre phylogénétique et nous avons opté pour une racinassions manuelle de l'arbre (Figure 11).

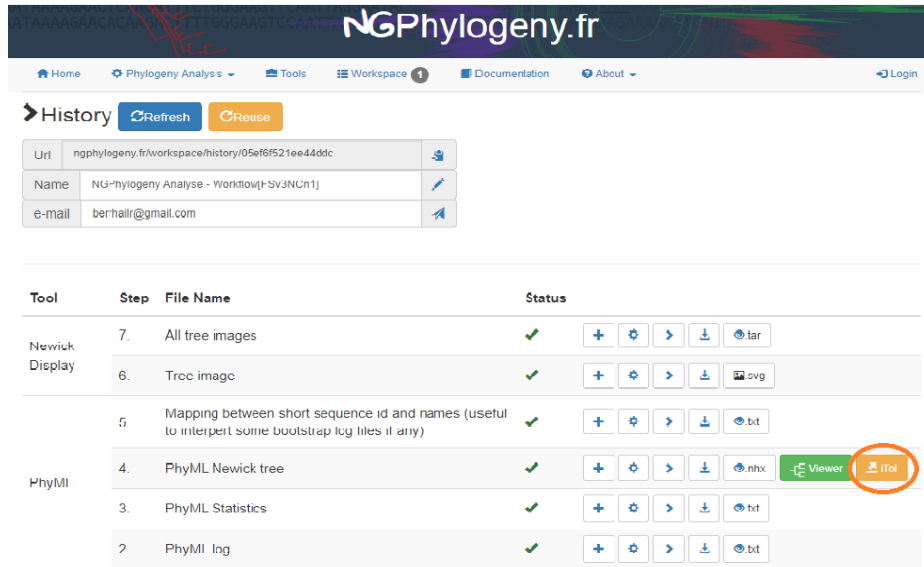


Figure 11. Outil iTOL sur le service web NGPhylogeny

3. Lecture des groupes et clades de l'arbre phylogénétique

Quand on lit un arbre phylogénétique, au-delà de retracer les lignées évolutives des différents OTU (Unité Taxonomique Opérationnelle), on cherche à caractériser des groupes sur la base de propriétés partagées. Par exemple, on peut vouloir caractériser l'ensemble des acridomorphes qui a des antennes renflées ou encore l'ensemble des acridomorphes à des ailes colorées.

Si l'on considère les groupes taxonomiques que l'on souhaite caractériser, on peut distinguer trois catégories de groupes:

3.1. Groupe monophylétique

Est composé de tous les spécimens du groupe en question et de tous leurs ancêtres hypothétiques communs. C'est ce qu'on appelle aussi un clade. Il est défini par un ou plusieurs caractères nouveaux apparus chez un ancêtre exclusif (Mehta et al., 2016).

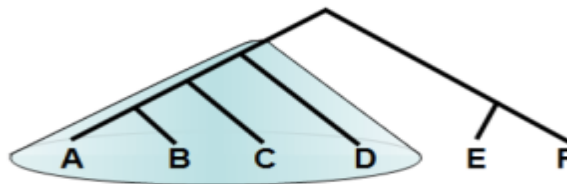


Figure 12. Schéma représenté d'arbre monophylie

3.2. Groupe paraphylétique

Il est composé de tous les spécimens du groupe étudié et de leurs ancêtres communs, mais inclut seulement une partie des descendants du plus ancien ancêtre commun. Il est défini par l'exclusion d'un caractère nouveau apparu dans une lignée apparentée ou par la présence du caractère ancestral (Lachance, 2016).

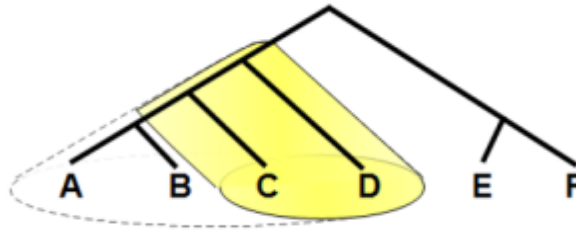


Figure 13. Schéma représente le groupe d'arbre paraphy

3.3. Groupe polyphylétique

Il ressemble à un groupe paraphylétique car il inclut certains ancêtres communs du groupe étudié, mais il se distingue en permettant l'identification de plusieurs sous-groupes. Il est généralement défini par un caractère apparu indépendamment plusieurs fois (Davvaz et *al.*, 2013).

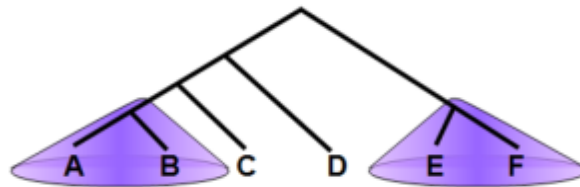


Figure 14. Schéma représente Groupe d'arbre Polyphylie

Chapitre 2

Résultats et discussion

Ce chapitre présente les résultats et les discussions de l'étude, qui ont été obtenus à partir du téléchargement des séquences et de la construction de l'arbre phylogénétique.

1. Téléchargement des séquences

Dans notre étude, nous avons utilisé les ressources de GenBank pour télécharger et identifier diverses séquences d'Acridomorpe provenant de plusieurs espèces. Nous avons trouvé un total de 364 séquences, chacune avec un numéro d'accès unique, représentant 115 espèces différentes selon la taxonomie du site Orthoptera Species File (Tableau 2). Ces séquences comprennent des données génétiques spécifiques aux espèces étudiées, permettant une comparaison approfondie et précise sur la diversité génomique au sein des Acridomorpha.

Tableau 02. Les séquences téléchargées depuis GenBank

| Famille | Sous Famille | Tribe | Espèce | Num d'acc | Taille |
|-----------|--------------|---------------|--------------------------------------|-------------|--------|
| Acrididae | Oedipodinae | Non attribuée | <i>Leptopternis gracilis</i> | NC_071953.1 | 16256 |
| Acrididae | Oedipodinae | Sphingonotini | <i>Sphingonotus ningsianus</i> | NC_046563.1 | 16261 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858177.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858167.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858171.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858172.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858170.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858154.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858174.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858158.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria manilensis</i> | HQ260647.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858201.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858192.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858186.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858204.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858184.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858200.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858188.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858198.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858194.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858191.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858193.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858179.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858178.1 | 15902 |

| | | | | | |
|-----------|---------------------|--------------------|---------------------------------------|-------------|-------|
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858190.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858181.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858206.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858199.1 | 15901 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858195.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858187.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858197.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858189.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858182.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858211.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858207.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858180.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858212.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858183.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858203.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858196.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858205.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858210.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858208.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858185.1 | 15901 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus infernalis</i> | NC_029327.1 | 15903 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858209.1 | 15898 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858202.1 | 15902 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria manilensis</i> | NC_014891.1 | 15903 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Orinhippini | <i>Orinhippus tibetanus</i> | NC_023467.1 | 15611 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Heteropternis respondens</i> | NC_046537.1 | 16265 |
| Acrididae | Oedipodinae | Trilophidiini | <i>Trilophidia annulata</i> | MK903576.1 | 15922 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus manjius</i> | NC_052734.1 | 15590 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema gebleri</i> | OQ470637.1 | 16398 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Mecostethus sp.</i> | OQ282995.1 | 15758 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca gregaria</i> | NC_064683.1 | 15614 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca gregaria gregaria</i> | NC_013240.1 | 15625 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Cyrtacanthacris tatarica</i> | MK352102.1 | 15679 |
| Acrididae | Oedipodinae | Sphingonotini | <i>Sphingonotus yenchihensis</i> | NC_046564.1 | 16261 |
| Acrididae | Oedipodinae | Sphingonotini | <i>Sphingonotus mongolicus</i> | NC_071955.1 | 15606 |
| Acrididae | Oedipodinae | Sphingonotini | <i>Sphingonotus menglaensis</i> | NC_046550.1 | 15948 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Sinophlaeoba bannaensis</i> | MK903584.1 | 15606 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Angaracris barabensis</i> | MN083193.1 | 15927 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema gilianshanense</i> | NC_071951.1 | 15607 |

| | | | | | |
|-----------|---------------|---------------|--------------------------------|-------------|-------|
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema kozlovi</i> | NC_052731.1 | 15930 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodemella holdereri</i> | NC_046536.1 | 15929 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Angaracris barabensis</i> | NC_025558.1 | 15930 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema dolichoptera</i> | NC_046543.1 | 15924 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodemacris uvarovi</i> | NC_046553.1 | 15929 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema nigroptera</i> | NC_046535.1 | 15933 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Compsorhipis davidiana</i> | NC_029408.1 | 16085 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Uvaroviola multispinosa</i> | NC_053942.1 | 15620 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Angaracris rhodopa</i> | NC_025946.1 | 15620 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema miramae</i> | KP889242.1 | 15919 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodema luctuosum</i> | HQ833839.1 | 15946 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858166.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858168.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858169.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858149.1 | 16055 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858173.1 | 16055 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858165.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858176.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858175.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858150.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858153.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858151.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858160.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858155.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858152.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858148.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858163.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | JN858162.1 | 16057 |
| Acrididae | Oedipodinae | Oedipodini | <i>Oedipoda miniata</i> | NC_073555.1 | 15620 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | NC_011119.1 | 16053 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Arcyptera meridionalis</i> | MN083204.1 | 15620 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Dociostaurini | <i>Dociostaurus kraussi</i> | OQ470638.1 | 15622 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris versicolor</i> | NC_025285.1 | 15622 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris nigricornis</i> | MK903558.2 | 15616 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba antennata</i> | MK903597.2 | 15598 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris nigricornis</i> | MF997464.1 | 15629 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba antennata</i> | NC_061318.1 | 15598 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris hoffmanni</i> | NC_059852.1 | 15640 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris hainanensis</i> | NC_059683.1 | 15624 |

| | | | | | |
|-----------|---------------|------------------|--|-------------|-------|
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysocharontini | <i>Euchorthippus cheui</i> | NC_085676.1 | 15626 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Leuconemacris litangensis</i> | MK903566.2 | 15641 |
| Acrididae | Calliptaminae | | <i>Calliptamus barbarus</i> | MZ157401.1 | 15578 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysochraontini | <i>Euchorthippus unicolor</i> | NC_045237.1 | 15685 |
| Acrididae | Acridinae | Non attribuée | <i>Pseudoeoscyllina brevipennisoides</i> | NC_046534.1 | 15629 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Epacromius tergestinus</i> | NC_080530.1 | 15569 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Epacromius coerulipes</i> | NC_052732.1 | 15663 |
| Acrididae | Oedipodinae | Bryodemini | <i>Bryodemella tuberculata diluta</i> | NC_046554.1 | 15592 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Gastrimargus marmoratus</i> | NC_011114.1 | 15924 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Parapleurus alliaceus</i> | NC_046539.1 | 16252 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus abruptus</i> | NC_046538.1 | 16251 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus abruptus</i> | MK352098.1 | 15746 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus decorus asiaticus</i> | NC_011115.1 | 15746 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Oedaleus decorus</i> | OP627272.1 | 15914 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria tibetensis</i> | NC_015624.1 | 15568 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Aiolopus thalassinus tamulus</i> | MK903555.1 | 15569 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Pternoscirta caliginosa</i> | NC_035227.1 | 15593 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Locusta migratoria</i> | NC_001712.1 | 15598 |
| Acrididae | Oedipodinae | Oedipodini | <i>Oedipoda caerulescens</i> | NC_077611.1 | 15722 |
| Acrididae | Oedipodinae | Oedipodini | <i>Oedipoda caerulescens</i> | OQ282994.1 | 15614 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Arcyptera meridionalis</i> | NC_039962.1 | 15628 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Dasyhippus peipingensis</i> | NC_084452.1 | 15776 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus parallelus</i> | MT166299.1 | 15628 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus parallelus erythropus</i> | MT166301.1 | 15617 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus parallelus erythropus</i> | NC_056786.1 | 15625 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Arcyptera meridionalis</i> | MF997490.1 | 15624 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Arcyptera microptera</i> | OQ612708.1 | 15621 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Fruhstorferiola sp</i> | KU355786.1 | 15771 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Fruhstorferiola kulinga</i> | NC_026716.1 | 15655 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus aethalinus</i> | MK903586.1 | 15616 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus fallax</i> | MK903588.2 | 15624 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus parallelus</i> | NC_056785.1 | 15843 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Sinopodisma qinlingensis</i> | NC_056238.1 | 15621 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Myrmeleotettix palpalis</i> | NC_084451.1 | 15618 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Myrmeleotettix sp</i> | MK903595.1 | 15616 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus albonemus</i> | OQ274913.1 | 15616 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus dubius</i> | NC_071964.1 | 15561 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Sinopodisma kelloggii</i> | NC_071954.1 | 15626 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Arcyptera coreana</i> | NC_013805.1 | 15783 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Fruhstorferiola omei</i> | NC_046545.1 | 15639 |

| | | | | | |
|-----------|---------------|------------------|--|-------------|-------|
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma lushiensis</i> | NC_046549.1 | 15869 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma tsinlingensis</i> | NC_032303.1 | 15627 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Gomphocerippus rufus</i> | MK903592.1 | 15610 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba infumata</i> | NC_031506.1 | 15642 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba tenebrosa</i> | NC_029150.1 | 15648 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus sp.</i> | MW119358.1 | 15621 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Fruhstorferiola huayinensis</i> | NC_031379.1 | 16227 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus maritimus huabeiensis</i> | MK903587.2 | 15611 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Indopodisma kingdoni</i> | NC_046529.1 | 15627 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma lofaoshana</i> | NC_046562.1 | 15867 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Stenobothrini | <i>Omocestus viridulus</i> | NC_046560.1 | 15635 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Indopodisma kingdoni</i> | KM068093.1 | 15626 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Paratonkinacris vittifemoralis</i> | NC_046530.1 | 15625 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Ochrilidiini | <i>Gonista bicolor</i> | NC_029205.1 | 15618 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus albonemus</i> | NC_071952.1 | 15612 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus nemus</i> | MK903589.2 | 15622 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya adentata</i> | MK903571.1 | 15447 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus qingzangensis</i> | NC_072940.1 | 15613 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Dociostaurini | <i>Dociostaurus tartarus</i> | OQ470639.1 | 15611 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba albonema</i> | NC_011827.1 | 15657 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Fruhstorferiola tonkinensis</i> | NC_031817.1 | 15638 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Dnopherula yuanmowensis</i> | NC_039408.1 | 15629 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Gomphocerippus rufus</i> | NC_014349.1 | 15598 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma hengshanica</i> | MK352101.1 | 15623 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma rostellocerca</i> | NC_052716.1 | 15622 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus chinensis</i> | NC_011095.1 | 15599 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Aeropedellus prominemarginis</i> | NC_084450.1 | 15639 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Yunnanacris yunnaneus</i> | NC_030586.1 | 15475 |
| Acrididae | Acridinae | Non attribuée | <i>Pseudoeoscyllina xilingensis</i> | KU522120.1 | 15622 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma pieli</i> | NC_051867.1 | 15625 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysochraontini | <i>Euthystira luteifemora</i> | NC_046557.1 | 15608 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Stenobothrini | <i>Omocestus haemorrhoidalis</i> | MK903570.1 | 15600 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Curvipennis wixiensis</i> | NC_031397.1 | 15528 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris fasciata</i> | MK903585.1 | 15664 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris kiangsu</i> | NC_019994.1 | 15665 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma houshana</i> | NC_033905.1 | 15818 |
| Acrididae | Calliptaminae | Non attribuée | <i>Peripolus nepalensis</i> | NC_029135.1 | 15858 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Tonkinacris sinensis</i> | NC_032716.1 | 15627 |
| Acrididae | Calliptaminae | Mesambriini | <i>Traulia orchotibialis</i> | NC_046565.1 | 15642 |

| | | | | | |
|-----------|---------------------|--------------------|--|-------------|-------|
| Acrididae | Acridinae | Acridini | <i>Acrida willemsei</i> | NC_011303.1 | 15601 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Alulacris shilinensis</i> | MW810985.1 | 16950 |
| Acrididae | Calliptaminae | Mesambriini | <i>Traulia lofaoshana</i> | MT340754.1 | 15645 |
| Acrididae | Melanoplineae | Melanoplini | <i>Melanoplus differentialis</i> | NC_057646.1 | 15625 |
| Acrididae | Melanoplineae | Melanoplini | <i>Melanoplus bivittatus</i> | MG993426.1 | 15313 |
| Acrididae | Calliptaminae | Mesambriini | <i>Traulia lofaoshana</i> | NC_046551.1 | 15644 |
| Acrididae | Calliptaminae | Mesambriini | <i>Traulia minuta</i> | NC_036063.1 | 15636 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya hainanensis</i> | MN083185.1 | 15439 |
| Acrididae | Calliptaminae | Non attribuée | <i>Calliptamus italicus</i> | NC_011305.1 | 15675 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Aiolopus thalassinus</i> | NC_034674.1 | 15753 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Gomphocerus sibiricus</i> | NC_021103.1 | 15590 |
| Acrididae | Acridinae | Acridini | <i>Acrida cinerea</i> | NC_014887.1 | 15599 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya hainanensis</i> | NC_045928.1 | 15443 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Anapodisma miramae</i> | NC_052715.1 | 15189 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya chinensis</i> | NC_010219.1 | 15443 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Gomphocerus sibiricus tibetanus</i> | NC_015478.1 | 15571 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Ramburiellini | <i>Ramburiella turcomana</i> | NC_073554.1 | 15670 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Gomphocerus licenti</i> | NC_013847.1 | 15597 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Chondracris rosea</i> | NC_019993.1 | 15646 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Hypernephini | <i>Ecliphleps carinata</i> | NC_054195.1 | 15781 |
| Acrididae | Melanoplineae | Podismini | <i>Zubovskya koeppeni</i> | MK903579.2 | 15816 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Pacris xizangensis</i> | NC_023919.1 | 15622 |
| Acrididae | Oedipodinae | Parapleurini | <i>Ceracris fasciata</i> | NC_043956.1 | 15569 |
| Acrididae | Oedipodinae | PARapleurini | <i>Eozubovskya planicaudata</i> | KM211573.1 | 15830 |
| Acrididae | Calliptaminae | | <i>Calliptamus barbarus</i> | MT985324.1 | 15668 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Stenobothrini | <i>Omocestus petraeus</i> | MK903596.2 | 15595 |
| Acrididae | Caryandinae | Non attribuée | <i>Caryanda elegans</i> | NC_036750.1 | 15459 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya agavisa</i> | NC_045883.1 | 15552 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Xenocatantops brachycerus</i> | MT916716.1 | 15605 |
| Acrididae | Catantopinae | Mesambriini | <i>Traulia szetschuanensis</i> | NC_013826.1 | 15768 |
| Acrididae | Caryandinae | Catantopini | <i>Xenocatantops brachycerus</i> | NC_021609.1 | 15605 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysocharontini | <i>Euchorthippus fusigeniculatus</i> | NC_014449.1 | 15772 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Gesonula punctifrons</i> | NC_046411.1 | 15432 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Gesonula punctifron</i> | PP157623.1 | 16312 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya japonica</i> | NC_043773.1 | 15427 |
| Acrididae | Hemiacridinae | Hieroglyphini | <i>Hieroglyphus annulicornis</i> | MK903564.2 | 15444 |
| Acrididae | Hemiacridinae | Leptacrini | <i>Leptacris sp.</i> | MG993429.1 | 15225 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya hyla intricata</i> | KP313875.1 | 15466 |

| | | | | | |
|-----------|---------------------|--------------------|--------------------------------------|-------------|-------|
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Qinlingacris elaeodes</i> | KM068095.1 | 15221 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Prumna arctica</i> | NC_013835.1 | 15628 |
| Acrididae | Tropidopolinae | Non attribuée | <i>Petamella prosternalis</i> | MG993412.1 | 15419 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Paratoacris reticulipennis</i> | NC_053660.1 | 16321 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Stenocatantops mistshenkoi</i> | MT916714.1 | 15660 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Qinlingacris taibaiensis</i> | NC_027187.1 | 15774 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca nitens</i> | NC_063967.1 | 15610 |
| Acrididae | Caryandinae | Non attribuée | <i>Caryanda sp.</i> | NC_030165.1 | 15445 |
| Acrididae | Hemiacridinae | Hieroglyphini | <i>Hieroglyphus tonkinensis</i> | NC_030587.1 | 15625 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Diabolocatantops pinguis</i> | NC_042904.1 | 15604 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca americana</i> | NC_061052.1 | 15610 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca cancellata</i> | NC_063966.1 | 15634 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Stenocatantops splendens</i> | MT916715.1 | 15657 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Paprides nitidus</i> | NC_086567.1 | 15754 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Caryandoides hunanica</i> | NC_053659.1 | 15555 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Stenocatantops mistshenkoi</i> | NC_052717.1 | 15573 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Qinlingacris elaeodes</i> | KM363599.1 | 14818 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Diabolocatantops pinguis</i> | MT916719.1 | 16317 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Longchuanacris curvifurculus</i> | NC_036994.1 | 15450 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Stenocatantops splendens</i> | MN083191.1 | 15608 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Stenocatantops splendens</i> | NC_041115.1 | 15574 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca piceifrons</i> | NC_061053.1 | 15608 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Non attribuée | <i>Choroedocus violaceipes</i> | NC_034673.1 | 15694 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Schistocerca serialis cubense</i> | NC_064613.1 | 15611 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Kingdonella pienbaensis</i> | MK903565.2 | 15981 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Kingdonella bicollina</i> | NC_023920.1 | 15630 |
| Acrididae | Catantopinae | Mesambriini | <i>Ranacris albicornis</i> | NC_071160.1 | 15720 |
| Acrididae | Spathosterninae | Spathosternini | <i>Spathosternum nigrotaeniatum</i> | MG993439.1 | 15003 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Xenocatantops humilis</i> | OQ282992.1 | 15558 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma wudangshanensis</i> | NC_046547.1 | 15834 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Eyrepocnemidini | <i>Shirakiacris yunkweiensis</i> | NC_046531.1 | 15655 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Ognevia longipennis</i> | NC_013701.1 | 15621 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Eyrepocnemidini | <i>Shirakiacris shirakii</i> | NC_021610.1 | 15649 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Pedopodisma emeiensis</i> | NC_046561.1 | 15902 |

| | | | | | |
|-----------|---------------------|--------------------|---|-------------|-------|
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Nomadacris japonica</i> | NC_036062.1 | 15638 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma funiushana</i> | NC_046546.1 | 15894 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma tsinlingensis</i> | KX857635.1 | 15892 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Cyrtacanthacris tatarica</i> | MG993444.1 | 15179 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Non attribuée | <i>Choroedocus capensis</i> | MN046212.1 | 15677 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Non attribuée | <i>Choroedocus capensis</i> | NC_041116.1 | 16293 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Sinopodisma wulingshanensis</i> | NC_033906.1 | 15872 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Rhinopodisma eminifrontus</i> | MK903556.1 | 15620 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Nomadacris japonica</i> | MK059455.1 | 15638 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Cyrtacanthacridini | <i>Menglacris maculata</i> | MK903568.1 | 15602 |
| Acrididae | Spathosterninae | Spathosternini | <i>Spathosternum prasiniferum</i> | NC_046532.1 | 15596 |
| Acrididae | Spathosterninae | Spathosternini | <i>Spathosternum prasiniferum sinense</i> | KM588074.1 | 15591 |
| Acrididae | Cyrtacanthacridinae | Non attribuée | <i>Austracris guttulosa</i> | MG993415.1 | 15421 |
| Acrididae | Eyrepocnemidinae | Non attribuée | <i>Choroedocus violaceipes</i> | MK903559.2 | 15978 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Fer nigripennis</i> | NC_053658.1 | 15669 |
| Acrididae | Habrocneminae | Non attribuée | <i>Longzhouacris mirabilis</i> | NC_071159.1 | 16164 |
| Acrididae | Conophyminae | Non attribuée | <i>Eucoptacra sp.</i> | MG993445.1 | 15667 |
| Acrididae | Copiocerinae | Copiocerini | <i>Copiocera sp.</i> | MG993384.1 | 15165 |
| Acrididae | Melanoplinae | Non attribuée | <i>Emeiacris maculata</i> | NC_046556.1 | 15570 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Oxytauchira brachyptera</i> | NC_046570.1 | 15445 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Xiangelilacris zhongdianensis</i> | NC_046533.1 | 15507 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Oxytauchira flange</i> | NC_053745.1 | 16250 |
| Acrididae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Ommatolampis quadrimaculata</i> | MG993443.1 | 15581 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Oxytauchira brachyptera</i> | MT916721.1 | 16402 |
| Acrididae | Melanoplinae | Podismini | <i>Kingdonella sp.</i> | OP743697.1 | 15597 |
| Acrididae | Copiocerinae | Non attribuée | <i>Apalacris nigrogeniculata</i> | NC_046527.1 | 15584 |
| Acrididae | Catantopinae | Catantopini | <i>Xenocatantops humilis</i> | NC_071956.1 | 15576 |
| Acrididae | Calliptaminae | Non attribuée | <i>Calliptamus abbreviatus</i> | NC_030626.1 | 15558 |
| Acrididae | Calliptaminae | Non attribuée | <i>Calliptamus barbarus</i> | NC_046544.1 | 15578 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Pseudoxya diminuta</i> | NC_025765.1 | 15541 |

| | | | | | |
|----------------|---------------|------------------|--|-------------|-------|
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus fallax</i> | NC_048465.1 | 16143 |
| Acrididae | Acridinae | Phlaeobini | <i>Phlaeoba angustidorsis</i> | MW924498.1 | 15631 |
| Acrididae | Catantopinae | Mesambriini | <i>Traulia nigriritibialis</i> | NC_041114.1 | 15701 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysochraontini | <i>Mongolotettix anomopterus</i> | MK903594.1 | 16067 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Chrysochraontini | <i>Mongolotettix japonicus</i> | MK903569.1 | 16047 |
| Acrididae | Acridinae | Acridini | <i>Acrida cinerea</i> | KX673195.1 | 15758 |
| Acrididae | Ommexechinae | Abracrini | <i>Abracris sp.</i> | MG993440.1 | 15142 |
| Acrididae | Oxyinae | Oxyini | <i>Oxya hyla</i> | NC_032076.1 | 15483 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Gomphocerini | <i>Chorthippus parallelus erythropus</i> | MT166302.1 | 14715 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Arcypterini | <i>Leuconemacris breviptera</i> | MK903593.2 | 15643 |
| Acrididae | Oxyinae | Non attribuée | <i>Oxytauchira ruficornis</i> | NC_080529.1 | 15450 |
| Acrididae | Gomphocerinae | Dociostaurini | <i>Notostaurus albicornis</i> | MK903583.2 | 15784 |
| Acrididae | Oedipodinae | Locustini | <i>Gastrimargus marmoratus</i> | EU527334.1 | 15904 |
| Acrididae | Oedipodinae | Trilophidiini | <i>Trilophidia annulata</i> | NC_027179.1 | 15775 |
| Acrididae | MeLanopliinae | Podismini | <i>Yunnanacris wenshanensis</i> | KX296781.1 | 15550 |
| Acrididae | Oedipodinae | Epacromiini | <i>Hilethera xinjiangensis</i> | NC_072526.1 | 16145 |
| Chorotypidae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Erianthus versicolor</i> | NC_072964.1 | 15678 |
| Chorotypidae | Chorotypinae | Chorotypini | <i>Chorotypus fenestratus</i> | KM657339.1 | 14435 |
| Chorotypidae | Chininae | Non attribuée | <i>China mantispoides</i> | NC_072963.1 | 15678 |
| Chorotypidae | Erianthinae | Non attribuée | <i>Erianthus versicolor</i> | JQ975394.1 | 15397 |
| Dericorythidae | Conophyminae | Conophymini | <i>Conophyma sp.</i> | ON943040.1 | 16190 |
| Dericorythidae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Dericorys annulata</i> | NC_046555.1 | 15463 |
| Dericorythidae | Conophyminae | Non attribuée | <i>Conophymacris viridis</i> | NC_046528.1 | 15654 |
| Episactidae | Episactinae | Non attribuée | <i>Pielomastax soochowensis</i> | KM102728.1 | 15504 |
| Eumastacidae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Myrmeleomastax wideis</i> | NC_072965.1 | 15676 |
| Eumastacidae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Angulomastax meiospina</i> | NC_072962.1 | 16001 |
| Eumastacidae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Pentaspinula unispinula</i> | OQ241414.1 | 15153 |
| Eumastacidae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Sinomastax longicornea</i> | OQ241416.1 | 13883 |
| Eumastacidae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Phytomastax pentaspinula</i> | NC_072966.1 | 16452 |
| Eumastacidae | Gomphocerinae | Non attribuée | <i>Ptygomastax nihilsulcus</i> | OQ241415.1 | 14036 |
| Lentulidae | Lentulinae | Non attribuée | <i>Lentula callani</i> | NC_020774.1 | 15944 |
| Lentulidae | Non attrib | Non attribuée | <i>Lithidiopsis carinatus</i> | NC_020775.1 | 15652 |

| | | | | | |
|--------------|---------------|----------------|---------------------------------------|-------------|-------|
| Ommexechidae | Ommexechinae | Ommexechini | <i>Ommexecha virens</i> | NC_020778.1 | 15536 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella pamphagoides</i> | MZ433417.1 | 15661 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella sunanensis</i> | MZ433421.1 | 15656 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella dingxiensis</i> | MZ433419.1 | 15666 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella sunanensis</i> | MK903591.1 | 15656 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Eotmethis rufemarginis</i> | NC_068909.1 | 15655 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella qilianshanensis</i> | NC_046558.1 | 15661 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Sinotmethis brachypterus</i> | NC_026525.1 | 15662 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Pseudotmethis rubimarginis</i> | NC_020330.1 | 15661 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella kukunoris</i> | MK903590.1 | 15662 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella tenggerensis</i> | NC_046559.1 | 15659 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella amplivertica</i> | MZ433418.1 | 15657 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella helanshanensis</i> | NC_020329.1 | 15657 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella rubrimargina</i> | NC_052733.1 | 15661 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella nigritibia</i> | MZ433420.1 | 15661 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Haplotropidini | <i>Humphaplotropis culaishanensis</i> | NC_023535.1 | 15659 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Haplotropidini | <i>Haplotropis brunneriana</i> | MK903563.1 | 15648 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Sinotmethis amicus</i> | MK903573.2 | 15645 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella beicki</i> | NC_024923.1 | 15658 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Haplotropidini | <i>Haplotropis brunneriana</i> | NC_064211.1 | 15666 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Asiotmethis zacharjini</i> | NC_020328.1 | 15660 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Asiotmethis jubatus</i> | NC_025904.1 | 15669 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Filchnerella yongdengensis</i> | MK903560.1 | 15674 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Thrinchus schrenkii</i> | NC_014610.1 | 15672 |
| Pamphagidae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Pyrgacris descampsi</i> | NC_020776.1 | 15618 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Podismini | <i>Phymateus saxosus</i> | NC_085263.1 | 15672 |
| Pamphagidae | Thrinchinae | Thrinchini | <i>Tuarega ouarazatensis</i> | HQ833841.1 | 15663 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Taphronotini | <i>Aularches miliaris</i> | NC_082223.1 | 15798 |
| Pamphagidae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Phymateus morbillosus</i> | MK514103.1 | 16501 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Spathosternini | <i>Mekongiella xizangensis</i> | NC_014451.1 | 15885 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Spathosternini | <i>Mekongiella kingdoni</i> | NC_023921.1 | 15932 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Spathosternini | <i>Mekongiella wardi</i> | KM068094.1 | 15926 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Spathosternini | <i>Mekongiana xiangchengensis</i> | NC_014450.1 | 15567 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Tagastini | <i>Tagasta tonkinensis</i> | NC_081016.1 | 15532 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Tagastini | <i>Tagasta indica</i> | NC_045930.1 | 15531 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Atractomorphi | <i>Atractomorpha lata</i> | NC_084263.1 | 15561 |
| Pamphagidae | Pyrgomorphae | Atractomorphi | <i>Atractomorpha psittacina</i> | NC_046552.1 | 15567 |
| Pneumoridae | Non attribuée | Non attribuée | <i>Physemacris variolosa</i> | NC_014491.1 | 17004 |
| Pyrgomorphae | Pyrgomorphae | Sphenariini | <i>Yunnanites coriacea</i> | MK903578.2 | 15629 |
| Pyrgomorphae | Orthacridinae | Ichthiacridini | <i>Sphenacris crassicornis</i> | MK514099.1 | 15846 |

| | | | | | |
|----------------|----------------|-------------------|---------------------------------------|-------------|-------|
| Pyrgomorphidae | Pyrgomorphinae | Atractomorphiini | <i>Atractomorpha sinensis</i> | NC_011824.1 | 15558 |
| Pyrgomorphidae | Orthacridinae | Psednurini | <i>Psedna nana</i> | MK514100.1 | 15756 |
| Pyrgomorphidae | Pyrgomorphinae | Mesambriini | <i>Monistria discrepans</i> | MK514105.1 | 15812 |
| Romaleidae | Romaleinae | Procolpini | <i>Xyleus modestus</i> | NC_014490.1 | 15723 |
| Tanaoceridae | Tanaocerinae | Non attribuée | <i>Tanaocerus koebelei</i> | NC_020777.1 | 15515 |
| Tetrigidae | Tetriginae | Tetrigini | <i>Tetrix japonica</i> | EU623447.1 | 13104 |
| Thericleidae | Thericleinae | Pseudothericleini | <i>Pseudothericles compressifrons</i> | NC_028061.1 | 15081 |
| Tristiridae | Tristirinar | Tristrini | <i>Tristira magellanica</i> | NC_020773.1 | 16494 |

2. Construction de l'Arbre Phylogénétique

L'arbre phylogénétique a été construit en utilisant des méthodes standard, telles que l'alignement multiple des séquences et l'application d'algorithmes de reconstruction phylogénétique. Nous présentons ci-dessous les résultats des étapes suivies

2.1. Alignement des séquences

Les séquences ont été alignées pour identifier les régions homologues et détecter les variations entre les espèces. Dans notre cas, l'alignement multiple effectué avec Mafft, suivi d'un ajustement, a révélé des variations dans la structure primaire et la longueur des séquences. Ces variations suggèrent un polymorphisme et une diversité génétique entre les séquences alignées de différentes espèces (Figure 15).

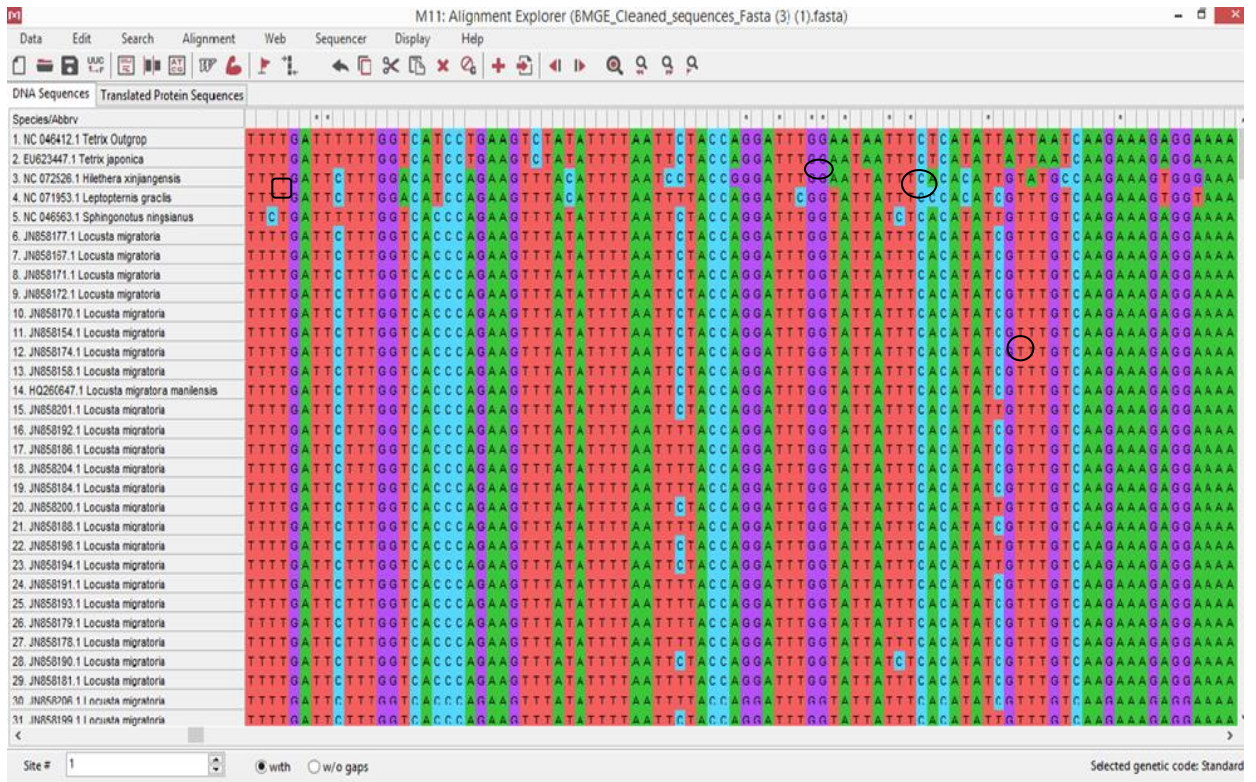


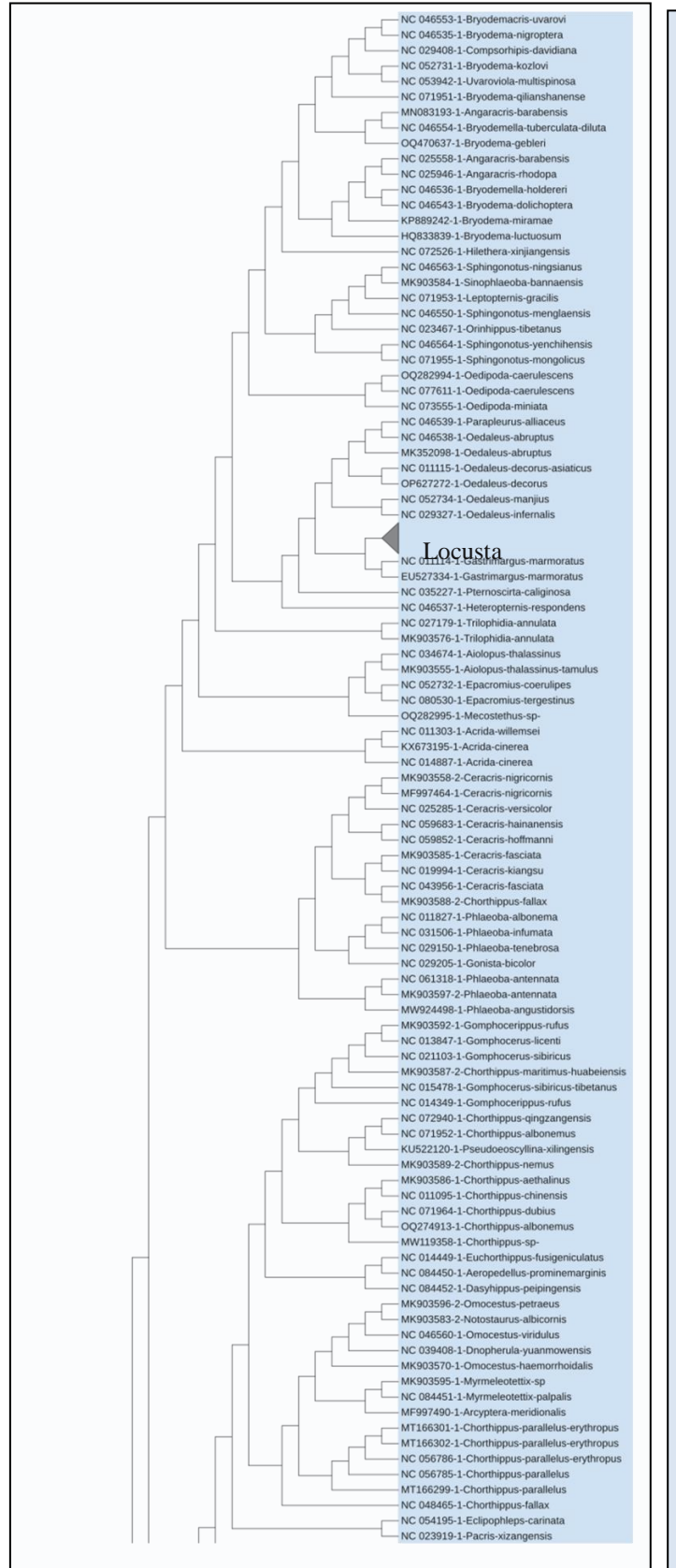
Figure 15. Exemple d'alignement des séquences par l'ogiciel Mega 11

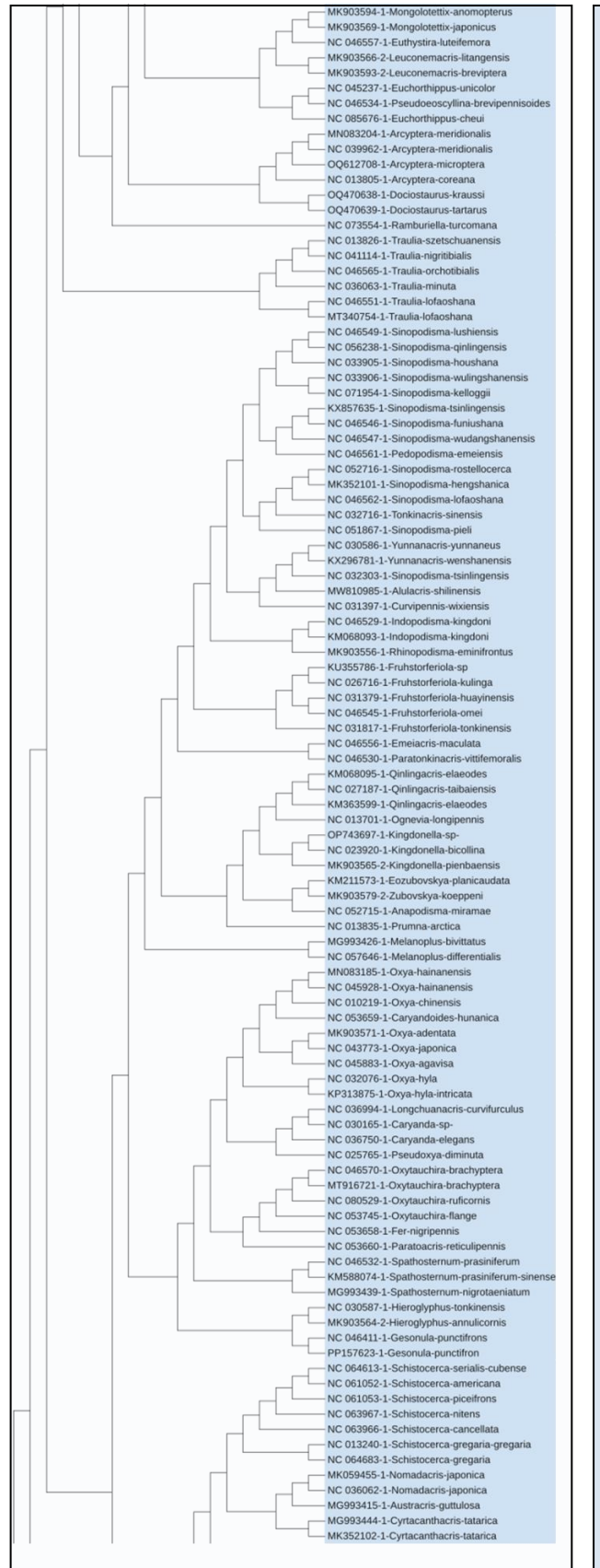
2.2. Reconstruction de l'arbre

L'arbre phylogénétique a été reconstruit à partir d'un ensemble de 364 génomes mitochondriaux complets en utilisant une méthode de Maximum Likelihood, fournissant une représentation visuelle des relations évolutives entre les espèces (Figure 16, 17). L'arbre phylogénétique comprend deux séquences de genre *Tetrix* (appartenant à la famille des Tetrinidae) en tant qu'out-group. L'arbre présente in-group avec des clades bien individualisés, chacun représentant une famille ou sous-famille distincte de l'ordre Acridomorpha. Ces clades correspondent aux des familles telles qu'adoptées dans l'OSF (Orthoptera Species File), qui est une base de données taxonomique de référence pour les orthoptères. Cette structuration permet de confirmer les classifications actuelles et d'offrir une vision claire des relations évolutives entre les différents taxons. Chaque famille ou sous-famille devrait idéalement former un clade distinct indiquant la monophylie. Si les membres d'une famille ou sous-famille sont dispersés dans différents clades, cela suggère une paraphylie ou une polyphylie. Ce point est abordé en détail dans notre discussion qui est fait sur deux niveaux. Pour discuter de manière exhaustive la phylogénie au niveau des familles et des sous-familles, il est crucial de suivre une approche méthodique en trois étapes. Premièrement, identifier les groupes monophylétiques, en cherchant les familles et les sous-familles où tous les membres se regroupent de manière cohérente. Deuxièmement, mettre en évidence les groupes paraphylétiques ou polyphylétiques, en identifiant les familles et les sous-familles dont les membres sont dispersés à travers différents clades. Troisièmement, traiter les mauvais placements en discutant des raisons potentielles et des implications pour les espèces qui ne correspondent pas aux schémas attendus.

Au niveau des familles :

Tout d'abord, on note que les familles représentent un niveau élevé dans la hiérarchie taxonomique, regroupant des organismes qui partagent des caractéristiques morphologiques, génétiques ou écologiques importantes. L'arbre phylogénétique classé par famille offre une vision structurée de la diversité biologique à ce niveau. Dans cet arbre phylogénétique (Figure 16). Outre l'out-groupe, il existe dix clades bien distincts, chacun représentant une famille spécifique de l'ordre des Acridomorpha.





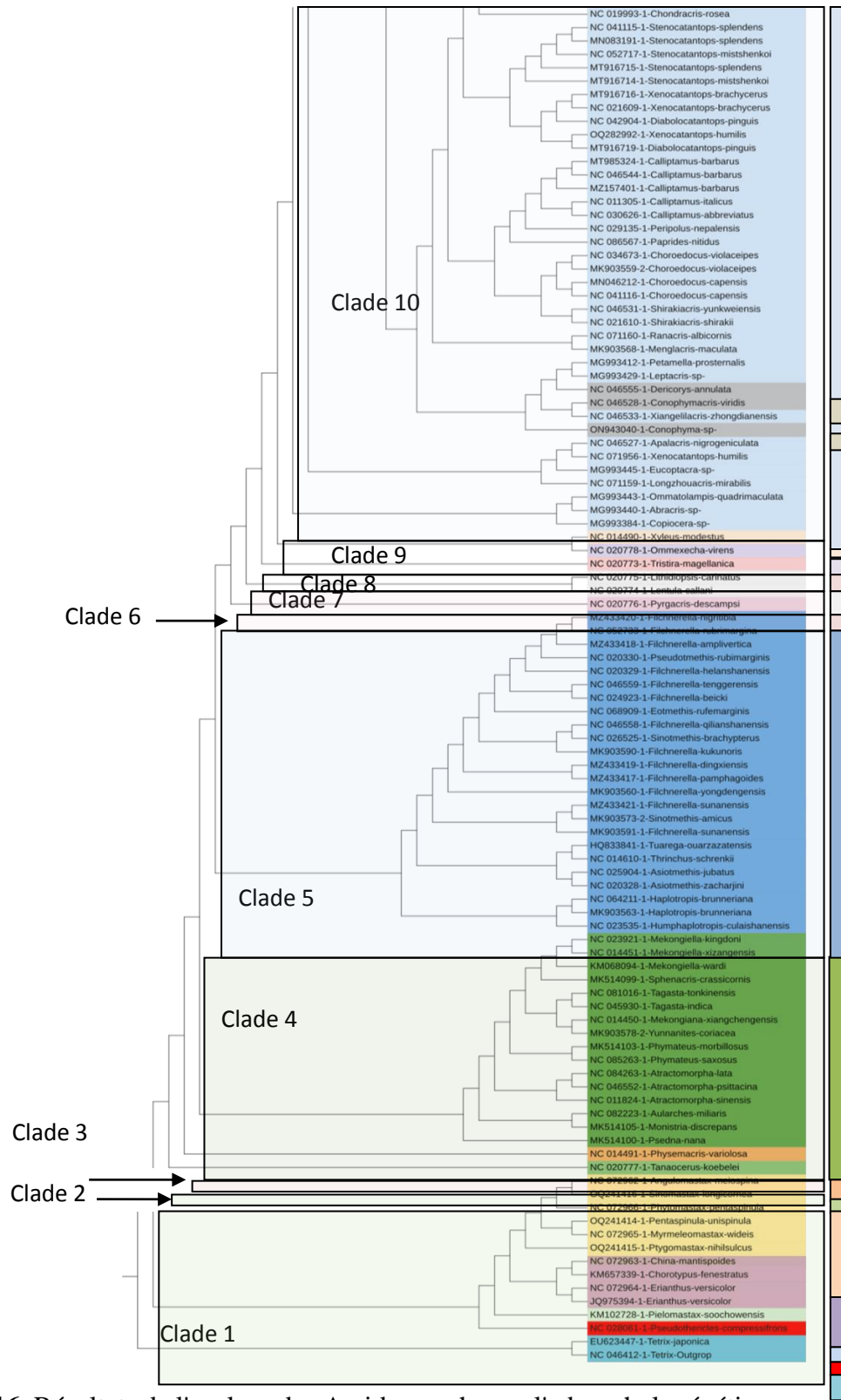


Figure 16. Résultats de l'analyse des Acridomorpha sur l'arbre phylogénétique par inférence bayésienne (au niveau de famille).

Clade 1 : se subdivise en deux sous-clades. Le premier inclut le genre *Pseudotchericles* de la famille Thericleidae représenté par une seule séquence, tandis que le deuxième sous-clade comprend deux subdivisions ou branches supplémentaires, l'un représente la famille Eumastacidae avec six genres (*Angulomastax*, *Sinomastax*, *Phytomastax*, *Myrmeleomastax* et *Ptygomastax*), et la famille Epicastidae avec une seule séquence *Pielomastax Cootchovvensis*, tandis que l'autre représente Chorotypidae avec trois genres (*China*, *chorotypus* et *Erianthus*). Nous pouvons considérer ces quatre familles comme monophiles, mais elles sont regroupées en un seul clade, ce qui indique un lien de parenté au-delà de la famille.

Clade 2 : représente la famille monophylétique Tanaoceridae, avec une seule séquence correspondant à *Tanaocerus koebelei*.

Clade 3 : représente la famille Peneumoridae qui est monophylétique, illustrée par la séquence *Physemacris variolosa*.

Clade 4 : inclut la famille Pyrgomorphidae comme un clade monophylétique, composé de dix genres. Le genre *Mekongiella* est représenté par trois séquences, *Sphenacris* et *Tagasta* par deux séquences chacune, ainsi que *Phymateus* avec deux séquences. Les autres genres inclus sont *Mekongiana*, *Yunnanites*, *Atractomorpha* (trois séquences), *Aularches*, *Monistria*, et *Psedn*.

Clade 5 : ce clade est monophylétique contient 24 séquences regroupe dix genres de la famille Pamphagidae (*Humphaplotropis*, *Haplotropis*, *Asiotmethis*, *Thrinchus*, *Tuarega*, *Filchnerella*, *Sinotmethis*, *Eotmethis* et *Pseudotmethis*).

Clade 6 : ce clade monophylétique est représenté par une seule séquence de la famille Pyrgacrididae.

Clade 7 : représente deux genre, *Lentula* et *lithidiopsis*, da la famille Lentulidae, indiquent un clade monophylétique.

Clade 8 : une seule séquence de genre *Tristira* de la famille Tristiridae, indique un clade monophylétique.

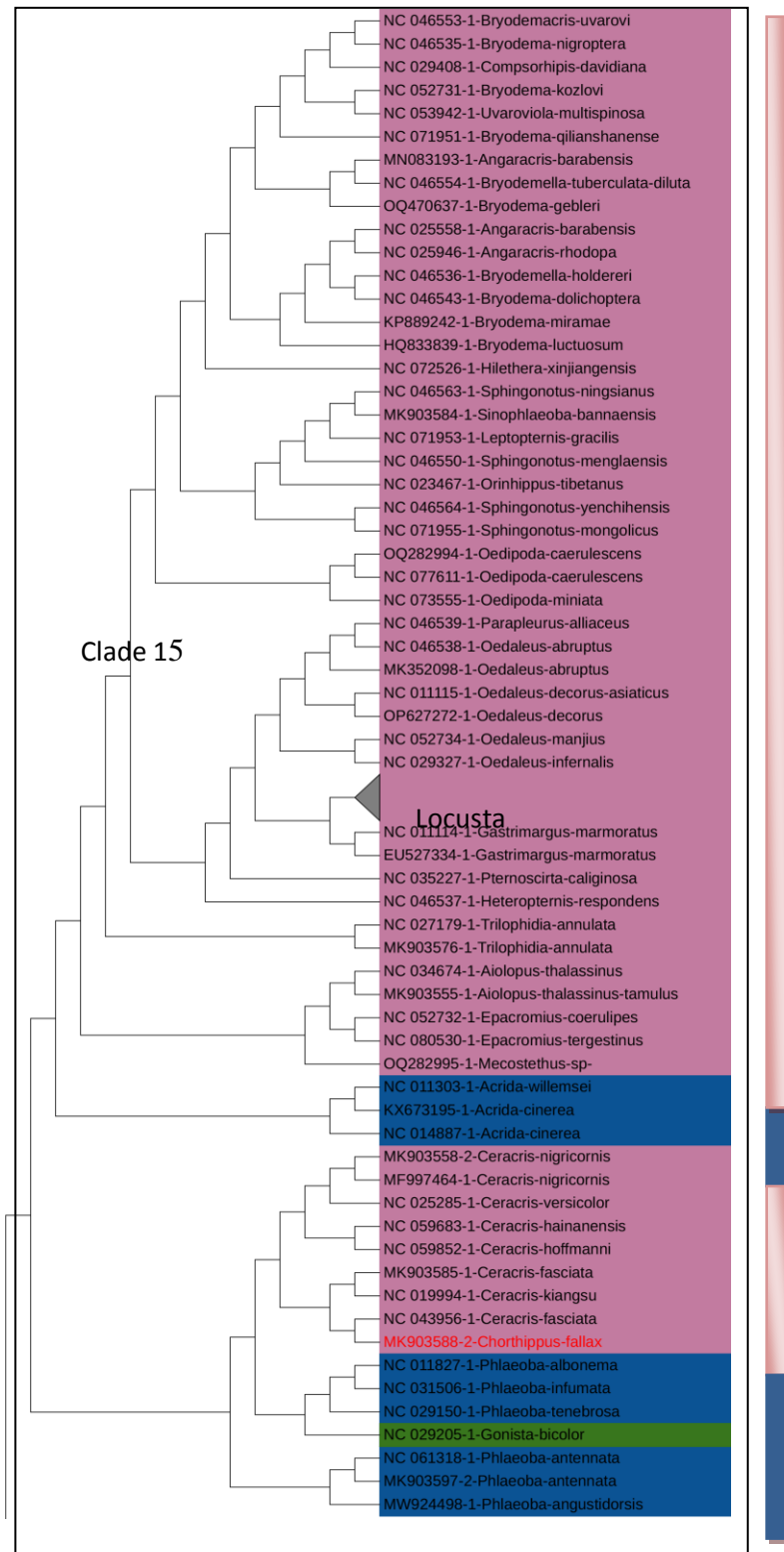
Clade 9 : représente deux famille, Romaleidae avec le genre *Xyleus* et Ommexechidae avec le genre *Ommexecha*, indiquent un clade paraphylétique.

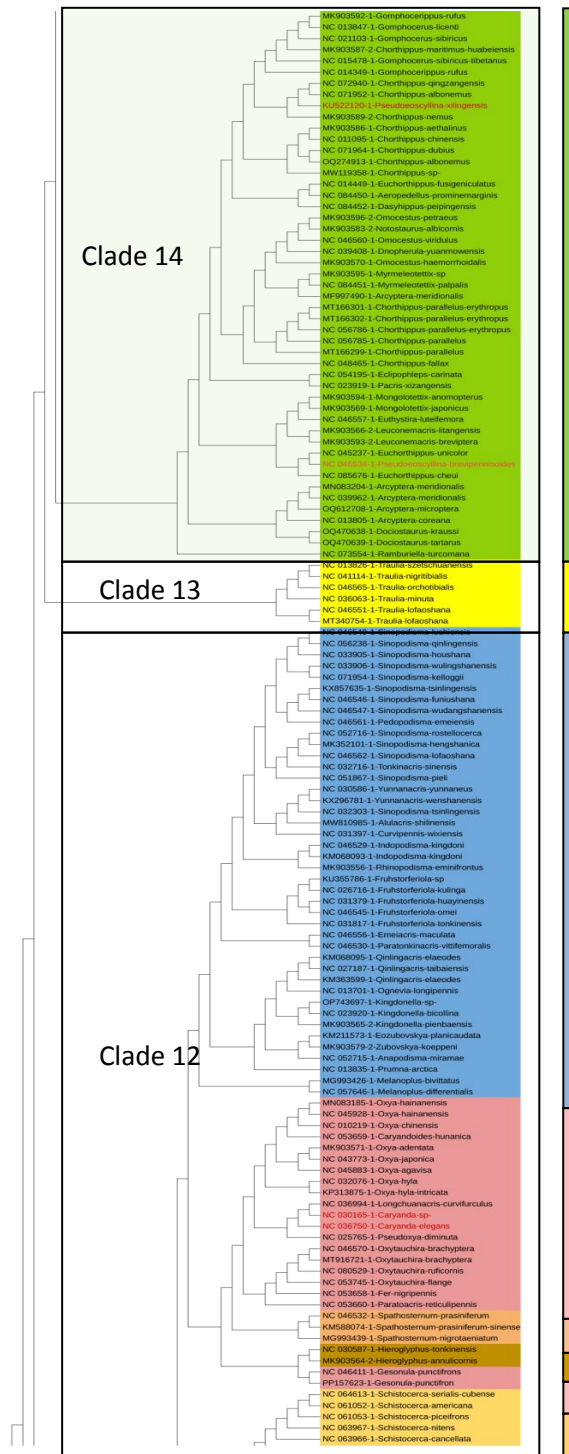
Clade 10 : est le plus grand parmi les autres clades, c'est un clade monophylétique inclue une seule famille Acrididae avec différents genres. Cependant, on trouve trois séquences de deux

genres différents, *Deicorys* et *Conophymacris*, de la famille Dericorythidae, qui sont placées en dehors de son clade familial attendu, cela pourrait être dû à plusieurs raisons, des erreurs dans l'identification des taxons, ou des erreurs dans le séquençage génétique ou l'analyse. Ces mauvaises positions dans l'arbre peuvent indiquer la nécessité, d'abord, de vérifier ces résultats, puis de procéder à des révisions taxonomiques de ces espèces.

- Au niveau de sous famille :

Après avoir examiner les relations évolutives au niveau des familles (Figure 17). Il est pertinent d'approfondir l'analyse au niveau des sous-familles pour obtenir une compréhension plus fine de la diversité taxonomique. L'arbre phylogénétique, construit à partir des données génétiques et morphologiques, offre une vue détaillée des affiliations entre les différents genres au sein des sous-familles. Cette discussion se concentrera sur les placements inattendus des genres dans l'arbre phylogénétique et les hypothèses expliquant ces anomalies. En particulier, nous aborderons les cas de possible mauvaise identification et les implications pour la classification taxonomique. Cette analyse est cruciale pour affiner les classifications actuelles des sous-familles





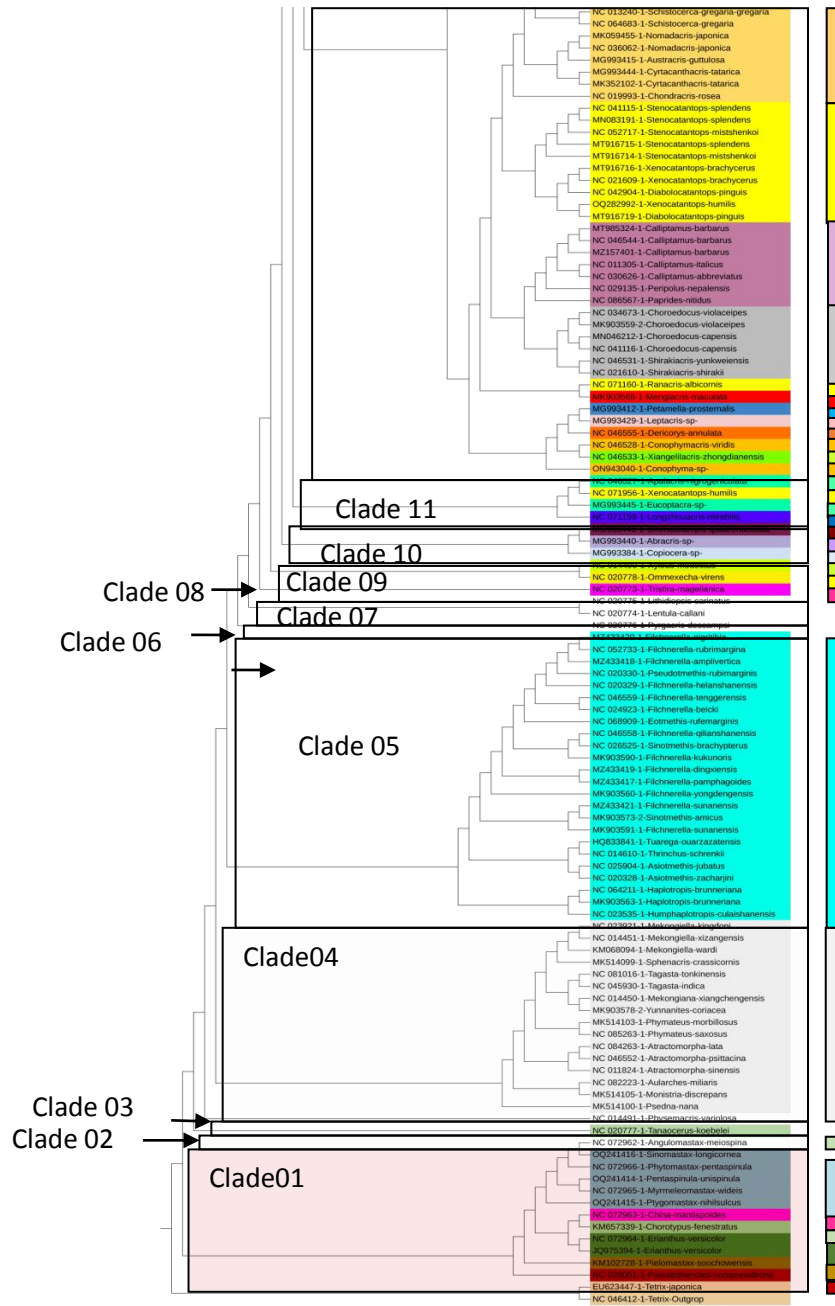


Figure 17. Résultats de l'analyse des Acridomorpha sur l'arbre phylogénétique par inférence bayésienne (au niveau de sous-famille)

Clade 1 : comprend six sous-familles qui semblent monophylétiques (Thericleinae, Episactinae, Erianthinae, Chorotypinae, Chininae et Gomphomastacinae). Les cinq premières sous-familles sont représentées chacune par un seul genre, tandis que la sixième sous-famille est représentée par cinq genres différents au sein d'un clade bien défini. Il est particulièrement notable que ce clade inclut le genre *Angulomastax* avec l'espèce *A. meiospina* Zheng, 1985, qui n'est pas assigné à une sous-famille selon le site web OSF2.

Clade 2 : inclut la sous-famille qui est monophylétique Tanaocerinae, avec une seule espèce *Tanaocerus koebelei* Bruner, 1906.

Clade 3 : inclut l'espèce *Physemacris variolose* Linnaeus, 1758, qui n'est pas assigné à une sous-famille selon le site web OSF2.

Clade 4 : comprend dix genres (*Mekongiella*, *Sphenacis*, *Tagasta*, *Mekongiana*, *Yunnanites*, *Phymateus*, *Atractomorpha*, *Aularches*, *Monistria* et *Psedna*). De la sous-famille monophylétique Pygomorphinae.

Clade 5 : comprend dix genres (*Filchnerella*, *Pseudotmethis*, *Eotmethis*, *Simotmethis*, *Tuarega*, *Thrinchus*, *Asiotmethis*, *Haplotropis* et *Humphaplotropis*). De la sous-famille Thrinchinae qui semblent monophylétique.

Clade 6 : inclut une seule séquence, *Pyrgacris descampsi* Kevan, 1976. La sous-famille de cette espèce n'est pas identifiée dans la plateforme OSF2.

Clade 7 : comprend deux séquences, *Lentula callani* Dirsh, 1956 et *Lithidiopsis carinatus* Dirsh, 1956. La première représente la sous-famille Lentulinae, et la deuxième sa sous-famille n'est pas identifiée.

Clade 8 : représente la sous-famille monophylétique Tristirinae, avec une seule séquence *Tristira magellanica* (Bruner, 1900).

Clade 9 : représente deux sous-familles. Prionolophina représenté par l'espèce *Xyleus modestus* (Giglio-Tos, 1894), et *Ommexecha virens* Serville, 1831 de la sous-famille Ommexechinae.

Clade 10 : se subdivise en deux sous clades incluant 3 sous-familles différentes. Le premier clade représente la sous famille Copiocerinae par le genre *Copiocera*, le deuxième inclue deux

séquences, *Ommatolampis quadrimaculata* Carbonell & Descamps, 1978 avec non sous-famille identifiée et *Abracris*-sp de la sous-famille Ommatolampidinae.

Clade11: se subdivise en deux sous clades. Le premier inclue la sous-famille Habrocneminae avec une seule séquence, *Longzhouacris mirabilis* Liu & Li, 1995. Le deuxième comprend deux sous-famille, Coptacrinae avec deux espèces, *Eucoptacra* sp et *Apalacris nigrogeniculata* Bi, 1984. Et la sous-famille Catantopinae avec l'espèce *Xenocatantops humilis* (Serville, 1838).

Clade 12 : se subdivise en deux sous clades (12' et 12''). Le clade 12' comprendre trois subdivisions ou branches supplémentaires, le premier inclue quatre sous-familles différentes, Melanoplinae, Hemiacridinae, Tropidopolinae et Abrocneminae, chacune par une séquence (*Xiangelilacris zhongdianensis* Zheng, Huang & Zhou, 2008, *Leptacris* Walker, 1870, *Petamella prosternalis* (Karny, 1907), *Menglacris maculata* Jiang & Zheng, 1994), et Conophyminae, par deux séquence (*Conophymacris viridis* Zheng, 1980, *Conophyma* Zubovski, 1898), et la séquence *Dericorys annulata* (Fieber, 1853) qui n'as pas de sous-famille identifiée. Le deuxième inclue deux sous-familles habrocneminae par la séquence *Menglacris maculata* Jiang & Zheng, 1994 et Catantopinae par la séquence *Ranacris albicornis* You & Lin, 1983. Et le troisième se subdivise en quatre autres clades un inclue six séquences de deux genres différent (*Choroedocus*, *shirakiacris*) de la sous-famille Eyprepocnemidinae, l'autre représente la sous-famille Calliptaminae par dix séquences de genres (*paprides*, *Peripolus*, *Calliptamus*), le troisième inclus dix séquences appartient à trois différent genres (*Diabolocatantops*, *Xenocatantops*, *Stenocatantops*) de la sous-famille Catantopinae, et le dernier inclue la sous-famille Cyrtacanthacridinae avec 13 espèces de cinq genres (*Chondracris*, *Cyrtacanthacris*, *Austracris*, *Nomadacris*, *Schistocerca*). Le clade 12'' se subdivise en deux sous clades, le premier inclut deux clades de la sous-famille Oxyinae, un inclut deux séquences de genre *Gesonula* et l'autre inclut 17 séquences de 7 genres appartient à cette sous-famille (*Oxya*, *Caryandiodes*, *Longchuanacris*, *Pseudoxya*, *Oxytauchira*, *Fer* et *Paratoacris*) et deux séquences qui sont mal placées appartient a le genre *Caryanda* de la sous-famille Caryandinae. Un clade de la sous-famille Hemiacridinae représentés par deux séquences de genre Hieroglyphus. Et un clade de la sous-famille Spathosterninae inclut trois séquences de même genre *Spathosternum*. Le deuxième

sous clade représente la sous-famille Melenoplineae avec 42 séquences de 19 genres différents (*Sinopodisma*, *Pedopodisma*, *Tonkinacris*, *Yunnanacris*, *Alulacris*, *Curvipennis*, *Indopodisma*, *Rhinopodisma*, *Fruhstorferiola*, *Emeiacris*, *Paratonkinacris*, *Qinlingacris*, *Ognevia*, *Kingdonella*, *Eozubovskya*, *Zubovskya*, *Anapodisma*, *Prumna* et *Melanoplus*).

Clade 13 : inclut six séquences *Traulia szetschuanensis* Ramme, 1941, *Traulia nigriritibialis* Bi, 1986, *Traulia orchotibialis* Liang & Zheng, 1986, *Traulia minuta* Huang & Xia, 1985, *Traulia-lofaoshana* et *Traulia-lofaoshana*, de la sous-famille catantopinae.

Clade 14 : représente la sous-famille Gomphocerinae par 47 séquences de différentes genres, Ramburiella, Dociostaurus, Arcyptera, Euchorthippus, Leuconemacris, Euthystira

, Mongolotettix, Pacris, Eclipophleps, Chorthippus, Myrmeleotettix, Omocestus, Dnopherula, Notostaurus, Dasyhippus, Aeropedellus, Gomphocerippus et Gomphocerus qui est le type de cette sous-famille selon la plateforme OSF2. Et deux autres séquences (*Pseudoeoscyllina xilingensis* Zheng, Lin & Qiu, 2015 et *Pseudoeoscyllina brevipennisoides* Zhang, Zheng & Yang, 2012, qui sont placées en dehors de son clade familial.

Clade 15 : inclut deux sous-familles, Acrididae dans trois clades, chaque un inclut 3 séquences, l'un des deux représente le genre *Acrida* et les deux autres représente *Phlaeoba*, et Oedipodinae dans deux clades, le premier inclus séquences de genre *Ceracris* et une séquence mal placée, le deuxième inclus 44 séquences de cette sous-famille, et deux séquences (*Sinophlaeoba bannaensis* Niu & Zheng, 2005 et *Orinhippus tibetanus* Uvarov, 1921) mal placées.

Pour les sous familles : Eumastacidae, Pyrgomorphae, Thrinchinae, Eyperpocemidinae, Callipaminae, Cyrtacanthacridinae, hemiacridinae, Spathosterninae, Melenoplineae, Gomphocerinae et Lentulidae, on trouve que tous les membres de ces sous familles partagent un ancêtre commun exclusif pour chaque une et sont regroupés dans un seul clade donc sont des sous-famille monophylles et dans un arbre phylogénétique cela constitue une base solide pour explorer la classification taxonomique et l'évolution biologique. Sa monophylie confirme la cohérence de sa classification.

On trouve aussi que Catantopinae, Oxyinae, Oedipodinae sont des sous-familles paraphylétique car certains membres de ces sous-famille sont regroupés dans un clade distinct, tandis que d'autres sont répartis dans d'autres clades ou groupes, et on peut dire sur ça que il y a

une diversité des espèces au sein de ces sous-familles. des caractéristique morphologique ou génétique partagées entre les membres des différents clades, et cela indiquer aussi que la classification traditionnelle des espèces dans ces sous-familles ne reflète pas correctement leur histoire évolutive réelles.

Pour le genre *Traulia* de la sous-famille Catantopinae, on voit qu'il est placée en dehors de son clade familial attendu, ce qui suggère l'hypothèse qu'il pourrait appartenir à une autre sous-famille et avoir été mal identifié.

Et pour *Acridinae* on peut dire que c'est une sous-famille polyphylétique cela signifie que les membres de cette sous-famille ne partagent pas un ancêtre commun exclusif. Au lieu de cela, les espèces regroupées dans cette sous-famille proviennent de plusieurs ancêtres différents, répartis dans différents clades ou groupes. Cette situation peut résulter d'une classification traditionnelle basée sur des caractéristiques superficielles ou similaires qui ne reflètent pas les relations évolutives réelles entre les espèces. En conséquence, une sous-famille polyphylétique est considérée comme non naturelle du point de vue évolutif et remet en question la validité de la classification taxonomique traditionnelle.

On trouve aussi des mauvais placements des espèces :

Dans le clade de la sous-famille *Oxyinae* où on trouve 8 espèces de même genre '*Oxya*' qui est le type de cette sous-famille, on trouve aussi deux espèces qui ne sont pas de cette sous-famille, sont de genre *caryanda* de la sous-famille *Caryandinae*.

Aussi dans le clade de la sous-famille *Gomphocerinae* on trouve deux espèces de la sous-famille *Acridinae*.

Il y a aussi *Gonista bcolor* qui est une espèce de la sous-famille *Gomphocerinae* mais classé avec *Phlaeoba* de la sous-famille *Acridinae*.

La même chose dans les deux clades de la sous-famille *Oedipodinae* on trouve des espèces externe de cette sous-famille, il y a *Chortippus fallax* et *Orinhippus tibetanus* de la sous-famille *Gomphocerinae* et *Sinophaeoba bannaensis* de la sous-famille *Acridinae*.

Cela peut indiquer une convergence évolutive, des événements de transfert horizontal de gènes ou une classification incorrecte.

Conclusion

Conclusion

L'étude du génome mitochondrial des Acridomorphes a offert des perspectives inédites sur l'évolution phylétique de ce groupe d'insecte. En téléchargeant des séquences mitochondriales en utilisant la base de données GenBank, nous avons pu reconstruire l'arbre phylogénétique, révélant les relations évolutives entre différentes familles, sous-famille et genres au sein des Acridomorphes. Les résultats ont mis en lumière plusieurs clades monophylétiques comme Eumastacidae, Pyrgomorphinae, Thrinchinae, Eyperpocemidinae, Callipaminae, Cyrtacanthacridinae, hemiacridinae, Spathosterninae, Melenoplineae, Gomphocerinae et Lentulidae. Et d'autres clades paraphylétiques comme Catantopinae, Oxyinae et Oedipodinae. Confirmant ainsi certaines classifications taxonomiques actuelles, tout en suggérant la nécessité de réviser d'autres classifications basées sur des placements inattendus et des anomalies observées dans l'arbre phylogénétique.

Les analyses ont montré que certains espèces, telles que *Conopchyma*, *Conopchymacris* et *Dericorys* sont placés en dehors de leur clades familial attendu, et au niveau des sous-familles on trouve aussi que il ya des séquences de différents genres qui sont mal placés (*Sinopflaeoba*, *Orinhippus*, *Chorthippus*, *Gonista*, *Pseudoeoscyllina*), indiquant des possibles erreurs d'identification ou de classification. Ces observations soulignent l'importance d'utiliser des données génétiques pour affiner les classifications taxonomiques et améliorer notre compréhension de l'évolution des Acridomorphes.

En conclusion, l'étude du génome mitochondrial s'avère être un outil puissant pour explorer la relation phylétique des Acridomorphes. Elle permet non seulement de clarifier les relations évolutives mais aussi détecter des anomalies nécessitant une réévaluation taxonomique. Cette recherche contribue de manière significative à la biologie évolutive et à la systématique des insectes, fournissant des bases solides pour des études futures et des efforts de conservation ciblés.

Références bibliographique(s.d.). Récupéré sur <https://www.edrawsoft.com/fr/article/what-is-phylogenetic-tree.html>

Françoso, E., Araujo, N., Ricardo, P., Santos, P., Zuntini, A., & Arias, M. (2020). Evolutionary perspectives on bee mtDNA from mito-OMICS analyses of a solitary species. *Apidologie* , 53.

Lin, X.-L., Stur, E., & Ekrem, T. (2018). Exploring species boundaries with multiple genetic loci using empirical data from non-biting midges. *Zoologica Scripta (Wiley)* , 325-341.

Luo, A., Ling, C., Ho, S., & Zhu, C.-D. (2018). Comparison of Methods for Molecular Species Delimitation Across a Range of Speciation Scenarios. *Systematic Biology (Oxford University Press)* .

Xie, R., Zan, X., Chu, L., Su, Y., Xu, P., & Liu, W. (2023). Study of the error correction capability of multiple sequence alignment algorithm (MAFFT) in DNA storage. *BMC Bioinformatics* , vol 24.

Yang, Z., & Rannala, B. (2020, janvier). Phylogenetics in the Genomic Era. *Chapter 5.5 Species Delimitation* .

Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., de Bruijn, M. H., Coulson, A. R., Drouin, J., et al. (1987). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* , 290(5806).

Annabelle, C., Seddon, M., & Neubert, E. (2011). European red list of non-marine molluscs. *Luxembourg: Publications Office of the European Union* , 97.

Benbya, H., E. Leidner, D., & S. Preston, D. (2019). MIS Quarterly research curation on Information Systems alignment. *Management Information Systems Quarterly* , 1-19.

Boore, J. L. (1767–1780). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research* , 27.

Casane, D., & Laurenti, P. (2012). penser la biologie dans un cadre phylogénétique: l'exemple de l'évolution des vertébrés. *Medecine science* , 5.

Chaput, J. (2024, FÉVRIER 26). Récupéré sur FUTURA sciences : <https://www.futura-sciences.com/>

Choudhuri, S. (2014). Genes, Genomes, Molecular Evolution, Databases and Analytical Tools. *Bioinformatics for Beginners* .

Choudhuri, S. (2014). *Bioinformatics for beginners: genes, genomes, molecular evolution,*.

Cigliano, M. M., Braun, H., Eades, D. C., & Otte, D. (2024, 06 01). Orthoptera Species File Online.

Cigliano, M. M., Braun, H., Eades, D. C., & Otte, D. (2020). Orthoptera Species Files. *Availables at <https://orthoptera.speciesfile.org/>* .

Cigliano, M., Braun, H., Eades, D., & Otte, D. (2024, 06 03). *Acridomorpha MacLeay*. Récupéré sur Orthoptera Species File: <http://orthoptera.speciesfile.org/otus/809568/overview>

- Cigliano, M., Braun, H., Eades, D., & Oettle, D. (2024, 06 03). *Orthoptera Species File*. Récupéré sur <http://orthoptera.speciesfile.org/otus/809568/overview>
- David, P., & James E, j. (2014). *Fossil Insects An introduction to palaeoentomology*.
- Davvaz, B., & Farshi, M. (2013). Isomorphism theorems of polygroups. *Journal of Sciences, Islamic Republic of Iran* , 385-392.
- Dirsh, V. M., & Mason, J. B. (2009). Systematic and phylogenetic position of the family Xyronotidae (Acridomorpha, Insecta). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* , 201-210.
- Dong, L., Shi, J.-P., Zhang, X., Zhang, Y., Li, X.-J., & Yin, H. (2015). Molecular phylogenetic analysis of Acridoidea (Orthoptera: Caelifera) based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit sequences. *Zootaxa* , 411-425.
- Eades, D., Otte, D., Cigliano, M. M., & Braun, H. (2013). Récupéré sur OSF2: <https://orthoptera.speciesfile.org/>
- Graham, S. W., Olmstead, R., & Barrett, S. C. (2022). Rooting Phylogenetic Trees with Distant Outgroups: A Case Study from the Commelinoid Monocots. *Molecular Biology and Evolution* , 19(10):1769-1781.
- Gray, M., Burger, G., & Lang, B. (1999). Mitochondrial evolution. *Science* , 283.
- Hammam, E. H. (2012). Altérations mitochondriales et processus inflammatoire dans la déficience en acyl-Coenzyme A oxydase 1. 84.
- Hardyta, G. (2023). Analisis Perbandingan Sekuens Gen Calpain 1 (CAPN1) pada Sapi, Kerbau, dan Kambing Berdasarkan Database Genbank. *Agrovital : jurnal ilmu pertanian* , 35.
- Hind , B., Dorothy , E., & David, S. (2019). MIS Quarterly research curation on Information Systems alignment. *Management Information Systems Quarterly* , 1-19.
- Horiike, T. (2016). AN INTRODUCTION TO MOLECULAR PHYLOGENETIC ANALYSIS. *Agricultural Science 4* , 36-45.
- JAGO, N. (1963). A revision of the genus Calliptamus (Orthoptera, Acrididae). *BULLETIN OF THE BRITISH MUSEUM (NATURAL HISTORY)* , 289-350.
- Jarabo, J. I. (2014). Formal methods applied to the analysis of phylogenies.
- Khan, N. A., Govindaraj, P., Meena, A. K., & Thangaraj, k. (2015). Mitochondrial disorders: challenges in diagnosis & treatment. *Le journal indien de la recherche médicale* , 13.
- Knowles, L. L. (2022). Species Delimitation. *Evolutionary Biology* .
- Lachance, M.-A. (2016). Paraphyly and (yeast) classification. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* .

- Latchininsky, A., & Launois-Luong, M. (1992). *Le criquet marocain, Dociostaurus maroccanus*(thnuberg,1815), dans la partie orientale de son aire de distribution: étude monographique relative à l'ex-YRSS et aux pays proches. Français: CIRAD-PRIFAS.
- Lavrov, D., & Pett, W. (2016). Animal Mitochondrial DNA as We Do Not Know It: mt-Genome Organization and Evolution in Nonbilaterian Lineages. *Genome Biology and Evolution* , 2896-2913.
- Lecoq, M. (2012). *Bioécologie du criquet pèlerin*. Alger : Bioécologie du criquet pèlerin. FAO-CLCPRO (Commission de lutte contre le Criquet pèlerin en région occidentale).
- Legros, F., Malka, F., Frachon, p., Lombès, A., & Rojo, M. (2004). Organisation and dynamics of human mitochondrial DnA. *Cell Science* , 117(13).
- Lemoine, f., Correia, D., Lefort, v., Doppelt-Azeroual, O., Mareuil, F., Cohen-Boulakia, S., et al. (2019). NGPhylogeny.fr: new generaton phylogenetic sevicees for non-specialistes. *Nucleic acids research* , 206-265.
- LES CRIQUETS RAVAGEURS. (2007). Récupéré sur cirad: https://locust.cirad.fr/tout_savoir/index.htm
- Li, M., Chen, W.-T., Zhang, Q.-L., Liu, M., Xing, C., Cao, Y., et al. (2022). Mitochondrial phylogenomics provides insights into the phylogeny and evolution of spiders (Arthropoda: Araneae). *Zoological Research* , 566-584.
- Lopez, P., Casane, D., & Philippe, H. (2002). Phylogénie et évolution moléculaires Bio-informatique (5). *medecine/sciences* , 1146-1154.
- Macino, G., Scazzocchio, C., Waringi, R. B., & McPha, M. (1980). conservation and rearrangement of mitochondrial structural gene sequence. *nature* , 288(5789).
- MacLeay, W. (1821). *In Horave Entomologicae or Essays on the Annulose Animals*. London: S.Bagster.
- May-Panloup, P., Chrétien, M.-F., Malthièry, Y., & Reynier, P. (2013). Mitochondries et reproduction. *érudit* , 780.
- Mehta, R. S., Bryant, D., & Rosenberg, N. A. (2016). The probability of monophyly of a sample of gene lineages on a species tree. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* , 8002-8009.
- Mestre, J. (1988). *Les acridiens des formations herbeuses d'Afrique de l'Ouest*.
- Mohammad, Y., Afshana, S., & Khalid Z., M. (2022). Chapter 6 - Multiple sequence alignment. *Bioinformatics for Everyone* , 47-53.
- Mohammedi, Y. S., Afshana, S., Khalid, Z., & Masoodi. (2022). *Bioinformatics for Everyone*. Elsevier Science.

- Noé, L. (09 September 2022). *From Sequences to Graphs: Discrete Methods and Structures for Bioinformatics*.
- Nunnari, J., & Suomalainen, A. (2012). Mitochondria: In Sickness and in Health. *Cell* , 148.
- Patwardhan, A., Ray, S., & Roy, A. (2014). Molecular markers in phylogenetic studies a review. *Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology* , 1-9.
- Pevzner, P. A. (2006). *alignement multiple. bioinformatique moléculaire*.
- Picard, M., Shiriha, O. S., Gentil, B. J., & Burelle, Y. (2013). Mitochondrial morphology transitions and functions: implications for retrograde signaling? *American Journal of Physiology - Regulatory, Integrative and Comparative Physiology* , 304(6).
- Puillandre, N., Brouillet, S., & Achaz, G. (2021). ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular Ecology Resources (John Wiley & Sons, Ltd)* .
- Pyron, R. A. (2023, juin 13). Unsupervised Machine Learning for Species Delimitation, Integrative Taxonomy, and Biodiversity Conservation. *bioRxiv* .
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. (2013). A DNA-Based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) System. *PLOS ONE* .
- Raveendran P, R., & Beena, S. (2020). construction of cladogram using binary matrix. *Advances in Mathematics* , 9(11):9541-9550.
- Rentz, D. C. (s.d.). Orthoptera: Biogeography and Ecology of Southern Africa. *Monographiae Biologicae* , 733-746.
- Rokas, A. (2011). Phylogenetic analysis of protein sequence data using the Randomized Accelerated Maximum Likelihood (RAXML) Program. *Current protocols in molecular biology* , 96.
- Rubinstein, N. D., Feldstein, T., Shenkar, N., Botero-Castro, F., Griggio, F., Mastrototaro, F., et al. (2013). Deep Sequencing of Mixed Total DNA without Barcodes Allows Efficient Assembly of Highly Plastic Ascidian Mitochondrial Genomes. *GBE* , 5-6.
- Saccone, C., Gissi, C., Lanave, C., Larizza, A., Pesole, G., & Reyes, J. A. (2000). Evolution of the mitochondrial genetic system: an overview. *Gene* , 261(1).
- Saccone, C., Lanave, C., & De Grassi, A. (2006). Metazoan OXPHOS gene families: Evolutionary forces at the level of mitochondrial and nuclear genomes. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics* , 1171-1178.
- Samouelian, F., Gaudin, V., & Boccarda, M. (2009). *Génétique moléculaire des plantes*. France: Quae.
- Saneto, R. P., & Sedensky, M. M. (2013). Mitochondrial Disease in Childhood: mtDNA Encoded. *Neurotherapeutics: The Journal of the American Society for Experimental Neurotherapeutics* , 10(2).

- Satoh, M., & Kuroiwa, T. (1991). Organization of multiple nucleoids and DNA molecules in mitochondria of a human cell. *Exp Cell Res* , 196(1).
- Sheng-quan, X. (1999). The study on the phylogenetic relationship of acridoidea (orthoptera) based on the female subgenital plate. *Entomotaxonomia* .
- Shiha, P. M., & Matzke, N. J. (2013). Primary endosymbiosis events date to the later Proterozoic with cross-calibrated phylogenetic dating of duplicated ATPase proteins. *PNAS* , 11(30).
- Simon, D., & Jean-François, F. (2018). The hitchhiker's guide to single-locus species delimitation. *Molecular Ecology Resources (Mol Ecol Resour)* .
- Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H., & Flook, P. (1994). Evolution, Weighting, and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Gene Sequences and a Compilation of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers. *Annals of the Entomological Society of America* , 651–701.
- Song, H. (2018). *Biodiversity of Orthoptera*.
- Uvarov, B. (1966). The locust and grasshopper problem in relation to the development of arid lands. . *Association for the Advance of Sciences. Washington D.C* , 389.
- Wang, J. (2019). Analysis on Algorithms for Constructing Phylogenetic Trees From Distances. *IEEE Access* , (7) 129430-129436.
- Willis, A. D. (2019). confidence sets for phylogenetic trees . *Journal of the American statistical Association* .
- Yusoff, A. A., Ahmad, F., Idris, Z., Jaafar, H., & Abdullah, J. M. (2015, Mars 25). Understanding Mitochondrial DNA in Brain Tumorigenesis.
- Zhang, F., & Broughton, R. E. (2013). Mitochondrial–Nuclear Interactions: Compensatory Evolution or Variable Functional Constraint among Vertebrate Oxidative Phosphorylation Genes? . *GBE (GENOME BIOLOGY AND EVOLUTION)* , 5(10).

Résumé

الملخص

يستكشف هذا البحث استخدام جينوم الميتوكوندريا لفهم تصنيف مجموعة الحشرات من فصيلة الأكريدومورفات، وهي مجموعة متنوعة من الحشرات. ومن خلال مقارنة تسلسلات الميتوكوندريا، قمنا ببناء شجرة النشوء والتطور لتسليط الضوء على العلاقات التطورية داخل هذه المجموعة. يتضمن العمل مراجعة للأدبيات، وعرضًا تفصيليًا لحشرات الأكريدومورفات، والمنهجية المستخدمة في اختيار وتحليل التسلسلات الجينية المتاحة في بنك الجينات. تؤكد النتائج بعض التصنيفات الموجودة، وتكشف عن سلالات أحادية النمط ومتعددة النمط وتسلط الضوء على الشذوذات التصنيفية، مما يدل على فعالية البيانات الجينية في تحسين التصنيف وتحسين فهمنا لتطور هذه الحشرات، وبالتالي توفير إطار عمل للأبحاث المستقبلية.

الكلمات المفتاحية:

الجينوم الميتوكوندريا، أكريدومورفا، شجرة النشوء والتطور الوراثي، تطور سلالي

Résumé

Cette recherche explore l'utilisation du génome mitochondrial pour comprendre la taxonomie des Acridomorpha, un groupe diversifié d'insectes. En comparant les séquences mitochondriales, nous avons construit un arbre phylogénétique afin de mettre en lumière les relations évolutives au sein de ce groupe. Le travail comprend une revue de la littérature, une présentation détaillée des Acridomorpha, ainsi que la méthodologie utilisée pour sélectionner et analyser les séquences génétiques disponibles dans GenBank. Les résultats confirment certaines classifications existantes, révèlent des clades monophylétiques, paraphylétique, polyphylétique et soulignent des anomalies taxonomiques, démontrant l'efficacité des données génétiques pour affiner la classification et améliorer la compréhension de l'évolution de ces insectes. Fournissant ainsi un cadre pour de futures recherches.

Mot clés: **Génome mitochondrial, Acridomorpha, Arbre phylogénétique, phylétique**

Abstract

This research explores the use of the mitochondrial genome to understand the taxonomy of the Acridomorpha, a diverse group of insects. By comparing mitochondrial sequences, we constructed phylogenetic tree to highlight evolutionary relationships within this group. The work includes a literature review, a detailed presentation of the Acridomorpha, and the methodology used to select and analyze the genetic sequences available in GenBank. The results confirm certain existing classifications, reveal monophyletic, paraphyletic and polyphyletic

clades, and highlight taxonomic anomalies, demonstrating the effectiveness of genetic data in refining classification and improving understanding of the evolution of these insects, thus providing a framework for future research.

Key words: Mitochondrial genome, Acridomorpha, Phylogenetic tree, phyletic.