



Phylogénie et taxonomie du genre *Cinnamomum* : ce que révèle l'étude sur les plantes dont provient la cannelle

Dr. A. Colonnese¹, R. Panzironi²

¹ Nutrition Biologist, Latina, Italy

² Independent Researcher, Latina, Italy

1. ABSTRACT

L'étude de Yang et ses collègues a examiné les relations évolutives entre de nombreuses plantes des Lauraceae, la famille botanique qui comprend le genre *Cinnamomum*. Les résultats montrent que le nom *Cinnamomum* incluait des groupes qui ne sont pas tous étroitement apparentés et soutiennent une classification plus précise. La synthèse des auteurs décrit une étude de phylogénie, c'est-à-dire de reconstruction des relations évolutives entre organismes, menée sur le complexe *Cinnamomum*-*Ocotea* des Lauraceae. Les chercheurs ont comparé des séquences d'ADN provenant du plastome, le patrimoine génétique du chloroplaste impliqué dans la photosynthèse, et de deux marqueurs génétiques : nrITS et psbA-trnH. La comparaison a inclus 38 plastomes complets, 324 séquences nrITS et 238 séquences psbA-trnH. Les analyses ont identifié cinq grands groupes évolutifs. Les espèces de l'Ancien Monde alors attribuées à *Cinnamomum* ne formaient pas une seule branche : la section *Camphora* s'est révélée proche de *Sassafras*, tandis que la section *Cinnamomum* s'est révélée proche du genre africain *Kuloa*. Les auteurs ont également intégré les données génétiques avec des caractères visibles des feuilles, des bourgeons et des fleurs. Sur la base de l'ensemble des preuves, ils ont restreint *Cinnamomum* au sens strict et transféré 18 espèces asiatiques vers *Camphora*. Ce résultat améliore le langage botanique utile pour décrire les plantes aromatiques. Il ne permet cependant pas de reconnaître avec certitude l'espèce présente dans un paquet de cannelle sans une analyse directe du matériel.

VIDEO ARTICLE



ARTICLE INFORMATION

Received: October 26, 2026

Revised: October 26, 2026

Accepted: October 26, 2026

Published: October 2026

DOI 10.5281/zenodo.placeholder

KEYWORDS

filogenesi e tassonomia del genere *Cinnamomum*
genere *Cinnamomum*

Lauraceae

specie di *Cinnamomum*

origine botanica della cannella

classificazione botanica della cannella

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science est né avec l'objectif de rendre le savoir scientifique accessible sans renoncer à la rigueur méthodologique, à la qualité des sources et à l'autorité des contenus. La revue promeut la diffusion des connaissances dans les sciences de la santé, de la nutrition, de la médecine et de la longévité, en créant un pont entre le monde de la recherche et la société.

À travers des articles, des revues, des analyses approfondies et des contributions d'experts, le Journal valorise la médecine et la science fondées sur les preuves, en favorisant une interprétation correcte des données scientifiques et en luttant contre la désinformation. Chaque contenu est élaboré avec l'objectif de traduire la complexité de la recherche en informations compréhensibles, utiles et applicables, tout en préservant intacts les principes d'exactitude, de transparence et d'indépendance scientifique.

Libre de tout conditionnement politique, industriel et commercial, la revue se propose comme un espace éditorial faisant autorité et indépendant, dédié à la promotion de la culture scientifique, de la formation professionnelle continue et du développement de la conscience sanitaire au sein de la population.



2. CE QUE CETTE RECHERCHE A ANALYSÉ

La recherche a évalué si le genre *Cinnamomum*, qui comprend des espèces connues pour leurs écorces et leurs huiles aromatiques, correspondait à un groupe évolutif unique. En termes simples, les auteurs ont vérifié si des plantes aux noms et aux caractéristiques similaires partageaient réellement une histoire commune étroite. Ils ont comparé des séquences d'ADN du chloroplaste et du noyau avec des caractères observables, tels que la disposition des feuilles, la structure des bourgeons et les détails microscopiques de l'épiderme foliaire. Les analyses phylogénétiques ont utilisé trois ensembles de données : 38 plastomes, 324 séquences nrITS et 238 séquences psbA-trnH. Le nrITS est une région de l'ADN nucléaire utile pour comparer des espèces proches ; le psbA-trnH est quant à lui un segment d'ADN du chloroplaste. L'utilisation de plusieurs marqueurs réduit le risque de baser la classification sur un seul signal génétique, mais n'élimine pas les incertitudes dues à un échantillonnage incomplet ou à des histoires évolutives complexes.

3. QUELS RÉSULTATS RESSORTENT DE L'ÉTUDE

Le résultat principal est que les espèces asiatiques et australasiennes alors regroupées sous le nom de *Cinnamomum* n'apparaissaient pas comme une seule branche évolutive. La section *Camphora* était plus proche de *Sassafras*, tandis que la section *Cinnamomum* était plus proche du genre africain *Kuloo*. Cela signifie que le nom traditionnel englobait des lignées évolutives distinctes, et non que les plantes sont dépourvues de caractéristiques communes. Les analyses basées sur le nrITS, seul ou associé au psbA-trnH, ont révélé cinq grands groupes. Les données sur les feuilles ont apporté un soutien supplémentaire : les deux groupes différaient par la paroi externe des cellules épidermiques. Les auteurs ont donc reconnu *Cinnamomum* dans un sens plus restreint et ont transféré 18 espèces vers *Camphora*, incluant 15 nouvelles combinaisons nomenclaturales. Il s'agit d'une proposition taxonomique fondée sur les données disponibles, et non d'une mesure de la qualité, de l'arôme ou de la sécurité de la cannelle commerciale.

4. POURQUOI CETTE ÉTUDE EST PERTINENTE

Une identification botanique correcte est le point de départ pour parler avec précision des plantes dont peut provenir la cannelle. Si des espèces différentes sont désignées par le même nom de genre ou nom commercial, il devient plus difficile de comparer les descriptions botaniques, la composition chimique et les matériaux examinés en laboratoire. L'étude de Yang et ses collègues contribue donc à clarifier les frontières entre les espèces et les genres des Lauraceae. La valeur pratique est avant tout classificatoire. La phylogénie permet de relier la ressemblance visible à l'histoire évolutive, en évitant de considérer comme équivalentes des plantes uniquement parce qu'elles ont des feuilles aromatiques ou des écorces utilisées de manière similaire. Toutefois, une classification mise à jour n'identifie pas automatiquement l'espèce d'une épice en poudre : pour ce résultat, des informations documentaires ou des méthodes analytiques appliquées directement à l'échantillon sont nécessaires.

5. LIMITES DE L'ÉTUDE ET CE QU'ELLE NE DÉMONTRE PAS

L'étude a utilisé le plus large échantillonnage disponible pour le groupe au moment de l'analyse, mais toutes les espèces ne disposaient pas des mêmes données génétiques. En particulier, les plastomes de *Kuloo* manquaient. C'est pourquoi les relations les plus profondes déduites de l'ADN du chloroplaste peuvent différer de celles obtenues avec l'ADN nucléaire. Les auteurs eux-mêmes signalent que certaines relations au sein des deux sections principales restent irrésolues. Les résultats ne démontrent pas que toutes les dénominations précédentes étaient inutiles, ni qu'une espèce transférée dans le genre *Camphora* perd ses caractéristiques biologiques. Ils ne démontrent pas non plus quelle espèce est contenue dans un aliment, un extrait ou un complément alimentaire spécifique. La taxonomie décrit des relations et des noms scientifiques ; elle ne détermine pas à elle seule les propriétés nutritionnelles, les effets sur la santé ou les caractéristiques du produit vendu.



6. PREUVES INDÉPENDANTES DE CONFIRMATION

Une analyse anatomique portant sur 48 espèces a renforcé l'idée que les deux lignées asiatiques peuvent être distinguées au-delà du simple ADN. Gang et ses collègues ont observé que des détails spécifiques de l'épiderme foliaire, c'est-à-dire la couche superficielle de la feuille, suivaient les deux groupes phylogénétiques [1]. Il s'agit d'une confirmation indirecte mais convergente : le modèle était constitué de feuilles d'espèces botaniques, et non de produits commerciaux. La limite est qu'un caractère anatomique, à lui seul, ne permet pas de reconstruire l'intégralité de l'histoire évolutive. Yang et ses collègues ont ensuite étudié deux échantillons de *Cinnamomum guizhouense* par le biais du plastome et de la morphologie. Tous deux appartenaient au groupe *Camphora*, ce qui soutient le transfert de l'espèce vers *Camphora guizhouensis* [2]. Cette preuve est directe pour cette espèce, mais elle ne suffit pas à vérifier toutes les reclassifications proposées en 2022. Une étude de 2025 a comparé les plastomes et l'ADN ribosomique nucléaire chez 72 taxons de Lauraceae, dont 35 se rapportant à *Camphora* et *Cinnamomum*. L'ADN nucléaire a permis de distinguer des groupes monophylétiques, c'est-à-dire des branches ayant un ancêtre commun exclusif, cohérents avec la séparation des deux genres [3]. Le soutien est significatif, mais les auteurs eux-mêmes signalent des différences entre les signaux génétiques.

7. PREUVES DISCORDANTES

Toutes les analyses ne reconstituent pas les relations entre ces groupes de la même manière. Rohde et ses collègues, en étudiant des espèces néotropicales à l'aide de données moléculaires et de caractères floraux, ont transféré un ensemble de plantes précédemment attribuées au genre *Cinnamomum* vers le genre *Aiouea* [4]. Ces travaux confirment que l'ancien périmètre du genre *Cinnamomum* était problématique, mais proposent une disposition du groupe américain différente de celle qui ressortait de l'étude de Yang. La différence concerne principalement l'échantillonnage et la position des branches, et non l'utilisation de la phylogénie pour réviser les noms. Dans une étude précédente portant sur un seul plastome de *Cinnamomum camphora*, Li et

ses collègues avaient placé *C. camphora* à proximité de *Cinnamomum verum* au sein du même genre [5]. Ce résultat contraste avec la séparation ultérieure du genre *Camphora*, mais découle d'une comparaison beaucoup plus restreinte. Aucune preuve directement discordante suffisamment pertinente n'a été identifiée au-delà de ces différences de topologie et d'échantillonnage ; cela ne démontre pas pour autant l'absence de résultats contradictoires.

8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

Les recherches suivantes aident à évaluer dans quelle mesure la proposition taxonomique est étayée ou limitée par des données indépendantes.

Quadro comparativo

Publication	Modèle et données	Résultat principal	Rapport avec l'étude de Yang
Gang et al., 2021 [1]	48 espèces ; microscopie de l'épiderme foliaire	Deux types épidermiques correspondent aux principaux groupes	Confirmation morphologique indirecte
Yang et al., 2023 [2]	Deux échantillons d'une espèce ; plastome et morphologie	L'espèce examinée appartient au groupe <i>Camphora</i>	Confirmation directe pour une reclassification
Xu et al., 2025 [3]	72 taxons ; plastomes et ADN ribosomique nucléaire	L'ADN nucléaire distingue <i>Camphora</i> et <i>Cinnamomum</i>	Confirmation avec des différences entre marqueurs
Rohde et al., 2017 [4]	Espèces néotropicales ; données moléculaires et fleurs	Transfert d'espèces néotropicales vers <i>Aiouea</i>	Topologie partiellement différente
Li et al., 2019 [5]	Un plastome de <i>Cinnamomum camphora</i>	Proche de <i>Cinnamomum verum</i> dans le même genre	Résultat limité par un échantillonnage restreint

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

CONCLUSION ÉDITORIALE

L'étude de Yang et ses collègues publiée en 2022 montre que la classification des plantes traditionnellement incluses dans le genre *Cinnamomum* nécessite une lecture plus précise. En comparant 38 plastomes complets et des centaines de marqueurs génétiques nucléaires et chloroplastiques, les auteurs ont identifié des lignées évolutives distinctes et ont proposé de reconnaître *Camphora* comme un genre à part entière pour 18 espèces asiatiques. La leçon principale est que les ressemblances extérieures, comme les feuilles aromatiques ou l'écorce, ne suffisent pas toujours à définir la parenté botanique. Des études indépendantes sur les feuilles et l'ADN d'espèces individuelles soutiennent cette révision, tandis que d'autres analyses montrent que la position exacte de certains groupes peut varier selon le marqueur génétique et le nombre d'espèces prises en compte. La conclusion la plus nuancée est que la taxonomie du groupe a été clarifiée, mais qu'elle reste en constante évolution. Pour la cannelle vendue dans le commerce, le nom du genre ne remplace pas une identification directe de l'espèce.

Aggiornato al 26/10/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.

10. TRANSPARENCE ET RESPONSABILITÉ SCIENTIFIQUE

L'Intelligence Artificielle a été utilisée exclusivement comme outil de soutien éditorial et documentaire. L'ensemble des contenus, des interprétations, des références bibliographiques et des conclusions a été vérifié, révisé et approuvé par l'auteur, qui en assume l'entière responsabilité scientifique.

Le manuscrit a en outre fait l'objet d'une évaluation par les pairs (peer review) indépendante avant sa publication.

Afin de garantir une transparence maximale, l'historique complet de l'article, comprenant les dates de soumission, de révision, d'acceptation et de publication, ainsi que les informations sur le processus d'évaluation par les pairs, est disponible sur la page dédiée à l'Histoire de l'article.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

[1] Leaf epidermal micromorphology defining the clades in *Cinnamomum* (Lauraceae)

Gang et al., 2021

PhytoKeys

DOI: <https://doi.org/10.3897/phytokeys.182.67289>



-
- | | |
|---|---|
| <p>[2] Plastome Phylogeny and Taxonomy of Cinnamomum guizhouense (Lauraceae)
Yang et al., 2023
<i>Forests</i>
DOI: https://doi.org/10.3390/f14020310</p> <p>[3] Phylogeny of Camphora and Cinnamomum (Lauraceae) Based on Plastome and Nuclear Ribosomal DNA Data
Xu et al., 2025
<i>International Journal of Molecular Sciences</i>
DOI: https://doi.org/10.3390/ijms26031370</p> | <p>[4] Neither Phoebe nor Cinnamomum – the tetrasporangiate species of Aiouea (Lauraceae)
Rohde et al., 2017
<i>TAXON</i>
DOI: https://doi.org/10.12705/665.6</p> <p>[5] The complete chloroplast genome of Cinnamomum camphora (L.) Presl., a unique economic plant to China
Li et al., 2019
<i>Mitochondrial DNA Part B</i>
DOI: https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1640083</p> |
|---|---|