



**BIN-A7**

**Phylogénie et délimitation des espèces du genre *Androctonus* Ehrenberg, 1828 (Scorpiones: Buthidae) sur la base de données moléculaires**

**Wissame Zekri**, Abdelhafedh Bendehahmane et Abdelhamid Moussi

*Laboratory of Genetic, Biotechnology, and Valorisation of Bioresources (LGBVB), University of Biskra, 0700, Algeria*

[wissame.zekri@univ-biskra.dz](mailto:wissame.zekri@univ-biskra.dz)

**Résumé**

Les positions phylogénétiques des espèces du genre *Androctonus*, à savoir *A. australis*, sont controversées. Les limites des espèces au sein des deux groupes d'espèces *A. australis* et *A. amoreuxi* ne sont pas claires. Dans ce travail, nous avons exploré les positions phylogénétiques des espèces du genre *Androctonus* ainsi que les relations au sein de chaque groupe en nous basant sur le fragment proche de 650 bases du code-barres de la sous-unité I (COI) du gène mitochondrial de la cytochrome c oxydase. Les phylogénies ont été reconstruites dans le cadre du maximum de vraisemblance. Les distances génétiques ont été utilisées pour évaluer la plage de chevauchement entre la variation intraspécifique et la divergence interspécifique. Le concept phylogénétique des espèces et l'arbre ML et la distance génétique ainsi que les deux méthodes Multi-rate Poisson treeprocesses (mPTP) et Assemble Species by Automatic Partitioning (ASAP) ont été employés pour délimiter les frontières des espèces dans chaque groupe d'espèce. Les résultats ont démontré que la délimitation des frontières entre les espèces a confirmé la présence d'un fractionnement excessif dans les groupes d'espèces *A. australis* et *A. amoreuxi* et a suggéré que chaque groupe soit traité comme une seule espèce putative.

**Mots-clés :** *Androctonus australis*, *Androctonus amoreuxi*, COI, mPTP, ASAP.