République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieure et de la Recherche Scientifique

المدرسة الوطنية العليا للعلوم الفلاحية
Ecole Nationale Supérieure Agronomique

الحراش- الجزائر
El Harrach – Alger

Thèse

En vue de l'obtention du diplôme de Doctorat en Sciences Agronomiques

Thème

Variabilité morphométrique et génétique de deux sous-espèces d'abeilles en Algérie : *Apis mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis*

Par: **Halima HAMI**

Soutenu devant le jury composé de :

Président	Pr TRIKI Sadek	ENSA Alger
Directeur de thèse	Pr BERKANI Mohamed Laid	ENSA Alger
Examinatrices	Pr BERKANI Zohra	ENS de Kouba
	Pr MEFTI-KORTEBY Hakima	Université de Blida

2022/2023

Remerciements

Tous mes remerciements vont à mes parents pour leur soutien, encouragements et leur aide depuis le début et tout au long de mon parcours. Rien ne saurait exprimer la fierté, la grande affection et reconnaissance que je vous porte. Que Dieu vous accorde santé et longue vie.

Je tiens à remercier ***Mme Marina MEIXNER****, responsable de laboratoire Beineinstitute à Kirchain de l'université de Hessen en Allemagne, de m'avoir accueillie au sein de son équipe d'avoir mis à ma disposition tous les moyens de travail pour la réalisation des manipulations et m'avoir initiée à la technique d'extraction d'ADN et à la mise en marche de la PCR.*

Je tiens aussi à exprimer ma sincère gratitude envers le Professeur ***Berkani Mohamed Laid****, mon directeur de thèse, pour sa patience exceptionnelle et son soutien inébranlable tout au long de mon parcours de recherche. Sa patience infinie a été une boussole qui a éclairé les moments complexes de mon travail, et sa capacité à m'apporter un soutien constant a été une source de réconfort inestimable. Son dévouement à l'égard de mes progrès, sa disponibilité constante et son expertise ont grandement enrichi mon expérience d'apprentissage. Sa patience et son encouragement m'ont permis de surmonter les défis et d'explorer de nouvelles perspectives, et je lui suis infiniment reconnaissante pour son soutien indéfectible. Merci pour votre patience et votre précieux accompagnement tout au long de ce parcours académique.*

Je remercie cordialement ***Mr TRIKI Sadek*** *professeur à l'ENSA d'Alger d'avoir accepté de juger ce travail et de présider le jury de soutenance.*

Mes sincères remerciements vont à ***Mme BERKANI Zohra****, professeur à l'ENS de Kouba pour avoir accepté de faire partie du jury en tant qu'examinatrice et pour le temps qu'elle a accordé à la lecture de cette thèse.*

Je présente également mes sincères remerciements à ***Mme*** **MEFTI-KORTEBY Hakima**, professeur à l'université de Blida *d'avoir accepté d'examiner ce travail. Je la remercie pour le temps qu'il a accordé à la lecture de cette thèse.*

Merci à tous mes collègues, mes amis et tous ceux qui m'ont aidé et avec qui j'ai eu le plaisir de travailler pour les moments partagés de sciences et de convivialité✍.

Résumé

Plusieurs sous-espèces d'*Apis mellifera* sont présentes en Afrique du Nord (*Apis mellifera lamarckii, Apis mellifera intermissa, Apis mellifera sahariensis et Apis mellifera major)*, mais leur répartition dans la région n'est pas encore entièrement comprise et peut encore être considérée comme controversée. En Algérie, deux sous-espèces, *Apis mellifera intermissa et Apis mellifera sahariensis*, sont signalées. *Apis mellifera intermissa* (l'abeille tellienne) est répandue dans la région nord et centrale du pays, tandis *qu' Apis mellifera sahariensis* (l'abeille saharienne) est limitée aux oasis du sud de l'Algérie. Cependant, cette répartition est de plus en plus perturbée en raison de la transhumance fréquente et de la migration commerciale des colonies entre le nord et le sud, ce qui entraîne une hybridation croissante de l'abeille saharienne. L'objectif de cette étude est de fournir une caractérisation fiable de la variabilité morphométrique et génétique des deux sous-espèces algériennes afin de collecter des données pour une stratégie efficace de conservation du patrimoine génétique.

Un total de 81 colonies a été échantillonné dans 30 localités à travers l'Algérie, y compris des oasis du sud qui n'ont pas été incluses dans les précédentes collectes. Les échantillons ont été soumis à une analyse morphométrique standard et à une analyse de la variation de l'ADNmt en utilisant l'amplification du fragment tRNA leu-COX-2 suivie d'une digestion par DraI. Dans une analyse de composants principaux (ACP) des données morphométriques, les colonies ont formé un seul groupe. Il a également révélé que la taille globale du corps était la source la plus importante de variation entre les colonies. Une analyse hiérarchique de la structure, suivie d'une analyse discriminante étape par étape, a classé les colonies en trois groupes distincts ; cependant, ces groupes n'étaient pas géographiquement délimités. Cela suggère une plus grande variation de taille chez les abeilles étudiées.

L'analyse d'ADN mitochondrial a été effectuée sur les 30 localités. Trois haplotypes mitochondriaux, préalablement identifiés en Algérie et appartenant à la lignée mitochondriale africaine, A, ont été identifiés : A1 (n = 62), A8 (n = 70), A9 (n = 15), ainsi qu'un quatrième haplotype, A13 (n+1), qui n'avait pas été précédemment observé en Algérie. La diversité globale de l'haplotype était faible (h = 0,478 ± 0,057). Un test chi-square d'association a été effectué séparément entre les haplotypes et la latitude et longitude. Il y avait une association statistiquement significative entre l'haplotype et chacune des variables et l'association était forte avec la latitude.

Mots-clés : *Apis mellifera intermissa, Apis mellifera sahariensis*, ADNmt, morphométrie, Algérie.

Abstract

Several subspecies of Apis mellifera are present in North Africa (Apis melifera lamarckii, Apis Mellifera intermissa, Apus mellifara sahariensis and Apismellifera major), but their distribution in the region is not yet fully understood and may still be considered controversial. In Algeria, two subspecies, *Apis mellifera intermissa* and *Apis Mellifera sahariensis*, have been. *Apis mellifera intermissa* is widespread in the northern and central region of the country, while *Apis Mellifera sahariensis* (Saharan bee) is confined to the oases of southern Algeria. However, this distribution is increasingly disturbed due to the frequent transhumance and commercial migration of settlements between the north and the south, resulting in an increasing hybridization of the Saharan bee. The aim of this study is to provide a reliable characterization of the morphometric and genetic variability of the two Algerian subspecies in order to collect data for an effective strategy for the conservation of the genetic heritage.

A total of 81 settlements were sampled in 30 locations across Algeria, including southern oases that were not included in previous collections. The samples were subjected to standard morphometric analysis and DNA variation analysis using leu-COX-2 tRNA fragment amplification followed by DraI digestion. In a major component analysis (CAP) of morphometric data, colonies formed a single group. It also revealed that overall body size was the most important source of variation between colonies. A hierarchical analysis of the structure, followed by a step-by-step discriminatory analysis, classified the colonies into three distinct groups; however, these groups were not geographically delimited. This suggests a greater size variation in the bees studied.

Mitochondrial DNA analysis was carried out in all 30 locations. Three mitochondrial haplotypes, previously identified in Algeria and belonging to the African mitochandrial line, A, have been identified: A1 (n = 62), A8 (n= 70), A9 (N = 15), as well as a fourth Haplotype, A13 (n+1), which had not previously been observed in Algiers. The overall diversity of the haplotype was low ($h = 0.478 \pm 0.057$). A chi-square association test was carried out separately between haplotypes and latitude and longitude. There was a statistically significant association between the haplotype and each of the variables and the association was strong with latitude.

Keywords : *Apis mellifera intermissa* , *Apis mellifera sahariensis*, mtDNA , morphometry, Algeria

ملخص

تتواجد العديد من تحت أنواع Apis mellifera في شمال أفريقيا على غرارApis mellifera lamarckii ، Apis mellifera intermissa، Apis mellifera sahariensis، و، Apis mellifera major، إلاّ أنّ توزيعها في المنطقة لا يزال غير مفهوما تمامًا ويمكن أن يعتبر مشكوكًا فيه. في الجزائر، تم الإشارة إلى تحت النوعين mellifera intermissa Apis mellifera saharienسis. وApis mellifera intermissa يتشرAPis mellifera saharienسis النحل التلي في المنطقة الشمالية والوسطى للبلاد، أما Apis mellifera sahariensis النحل الصحراوي فيقتصر وجودها في واحات الجنوب الجزائري. ومع ذلك، فإن هذا التوزيع في اضطراب بشكل متزايد بسبب الترحال النحلي المتكرر والهجرة التجارية للمستعمرات بين الشمال والجنوب، مما يؤدي إلى التهجين المتزايد للنحلة الصحراوية. الهدف من هذه الدراسة هو توفير توصيف فعال للتنوع المورفومتري والجيني للعديد من تحت الأنواع الجزائرية، وجمع البيانات من أجل استراتيجية فعالة للحفاظ على التراث الجيني.

وفي المجموع تم إجراء اعتيان من 81 مستوطنة في منطقة في الجزائر، بما في ذلك المناطق الجنوبية التي لم تدرج في الاعتيانات السابقة. تم معاينة العينات بالاعتماد على التحليل المورفومتري النموذجي وتحليل تغيرات ADNmt باستخدام تضخيم المنطقة tRNA leu-COX-2 متبوعة بهضم باستعمال إنزيمDraI. في تحليل المكونات الرئيسية (ACP) من البيانات المورفومترية، تشكل المستعمرات مجموعة واحدة. وقد أظهرت أيضا أن قد الجسم العام هو المصدر الأكثر أهمية للتغيرات بين المستعمرات. قسم التحليل الهيكلي الهرمي،و المتبوع بتحليل التمييزي خطوة بخطوة، المستعمرات إلى ثلاث مجموعات منفصلة، ومع ذلك، لم تكن هذه المجموعات متماثلة جغرافيا. هذا يشير إلى تغيرات أكبر في القد بين النحل المدروس .

وقد تم إجراء اختبارات DNA في 30 منطقة. وقد تم تحديد ثلاثة أنماط أحادية ميتكوندريكية، التي تم اكتشافها في وقت سابق في الجزائر، والتي تنتمي إلى الخط الميتوكوندريكي الأفريقي، A: A1 (n = 62)، A8 (n= 70)، A9 (N = 15)، بالإضافة إلى نمط أحادي رابع(A13 (n + 1 ، الذي لم يتم اكتشافه سابقا في الجزائر. كان الفرق المتزايد للنمط الأحادي ضعيفا .(h = 0.478 ± 0.057) تم إجراء اختبار Chi-square للاتصالات بشكل منفصل بين الأنماط الأحادية وخطوط الطول وخطوط العرض. كان هناك علاقة إحصائية ذات دلالة بين النمط الأحادي و كل من المتغيرات و كانت العلاقة قوية مع خطوط العرض.

الكلمات الدالة : Apis mellifera intermissa :، Apis mellifera sahariensis، الحمض النووي الميتوكوندري، المورفومتريا، الجزائر.

Table des matières

Abréviations

Liste de figures

Liste des tableaux

INTRODUCTION **1**

Revue bibliographique **3**

Chapitre I. Introduction sur l'abeille *Apis mellifera* en Algérie **4**

1.1. Origine et histoire de l'abeille *Apis mellifera* **4**

1.1.1. Évolution et domestication de l'abeille *Apis mellifera* **5**

1.1.2. Les abeilles de l'Afrique **6**

1.1.3. Introduction de l'espèce en Algérie et établissement des populations locales **8**

1.2. Distribution géographique en Algérie **9**

Chapitre II . Variabilité morphométrique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie **11**

2.1. Caractéristiques morphologiques des sous-espèces *Apis mellifera intermissa et sahariensis* **.11**

2.1.1. Description des caractères morphologiques distinctifs des deux sous-espèces **11**

2.2. Méthodes de mesure et d'analyse morphométrique **12**

Chapitre III : Variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensi* en Algérie **14**

3.1. Caractéristiques de la variabilité génétique **14**

3.2. Techniques d'analyse génétique **14**

3.2.1 Variation de l'ADN mitochondrial **15**

3.2.2. Résultats de la variabilité génétique **17**

3.2.3. Facteurs influençant la variabilité génétique **17**

3.2.4. Implications pour la conservation et la gestion **17**

II. Matériels et Méthodes **19**

1. Objectif de l'étude **19**

2. Présentation des sites d'échantillonnage **20**

3. Matériel biologique **24**

3.1. L'Abeille Tellienne **24**

3.2. L'Abeille saharienne **25**

4. Morphométrie **25**

4.1 Dissection des abeilles **25**

4.2 Mesures **26**

4.3 Analyse statistique multivariée des données morphométriques **31**

4.3.1 Analyse des échantillons collectés 31
4.3.1.1 Statistiques descriptives et analyse de la variance 31
4.3.1.2 Analyse en composantes principales 32
4.3.1.3 Analyse hiérarchique des groupes 32
4.3.1.4 Analyse discriminante 33
4.3.1.5 Analyse de la corrélation 33
4.3.2 Analyse des données de nos échantillons ainsi que les données de référence 33
4.3.2.1 Analyse des composantes principales 34
4.3.2.2 Analyse discriminante 34
5. Analyse de l'ADN mitochondrial 35
5.1 Analyse de la région intergène tRNAleu-COII 35
5.1.1 Réaction en chaîne de la polymérase (PCR) 35
5.1.2 Digestion de la restriction de la draI 36
5.2.1 Réaction en chaîne de la polymérase (PCR) 36
5.2.2 Alignement de la séquence et analyse phylogénétique 37
5.3 Analyse statistique des haplotypes mitochondriaux 38
III. Résultats 40
1. Morphométrie 40
1.1 Variations entre les colonies étudiées 40
1.1.1 Statistiques descriptives et analyse de la variance 40
1.1.2 Similitudes des colonies 41
1.1.3 Classification des colonies en fonction des localités 45
1.1.4 Classification des colonies en fonction de la zone d'étude 49
1.1.5 Relation entre la morphologie et les facteurs environnementaux 52
1.2 Variation entre les données des colonies d'abeilles étudiées et les données de référence 55
3. ADN mitochondrial 61
3.1 Haplotypes du COI-COII 61
3.2 Analyse de la séquence du cytochrome b 63
IV. Discussion 69
1. Morphométrie 69
2. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial 76
V.Conclusion 79
Références bibliographiques 81
Annexes 94

Abréviations

ANOVA	Analyse de la variance
CCD	Charge-coupled device
COI	Cytochrome oxidase unit I
COII	Cytochrome oxidase unit II
cox2	Cytochrome oxidase unit II
AD	Analyse discriminante
ADN	Acide Deoxyribonucleictidique
DraI	Deinococcus radiophilus
RFLP	Restriction fragment length polymorphism
mtDNA	Mitochondrial deoxyribonucleic acid
ACP	Analyse en composante principale
PCR	Polymerase chain reaction
tRNAleu	Transfer ribonucleic acid - leucine
UV	Ultra-violet

Liste de figures

Figure 1. Carte du génome mtDNA d'Apis mellifera.....16
Figure 2. Localisation des sites de prélèvement des échantillons d'abeilles (Arcgis) 21
Figure 3. Les différents types de ruches, dans les différentes régions du pays, ayant constitué une source d'abeilles pour notre expérimentation.....23
Figure 4. Abeille tellienne.....24
Figure 5. Abeille saharienne.....25
Figure 6. Parties d'abeilles préparées pour des mesures morphométriques. 27
Figure 7. Les différents caractères morphométriques mesurés.....30
Figure 8. Box-Plots A-C. ACP utilisant les moyennes des colonies des abeilles ouvrières provenant de 30 localités en Algérie 44
Figure 9A. Classification des populations de Apis mellifera en Algérie par analyse hiérarchique de groupes en utilisant des moyennes de 35 caractères morphométriques pour les 30 localités.....47
Figure 10(A). Classification de 3 populations d'abeilles algériennes par analyse hiérarchique de groupes, en utilisant les moyennes de 35 caractères morphométriques pour quatre zones de végétation. 51
Figure 11. Variation de la taille de Apis mellifera en Algérie, illustrée par les scores de la première composante principale de la ACP (caractères de la taille du corps). 54
Figure 12. Plots des composantes principales obtenues par l'analyse en composantes principales (ACP), ...57
Figure 13. Prédiction de l'appartenance au groupe des colonies d' Apis mellifera (cas non regroupés) par analyse discriminante entre trois groupes a priori de colonies de référence ($p < 0.0005$).....60
Figure 14. Association entre les haplotypes d'ADN mitochondrial d'A. mellifera et les variables environnementales en Algérie. Toutes les associations étaient statistiquement significatives ($p < 0,05$) 62
Figure 15. Analyse phylogénétique moléculaire des données de la séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode Neighbor-Joining (Saitou et Nei, 1987).....64
Figure 16. Analyse phylogénétique moléculaire des données de séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode de maximum likelihood (ML).....65
Figure 17. Analyse phylogénétique moléculaire des données de séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode Maximum Parsimony.....67

Liste des tableaux

Tableau 1. Localités à partir desquelles les abeilles ont été échantillonnées pour cette étude……. 22

Tableau 2. Liste des caractères mesurés pour la morphométrie…… 28

Tableau 3. Matrice de composantes pour la ACP, avec rotation Varimax, des caractères morphométriques des colonies d'Apis mellifera en Algérie…….. 43

Tableau 4. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées……..46

Tableau 5. Moyennes et écarts types des caractères morphométriques des colonies d'abeilles étudiées…….. 48

Tableau 6. Matrice de proximité de populations d'abeilles de quatre zones d' Apis mellifera en Algérie…… 49

Tableau 7. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées…….. 50

Tableau 8. Matrice de composants rotatifs pour la PCA, avec rotation Varimax, des caractères morphométriques des colonies d' Apis mellifera……56

Tableau 9. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées……..59

Tableau 10. Nombre et fréquence des haplotypes d'ADN mitochondrial d' Apis mellifera dans quatre zones d'étude…….. 62

Tableau 11. Association entre les haplotypes d'ADN mitochondrial d'A. mellifera et les variables environnementales en Afrique de l'Ouest…….. 62

INTRODUCTION

Les abeilles mellifères (*Apis mellifera*) sont des pollinisateurs essentiels pour la biodiversité et la production agricole. Elles se caractérisent par une grande diversité génétique et morphologique, avec plusieurs sous-espèces présentes à travers le monde. En Algérie, deux sous-espèces, à savoir *Apis mellifera intermissa* (l'abeille tellienne) et *Apis mellifera sahariensis* (l'abeille saharienne), sont indigènes et jouent un rôle crucial dans la pollinisation des cultures et l'écosystème local.

Cependant, malgré leur importance, la variabilité morphométrique et génétique de ces deux sous-espèces en Algérie reste peu étudiée. Comprendre cette variabilité revêt une grande importance pour la conservation de ces abeilles et de leur patrimoine génétique unique.

Les études précédentes sur la variabilité morphométrique et génétique des abeilles mellifères ont démontré l'existence de différences significatives entre les sous-espèces dans diverses régions du monde **(Ruttner, 1988 ; Meixner et al. 2011).** Ces différences peuvent être observées au niveau de la taille du corps, des ailes, du développement des organes reproducteurs, ainsi que d'autres caractères morphologiques.

De plus, les avancées récentes dans les techniques d'analyse génétique ont permis d'étudier la variabilité génétique des abeilles mellifères en utilisant des marqueurs moléculaires tels que l'ADN mitochondrial (mtDNA) et les microsatellites **(Whitfield et al., 2006; Pinto et al., 2014).** Ces outils offrent des informations précieuses sur la structure génétique des populations, les flux génétiques et l'introgression entre les sous-espèces.

Dans le contexte spécifique de l'Algérie, il existe une lacune de connaissances concernant la variabilité morphométrique et génétique *d'Apis mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis*. Des études précédentes ont principalement porté sur la distribution géographique et l'écologie de ces abeilles mais une analyse approfondie de leur variabilité morphométrique et génétique fait encore défaut.

Par conséquent, l'objectif de cette investigation est de combler cette lacune par des connaissances en réalisant une caractérisation détaillée de la variabilité morphométrique et génétique *d'Apis mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis* en Algérie. Pour ce faire, nous utiliserons des méthodes morphométriques standard, ainsi que des analyses moléculaires basées sur l'ADN mitochondrial et les microsatellites.

Cette étude contribuera à une meilleure compréhension de la diversité intraspécifique des abeilles mellifères en Algérie, en fournissant des données précises sur la variabilité morphométrique et génétique des sous-espèces *Apis mellifera intermissa et Apis mellifera sahariensis*. Ces informations seront essentielles pour guider les efforts de conservation et de gestion de ces abeilles, en mettant l'accent sur la préservation de leur patrimoine génétique unique et leur rôle crucial dans les écosystèmes agricoles et naturels en Algérie.

Partie bibliographique

Chapitre I. Introduction sur l'abeille *Apis mellifera* en Algérie

1.1. Origine et histoire de l'abeille *Apis mellifera*

L'abeille *Apis mellifera*, espèce d'abeille domestique, a une histoire fascinante qui remonte à plusieurs millions d'années. Son origine est étroitement liée à l'évolution de la famille des Apidae et à l'émergence des plantes à fleurs dans le monde.

Des études phylogénétiques basées sur des analyses génétiques ont révélé que l'abeille *Apis mellifera* est originaire d'Afrique **(Raffiudin et al., 2007).** Elle est considérée comme l'une des espèces d'abeilles les plus anciennes et a évolué au fil du temps pour s'adapter à différents environnements et conditions climatiques.

L'expansion de l'abeille *Apis mellifera* hors de l'Afrique est un résultat direct des mouvements humains à travers les continents. Au fil des siècles, les humains ont transporté les abeilles d'un endroit à un autre, que ce soit intentionnellement pour la pratique de l'apiculture ou accidentellement lors de migrations ou de voyages. Ces déplacements ont contribué à la dispersion et à l'établissement de nouvelles populations d'abeilles *Apis mellifera* dans le monde entier.

L'histoire de l'abeille *Apis mellifera* est étroitement liée à l'histoire de l'humanité. Les premières preuves de l'interaction entre les humains et les abeilles remontent à la période préhistorique, où les hommes cueillaient le miel des colonies sauvages. Au fil du temps, les humains ont développé des techniques pour domestiquer les abeilles et exploiter leurs produits, notamment le miel, la cire, la propolis et la gelée royale.

Dans les sociétés anciennes, les abeilles étaient vénérées et considérées comme des créatures sacrées. Leur symbolisme était souvent associé à la fertilité, à la prospérité et à la régénération. De nombreuses cultures ont intégré les abeilles et leur rôle dans la nature dans leurs mythes, légendes et croyances.

Au fil des siècles, l'apiculture est devenue une pratique répandue dans le monde entier, et l'abeille Apis mellifera est aujourd'hui l'une des espèces d'insectes les plus étudiées et les plus exploitées économiquement. Son rôle crucial en tant que pollinisatrice des cultures et des plantes sauvages est reconnu comme essentiel pour la sécurité alimentaire et la biodiversité.

1.1.1. Évolution et domestication de l'abeille *Apis mellifera*

L'évolution et la domestication de l'abeille *Apis mellifera* ont joué un rôle crucial dans l'établissement de cette espèce en tant qu'insecte domestique majeur. Au fil des millénaires, l'abeille *Apis mellifera* a subi des changements significatifs dans son comportement, sa physiologie et sa génétique, résultant en une relation étroite avec les humains.

L'évolution de l'abeille *Apis mellifera* a été influencée par des facteurs tels que la sélection naturelle, les pressions environnementales et les interactions avec d'autres espèces. Les abeilles sauvages ont évolué pour s'adapter à divers habitats, des forêts tropicales aux prairies et aux régions montagneuses. Ces adaptations ont conduit à la formation de différentes sous-espèces *d'Apis mellifera* à travers le monde, chacune avec ses propres caractéristiques morphologiques et comportementales distinctes **(Seeley, 2007).**

La domestication de l'abeille *Apis mellifera* remonte à plusieurs milliers d'années. Les premières preuves de l'apiculture remontent à l'Égypte ancienne, où les abeilles étaient élevées dans des ruches en argile. Au fil du temps, les techniques d'apiculture se sont développées et affinées, permettant aux humains de gérer et d'exploiter les colonies d'abeilles à des fins économiques.

La domestication a entraîné des changements génétiques chez les abeilles *Apis mellifera*, notamment une diminution de l'agressivité, une augmentation de la productivité en miel et une plus grande adaptabilité aux environnements modifiés par l'homme. Ces changements ont été favorisés par la sélection artificielle, où les apiculteurs ont choisi et reproduit les colonies d'abeilles avec les traits les plus souhaitables (**Harpur et al, 2013).**

L'évolution et la domestication de l'abeille *Apis mellifera* ont également été marquées par des événements récents, tels que l'introduction de nouvelles sous-espèces dans différentes régions et les effets des maladies et des parasites, tels que Varroa destructor. Ces facteurs ont eu un impact sur la diversité génétique de l'abeille Apis mellifera et ont posé des défis pour la gestion et la conservation de cette espèce **(De la Rúa et al., 2009).**

Comprendre l'évolution et la domestication de l'abeille *Apis mellifera* est essentiel pour guider les efforts de sélection, de conservation et de gestion des populations d'abeilles domestiques. Une connaissance approfondie de son histoire évolutive et de sa relation avec les humains peut aider à développer des pratiques apicoles durables et à préserver la diversité génétique de l'espèce.

1.1.2. Les abeilles de l'Afrique

L'Afrique est la seule région du monde où une population naturelle *d'A. mellifera* existe à grande échelle. Avec environ 310 millions de colonies sauvages et 11 à 18 millions d'autres colonies gérées, elles-mêmes capturées dans la nature, on peut supposer que les abeilles africaines ne sont pas menacées et qu'il n'est donc pas nécessaire de les conserver **(Dietemann et al., 2009).**

Toutefois, il est discutable que les abeilles africaines aient besoin d'une conservation préventive pour au moins trois raisons. Premièrement, pour préserver leur diversité génétique qui est responsable de leur condition physique; deuxièmement, les populations sauvages servent de réservoir de gènes à partir desquels les colonies gérées peuvent être améliorées; et troisième, pour éviter les erreurs commises ailleurs, par exemple en Europe, où l'apiculture intensive a déjà menacé la diversité des populations locales d'abeilles à proximité d'extinction dans de nombreuses régions **(De la Rúa et al., 2009; Meixner et al. 2014).**

Les menaces actuelles à la conservation des abeilles en Afrique comprennent la perte d'habitat due à la déforestation ; la chasse au miel impliquant l'abattage de colonies sauvages ; la mauvaise application de la législation visant à protéger les abeilles, en particulier, et l'écosystème en général ; l'introduction d'abeilles exotiques et de myrtilles parasitaires, *Varroa destructor* **(Dietemann et al., 2009; Eardley et al, 2009).**

Plusieurs tentatives ont été faites pour introduire des sous-espèces européennes pour "améliorer" les stocks locaux en Afrique, notamment l'introduction récente *d'Apis mellifera ligustica* au Nigéria depuis la Chine **(Yu et al., 2012).** Jusqu'à présent, ces efforts ont échoué et les abeilles européennes ne se sont pas installées sur le continent (**Dietemann et al., 2009; Hepburn et all, 1998).**

Apis florea, l'abeille asiatique naine, a été introduite accidentellement au Soudan en 1985, probablement par une cargaison aérienne du Pakistan, et se propage dans le pays, sans apparemment constituer une menace pour les abeilles locales **(El Shafie et al, 2002; Lord et al1987; Mogga et al, 1988)**.

Toutefois, nous ne savons pas ce qui se passerait dans un proche ou lointain avenir. Varroa. *destructor*, par contre, aussi destructeur qu'il est pour les sous-espèces européennes d'Apis mellifera en Europe et en Amérique du Nord, semble avoir peu de dommages pour les abeilles africaines. Introduit dans les années 1990 (**Mike et al, 1997; Anonyme, 1992; Ellis et al, 2005; Majeed, 2000; Matheson, 1993),** ce ravageur se trouve maintenant dans toutes les régions de l'Afrique mais il ne constitue pas un problème majeur : Les abeilles s'y sont adaptées **(Muli et al., 2014; Mumbi et al, 2014; Straussat al, 2014**).

De même, la plupart des maladies des abeilles sont présentes en Afrique sans causer de dommages graves, et jusqu'à présent, aucune épidémie n'a été signalée **(Dietemann et al., 2009)**.

Parmi les facteurs qui contribuent à cela, on peut citer l'absence d'apiculteurs et d'élevage à grande échelle ; une grande diversité génétique dans la grande population d'animaux sauvages sur laquelle s'appuie l'agriculture apicole ; une diminution des apiculteurs et une baisse de production de miel et des sous-produits de la ruche.

En plus d'une plus grande diversité génétique, par rapport aux abeilles européennes, les abeilles africaines présentent les caractéristiques suivantes qui pourraient contribuer à leur survie tel que : un nombre plus important d'essaims par colonie et par saison **(Hepburn et al, 1998; Moritz et al., 2005)**

Ainsi, à partir de ce qui précède, nous pouvons affirmer, que la protection de la diversité génétique des abeilles dans leur gamme naturelle nous amène à une apiculture durable. Pour ce faire, les abeilles doivent d'abord être caractérisées de manière à ce que toute intrusion de génotypes étrangers puisse être facilement détectée. **(Franck et al., 2001; Meixner et al., 2013).**

1.1.3. Introduction de l'espèce en Algérie et établissement des populations locales

L'introduction de l'abeille *Apis mellifera* en Algérie remonte à une période relativement récente de l'histoire de l'apiculture. L'espèce a été introduite dans le pays principalement par des apiculteurs européens au cours du XIXe siècle, avec l'objectif de développer l'apiculture commerciale et d'exploiter les ressources apicoles locales **(Ruttner, 1988).**

Les premières mentions de l'établissement de l'abeille *Apis mellifera* en Algérie datent des années 1830, lorsque des colons français ont commencé à s'instaler dans le pays. Ils ont apporté avec eux des colonies d'abeilles domestiques, principalement de la sous-espèce *Apis mellifera ligustica*, connue sous le nom d'abeille italienne.

L'introduction de l'abeille *Apis mellifera* en Algérie a été favorisée par la disponibilité de vastes zones propices à l'apiculture, notamment les régions côtières méditerranéennes, les montagnes du Tell et les oasis du Sahara. Ces écosystèmes offraient des conditions favorables au développement des colonies d'abeilles et aux productions de miel de qualité.

Au fil du temps, les populations d'abeilles *Apis mellifera* se sont adaptées aux conditions environnementales spécifiques de l'Algérie, donnant ainsi naissance à des populations locales distinctes. Les conditions climatiques, la disponibilité des ressources florales et les pratiques apicoles spécifiques ont influencé la diversité génétique et les caractéristiques morphologiques des abeilles en Algérie **.**

La présence de différentes sous-espèces *d'Apis mellifera* en Algérie a également été documentée. Parmi celles-ci, on retrouve *l'Apis mellifera intermissa,* communément appelée l'abeille tellienne, qui est répandue dans les régions nord et centrale du pays, et *l'Apis mellifera sahariensis,* connue sous le nom d'abeille saharienne, qui est spécifique aux oasis du sud de l'Algérie .

L'établissement des populations locales d'abeilles *Apis mellifera* en Algérie a été influencé par différents facteurs, tels que les échanges génétiques avec les populations d'abeilles introduites, les conditions environnementales et les pratiques apicoles traditionnelles. Ces populations locales présentent une adaptation spécifique aux conditions locales et peuvent avoir des caractéristiques distinctes en termes de comportement, de résistance aux maladies et de production de miel **(Le Conte et al, 2001).**

La compréhension de l'introduction de l'abeille *Apis mellifera* en Algérie et de l'établissement des populations locales revêt une importance cruciale pour la conservation de la biodiversité apicole et la gestion durable des ressources apicoles dans le pays. Elle permet d'évaluer l'impact de l'introduction sur la diversité génétique, de préserver les populations locales adaptées aux conditions locales et de promouvoir des pratiques apicoles respectueuses de l'environnement.

1.2. Distribution géographique en Algérie

L'abeille *Apis mellifera* présente une distribution géographique variée en Algérie, reflétant la diversité des habitats et des conditions environnementales dans le pays. La distribution de l'espèce en Algérie est influencée par des facteurs tels que le climat, la disponibilité des ressources florales et les pratiques apicoles.

L'Apis mellifera intermissa, également connue sous le nom d'abeille tellienne, est largement répandue dans les régions nord et centrale de l'Algérie **(Adjlane et al., 2019).** Cette sous-espèce est adaptée aux conditions climatiques méditerranéennes et est souvent associée aux zones de végétation caractérisées par une abondance de plantes mellifères, telles que le thym, la lavande et le romarin **.**

L'Apis mellifera sahariensis, quant à elle, est spécifique aux oasis du sud de l'Algérie, qui offrent des conditions particulières pour la survie des colonies d'abeilles dans les environnements désertiques **(Adjlane et al., 2019).** Ces oasis constituent des zones de refuge pour les abeilles sahariennes, où les ressources florales sont plus limitées mais néanmoins présentes grâce à la présence d'espèces adaptées à ces conditions extrêmes **.**

La distribution géographique de ces sous-espèces n'est cependant pas toujours clairement délimitée, et des échanges génétiques peuvent se produire entre les populations telliennes et sahariennes en raison de la transhumance apicole et des mouvements commerciaux de colonies entre le nord et le sud de l'Algérie **.**

En outre, il convient de noter que d'autres sous-espèces *d'Apis mellifera* peuvent également être présentes dans certaines régions de l'Algérie en raison de migrations naturelles ou d'introductions humaines. Cela ajoute une complexité supplémentaire à la distribution de l'espèce dans le pays.

La connaissance précise de la distribution géographique des différentes sous-espèces *d'Apis mellifera* en Algérie est essentielle pour comprendre la diversité génétique, la structure des populations et les adaptations locales de ces abeilles. Ces informations sont cruciales pour la mise en place de stratégies de conservation et de gestion appropriées afin de préserver la diversité génétique et de promouvoir des pratiques apicoles durables.

Chapitre II . Variabilité morphométrique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie

2.1. Caractéristiques morphologiques des sous-espèces *Apis mellifera intermissa et sahariensis*

Les sous-espèces d'abeilles *Apis mellifera intermissa* et *sahariensis* présentes en Algérie se distinguent par certaines caractéristiques morphologiques spécifiques, résultant de leur adaptation aux différents habitats et conditions environnementales.

Quant à *l'Apis mellifera sahariensis*, connue sous le nom d'abeille saharienne, elle se distingue par sa petite taille et sa capacité à s'adapter aux conditions extrêmes du désert. Les ouvrières de cette sous-espèce ont des ailes plus longues par rapport aux abeilles telliennes **(Adjlane et al., 2019).** Leur coloration varie du brun clair au noir, avec des bandes abdominales plus marquées **.** Ces caractéristiques morphologiques sont des adaptations permettant une meilleure thermorégulation dans les environnements chauds du désert.

La morphologie des abeilles, y compris leur taille, leur couleur et leur pilosité, peut être influencée par divers facteurs, notamment l'environnement, les ressources florales disponibles et les pressions de sélection locales **.** Il convient également de noter que des variations morphologiques peuvent exister au sein des populations de chaque sous-espèce en fonction des régions géographiques et des conditions locales spécifiques.

L'étude des caractéristiques morphologiques des sous-espèces *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie est importante pour comprendre leur adaptation aux différents habitats et environnements. Ces caractéristiques peuvent fournir des informations sur l'écologie, le comportement et la physiologie de ces abeilles, et contribuer à la préservation de leur diversité génétique et de leurs adaptations locales.

2.1.1. Description des caractères morphologiques distinctifs des deux sous-espèces

L'Apis mellifera intermissa, également connue sous le nom d'abeille tellienne, présente plusieurs caractères morphologiques distinctifs. Les ouvrières de cette sous-espèce ont généralement une taille plus grande que celles des autres sous-espèces *d'Apis mellifera* **(Adjlane et al., 2019).** Elles se caractérisent par des ailes relativement courtes et une coloration sombre, allant du brun foncé au noir . De plus, elles possèdent une pilosité abondante sur leur thorax et leur abdomen **(Ruttner, 1988**).

En revanche, *l'Apis mellifera sahariensis,* ou abeille saharienne, présente des caractères morphologiques distincts. Les ouvrières de cette sous-espèce ont une taille plus petite que celles des abeilles telliennes **(Adjlane et al., 2019).** Leurs ailes sont proportionnellement plus longues, ce qui facilite leur vol dans les vastes espaces désertiques **.** La coloration de l'abeille saharienne varie du brun clair au noir, avec des bandes abdominales plus marquées **.**

Outre ces caractères généraux, d'autres traits morphologiques peuvent également être utilisés pour différencier les deux sous-espèces. Par exemple, la longueur de la langue des abeilles telliennes est souvent plus courte que celle des abeilles sahariennes, ce qui peut être lié à leur adaptation à des sources de nectar spécifiques dans leur habitat respectif.

De plus, des différences dans la structure des pièces buccales et des glandes odorantes ont été observées entre les deux sous-espèces, reflétant leur adaptation à des environnements et des ressources alimentaires différents.

Il est important de noter que ces caractères morphologiques distinctifs peuvent varier en fonction des régions géographiques et des conditions locales spécifiques au sein des populations de chaque sous-espèce. Des études plus approfondies, combinant des analyses morphologiques détaillées et des approches génétiques, sont nécessaires pour mieux comprendre les variations morphologiques et les facteurs qui les influencent.

2.2. Méthodes de mesure et d'analyse morphométrique

L'analyse morphométrique joue un rôle essentiel dans l'étude de la variation morphologique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie. Cette approche permet de quantifier et de comparer les caractères morphologiques des individus, contribuant ainsi à la caractérisation précise des deux sous-espèces.

Plusieurs méthodes antérieures de classification des abeilles de miel étaient principalement basées sur des descriptions qualitatives de la morphologie. Bien qu'ils soient assez adéquats pour discriminer les taxes plus élevées, ces méthodes se sont avérées insuffisantes pour différencier les sous-espèces d'abeilles. Cela a nécessité l'évolution de la morphométrie au siècle dernier.

Au lieu de simplement décrire les caractères des abeilles individuelles, la nouvelle méthode utilise des données numériques résultant de mesures précises à partir desquelles des caractères de colonie sont obtenus pour des analyses statistiques. **(Ruttner, 1988).**

Un ensemble de caractères morphologiques de taille, de couleur, de pilosité et de forme du corps est mesuré. Alors que la morphométrie classique met l'accent sur les trois premières, la géométrique traite de la dernière. Bien qu'il n'y ait pas encore de cout de caractères universellement accepté pour l'utilisation dans les deux formes de morphométrie, les 36 caractères compilés et utilisés par Ruttner dans son monogramme **(Ruttner, 1988)** ou un sous-ensemble d'entre eux, semblent être les plus favorisés pour la morphometrie classique.

Dans la morphométrie géométrique, d'autre part, 18 points de repère pris de l'aile avant sont les plus couramment utilisés **(Tofilski, 2004, 2008**). Dans les deux cas, des analyses statistiques multivariées sont utilisées pour analyser les données acquises afin d'étudier la variation au sein et entre les sous-espèces d'*Apis mellifera* **(Meixner et al., 2013).**

Les mesures morphométriques sont effectuées à l'aide d'outils de mesure spécifiques, tels que des règles calibrées, des micromètres et des logiciels d'imagerie assistée par ordinateur. Les caractères morphologiques étudiés peuvent inclure la taille du corps, la longueur des ailes, la largeur du thorax, la longueur de la langue, la pilosité et d'autres traits pertinents **(Adjlane et al., 2019).**

Plusieurs approches analytiques peuvent être utilisées pour traiter les données morphométriques. Parmi elles, l'analyse de variance multivariée (MANOVA) permet d'évaluer les différences significatives entre les sous-espèces et les populations locales en termes de variation morphologique. Les analyses discriminantes, telles que l'analyse discriminante canonique (CDA) et l'analyse en composantes principales (PCA), permettent d'identifier les caractères morphologiques les plus discriminants et de déterminer la contribution relative de chaque caractère à la variation observée.

En complément de l'analyse morphométrique traditionnelle, des approches basées sur l'imagerie numérique et l'analyse géométrique, telles que la morphométrie géométrique, peuvent être utilisées pour étudier la forme et la configuration spatiale des structures morphologiques,

telles que les ailes ou les antennes **.** Ces approches permettent une analyse détaillée des variations de forme et l'identification de différences subtiles entre les sous-espèces.

Il convient de souligner que la précision et la reproductibilité des mesures morphométriques sont cruciales pour obtenir des résultats fiables. Par conséquent, des protocoles standardisés doivent être suivis lors des mesures afin de minimiser les erreurs de mesure et les biais potentiels.

En combinant ces méthodes de mesure et d'analyse morphométrique, il est possible d'obtenir une vision complète de la variation morphologique des sous-espèces *Apis mellifera intermissa* et *sahariensis e*n Algérie. Ces informations sont essentielles pour comprendre l'adaptation des abeilles à leur environnement et pour contribuer à la conservation et à la gestion de ces populations.

Chapitre III : Variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensi* en Algérie

3.1. Caractéristiques de la variabilité génétique

L'étude de la variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa et* d'*Apis mellifera sahariensis* en Algérie offre des informations cruciales sur leur diversité génétique, leur structure de population et leur histoire évolutive. Cette analyse génétique permet de mieux comprendre les mécanismes qui influencent la différenciation des sous-espèces et de mettre en évidence les facteurs environnementaux et géographiques qui ont contribué à la formation de ces populations distinctes.

3.2. Techniques d'analyse génétique

Plusieurs techniques d'analyse génétique sont utilisées pour évaluer la variabilité génétique des abeilles Apis mellifera intermissa et sahariensis en Algérie. Parmi ces techniques, l'analyse

de l'ADN mitochondrial (ADNmt) est couramment utilisée pour étudier la structure génétique des populations d'abeilles. L'ADNmt présente des caractéristiques particulières, telles que sa transmission maternelle et sa faible diversité génétique, ce qui en fait un marqueur utile pour les études de phylogéographie et de diversité génétique **(Franck et al., 2001).**

Les régions de l'ADNmt telles que le gène de la cytochrome oxydase I (COI) sont souvent séquencées pour obtenir des informations sur les relations génétiques entre les populations d'abeilles **(Franck et al., 2001; Garnery et al., 1992).**

En complément de l'analyse de l'ADNmt, l'utilisation de marqueurs microsatellites permet d'évaluer la structure de population, les flux génétiques et la diversité génétique des abeilles. Les microsatellites sont des séquences courtes d'ADN répétitives qui présentent une grande variabilité en termes de nombre de répétitions. Les variations dans les allèles de microsatellites peuvent être utilisées pour déterminer la parenté, évaluer la diversité génétique et détecter les flux de gènes entre les populations (**Garnery et al., 2011; Adjlane et al., 2019).**

3.2.1 Variation de l'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial d'*Apis mellifera mellifera*, qui est hérité maternellement, contient une région intergène non codante qui est très variable (parce qu'elle est libre d'acquérir des mutations) et a été largement utilisé comme marqueur génétique pour les études de la variation géographique et de l'introgression des sous-espèces **(Cornuet et al., 1991; Crozier et al, 1993).**

Cette région, appelée COI-COII ou tRNAleu-cox2, est située entre les sous-unités I et II du gène de l'oxydase du cytochrome c. (Figure 1). Il se compose du gène tRNA de la leucine (71 paires de bases) et d'une séquence non codant qui est de 220 à 860 paires de bases de longueur.

Cette séquence, à son tour, est faite d'une région appelée Q et une région facultative appelée P. Lorsque P est présent, Q peut être répété jusqu'à quatre fois. Ainsi, cinq combinaisons de base sont possibles : Q, PQQ, PQQQ et PQQQQ. Cependant, en raison de la présence d'au moins trois

variantes supplémentaires de P (Po, P1 et P2), le nombre de combinaisons peut être important. Q est de 192 à 196 paires de bases et Po (considéré comme la séquence ancestrale) est de 67 à 69 paires de bases de longueur. P est 15 paires de bases plus courte que Po, en raison d'une suppression.

P1 diffère de Po en ayant une suppression de 17 paires de bases à la fin de 3'. P2, d'autre part, a sa propre suppression près de l'extrémité de 5'. Jusqu'à présent, les combinaisons suivantes ont été décrites pour les différentes lignées mitochondriales : Q pour C; PQ à PQQQ pour M; P_oQ à PoQQQQ et P_1Q à A pour A; P_oq à Z (formellement O); et P_2QQ à Y. Y et Z sont maintenant considérées comme des sous-lignes de A (**Alburaki et al., 2011; Meixner et al. 2013).**

En outre, cette région présente des polymorphismes de restriction avec le DraI, ce qui permet de caractériser différents haplotypes en fonction du nombre et de la taille des fragments ainsi produits **(Franck et al, 1988; Cornuet et al., 1991 ; Garnery et al., 1992 ; Crozier et al, 1993; Franck et al. 2001, Collet, et al 2006; De la Rúa et al, 2009).** Les abeilles algériennes sont mal étudiées, en ce qui concerne la variation mitochondriale, par rapport à leurs homologues européens. **(Franck et al., 2001).**

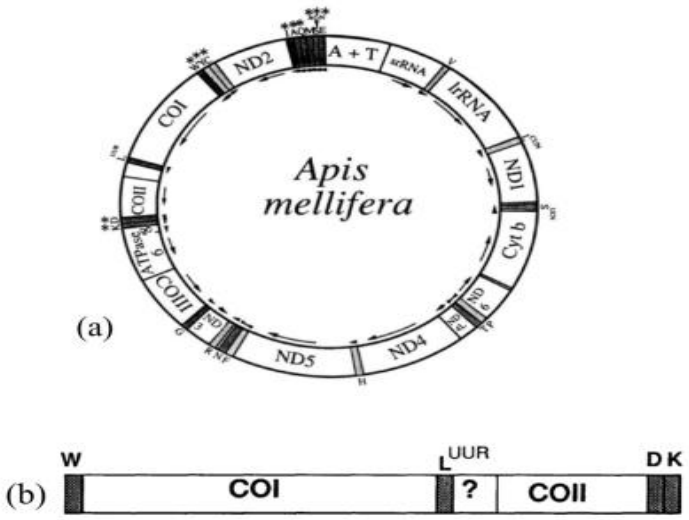


Figure 1. Carte du génome mtDNA d'Apis mellifera

a) Génome complet d'après **Cozier (1993**); **b)** Les sous-unités I (COI) et II (COII) du gène de l'oxydase du cytochrome c d'après H. R. (1989). [W = tRNA pour le tryptophane; L = tARN pour la leucine; D = t RNA pour l'aspartate; K = tRI pour la lysine; et? = région intergène non codant]

3.2.2. Résultats de la variabilité génétique

Les études antérieures sur la variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa* et sahariensis en Algérie ont révélé des informations importantes sur la diversité génétique et la structure de population de ces sous-espèces. Par exemple, une étude utilisant des marqueurs microsatellites a montré une faible différenciation génétique entre les populations d'abeilles telliennes, indiquant une structure de population homogène à travers les régions du nord et du centre de l'Algérie **(Adjlane et al., 2019).** D'autre part, les abeilles sahariennes ont montré une plus grande différenciation génétique entre les populations des oasis du sud de l'Algérie, probablement en raison de l'isolement géographique et des conditions environnementales spécifiques (**Adjlane et al., 2019).**

L'analyse de l'ADNmt a également permis de mettre en évidence des lignées génétiques spécifiques aux abeilles Apis mellifera intermissa et sahariensis en Algérie, révélant ainsi l'histoire évolutive distincte de ces populations (**Franck et al., 2001; Garnery et al., 1992).**

3.2.3. Facteurs influençant la variabilité génétique

La variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie est influencée par plusieurs facteurs, notamment la géographie, le climat, l'isolement géographique, les migrations et les pratiques apicoles. La distribution géographique des populations d'abeilles et les conditions environnementales locales peuvent entraîner une différenciation génétique entre les populations **(Adjlane et al., 2019***).* De plus, les mouvements de colonies d'abeilles à des fins commerciales ou pour des pratiques de transhumance peuvent affecter la structure génétique et la variabilité des populations **(Garnery et al., 2011).**

3.2.4. Implications pour la conservation et la gestion

La connaissance de la variabilité génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa et sahariensis* en Algérie revêt une importance capitale pour la conservation et la gestion de ces populations. En comprenant les facteurs qui influencent la variabilité génétique, il est possible de mettre en place des stratégies de conservation efficaces pour préserver la diversité génétique et maintenir la santé et la résilience des populations d'abeilles. De plus, la caractérisation génétique

des sous-espèces peut aider à guider les programmes d'élevage sélectif et à améliorer les pratiques apicoles pour une meilleure adaptation des abeilles aux conditions locales.

L'objectif principal de cette thèse est d'étudier la variabilité morphométrique et génétique des sous-espèces *Apis mellifera intermissa* et *sahariensis* en Algérie. Les questions de recherche spécifiques comprennent :

Quel est l'étendue de la variabilité morphométrique entre les populations d'abeilles des deux sous-espèces ?

Quelle est la structure génétique des populations et les niveaux d'introgression entre les sous-espèces ?

Quelles sont les implications pour la conservation et la gestion de ces abeilles en Algérie ?

Matériels Et Méthodes

II. Matériels et Méthodes

1. Objectif de l'étude

En Algérie, des études ont déjà été menées pour identifier les différentes populations d'abeilles. **Buttel-reepen (1906)** a décrit la première race géographique *d'Apis mellifera intermissa* L. **Ruttner (1968**) a présenté ses caractéristiques morphologiques principales. Son territoire s'étend sur toute l'Afrique du Nord, incluant Tunis, l'Algérie et le Maroc. **Baldensperger en 1924** et **Haccour en 1960** ont décrit une deuxième race nommée *Apis mellifica sahariensis.* Elle est localisée dans les régions du sud de l'Algérie et du Maroc. **Ruttner (1968)**, qui la considérait à l'époque comme une forme de transition entre A. m. intermissa et adansonü, a contesté sa mise au rang de race.

Cependant, une étude plus récente a conclu *qu'Apis mellifera sahariensis* est une race distincte (**Ruttner et al., 1978**). En **1961, Benoist** liste certaines espèces observées dans la zone de Hoggar (Sahara). Mais seul **Saunders (1908)** a étudié les deux espèces locales présentes en Algérie. **Alfken (1914)** a étudié l'abeille tellienne dans la région de Média et Mitidja. En ce qui concerne **Shulthess en 1924**, il a étudié les abeilles de Tlemcen dans l'Ouest algérien et d'Annaba dans l'Est.

L'objectif de cette étude était de fournir des réponses aux questions soulevées dans l'introduction en analysant des échantillons d'abeilles de *l'Apis mellifera* provenant d'une zone importante et diversifiée, de l'Algérie.

Les objectifs spécifiques de l'étude étaient les suivants :

1. Pour déterminer les sous-espèces *d'Apis mellifera. mellifera* en Algerie.
2. Caractériser génétiquement les populations d'Apis *mellifera mellifera* en Algérie.
3. Déterminer le degré de variabilité génétique des abeilles.
4. Suggérer les raisons de la variabilité observée ou de son absence.

2. Présentation des sites d'échantillonnage

L'Algérie est traversée par deux chaines de montagnes (Atlas Tellien et Atlas Sahariens) qui définissent trois régions bioclimatiques très différentes :

-Au nord, région de littoral à climat méditerranéen favorable et à la végétation diversifiée où les abeilles sont présentes un peu partout.

-Au centre, région des hauts plateaux a climats semi-aride, caractérisée par ses vastes étendus de céréales.

-Au sud, une région désertique a climat aride ou les abeilles sont localisées essentiellement dans les oasis caractérisées par une végétation abondante et une faible superficie.

Pour tenir compte de cette situation et pour disposer d'une représentation équilibrée des populations d'abeilles algériennes, 30 sites de prélèvements ont été identifiés. La figure 2 illustre leur répartition géographique.

La plupart des sites sont situés à travers le territoire de pays pour capturer les variations écologiques dans la zone d'étude, dont la plus importante est la végétation. Ces sites sont indiqués dans le tableau 1.

Des échantillons supplémentaires provenant de sud (Tassili) ont également été inclus dans l'essai.

La sélection des colonies a été basée sur un certain nombre de critères comme des colonies puissantes avec de jeunes reines et logées dans des ruches modernes ou traditionelles (figure 3). La race d'abeille étudiée dans cette étude est *Apis mellifera intermissa* appelée communément la Tellienne et *Apis mellifera sahariensis.* Un nombre de 20 abeilles par colonie a été échantillonné, tuées par simple immersion dans l'éthanol absolu (95 %) et conservées à -20 °C jusqu'au moment de leur utilisation.

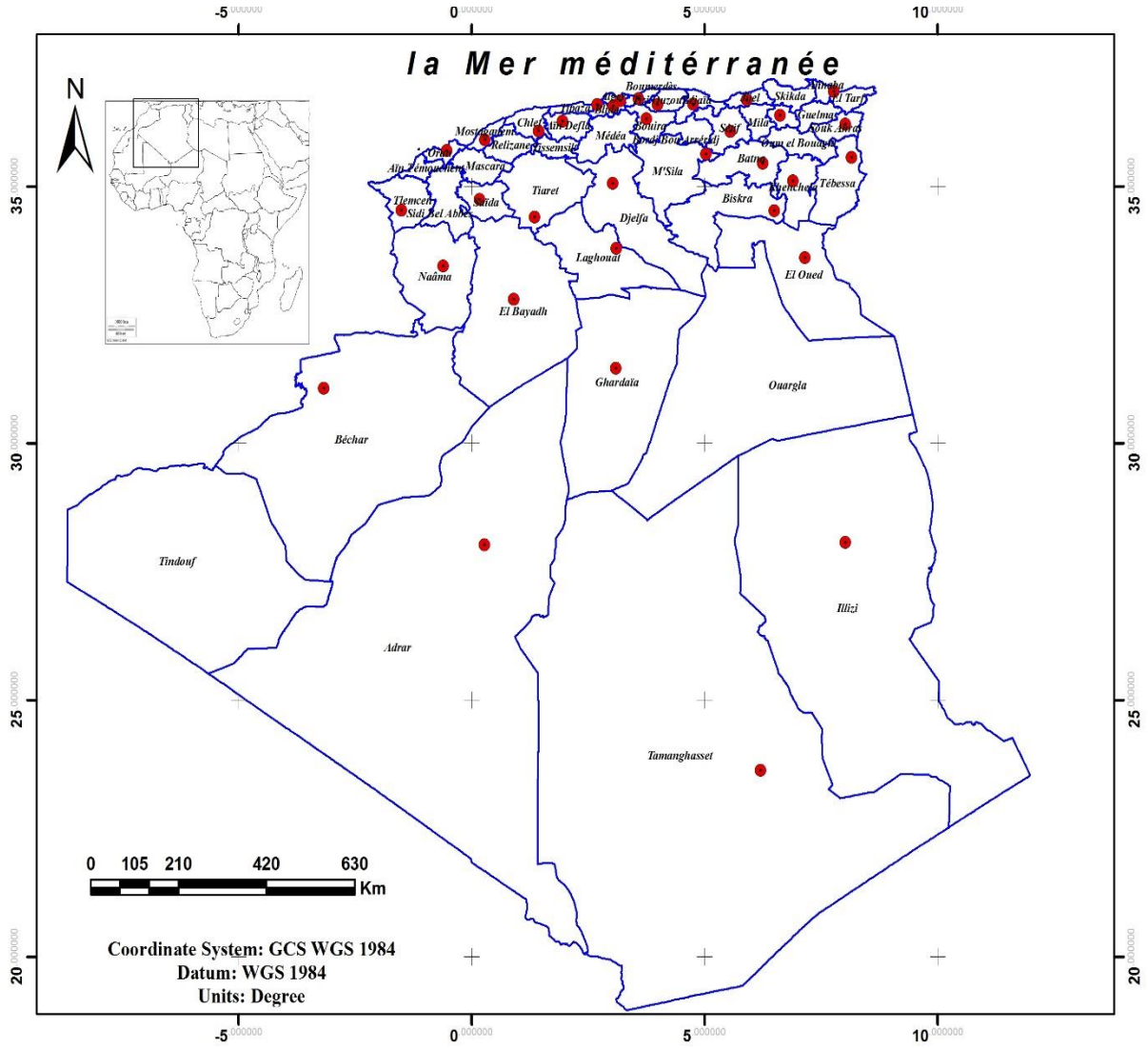


Figure 2. Localisation des sites de prélèvement des échantillons d'abeilles (Arcgis 2019)

Tableau 1. Localités à partir desquelles les abeilles ont été échantillonnées pour cette étude (GPS 2019).

	Localités de collecte	Régions géographiques	Latitudes	Longitudes
1	Sétif	Nord-Est	36°04'13.8"N	5°37'16.9"E
2	Constantine	Nord-Est	36°15'25.3"N	6°40'48.9"E
3	Guelma	Nord-Est	36°26'44.2"N	7°14'09.8"E
4	Skikda	Nord-Est	36°35'52.1"N	6°49'27.4"E
5	Annaba	Nord-Est	36°51'12,713" N	7°46'33,054" E
6	Batna	Nord-Est	35°18'37.9"N	6°36'41.5"E
7	Tizi Ouzou	Nord-Centre	36°35'48.1"N	3°59'41.4"E
8	Boumerdes	Nord-Centre	36°40'40.5"N	3°36'23.3"E
9	Alger	Nord-Centre	36°40'24.5"N	3°11'37.5"E
10	Blida	Nord-Centre	36°32'44.7"N	3°04'46.8"E
11	Tipaza	Nord-Centre	36°34'49.4"N	2°40'00.6"E
12	Medea	Nord-Centre	36°12'35.6"N	2°51'18.2"E
13	Chlef	Nord-Ouest	36°03'10.9"N	1°05'20.4"E
14	Ain Defla	Nord-Ouest	36°12'55.307" N	2°1'35.669" E
15	Tissemssilt	Nord-Ouest	35°51'32.4"N	1°58'35.6"E
16	Saida	Nord-Ouest	34°51'54.7"N	0°08'48.4"E
17	Mascara	Nord-Ouest	35°21'25.7"N	0°08'42.4"E
18	Oran	Nord-Ouest	35°41'32.1"N	0°38'48.5"W
19	Mostaganem	Nord-Ouest	35°55'50.079" N	0°16'34.982" E
20	Tlemcen	Nord-Ouest	34°51'30.9"N	1°20'53.9"W
21	Biskra	Sud	34°33'52.3"N	6°36'03.1"E
22	Ghardaia	Sud	32°28'42.3"N	3°45'03.8"E
23	Laghouat	Sud	33°47'44.6"N	3°06'43.5"E
24	El bayadh	Sud	33°49'37.7"N	1°42'06.3"E
25	Naama	Sud	32°40'35.0"N	0°34'57.8"W
26	Adrar	Sud	28°01'13.0"N	0°16'36.5"W
27	Illizi	Sud	25°24'05.7"N	8°24'16.8"E
28	Oued Souf	Sud	33°29'24.5"N	6°49'11.0"E
29	Bechar	Sud	31°33'20.0"N	2°56'12.8"W
30	Tassili	Sud	24°42'11.9"N	9°34'29.3"E

a. Un nid naturel dans un tronc d'arbre

b. Ruches modernes au nord

c. Ruches modernes au sud

Figure 3. Les différents types de ruches, dans les différentes régions du pays, ayant constitué une source d'abeilles pour notre expérimentation.

3. Matériel biologique

Il existe dans notre pays deux races ou sous espèces d'abeilles autochtones :

- L'Abeille saharienne ou d'*Apis mellifera sahariensis* (Baldensperger).

-L'Abeille Tellienne d'*Apis mellifera intermissa* (Buttel – Reepen).

Ces races sont considérées comme homogènes et rustiques qui ont été mélangées suite à des tentatives d'introduction de reines étrangères.

3.1. L'Abeille Tellienne

L'abeille Tellienne *Apis mellifera intermissa* occupe de vastes espaces en Libye, en Tunisie, en Algérie et au Maroc, mais elle est plus répandue en Algérie. Ses caractéristiques font d'elle qu'elles soient très agressives, nerveuses, essaimeuses, mais très fécondes et très bonnes récolteuses de pollen et de propolis. La valeur économique de cette race est moyenne. Cette abeille est très précieuse car c'est une race primaire pouvant servir aux travaux d'amélioration, de sélection et de croisements, c'est à cet effet qu'elle possède un groupe de sous - races ou variétés qui s'étend à travers le Nord Est de l'Europe et la moitié Nord de l'Asie jusqu'à l'océan pacifique (figure 4).

Figure 4. Abeille tellienne

3.2. L'Abeille saharienne

Comme son nom l'indique cette abeille vit au niveau de la frange nord du Sahara surtout dans les oasis de la wilaya de Bechar et celles de Naama. Rarement elle fait des pénétrations sporadiques dans certains de régions de nord du pays (figure 5).

Figure 5. Abeille saharienne

4. Morphométrie

4.1 Dissection des abeilles

Un ensemble de 10 abeilles ouvrières ont été disséquées de chaque colonie pour effectuer des mesures morphométriques selon **Ruttner (1988)** et **Ruttner et al. (1978).** Pour chaque ensemble d'abeilles, les ailes avant gauche ont été enlevées et déposées entre deux lames microscopiques fixées avec Sellotape (Figure 6a). Les pattes arrière gauche ont ensuite été enlevées et incorporées dans la gomme arabique entre deux lames microscopiques (Figure 6b). Après l'enlèvement des ailes et des pattes, les abeilles ont été fixées sur leurs côtés dans une boite de Petri remplie d'éthanol a 70% pour mesurer la pilosité et la pigmentation du scutellum (Figure 6c). Ensuite, les troisièmes et sixièmes sternites ont été enlevées, rincées dans de l'eau, enveloppées de papier tissu et intégrées dans la gomme arabique entre deux lames microscopiques. (Figure 6d). Enfin, les deuxième, troisième et quatrième tergites ont été enlevés et placés dans la gomme arabique sur une barre de verre et fixés avec Sellotape (Figure 6e).

4.2 Mesures

Des mesures morphométriques de 35 caractères ont été prises à partir des colonies dans 30 localités (tableau 1) selon **Ruttner (1988)** et **Fresnaye. (1978)** au niveau de laboratoire Beineinstitute à Kirchain de l'université de Hessen en Allemagne.

Des mesures de pilosité et de coloration ont été effectuées sous un microscope de dissection, équipé d'un oculaire gradué, à un grossissement de 40 x. Des mesures d'ailes, de pattes et de sternites ont été effectuées à l'aide d'une caméra CCD connectée à un ordinateur personnel, en utilisant le programme de mesure Bee Morphometric, version 1.02 (**Meixner, 1994).** Les détails des variables mesurées sont présentés dans le tableau 2 et les figures 7.a à 7.h.

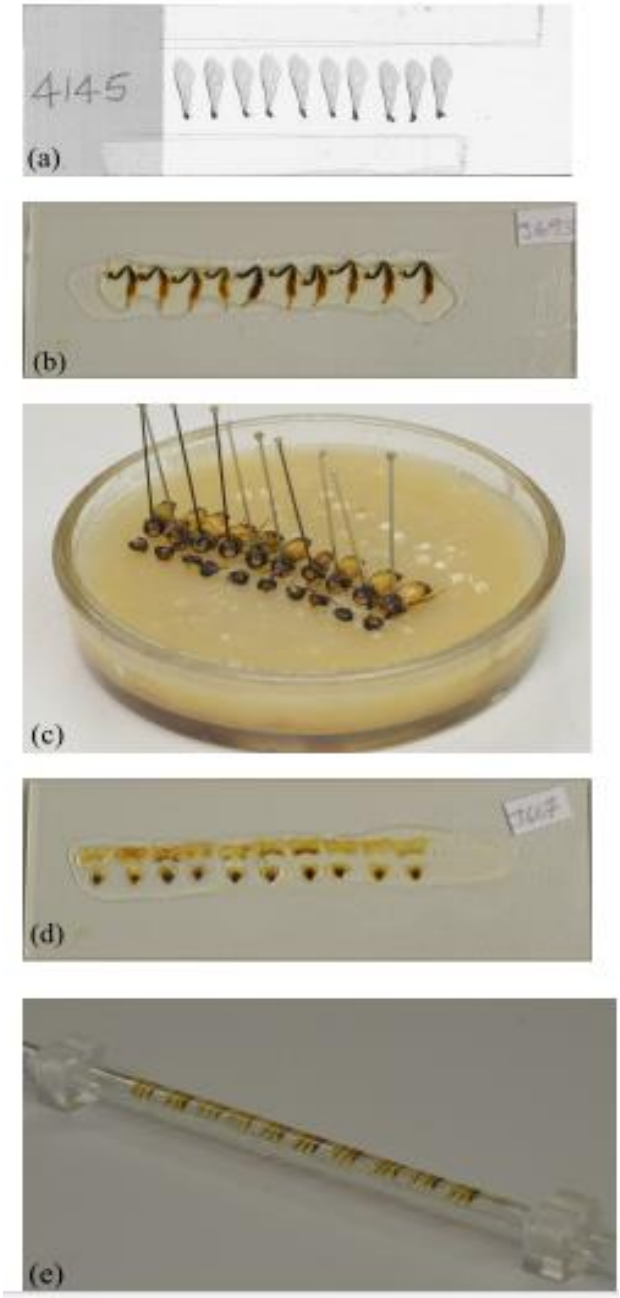


Figure 6. Organes d'abeilles préparées pour des mesures morphométriques.

(à : les ailes, b) les pattes, c : des abeilles en boite de petri, d : les sternites et e : les tergites)

Tableau 2. Liste des caractères mesurés pour la morphométrie

	Ruttner No	Abréviations	Caractères	Figure
A. Pilosité	**1**	**hair**	Longueur des poils sur tergite 5	2.8
	2	**tom1**	Largeur de la bande de tomentum sur le tergite 4	2.8
	3	**tom2**	Largeur de la bande sombre entre le tomentum et la bordure postérieure de tergite	2.8
B. Taille	**4**	**fem**	Fémur, longueur	2.9
	5	**tib**	Tibia, longueur	2.9
	6	**ltar**	Métatarse, longueur	2.9
	7	**wtar**	Métatarse, largeur	2.9
	8	**lt3**	Tergite 3, Diamètre longitudinal	2.10
	9	**lt4**	Tergite 4, Diamètre longitudinal	2.10
	10	**lst3**	Sternite 3, Diamètre longitudinal	2.11
	11	**lwm**	Plaque de cire (miroir) de sternite 3, diamètre longitudinal	2.11
	12	**wwm**	Plaque de cire de sternite 3, diamètre transversal	2.11
	13	**dwm**	Distance entre les plaques de cire de sternite 3	2.11
	14	**lst6**	Sternite 6, diamètre longitudinal	2.12
	15	**wst6**	Sternite 6, diamètre transversal	2.12
C. Ailes	**16**	**lfw**	Aile avant, longueur	2.13
	17	**wfw**	Aile avant, largeur	2.13
	18	**cub1**	Veine cubital, distance a	2.13
	19	**cub2**	Veine cubital, distance b	2.13
	20-31	(No. 21 = A4, 22 = B4, 23 = D7, 24 = E19, 25 = G18, 26 = J10, 27 = J16, 28 = K19, 29 = L13, 30 = N23, 31 = O26)	11 angles des ailes	2.14
D. Couleur	**32**	**pt2**	Pigmentation de tergite 2	2.15
	33	**pt3**	Pigmentation de tergite 3	2.15
	34	**pt4**	Pigmentation de tergite 4	2.15
	35	**scut1**	Pigmentation de scutellum (Sc)	2.16
	36	**scut2**	Pigmentation des plaques de scutellum (B, K)	2.16

Sources : F. Ruttner (1988) and F. Ruttner et al. (1978)

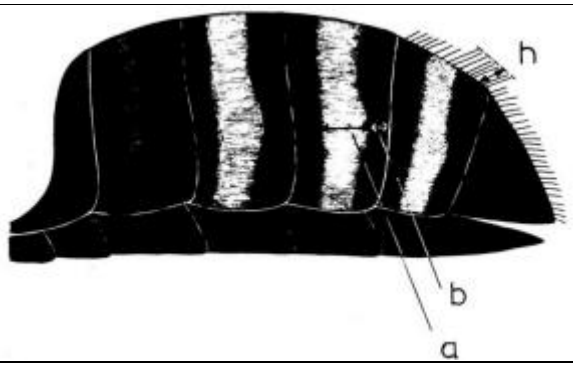


Figure 7.a. Mesure de la longueur des poils sur le tergite 5 (h) et le tomentum sur le tergite 4 (a, b)
Source : F. Ruttner (1988); F. Ruttner et al. (1978).

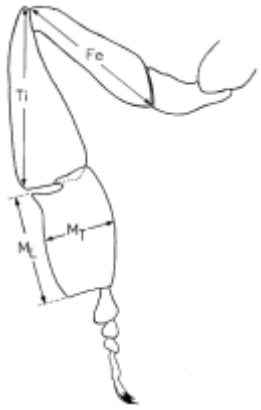


Figure 7.b. Longueur du fémur (Fe), du tibia (Ti) et du métatarse (ML); largeur MT du métatarsus

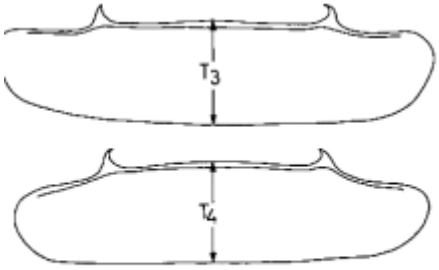


Figure 7.c. Diamètre longitudinal de tergite 3 (T3) et 4 (T4)

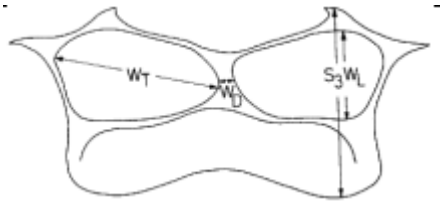


Figure 7.d. Mesures de la sternite 3: longitudinale (S3), plaque de cire, longitude (WL) et transversale (WT) et distance entre les plaques en cire (WD)

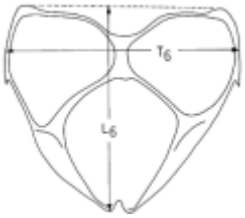


Figure 7.e. Sternite 6, longitudinale (L6) et transversale (T6)

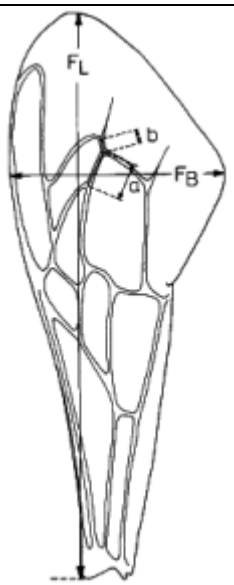


Figure 7.f. Aile avant, longueur (FL) et largeur (FB); distances a et b de la veine cubitale

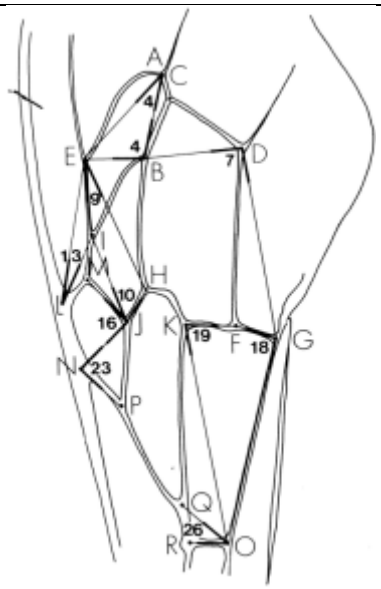


Figure 7.g. Mesure de 11 angles (A4 – O26)

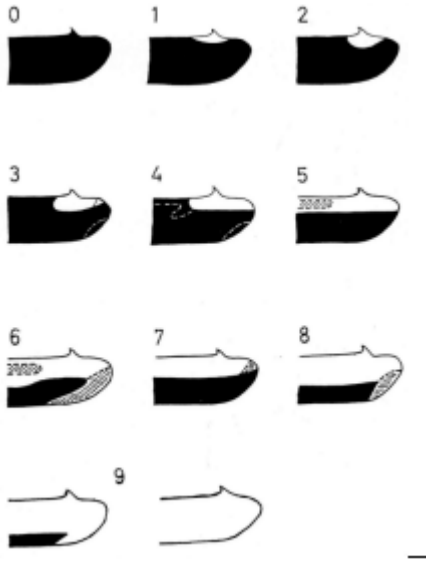


Figure 7.k. Classes de pigmentation des tergites 2 – 4

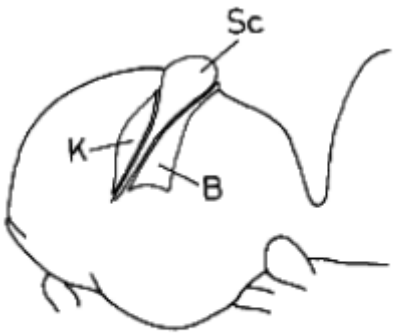


Figure 7.h. Pigmentation du scutellum (Sc) et des plaques (K, B)

Figure 7. Les différents caractères morphométriques mesurés

4.3 Analyse statistique multivariée des données morphométriques

Les analyses statistiques ont été effectuées en deux étapes. La première étape consistait à analyser les données morphométriques des abeilles collectées uniquement pour cette étude. Ceci était nécessaire pour une exploration de la variation entre eux tout en évitant tout biais qui pourrait être introduit en les analysant avec des échantillons de groupes préconçus.

La deuxième étape consistait en l'analyse des données de la présente étude ainsi que des données de référence à des fins de comparaison. Toutes les analyses statistiques ont été effectuées avec IBM® SPSS® Statistics Version 20.

4.3.1 Analyse des échantillons collectés

Afin d'étudier la variation entre les échantillons recueillis pour cette étude, les données morphométriques ont été soumises à un certain nombre d'analyses. Premièrement, des statistiques descriptives, sous forme de moyennes et de standards de déviations, ont été calculées pour chaque colonie dans le but d'explorer les données pour les anomalies de mesure qui pourraient être présentes afin qu'elles puissent être corrigées.

Ceci a été suivi par l'analyse des composants principaux (ACP) et une analyse hiérarchique des groupes afin de détecter tout regroupement d'échantillons. C'est-à-dire, le regroupement des échantillons en fonction de la similitude morphologique globale. L'analyse de fonction discriminante (AD) a ensuite été utilisée pour tester les probabilités de l'attribution des échantillons aux groupes identifiés.

L'analyse de corrélation a été utilisée pour tester les relations entre la morphologie et les facteurs environnementaux, tels que la température et les précipitations. Les détails des analyses sont les suivants :

4.3.1.1 Statistiques descriptives et analyse de la variance

Premièrement, les écarts moyens et standards de chacun des 35 caractères morphométriques ont été calculés pour chaque colonie. Ensuite, les moyennes pour les colonies ont été utilisés pour calculer les moyennes et les écarts standards pour les localités. Les données ont été soumises à une analyse unidirectionnelle de la variance (ANOVA) pour comparer les différentes localités

4.3.1.2 Analyse en composantes principales

Une ACP, utilisant des moyennes de colonie de 35 caractères morphométriques a été exécuté afin de détecter les clusters possibles. L'adéquation de l' APC a été évaluée, avant l'analyse, à l'aide de coefficients de corrélation des variables.

Le test de la sphéricité de Bartlett (**Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).** Toute variable qui n'avait pas de corrélation avec au moins une autre variable où $r \geq 0,3$ doit être supprimée de l'analyse. La mesure KMO est utilisée comme indice de l'existence de relations linéaires entre les variables. Sa valeur peut varier de 0 à 1, avec des valeurs supérieures à 0,6 suggérées comme une exigence minimale pour l'adéquation des échantillons.

Le test de sphéricité de Bartlett teste l'hypothèse nulle selon laquelle il n'y a aucune corrélation entre aucune des variables et, par conséquent, les variables ne peuvent pas être réduites à un plus petit nombre de composants principaux.

4.3.1.3 Analyse hiérarchique des groupes

Une analyse hiérarchique des groupes a été effectuée en supposant que des échantillons de chaque localité formaient un groupe distinct. Ainsi, des groupes ont été assumés et l'analyse a été effectuée en utilisant les moyennes des 35 caractères morphométriques pour les 30 localités de l'étude.

Par la suite, l'analyse a été répétée, en utilisant les moyennes des 35 caractères morphométriques pour les 3 zones de végétation (méditerranée, centre et steppe) dans la zone d'étude, sur la base de l'hypothèse que des échantillons de chacune des zones formaient un groupe distinct. Dans les deux cas, le nombre final de groupes à introduire dans l'analyse discriminante, pour confirmation, a été déterminé à partir du dendrogramme généré par l'analyse.

4.3.1.4 Analyse discriminante

Une AD étape par étape a été effectué afin de confirmer les groupes prédits par l'analyse des groupes et de déterminer les caractères discriminants. L'adéquation du l'AD a été déterminée à l'aide du test M de Box. Dans l'AD, l'hypothèse de base est que les matrices de variance-covariance sont équivalentes. Pour cette hypothèse, le test M de la boîte ne doit pas être significatif. Ce dernier teste l'hypothèse nulle selon laquelle les matrices de covariance ne diffèrent pas entre les groupes formés par la variable dépendante.

Le lambda de Wilk a été utilisé pour tester la puissance discriminatoire des fonctions discriminantes tandis que la signification de la distance entre les centroïdes de groupe a été testée par F-statistique.

4.3.1.5 Analyse de la corrélation

Une corrélation de Pearson a été effectuée pour évaluer la relation entre les différentes localités étudiées en respectant les caractères morphometriques. Avant l'analyse, les données ont été évaluées en fonction de la linéarité (**Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).** L'interprétation de la magnitude du coefficient de corrélation de Pearson, r, a été basée sur Cohen (1988), c'est-à-dire: 0,1 < |r | <.3: corrélations faibles/petites; 0,3 < |R | < <.5: corrélations moyennes/modérées; et |r| >.5 : grandes/fortes.

4.3.2 Analyse des données de nos échantillons ainsi que les données de référence

Afin de déterminer les sous-espèces auxquelles appartiennent les échantillons examinés, ils ont été analysés à l'aide d'échantillons de référence de sous-spèces présumées d'exister dans la zone d'étude, en utilisant une ACP, afin d'établir s'ils se regroupaient entre eux. Enfin, une analyse discriminante a été effectuée pour confirmer l'attribution des colonies en question à l'une des sous-espèces de référence. Les détails des analyses sont donnés ci-dessous :

4.3.2.1 Analyse des composantes principales

Un ACP a été réalisé en utilisant des moyens de colonie de 35 caractères morphologiques des ouvrieres provenant des colonies d'abeilles collectées et des colonies de référence (*d'A. m. jemenitica* et *A.m. ligustica* et d' *A. m. adansonii*) de la banque de données morphométriques de l'Institut für Bienenkunde, Oberursel, Allemagne. L'adéquation du l'ACP a été évaluée, avant l'analyse, en utilisant les coefficients de corrélation des variables, les mesures Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) et le test de sphéricité de Bartlett **(Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Toute variable qui n'avait pas de corrélation avec au moins une autre variable où $r \geq 0,3$ doit être supprimée de l'analyse. La mesure KMO est utilisée comme indice de l'existence de relations linéaires entre les variables. Sa valeur peut varier de 0 à 1, avec des valeurs supérieures à 0,6 suggérées comme une exigence minimale pour l'adéquation des échantillons. Le test de sphéricité de Bartlett teste l'hypothèse nulle selon laquelle il n'y a aucune corrélation entre aucune des variables et, par conséquent, les variables ne peuvent pas être réduites à un plus petit nombre de composants principaux.

4.3.2.2 Analyse discriminante

Enfin, un examen étape par étape a été effectué afin de prédire l'appartenance des colonies *d'Apis mellifera*, de la présente étude, parmi les trois sous-espèces de référence (*Apis mellifera. jemenitica, Apis mellifera ligustica et Apis mellifera adansonii*) et d'identifier les caractères discriminatoires. L'adéquation du l'AD a été déterminée à l'aide du test M de Box. Dans l'AD, l'hypothèse de base est que les matrices de variance-co-variance sont équivalentes. Pour cette hypothèse, le test M de la boîte ne doit pas être significatif.

Ce dernier teste l'hypothèse nulle selon laquelle les matrices de covariance ne diffèrent pas entre les groupes formés par la variable dépendante. Le lambda de Wilk a été utilisé pour tester la puissance discriminatoire des fonctions discriminantes tandis que la signification de la distance entre les centroïdes de groupe a été testée par F-statistique.

5. Analyse de l'ADN mitochondrial

L'analyse d'ADN mitochondrial a été effectuée sur les colonies de 30 localités en utilisant le RFLP DraI de la région intergénétique tRNAleu-COII. Cette région, à partir de laquelle environ 100 haplotypes ont été décrits, a été largement utilisée et est devenue une norme dans l'étude de la variation intra-spécifique *d'Apis mellifera mellifera*. En raison de leur modèle géographique de répartition, ces haplotypes sont efficaces pour identifier les populations locales et détecter l'introgression de gènes exotiques.

En outre, étant donné que le génome de l'ADN mt est hérité maternellement, ils sont utiles pour surveiller le mouvement des colonies (ou reines) d'abeilles à cause de leur enchevêtrement, leur migration ou leur importation **(Franck et al., 1988, 2000; Cornuet et al, 1991 ; Garnery et al. 1992 ;Crozier et al, 1993; Cornuet, 1995; , 1998 ; Franck et al, 2001; Collet et al. 2006 ; De la Rúa et Al., 2009; Meixner et al, 2013; Pinto et al. 2014 ; Achou et al., 2015)**

L'extraction de l'ADN total a été effectuée à l'aide de DNeasy® Blood et Tissue Kit (**Qiagen, 2006a**) selon le protocole complémentaire pour les insectes (**Qiagen, 2006b**). L'extrait d'ADN brut a été stocké à -20°C jusqu'à ce qu'il soit analysé.

5.1 Analyse de la région intergène tRNAleu-COII

5.1.1 Réaction en chaîne de la polymérase (PCR)

Le fragment d'ADN mt contenant la région intergène entre les sous-unités I et II du gène de l'oxydase du cytochrome c (COI-COII) a été amplifié par la PCR, en utilisant la paire primaire E2 - H2, selon **Garnery et al. (1998**); **Garnery et al. (1993) et Kandemir,, et Al. (2006)** avec une légère modification. La réaction a été réalisée dans 30 µl contenant 24 pmol de chaque primer, 25 nmol de chaque dNTP, 1,5 U de Taq polymerase, 1,5 mmol de MgCl2 et 1,5 µl d'extrait d'ADN. Un contrôle positif contenant de l'ADN de taille connue a été inclus. De même, un contrôle négatif contenant de l'eau distillée a été utilisé à la place du ADN.

L'amplification a été effectuée en Eppendorf Gradient Master Cycler. Il a consisté en une étape de dénaturation initiale de 2 minutes à 92 °C, suivie de 35 cycles de 3 s à 92°C, de 30 s à 47 °C et de 2 min à 63 °C puis d'une étape finale d'extension de 10 minutes à 63°C.

Un aliquot de 5 µL du produit PCR a été électrophoré sur un gel à 1,5 % d'agarose, peint avec du bromure d'éthidium et photographié sous éclairage UV afin de tester la qualité de la PCR et de déterminer la taille de l'ADN amplifié. Une échelle de 100 paires de base a été utilisée comme référence. L'électrophorèse a été exécutée pendant 70 minutes à 150 V.

5.1.2 Digestion de la restriction de la draI

La quantité restante (25 µl) de produit PCR de chaque réaction positive a été digérée avec l'enzyme de restriction DraI à 37°C. Les fragments de restriction ont été séparés sur des gels de poly-acrylamide à 10%, peints d'éthidium bromure, et photographiés sous éclairage UV. Les fragments de restriction ont été marqués et comparés avec les modèles d'haplotype publiés **(Franck et al., 2001)** afin d'identifier les haplotypes. La concordance des haplotypes observés dans cette étude avec les séquences publiées a été confirmée par la séquençage d'environ cinq représentants de chaque haplotype.

À cette fin, les fragments amplifiés ont été purifiés et envoyés à une installation de séquençage commerciale. En utilisant ClustalW, intégré à Mega6 **(Tamura et al, 2013)**, les séquences ont ensuite été alignées avec des séquences de référence téléchargées de GenBank (FJ477987, KJ661741), et les alignements ont été corrigés manuellement. 2.5.2 Séquence Variation du gène Cytochrome b.

5.2.1 Réaction en chaîne de la polymérase (PCR)

Pour un sous-ensemble d'échantillons une partie du gène du cytochrome b mitochondrial a été séquencée. La réaction en chaîne de la polymérase a été utilisée pour amplifier un fragment d'environ 700 paires de bases, en utilisant les premiers suivants (modifiés à partir de données non publiées de **Crozier et al (1991) :**

CB2 : 5' attacacctcctaatttattaggaat 3'

tSer : 5' acttattattcaagttcattaact 3'.

Les réactions ont été réalisées dans un volume total de 50 µl avec une concentration finale de 1X tampon de réaction, 1,5 mM MgCl2, 0,2 mM de chaque dNTP, 0,8 µM de chacun des primers et 2 unités de taq polymerase. Le cycle d'amplification a consisté en 94 °C (60 s), 44 °C (80 s), 68 °C (120 s) et a été répété 35 fois, suivi d'une étape finale d'extension de 5 minutes à 72 °C. Les produits ont été électrophorés sur un gel à 1,5 % d'agarose, peints avec du bromure d'éthidium et photographiés sous la lumière UV. Les produits d'amplification ont été purifiés et envoyés à une installation de séquençage commerciale (Seqlab, Göttingen, Allemagne).

5.2.2 Alignement de la séquence et analyse phylogénétique

Les séquences ont été alignées en utilisant ClustalW, intégrées dans MEGA6 **(Tamura et al., 2013)** et ajustées manuellement si nécessaire. Des analyses phylogénétiques ont également été effectuées en utilisant MEGA6, selon le protocole de **Hall. (2013).** Afin d'évaluer mieux la relation phylogénétique, puisque la séquence était relativement courte et qu'on ne s'attendait pas à porter beaucoup de variation, trois méthodes ont été utilisées : (1) joining-neighbor (NJ), basé sur la méthode de probabilité composite maximale **(Nei et al, 2004)**; (2) maximum parsimony (MP); et (3) maximum probabilité (ML), basée sur le modèle Tamura-Nei **(Tamura et al, 1993).**

Les modèles de remplacement les plus appropriés ont été déterminés grâce à la fonction « Trouver le meilleur modèle » de MEGA6. Il convient toutefois de noter qu'une analyse phylogénétique rigoureuse n'a jamais été tentée car les données actuellement disponibles en Afrique ne le permettent pas.

L'objectif était de placer les échantillons en cours d'enquête dans le contexte des données de référence disponibles à ce jour en Afrique. En d'autres termes, il s'agissait de voir si les échantillons examinés se regroupaient avec les sous-espèces d'Afrique du Nord ou du Sahara. Des séquences de référence publiées de *A. m. sahariensis et A.m. intermissa* ont été incluses dans l'analyse, ainsi que des séries de références de représentants des lignées mitochondriales M, C et Z. **(Pinto et al., 2007).**

5.3 Analyse statistique des haplotypes mitochondriaux

Analyse de la fréquence des haplotypes et de leur diversité et analyse de la variance moléculaire ont été effectués avec GenAlEx 6.5 (**Peakall et al, 2012).** Un test chi-square pour l'association entre les haplotypes des différentes localités a été effectué séparément, en utilisant IBM® SPSS® Statistics Version 20.

Résultats Et Discussion

III. Résultats

1. Morphométrie

1.1 Variations entre les colonies étudiées

Les données morphométriques ont été soumises à un certain nombre d'analyses afin d'étudier la variation entre les colonies de la présente étude. Ceux-ci comprenaient les statistiques descriptives, l'analyse des composants principaux (ACP), l'analyses hiérarchiques des groupes et les analyses de fonctions discriminantes (AD). L'analyse de corrélation a été utilisée pour tester les relations entre la morphologie et les facteurs environnementaux selon la localité. Les résultats de ces analyses sont présentés ci-dessous.

1.1.1 Statistiques descriptives et analyse de la variance

Les moyennes des 35 caractères morphométriques pour les localités échantillonnées sont données dans les tableaux A1 à A4 de l'annexe 1. Le tableau A1 montre les moyens de caractères de pilosité et de pigmentation.

La longueur des poils variait de (0,09 ± 0,01 mm) dans la région de Tizi Ouzou à (0,20 ± 0,01 mm) a Chlef ; la largeur du tomentum de (0,62 ± 0,05mm)à Constantine à (0,79 ± 0.02 mm) à Chlef; la pigmentation du scutellum, de (6,02 ± 0,24) à Médéa, à (7,60 ± 0,17) à Guelma. Les valeurs moyennes des caractères des pattes postérieures sont données dans le tableau A2 de l'annexe 1 :

Les abeilles de Setif ont les pattes les plus courtes (6,97 ± 0,13 mm) tandis que celles de Médéa ont les pattes les plus longues (7,52 ± 0.07 mm). Comme on peut le constater dans le tableau A3 de l'annexe 1, les diamètres longitudinaux combinés des tergites 3 et 4 ont varié entre (3,79 ± 0,06 mm) à Mascara et (4,09 ± 0,10 mm) à Tipaza, tandis que l'indice de sternite 6 a varié de (80,15 ± 1,77) à Saida à (84,16 ± 0,66) à Blida. Le plus petit aile (longueur = 7,98 ± 0,10 mm; largeur = 2,71 ± 0.04 mm) a été enregistré chez les abeilles de Alger, tandis que le plus grand aile (longueur = 8,69 ± 0,55 mm, largeur : 2,96 ± 1,01 mm) est observé chez l'abeille de Mostaganem. (Tableau A4 de l'annexe I)

Une ANOVA unidirectionnelle a révélé que tous les caractères morphométriques, sauf la pigmentation des deuxièmes et quatrièmes tergites, la distance entre les miroirs en cire de sternite 3, les deux distances cubitales et l'indice cubital, différaient sensiblement ($p < 0,05$) entre les localités échantillonnées.

1.1.2 Similitudes des colonies

Afin d'étudier la similitude des colonies d'abeilles étudiées, une ACP, utilisant des moyens de colonie des caractères morphométriques de 10 abeilles ouvrières des colonies de 30 localités, a été menée pour détecter les clusters possibles. L'adéquation de la ACP a été évaluée avant l'analyse.

L'inspection de la matrice de corrélation a montré que toutes les variables avaient une exigence minimale d'au moins un coefficient de correspondance supérieur à 0,3. La mesure globale Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) était de 0,90 avec des mesures individuelles de KMO de 0,61 à 0,95, satisfaisant ainsi à l'exigence minimale d'adéquation des échantillons. Le test de sphéricité de Bartlett était statistiquement significatif ($p <.0005$), ce qui suggère que les données pourraient être analysées de manière appropriée à l'aide de ACP **(Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Trois composantes principales, dont les valeurs propres sont respectivement 8,2, 2,1 et 0,9 et représentent respectivement 58,4 %, 14,7 % et 6,7 % de la variance totale, ont été extraits. Une rotation orthogonale Varimax a été employée pour faciliter l'interprétation. Il y a eu de fortes charges de caractères de taille sur les trois composants et la pigmentation du scutellum sur la composante 3 (Tableau 3).

Composante 1 a été chargé avec (et positivement corrélé avec) la longueur et la largeur des diamètres de l'aile, longueur et la largeur de sternite 6, diamètre longitudinal et transversal du miroir a cire de sternite 3, longitude du diamètre du sternite 3, longueur du fémur, longueur de tibia et longueur du métatarse.

La composante 2, d'autre part, était positivement corrélée avec les diamètres longitudinaux des tergites 3 et 4, tandis que la composante 3 avait de la pigmentation du scutellum (avec une corrélation négative) et de la largeur du métatarse (avec une corrélation positive). Ainsi, les composantes principales 1 et 2 peuvent être définies comme des composantes de taille, dont les valeurs augmentent avec l'augmentation des valeurs de la taille, et la composante principale 3 comme la composante de la pigmentation dont les valeurs augmentent avec la diminution des

valeurs de pigmentation. Tous les quatre caractères des pattes postérieures, mentionnés ci-dessus, chargés sur les trois composantes principales.

Bien que les parcelles de dispersion des trois composantes ne montrent pas un regroupement clair des colonies, elles montrent une variation considérable. Par exemple, comme on peut le voir à partir de la figure 8A, les abeilles de la zone Nord-Est occupent toute la gamme de la composante 1, de la plus petite à la plus grande, mais seulement la plus basse gamme du composante 2, à l'exception de deux colonies trouvées dans la moitié supérieure du graphique.

Les colonies provenant de Sud de pays, en revanche, sont dispersées le long de toute la gamme de la composante 2 et de la plus basse gamme du composante 1, avec seulement deux colonies trouvées dans la moitié droite du graphique.

Les colonies provenant des deux zones Nord-Est et Nord-Centre de pays sont plus ou moins uniformément dispersées le long des deux composantes, et sont par conséquent équitablement réparties dans les quatre quadrants. La figure 8B montre que la plupart des colonies de Sud ont des valeurs élevées de composante trois et sont donc trouvées dans la moitié supérieure du graphique.

Toutefois, la situation est inverse chez les abeilles du Nord-Est. Les colonies de la zone de Sud, en revanche, sont plus ou moins partagées de façon égale entre les moitiés supérieure et inférieure du graphique. La répartition des colonies figurant à la figure 8C est similaire à celle de la figure 8B.

Tableau 3. Matrice de composantes pour la ACP, avec rotation Varimax, des caractères morphométriques des colonies d'*Apis mellifera* en Algérie

Caractère	Composante 1	Composante 2	Composante 3	Cumulus
Aile avant, longueur (17)	.910+	.038	.145	.851
Sternite 6, transversal (16)	.883	.099	.218	.836
Aile avant, largeur(18)	.857	-.009	.058	.737
Sternite 6, longitudinal (15)	.851	.057	.124	.742
Miroir en cire, transversal(13)	.829	-.050	.152	.712
Miroir en cire,longitudinal(12)	.799	.127	.122	.670
Sternite 3, longitudinal (11)	.799	.199	.282	.757
Femur, longueur (6)	.775	.359	.374	.870
Tibia, longueur(5)	.708	.330	.423	.789
Metatarsus, longueur (7)	.677	.355	.334	.965
Tergite 4, longitudinal (10)	.063	**.978**	.059	.965
Tergite 3, longitudinal (9)	.074	**.977**	.054	.963
Pigmentation de scutellum(35)	-.162	.013	**-.921**	.875
Metatarsus, largeur(8)	.519	.363	.554	.708

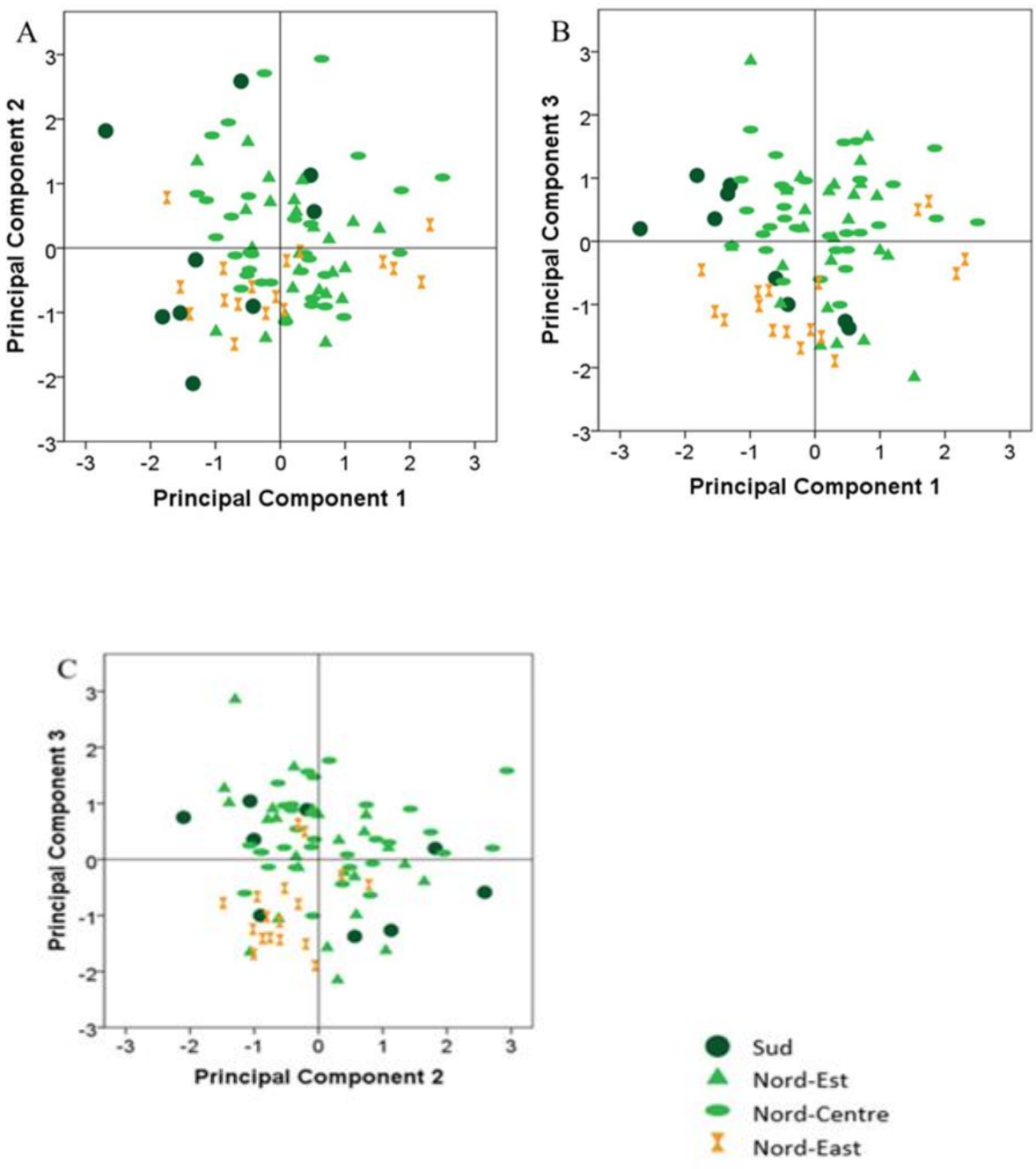


Figure 8. Box-Plots A-C. ACP utilisant les moyennes des colonies des abeilles ouvrières provenant de 30 localités en Algérie

(Toutes les trois composantes étaient chargées de caractères de taille du corps. En outre, la composante 3 était chargé de pigmentation du scutellum. Les colonies sont codées selon la zone de l'échantillonnage)

1.1.3 Classification des colonies en fonction des localités

Étant donné que l'ACP n'a pas produit un regroupement distinct des colonies, une méthode alternative, l'analyse hiérarchique des regroupements, utilisant des moyens de 35 caractères morphométriques pour les 30 localités de la présente étude, a été utilisée. Sur la base des résultats de cette analyse (figure 9A et tableau A5, annexe I), trois groupes provisoires ont été assumés : Groupe 1 composé des colonies de Setif et de Constantine,. Groupe 2 de Annaba, de Mostaganem, de Tipaza de Tlemcen, de Skikda ,Alger , Médéa, Chlef, Ain Defla, Batna, Guelma ,Blida, Tizi ouzou, Mascara et de Boumerdes et Groupe 3 de Biskra, de El bayadh , de Bechar et de Ghardaia.

Une analyse discriminante étape par étape a été effectuée, afin de prédire l'appartenance des colonies d'abeilles étudiées d'*Apis mellifera*, parmi les trois groupes a priori définis par l'analyse des groupes, comme moyen de confirmer ces groupes. 35 caractères morphométriques des abeilles ouvrières ont été utilisés comme variables prédictrices.

Des différences moyennes significatives (ANOVA; $p < 0,05$) ont été observées pour toutes les variables. Alors que les déterminants log étaient similaires (40, 35 et 30, respectivement, pour les trois groupes), M de Box a indiqué que l'hypothèse de l'égalité des matrices de covariance était dérogée ($p < 0,05$). Cependant, compte tenu de la grande taille de l'échantillon du groupe de données, ce problème n'a pas été considéré comme grave et, par conséquent, l'AD a été jugé approprié**. (Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Deux fonctions discriminantes (avec des valeurs propres 3,8 et 1,1, respectivement) ont été utilisées dans l'analyse. Ils ont expliqué respectivement 77,5% et 22,5% de la variance totale, et leurs valeurs de Lambda de Wilk, évaluées par chi-square, étaient très significatives ($p < 0.0005$), ce qui suggère qu'ils avaient suffisamment de pouvoir discriminatoire pour regrouper les cas.

Les variables distinctes utilisées dans l'analyse étaient la longueur des poils sur le tergite 5, la largeur du tomentum, le diamètre longitudinal de tergite 4, la largeur du métatarse, la longueur de l'aile et les angles des ailes E9, J16 et N23. Les corrélations de ces variables avec les fonctions discriminantes sont présentées dans le tableau 4.

Dans l'ensemble, 96,4 % des cas groupés validés croisés ont été correctement classés. Toutes les neuf colonies du groupe 1 ont été correctement classées, dont 8 ont été classées avec une probabilité postérieure de 100%. Pour le groupe 2, 15 des 17 colonies ont été correctement classées, dont 11 ont été classées avec une probabilité minimale postérieure de 99%. Les deux colonies mal classées, une de Tlemcen et une de Mostaganem, ont été affectées au groupe 2 avec une probabilité postérieure de 97% et 79%, respectivement. Pour le groupe 3, 57 des 58 colonies ont été correctement classées, dont 53 ont été classées avec une probabilité postérieure de 95 à 100%.

La seule colonie mal classée dans ce groupe était de Constantine et elle a été affectée au groupe 1 avec une probabilité postérieure de 72%. En bref, 64% des colonies ont été affectées au groupe 2, 13% au groupe 3 et 10% au groupe 1 avec une probabilité postérieure d'au moins 95%; tandis que 6%, 5% et 2% des colonnes ont été, respectivement, affectées à ces groupes avec des probabilités postérieures plus faibles.

Tableau 4. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées.

Variable		
	Fonction 1	**Fonction 2**
Aile, longueur (17)	**.579+**	-.052
Métatarses, largeur (8)	**.498**	.007
Tergite 4, longitudinal (10)	**.215**	-.090
Angle N23 (30)	-.006	**-.646**
Angle J16 (27)	.046	**-.509**
Angle E9 (24)	.162	**.491**
Largeur de tomentum (2)	.090	**.390**
Pilosité (1)	.059	**.256**

Une comparaison par paires des groupes, en utilisant la statistique F, a révélé une différence très significative entre les centroïdes ($p < 0.0005$). Un plan de dispersion des deux fonctions discriminantes est montré à la figure 9B, les valeurs moyennes des 35 caractères morphométriques pour les groupes du tableau 5 .

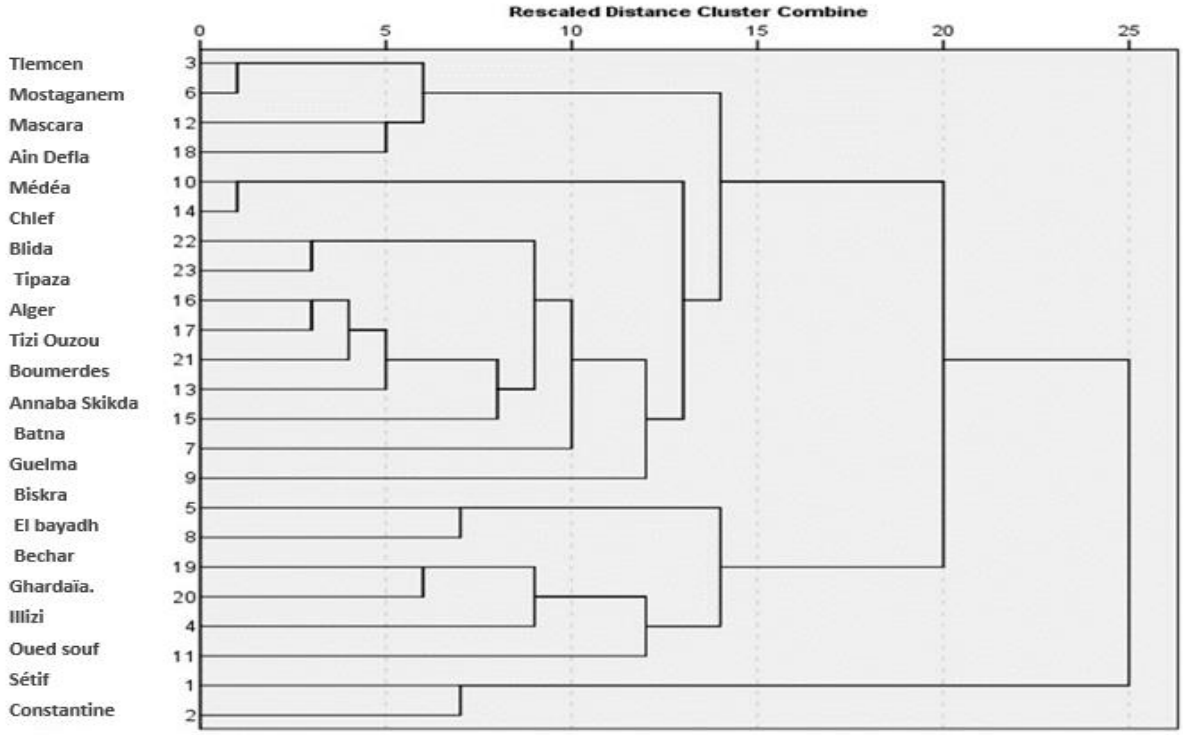


Figure 9A. Classification des populations de *Apis mellifera* en Algérie par analyse hiérarchique de groupes en utilisant des moyennes de 35 caractères morphométriques pour les 30 localités.

L'arbre a été coupé à la distance 15 pour produire trois groupes provisoires pour l'entrée dans l'analyse discriminante étape par étape.

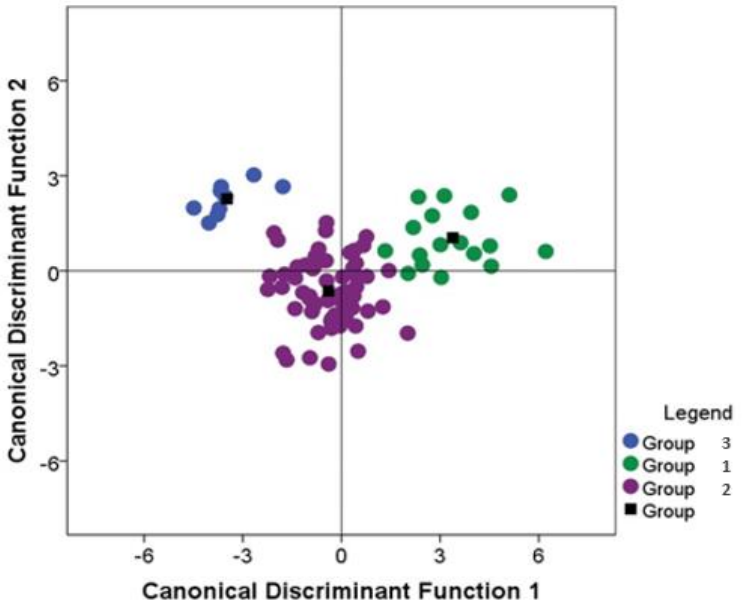


Figure 9B. Confirmation des trois groupes par une analyse discriminante

(96,40 % des cas groupés validés ont été correctement classés dans leurs groupes d'origine et les distances entre les centroïdes de groupe étaient très importantes ($p < 0.0005$) selon F-statistic. Chaque groupe est composé de colonies de localités éloignées dans différents types de végétation).

Tableau 5. Moyennes et écarts types des caractères morphométriques des colonies d'abeilles étudiées.

Caractères	Group 1+	Group 2	Group 3	Total
Pilosité tergite 5 (1)	**0.16 ± 0.03**	**0.16 ± 0.02**	**0.15 ± 0.03**	**0.15 ± 0.03**
Largeur de tomentum (2)	**0.73 ± 0.02**	**0.73 ± 0.04**	**0.68 ± 0.05**	**0.70 ± 0.05**
Femur, Longueur (5)	2.36 ± 0.03	2.51± 0.04	2.42 ± 0.04	2.43 ± 0.06
Tibia, Longueur(6)	2.87 ± 0.04	3.05 ± 0.06	2.94 ± 0.06	2.95 ± 0.08
Metatarse, Longueur (7)	1.82 ± 0.03	1.91 ± 0.04	1.84 ± 0.04	1.85 ± 0.05
Metatarsus, Largeur (8)	**1.04 ± 0.02**	**1.12 ± 0.02**	**1.08 ± 0.02**	**1.08 ± 0.03**
Tergite 3, diamètre longitudinal (9)	1.94 ± 0.07	2.02 ± 0.06	1.98 ± 0.05	1.98 ± 0.06
Tergite 4, diamètre longitudinal (10)	**1.88 ± 0.07**	**1.96 ± 0.06**	**1.92 ± 0.05**	**1.93 ± 0.06**
Sternite 3, diamètre longitudinal (11)	2.31 ± 0.04	2.49 ± 0.06	2.41 ± 0.05	2.42 ± 0.07
Mirror a cire de sternite 3, diamètre longitudinal (12)	1.15 ± 0.04	1.24 ± 0.04	1.21 ± 0.03	1.21 ± 0.04
Mirror a cire de sternite 3, diamètre transversal (13)	1.92 ± 0.03	2.08 ± 0.07	2.02 ± 0.05	2.02 ± 0.07
Sternite 6, diamètre longitudinal (15)	2.19 ± 0.05	2.32 ± 0.06	2.24 ± 0.05	2.25 ± 0.06
Sternite 6, diamètre transversal (16)	2.61 ± 0.07	2.85 ± 0.08	2.73 ± 0.07	2.74 ±0.10
Aile, Longueur (17)	**8.01 ± 0.12**	**8.54 ± 0.11**	**8.27 ± 0.14**	**8.29 ± 0.19**
Aile, Largeur (18)	2.74 ± 0.06	2.90 ± 0.05	2.80 ± 0.06	2.81 ± 0.07
Veine Cubital, distance b (20)	21.11 ± 1.48	22.09 ± 1.22	21.68 ± 1.69	21.70 ± 1.60
Angle A4(21)	31.74 ± 0.68	32.64 ± 0.92	32.75 ± 1.16	32.62 ± 1.11
Angle B4(22)	103.28 ± 1.49	103.86 ± 2.95	102.58 ± 3.43	102.90 ± 3.20
Angle D7(23)	101.10 ± 1.41	101.55 ± 2.63	101.60 ± 1.75	101.54 ± 1.90
Angle E9(24)	**19.33 ± 0.81**	**19.68 ± 0.61**	**18.69 ± 0.69**	**18.95 ± 0.80**
Angle G18(25)	95.50 ± 2.13	95.24 ± 2.11	95.27 ± 2.34	95.29 ± 2.25
Angle J16(27)	**91.06 ± 1.63**	**92.98 ± 1.89**	**94.36 ± 2.11**	**93.74 ± 2.28**
Angle K19(28)	79.40 ± 1.46	79.02 ± 1.30	80.19 ± 2.19	79.88 ± 2.02
Angle L13(29)	16.21 ± 0.61	15.20 ± 0.63	15.39 ± 0.77	15.44 ± 0.77
Angle N23(30)	**86.23 ± 1.46**	**87.48 ± 1.67**	**89.34 ± 1.70**	**88.65 ± 1.99**
Angle O26(31)	37.42 ± 1.84	38.93 ± 2.07	38.81 ± 1.91	38.68 ± 1.96
Pigmentation de tergite 2(32)	9.00 ± 0.00	8.99 ± 0.05	8.98 ± 0.09	8.98 ± 0.08
Pigmentation de tergite 3(33)	8.02 ± 0.07	7.93 ± 0.20	7.96 ± 0.34	7.96 ± 0.30
Pigmentation de tergite 4(34)	4.22 ± 0.67	4.24 ± 0.98	4.03 ± 0.20	4.09 ± 0.50
Pigmentation de scutellum (35)	7.12 ± 0.54	6.44 ± 0.38	6.86 ± 0.60	6.81 ± 0.59

+ Les trois groupes ont été définis par l'analyse hiérarchique des groupes, en utilisant des moyens de 35 caractères morphométriques pour 30 localités, et confirmés par une analyse discriminante. Une comparaison par paires des groupes, en utilisant la statistique F, a révélé une différence très significative entre les centroïdes du groupe. ($p < 0.0005$)

1.1.4 Classification des colonies en fonction de la zone d'étude

Afin de déterminer la similitude des colonies des quatre zones d'étude, une autre analyse hiérarchique des groupes, en utilisant des moyens de 35 caractères morphométriques pour quatre zones végétatives a été effectuée. Sur la base des résultats de l'analyse (Figure 10A et Tableau 6).

Une analyse discriminante étape par étape a été effectuée, afin de prédire l'appartenance des colonies *d' Apis mellifera*, parmi les trois groupes a priori définis par l'analyse des groupes, comme moyen de confirmer ces groupes. 35 caractères morphométriques de travailleurs ont été utilisés comme variables prédictrices. Des différences moyennes significatives (ANOVA; $p < 0,05$) ont été observées pour toutes les variables.

Alors que les déterminants log étaient similaires (33, 25 et 28 respectivement pour les trois groupes), M de Box a indiqué que l'hypothèse de l'égalité des matrices de covariance était voilée ($p < 0,05$). Cependant, compte tenu de la grande taille de l'ensemble de données, ce problème n'a pas été considéré comme sérieux, de sorte que l'AD a été jugé approprié **(Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Deux fonctions discriminantes (avec des valeurs propres de 0,9 et 0,6 respectivement) ont été utilisées dans l'analyse. Ils ont expliqué 63.0% et 37.0% de la variance totale, respectivement, et leurs valeurs Lambda de Wilk, évaluées par chi-square, étaient très significatives ($p < 0.0005$), ce qui suggère qu'ils avaient suffisamment de pouvoir discriminatoire pour regrouper les cas.

Tableau 6. Matrice de proximité de populations d'abeilles de quatre zones d' *Apis mellifera* en Algérie

	1:Nord-Est	2: Centre	3:Nord-Ouest	4:Sud
1: Nord-Est	0	89	76	27
2: Centre	89	0	27	62
3: Nord-Ouest	76	27	0	69
4:Sud	27	62	69	0

Les variables discriminantes utilisées dans l'analyse étaient la longueur des poils de tergite 5, la largeur du tomentum, la longueur de tibia, le diamètre longitudinal du miroir a cire, l'angle des ailes N23 et la pigmentation de scutellum. Les corrélations de ces variables avec les fonctions discriminantes sont présentées dans le tableau7.

Tableau 7. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées.

Variable	Fonction 1	Fonction 2
Pigmentation de scutellum (36)	**.591+**	.172
Angle N23 (30)	**.346**	-.043
Mirror a cire, longitudinal(12)	.026	**-.649**
Tibia, longueur(5)	.367	**-.435**
Largeur de tomentum (2)	-.026	**.425**
pilosité 5 (1)	.276	**.362**

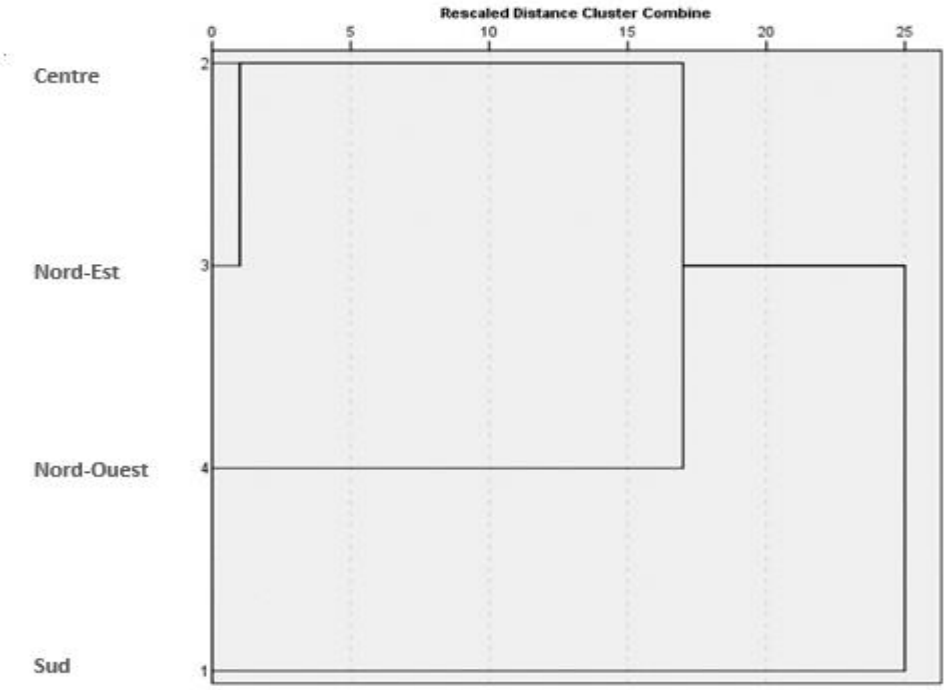
Dans l'ensemble, 83,1 % des cas groupés validés ont été correctement classés. Cinq des colonies de Sud de pays ont été correctement classées avec une probabilité postérieure de 74 à 94%.

Trois des colonies mal classées ont été affectées au groupe de la région Nord-Centre avec une probabilité postérieure de 69 à 89% tandis que l'autre colonie a été affectée au groupe du Nord-Ouest avec un taux postérieur de 65%. Pour le groupe Nord-Est, la plupart des colonies ont été correctement classées, dont 27 ont été classées avec une probabilité postérieure de 95 à 100 %.

Deux des colonies mal classées ont été affectées à la région Centre avec une probabilité postérieure de 99% et 52%, respectivement. Le reste a été attribué au Nord-Ouest avec une probabilité postérieure de 56%. Pour le groupe Nord-Ouest, 10 des 17 colonies ont été correctement classées, dont 9 ont été classées avec une probabilité postérieure de 95 à 100 %. Les sept colonies mal classées ont été attribuées à la région Nord-Est trois avec une probabilité postérieure de 97 à 100 %.

En d'autres termes, l'affectation des colonies, avec des probabilités postérieures de 95 % et plus, était de 35 %, 11 % et 1 %, tandis que celle avec de faibles probabilités était de 42 %, 4 % et 7 %, respectivement, au Centre, au Nord-Ouest et au Sud.

Une comparaison par paires des groupes, en utilisant la statistique F, a révélé une différence très significative entre les centroïdes ($p < 0.0005$). Un plan de dispersion des deux fonctions discriminantes est montré à la figure 10 B .



(A)

Figure 10(A). Classification de 3 populations d'abeilles algériennes par analyse hiérarchique de groupes, en utilisant les moyennes de 35 caractères morphométriques pour quatre zones de végétation.

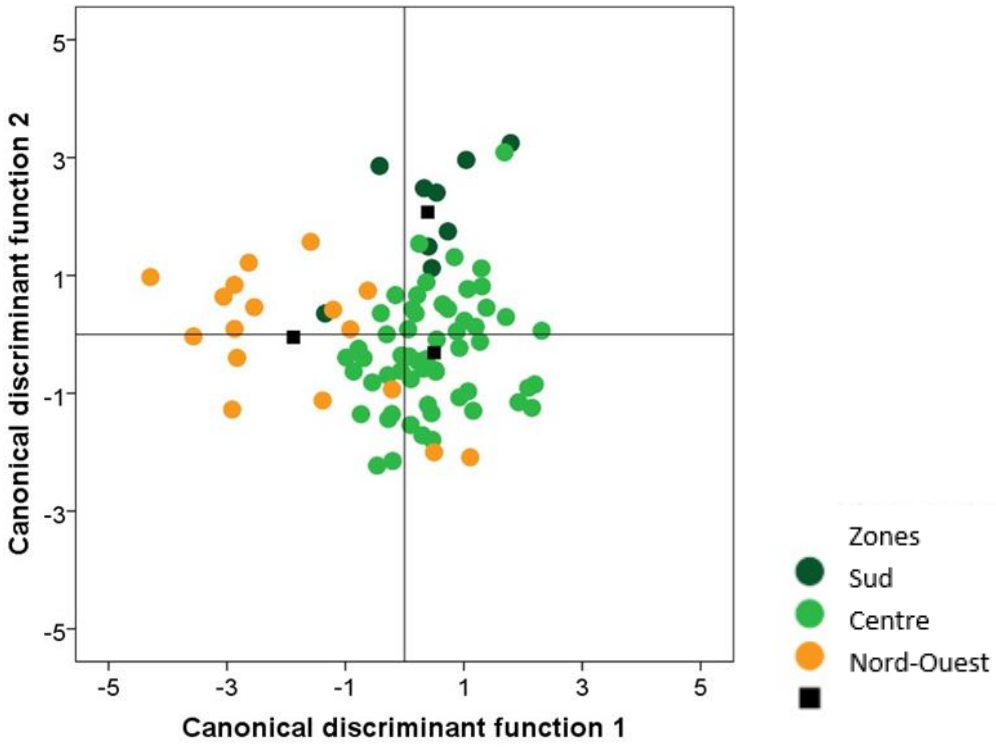


Figure 10. (B). Confirmation des trois groupes par une analyse discriminatoire.

(83,1% des cas groupés validés croisés ont été correctement classés dans leurs groupes d'origine et les distances entre les centroides de groupe étaient très importantes ($p < 0.0005$) selon les statistiques F)

1.1.5 Relation entre la morphologie et les facteurs environnementaux

Un contour de la composante principale 1 contre les coordonnées géographiques des localités échantillonnées présente un modèle en forme de X de la répartition des abeilles dans les zones d'études :

Alors que les valeurs de la composante principale diminuent du centre vers le nord-est et le sud, elles augmentent depuis le centre vers l'ouest et au sud. En d'autres termes, dans la partie Nord, la composante principale 1 augmente avec la latitude et dans la partie Sud elle diminue, avec l'augmentation de la Latitude, apparemment à la suite du relief de la région

Pour étudier davantage la relation entre la morphologie des abeilles et les facteurs environnementaux, une analyse de corrélation a été réalisée en deux étapes : Premièrement, avec tous les échantillons dans un seul groupe ; et deuxièmement, avec deux groupes d'échantillons, des échantillon Nord et sud, sur la base des tendances mentionnées ci-dessus. Le groupe Nord comprenait des échantillons des trois zones Nord-Est, Nord-Centre et Nord-Ouest. Le deuxième groupe comprenait le reste de régions de sud.

Une analyse de corrélation de Pearson a été effectuée pour évaluer la relation entre latitude, longitude, et les trois principaux composants extraits par ACP. Les analyses préliminaires ont montré que la relation était linéaire avec toutes les variables normalement distribuées.

Pour le groupe combiné, la composante principale 1 (la mesure de la taille globale du corps) avait une corrélation positive modérée avec la latitude ($r(81) = .324$, $p < .01$), et une corrélation négative faible à la longitude. La composante 3 (une mesure de la pigmentation), en revanche, avait une corrélation négative modérée ($r(81) = -.347$, $p < .001$) avec seulement la longitude.

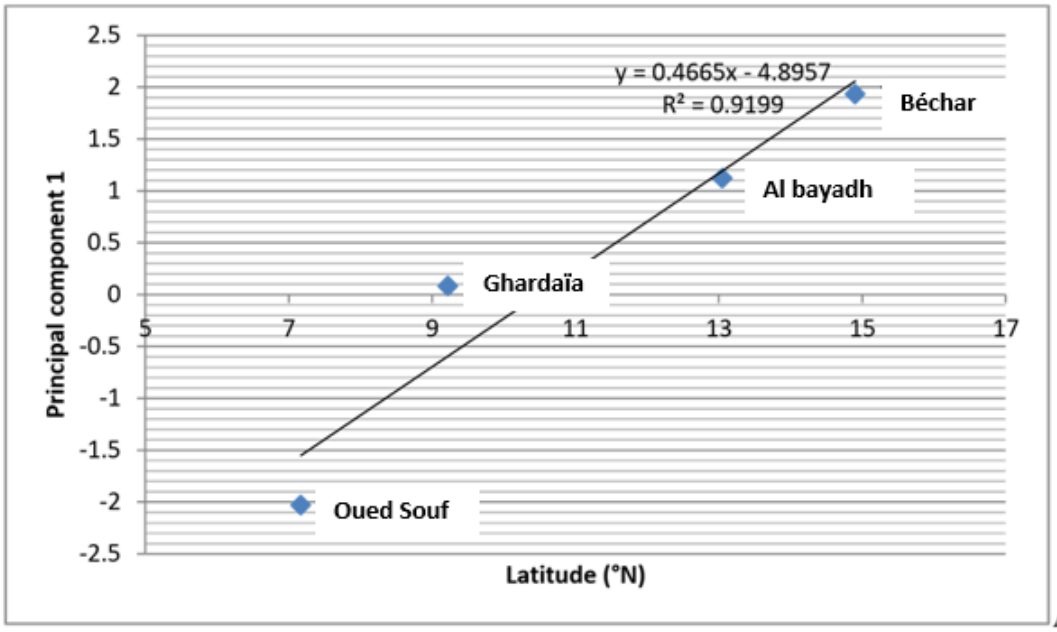
La composante 2 (une mesure de la longueur de l'abdomen) n'a pas de corrélation significative avec ces variables environnementales. De même, les trois principales composantes ne sont pas significativement corrélées les unes avec les autres.

Pour le groupe du Nord, la composante principale 1 a une forte corrélation positive avec la latitude (r (47) =.571, p <.001). Cette composante principale n'a pas de corrélation significative avec la longitude. La composante principale 3 a eu une corrélation positive modérée avec la latitude (r (47) =.344, p <.05). Il n'y a pas de corrélation entre cette composante et la longitude. La composante principale 2, d'autre part, n'a pas de corrélation significative avec aucune variable. De même, les trois principales composantes ne sont pas significativement corrélées les unes avec les autres.

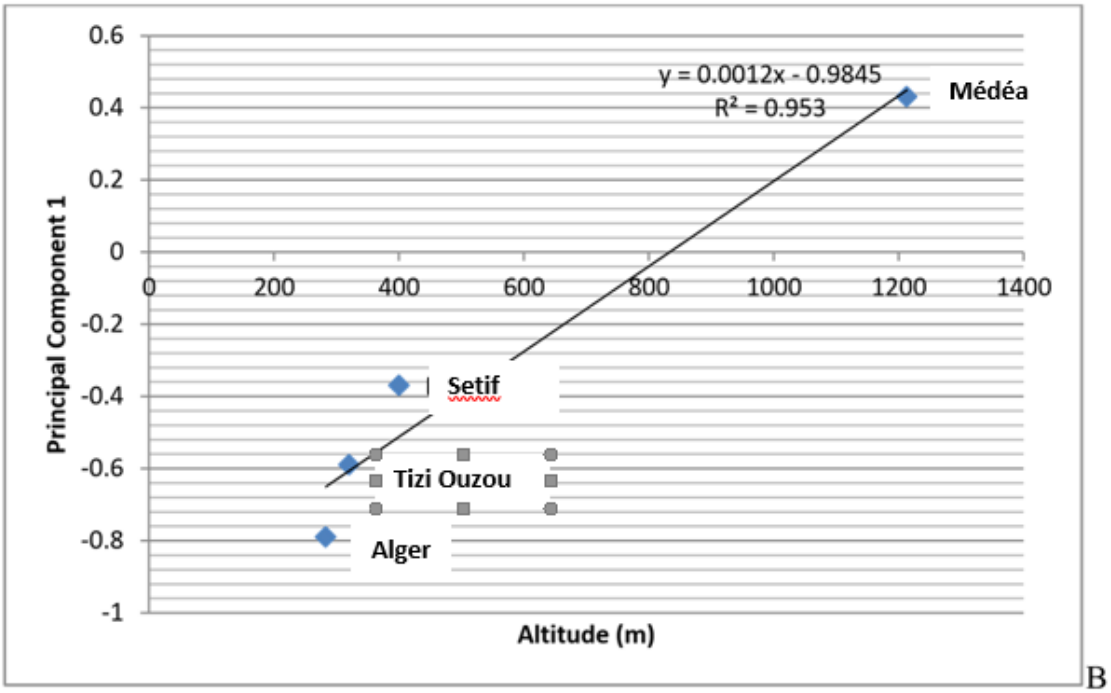
Parce qu'une corrélation négative était attendue, entre la latitude et la composante principale 1, au lieu de la corrélation positive signalée ci-dessus, cette relation a été soumise à une corrélation partielle de premier ordre, afin d'explorer la relation, contrôlant les effets de la longitude. La corrélation de premier ordre a été trouvée statistiquement significative (r (41) =.793, p <.001), ce qui indique qu'une relation entre altitude et composante principale 1 existe au-dessus et au-delà des effets de la longitude (figure 11A).

Pour le groupe Sud, la composante principale 1 avait une corrélation négative modérée avec la latitude (r (38) = -413, p < 0,01) et la longitude (R (38) = -8,384, p <0,05). Il y a eu une corrélation négative modérée entre les composantes principales 1 et 2 (r (38) = -.340, p <.05). Il y a eu une corrélation positive modérée entre la principale 2 et la longitude. La composante principale 3 modérément négativement corrélée avec les latitudes (r (38) = -.362, p <.05). Cette composante principale n'a pas de corrélation avec la longitude ou tout autre composante.

La corrélation entre la latitude et la composante principale 1 a été constatée comme étant statistiquement significative (r (35) =.438, p <.01). Cela souligne l'importance de la latitude dans la variation de la composante principale 1 dans la région de Sud (Figure 11B).



A



B

Figure 11. Variation de la taille de *Apis mellifera* en Algérie, illustrée par les scores de la première composante principale de la ACP (caractères de la taille du corps).

(Dans le Sud (A), la taille augmente avec la latitude et dans le Nord (B), elle augmente aussi avec l'altitude).

1.2 Variation entre les données des colonies d'abeilles étudiées et les données de référence

Afin d'étudier la similitude morphologique des échantillons soumis à l'enquête et aux échantillons de référence, une ACP a été effectué sur les caractéristiques morphométriques mesurées ainsi que sur celles de référence. (*Apis mellifera jemenitica et Apis mellifera ligustica et Apis mellifera adansonii)*. L'adéquation de la ACP a été évaluée avant l'analyse. L'inspection de la matrice de corrélation a montré que toutes les variables avaient au moins un coefficient de correspondance supérieur à 0,3. La mesure globale de l'OMC était de 0,9 avec des mesures individuelles d'au moins 0,7.

Le test de sphéricité de Bartlett était statistiquement significatif ($p < .0005$), ce qui suggère que les données pourraient être analysées à l'aide d'une ACP **(Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Quatre composantes principales, chacune ayant des valeurs propres supérieures à une et représentant collectivement 79,7% de la variance totale, ont été extraites. Sur la base du plot, les trois premières composantes principales ayant des valeurs propres de 8,5, 2,0 et 1,2 et représentant respectivement 53,2 %, 12,5 % et 7,6 % de la variance totale ont été conservés. Une rotation Varimax a été employée pour faciliter l'interprétation. Il y a eu de valeur élevées de caractères de taille sur les composantes principales 1 et 2 et celles de pigmentation sur la composante principale 3.

La composante principale 1 était chargé de longueur du fémur, longueur de tibia, longueur et largeur du métatarses, diamètre longitudinal de sternite 3, et diamètre transversal du miroir de cire de sternite 3, diamètres longitudinaux et transversaux de sternite 6, ainsi que de la longueur et de la largeur de l'aile. La composante principale 2, d'autre part, était chargé de diamètres longitudinaux de tergites 3 et 4, tandis que la composante principale 3 concernait la pigmentation de tergites 2 et 3 et de scutellum. Des parcelles dispersées de différentes combinaisons de ces composants sont présentées à la figure 12. Les charges des composantes sont présentées dans le tableau 8. Toutes les charges principales ont été positivement corrélées avec leurs composantes principales respectives.

Tableau 8. Matrice de composants rotatifs pour la PCA, avec rotation Varimax, des caractères morphométriques des colonies d' *Apis mellifera*.

variable	composante 1	composante 2	composante 3	cumulus
Aile , longueur (17)	**.842+**	.346	-.170	.858
Sternite 6, transversal (16)	**.824**	.153	-.053	.706
Femur, longueur (6)	**.781**	.468	-.101	.839
Aile , largeur(18)	**.746**	.332	-.273	.741
Sternite 3, longitudinal (11)	**.733**	.471	-.193	.796
Sternite 6, longitudinal (15)	**.728**	.401	-.293	.777
Tibia, longueur(5)	**.709**	.548	-.258	.869
Métatarses, longueur (7)	**.684**	.566	-.170	.818
Métatarses, largeur(8)	**.607**	.293	.059	.458
mirror a cire, transversal (13)	**.602**	-.078	-.101	.379
angle E9 (24)	.340	-.068	-.250	.183
Tergite 4, longitudinal (10)	.197	**.923**	-.187	.926
Tergite 3, longitudinal (9)	.238	**.909**	-.164	.909
Pigmentation de tergite 2 (32)	-.095	-.167	**.933**	.908
Pigmentation de tergite 3 (33)	-.081	-.089	**.920**	.861
Pigmentation de scutellum (35)	-.246	-.248	**.765**	.708

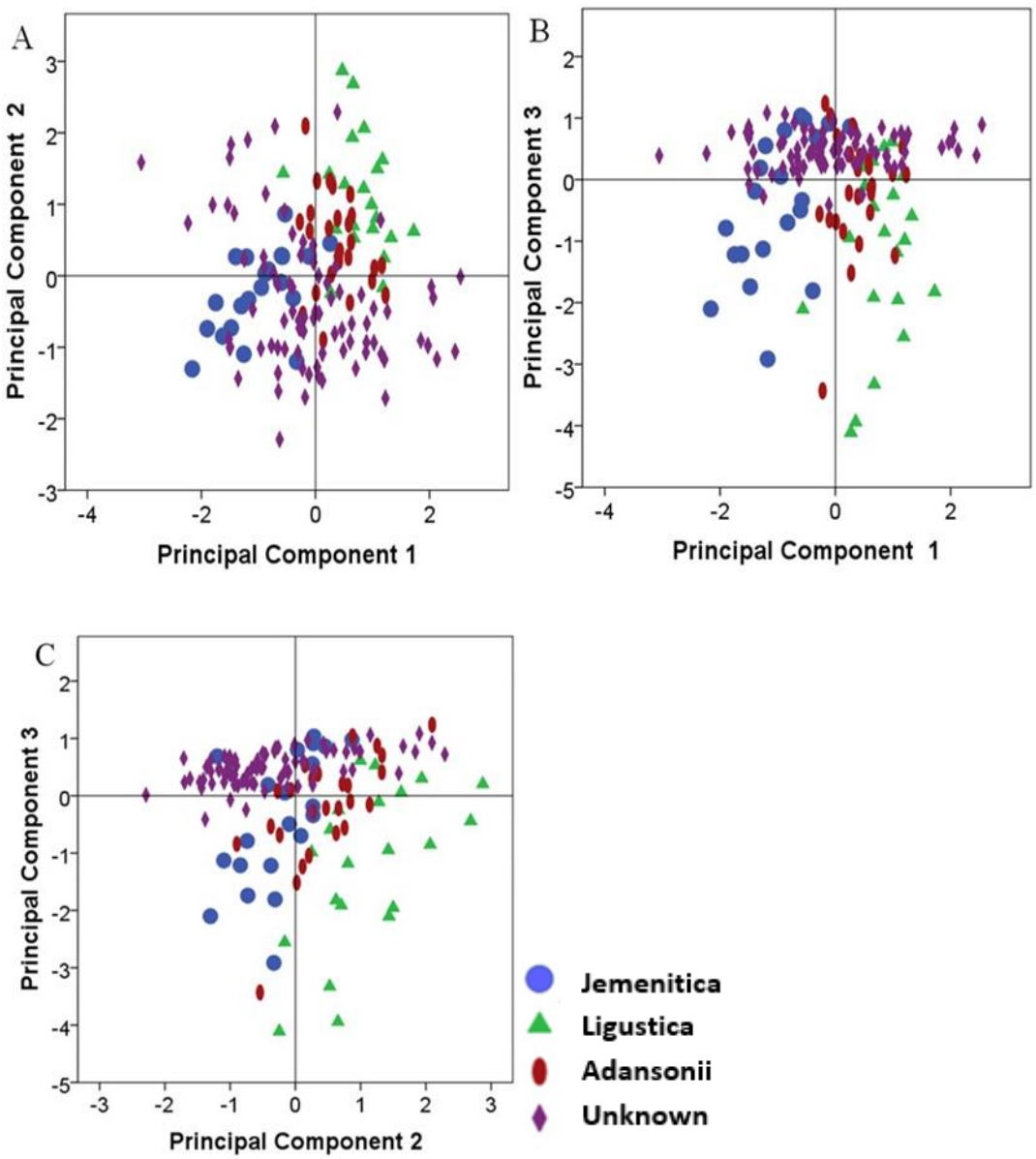


Figure 12. Plots des composantes principales obtenues par l'analyse en composantes principales (ACP),

(En utilisant les moyennes des caractères morphométriques des colonies de l'étude actuelle, ainsi que les données de référence d' *Apis mellifera* jemenitica, *Apis mellifera* ligustica et *Apis mellifera* adansonii).

Les composantes principales 1 et 2 étaient associées aux caractères de taille, tandis que la composante principale 3 était liée aux caractères de pigmentation.

Comme on peut le voir à la figure 12A, les échantillons des trois sous-espèces de référence forment des groupes séparables, mais superposés, disposés de façon diagonale, avec *A. m. ligustica* et *Apis mellifera. adansonii* occupant principalement la plage supérieure des deux composantes principales et *Apis mellifera* jemenitica principalement limités à leur plage inférieure. En revanche, les colonies examinées occupent l'autre diagonale, qui recouvre toutes les trois sous-espèces de référence, en particulier *Apis mellifera ligustica* .

Dans les figures 12B et C Alors que la plupart des colonies de la présente étude occupent une bande étroite dans la gamme supérieure du composante principale 3 (midi supérieur du graphique), celles des sous-espèces de référence occuperont une large bande dans la bande inférieure du graphe.

L'ACP a ensuite été suivi d'une AD étape par étape afin de prédire l'appartenance des colonies d' *Apis mellifera* etudiées, parmi les trois groupes a priori présumés pour l'analyse : sous-espèces de référence *d' Apis mellifera jemenitica* , *Apis mellifera ligustica* (21 colonnes) et *Apis mellifera adansonii* . 35 caractères morphométriques des ouvrières ont été utilisés comme variables prédictrices.

Des différences moyennes significatives (ANOVA; $p < 0,05$) ont été observées pour toutes les variables, sauf neuf. Alors que les déterminants log étaient assez similaires (7.2, 6.5 et 6.7, respectivement pour *Apis mellifera jemenitica, Apis mellifera. ligustica* et *Apis mellifera adansonii),* M de Box a indiqué que l'hypothèse de l'égalité des matrices de covariance était violée ($p < 0,05$).

Cependant, compte tenu de la grande taille de l'ensemble de données, ce problème n'a pas été considéré comme grave et l'AD a été jugé approprié**. (Anonyme, 2014b; Burns et al, 2008).**

Deux fonctions discriminantes (avec des valeurs propres 6.5 et 0.6, respectivement) ont été utilisées dans l'analyse. Ils ont expliqué respectivement 91,9% et 8,1% de la variance totale, et leurs valeurs de Lambda de Wilk, évaluées par chi-square, étaient très significatives ($p < 0.0005$), ce qui suggère qu'ils avaient suffisamment de pouvoir discriminatoire pour regrouper les cas. Les variables discriminantes utilisées dans l'analyse étaient la longueur du métatarsus, le diamètre longitudinal de tergite 4, la longueur de l'aile et la pigmentation du scutellum. Leurs corrélations avec les fonctions discriminantes sont indiquées dans le tableau 9.

Dans l'ensemble, 94,2 % des cas groupés validés croisés ont été correctement classés. Pour le groupe *Apis mellifera jemenitica*, 19 des 21 colonies ont été correctement classées, dont 14 ont été classées avec une probabilité minimale postérieure de 95 %. Pour le groupe *Apis mellifera ligustica*, toutes les 21 colonies ont été correctement classées 18 dont elles ont été classées avec une probabilité minimale postérieure de 95%.

Pour le groupe *Apis mellifera adansonii*, 25 des 27 colonies ont été correctement classées, dont 19 ont été classées avec une probabilité minimale postérieure de 95%. Pour les non-groupés cas (les colonies de la présente étude) 61 colonies ont été attribuées à *Apis mellifera jemenitica*, dont 48 ont été classées avec une probabilité postérieure d'au moins 95% et 13 avec des probabilités plus faibles. Les colonies restantes ont été attribuées à *Apis mellifera ligustica* , dont 14 ont été classées avec une probabilité postérieure d'au moins 95% et huit avec des probabilités plus faibles.

En résumé, 58 % des colonies ont été classées comme *A. m. jemenitica*, 17 % sous le nom *d' Apis mellifera. adansonii*, avec une probabilité d'au moins 95 %, et aucune n'a été classée *Apis mellifera ligustica.* Les 25 % restants ont été classés comme *Apis mellifera jemenitica ou Apis mellifera. adansonii* mais avec une faible probabilité (moins de 95 %). Une comparaison par paires des groupes, en utilisant la statistique F, a révélé une différence très significative entre les centroïdes ($p < 0.0005$).

Tableau 9. Corrélations groupées au sein de groupes entre les variables discriminantes et les fonctions discriminantes canoniques normalisées.

Variable	Fonction **1**	Fonction **2**
Aile , largeur(18)	**.656+**	-.098
Tergite 4, longitudinal (10)	**.454**	-.060
Metatarse, longueur (7)	.592	**.720**
Pigmentation de scutellum (35)	-.230	**.468**

Un plan de dispersion des deux fonctions discriminantes, montrant les colonies de référence formant trois groupes et les colonnes non regroupées formant une quatrième colonie sur celles *d' Apis mellifera. jemenitica et Apis mellifera adansonii*, est donné à la figure 13 .

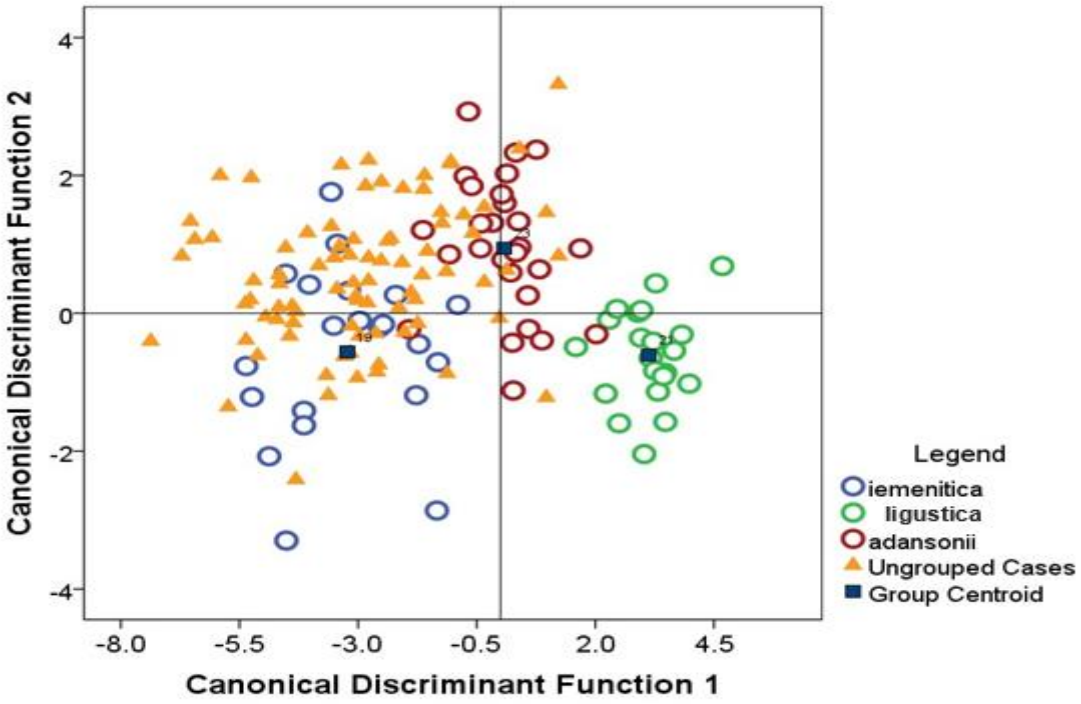


Figure 13. Prédiction de l'appartenance au groupe des colonies d' *Apis mellifera* (cas non regroupés) par analyse discriminante entre trois groupes a priori de colonies de référence ($p < 0.0005$)

3. ADN mitochondrial

3.1 Haplotypes du COI-COII

Quatre haplotypes mitochondriaux, précédemment signalés en Afrique **(Franck et al., 2001 ; El-Niweiri et al, 2008 Shaibi et al, 2009)** et appartenant à la lignée mitochondriale africaine A, ont été détectés : A1 (n = 62), A8 (n= 70), A9 (n=15) et A13(n+1).

La fréquence la plus élevée d'A1 était dans les régions nord-Est, suivie par la région de centre et la plus faible dans la région Nord-Ouest). La fréquence d'A8 était la plus élevée dans la région de Nord-Ouest, suivie par la région de Centre, mais la plus faible dans la Nord-Est.

L'haplotype A9, est également le plus répandu dans le Sud. L'haplotype A13 représentait le seul haplotype privé, identifié exclusivement au sein de la population d'Alger, constituant ainsi une découverte inédite pour l'abeille algérienne.

La diversité globale de l'haplotype était faible (h = 0,478 ± 0,057). En ce qui concerne les populations individuelles, la diversité d'haplotype est la plus faible dans le Sud (h = 0,314) et la plus élevée dans la région du centre (h= 0,582), suivie du Nord-ouest (h = 0,551) et ensuite de la région nord-est (h + 0,503). Une analyse de la variance moléculaire a révélé une variation génétique statistiquement significative entre les quatre populations (p = 0,001). Les détails figurent au tableau 10.

Pour étudier la relation entre la répartition des haplotypes mitochondriaux et les variables environnementales, un essai chi-square d'association a été effectué séparément entre l'haplotype et la latitude et longitude.

Les haplotypes A8 et A1 ont été combinés et traités comme un (en raison de leur modèle de distribution similaire) tandis que l'haplotype s, A13, a été exclu de l'analyse afin d'avoir des fréquences attendues suffisamment élevées nécessaires pour une analyse valide (**Anonyme, 2014b).** Il y avait une association statistiquement significative entre l'haplotype et chacune des variables et l'association était forte avec la latitude, modérée avec la longitude (Tableau 11). Alors qu'il y avait une domination de l'haplotype A8 dans la végétation humide qui est dans la partie nord de la zone d'étude (Figure 14A). A9, était dominante dans la zone Sud (Figure 14B).

Tableau 10. Nombre et fréquence des haplotypes d'ADN mitochondrial d' Apis mellifera dans quatre zones d'étude

HAPLOTYPE	NORD-OUEST	NORD-CENTRE	NORD-EST	SUD	TOTAL
A1	11(0.379)	16(0.242)	26(0.619)	9(0.818)	62(0.419)
A8	38(0.576)	17(0.586)	14(0.333)	1(0.091)	70(0.473)
A9	1(0.035)	1(0.091)	2(0.048)	11(0.167)	15(0.101)
A13	0(0.000)	1(0.015)	0(0.000)	0(0.000)	1(0.007)
TOTAL	29(1.000)	66(1.000)	42(1.000)	11(1.000)	148(1.000)

Tableau 11. Association entre les haplotypes d'ADN mitochondrial d'A. mellifera et les variables environnementales en Afrique de l'Ouest.

Variable	Degrés de liberté	F	Niveau de signification (P)	Puissance
Latitude	2	0.502	< 0.0005	forte
Longitude	2	0.240	< 0.05	faible

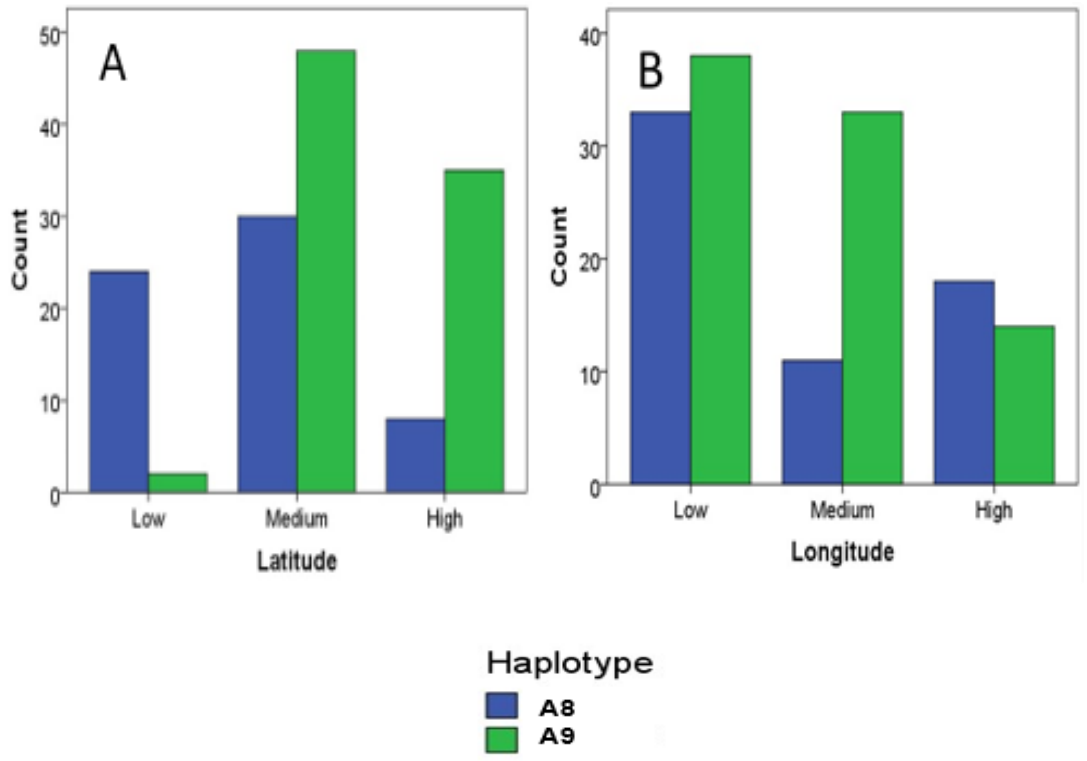


Figure 14. Association entre les haplotypes d'ADN mitochondrial d'A. mellifera et les variables environnementales en Algérie. Toutes les associations étaient statistiquement significatives (p < 0,05)

3.2 Analyse de la séquence du cytochrome b

L'amplification du gène mitochondrial du cytochrome b a produit un fragment d'environ 800 paires de bases. Parmi les huit échantillons séquencés, un fragment de 696 paires de bases a été aligné avec succès avec les séquences de référence publiées. La relation phylogénétique des échantillons a été étudiée, sur la base de la variation de cette séquence, en utilisant les méthodes de neighbour-joining (NJ), maximum likelihood (ML) and maximum parsimony (MP).

Dans les deux premières méthodes, des échantillons de l'étude actuelle, recueillis dans différentes régions en Algérie, ont été clairement regroupés avec les séquences de référence appartenant à la lignée A de mtDNA (DraI RFLP de la région intergénétique tRNAleu -COII).

Dans ce groupe, les échantillons examinés ont été regroupés avec *Apis mellifera ligustica* (les séquences de référence de l'Italie disponibles dans GenBank), mais ils n'ont pas montré de subdivision ultérieure au sein de ce groupe saharien. De même, d'autres séquences de référence sont également regroupées selon leurs lignées mtDNA (Figures 15– 17). Cependant, bien que la méthode MP produise un arbre montrant une tendance similaire (figure 17), le regroupement n'est pas aussi clair que dans NJ et ML (figures 16 et 17).

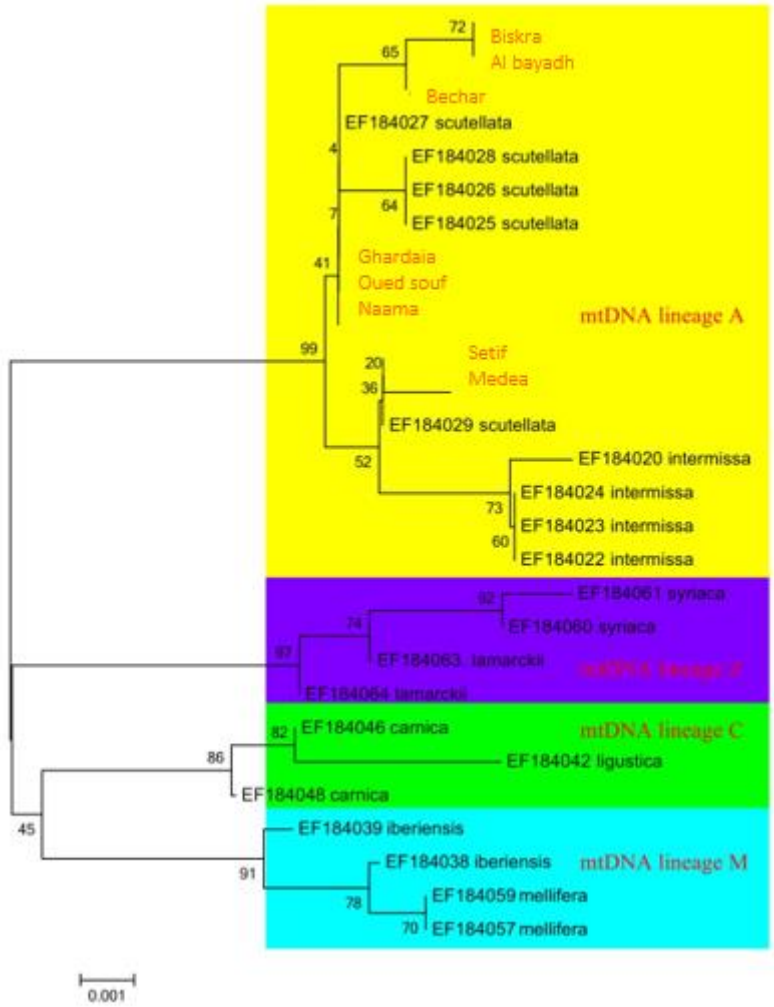


Figure 15. Analyse phylogénétique moléculaire des données de la séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode Neighbor-Joining (Saitou et Nei, 1987).

L'arbre optimal avec la somme de la longueur des branches = 0.04308104 est affiché. Le pourcentage d'arbres répliqués dans lesquels le taxon associé regroupé dans le test de bootstrap (2000 répliques) est affiché à côté des branches (**Felsenstein, 1985).** L'arbre est dessiné à l'échelle, avec des longueurs de branches dans les mêmes unités que celles des distances évolutionnaires utilisées pour déduire l'arbre phylogénétique.

Les distances évolutives ont été calculées en utilisant la méthode Maximum likelihood (**Tamura et al., 2004**) et sont exprimées en unités du nombre de substitutions de base par site. L'analyse a impliqué 28 séquences de nucléotide. Les postes de codon inclus étaient 1st+2nd+3rd+Non-codage.

Toutes les positions contenant des lacunes et des données manquantes ont été éliminées. Il y avait un total de 697 postes dans l'ensemble de données définitif. Des analyses évolutives ont été effectuées dans MEGA6 **(Tamura et al., 2013**). Les groupes sont mis en évidence selon leur lignée de mtDNA (DraI RFLP de la région intergénétique tRNAleu -COII). Les échantillons de la présente étude, représentés par les noms de leurs localités, sont exprimés en rouge.

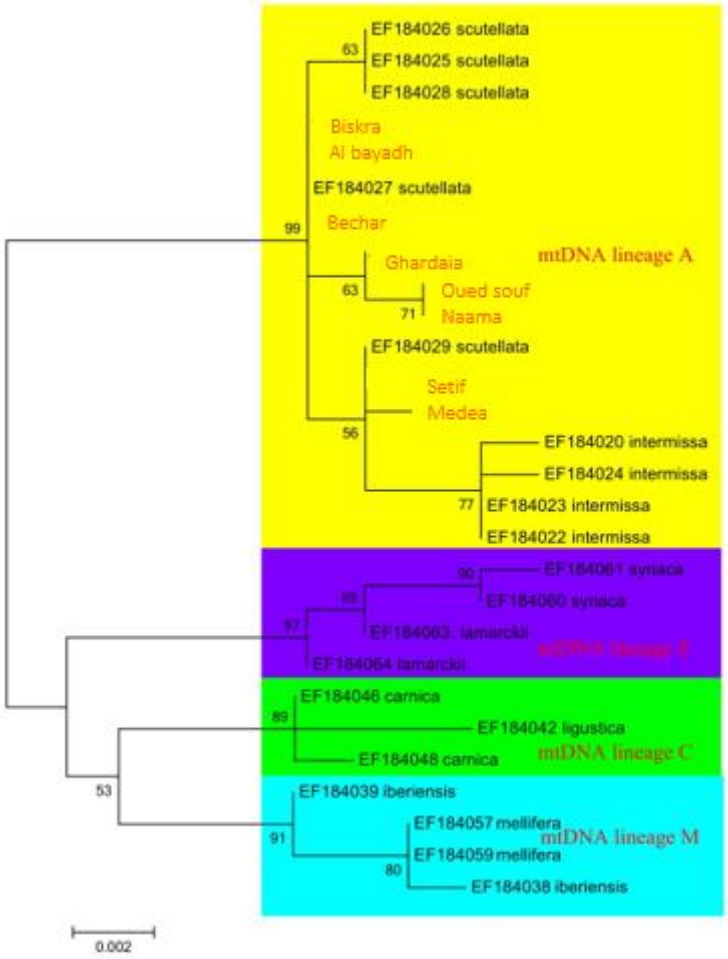


Figure 16. Analyse phylogénétique moléculaire des données de séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode de maximum likelihood (ML).

L'histoire de l'évolution a été déduite sur la base du modèle Tamura-Nei (**Tamura et al 1993)**. L'arbre avec la probabilité la plus élevée (-1070.3603) est affiché. Le pourcentage d'arbres dans lesquels le taxon associé est regroupé est affiché à côté des branches.

Les arbres initiaux pour la recherche heuristique ont été obtenus automatiquement en appliquant les algorithmes Neighbor-Joining à une matrice de distances par paires estimées en utilisant l'approche Maximum Likelihood (ML), puis en sélectionnant la topologie avec la valeur de probabilité log supérieure. L'arbre est dessiné à l'échelle, avec des longueurs de branches mesurées dans le nombre de substitutions par site. L'analyse a impliqué 28 séquences de nucléotide.

Les postes de codon inclus étaient 1st+2nd+3rd+Non-codage. Toutes les positions dont la couverture était inférieure à 95 % ont été éliminées. C'est-à-dire que moins de 5 % d'écarts d'alignement, de données manquantes et de bases ambiguës ont été autorisés à n'importe quelle position. Il y avait au total 705 postes dans l'ensemble de données définitif.

Des analyses évolutives ont été effectuées dans MEGA6 **(Tamura et al., 2013**). Les groupes sont mis en évidence selon leur lignée de mtDNA (DraI RFLP de la région intergénétique tRNAleu -COII). Les échantillons de la présente étude, représentés par les noms de leurs localités, sont exprimés en rouge.

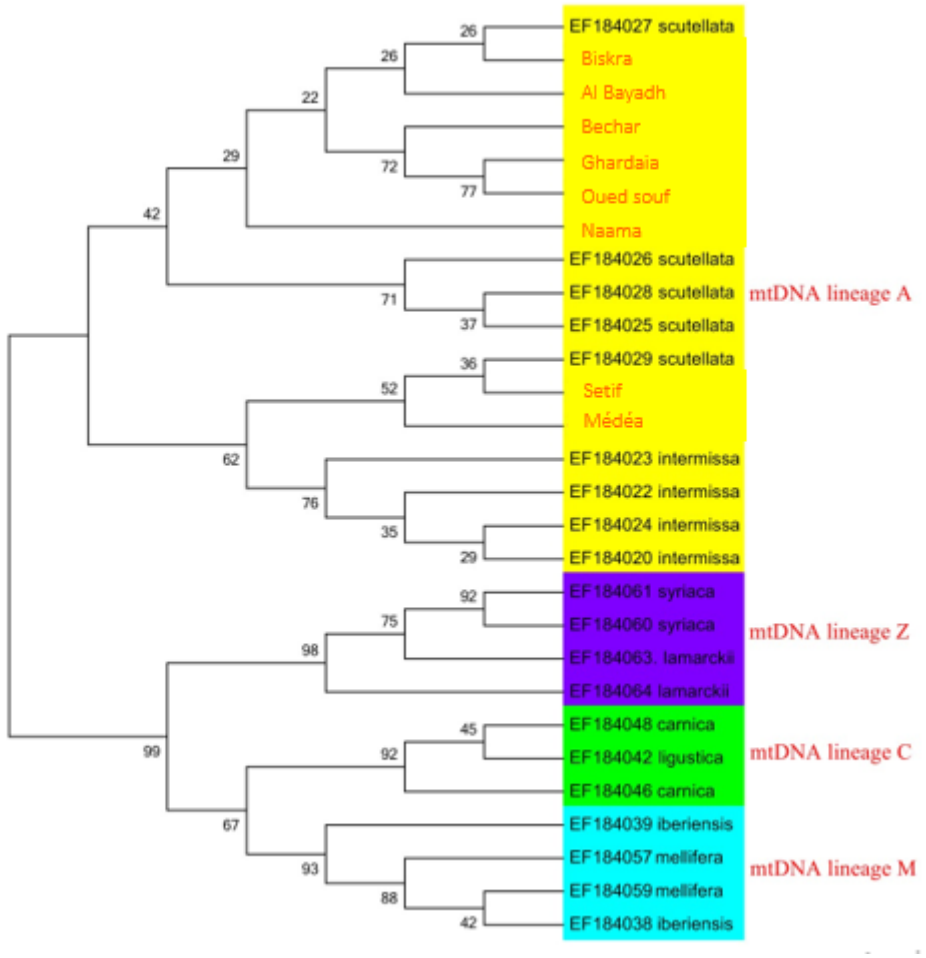


Figure 17. Analyse phylogénétique moléculaire des données de séquence cytochrome b d'Apis mellifera, avec les données de référence de GenBank de Pinto et al. (2007), par la méthode Maximum Parsimony.

L'arbre de bootstrap déduit de 2000 répliques est pris pour représenter l'histoire évolutionnaire de la taxe analysée **(Felsenstein, 1985).** Les branches correspondant aux partitions reproduites dans moins de 50% de répliques de bootstrap s'effondrent. Le pourcentage d'arbres répliqués dans lesquels le taxon associé regroupé dans le test de bootstrap (2000 répliques) est affiché à côté des branches **(Felsenstein, 1985).**

L'arbre MP a été obtenu à l'aide de l'algorithme Subtree-Pruning-Regrafting (SPR) **(Nei et al, 2000)** dans lequel les arbres initiaux ont été obtenus par l'ajout aléatoire de séquences (10 repliques). L'analyse a impliqué 28 séquences de nucléotide. Les postes de codon inclus étaient 1st+2nd+3rd+Non-codage.

Toutes les positions dont la couverture était inférieure à 95 % ont été éliminées. C'est-à-dire que moins de 5 % d'écarts d'alignement, de données manquantes et de bases ambiguës ont été autorisés à n'importe quelle position. Il y avait au total 705 postes dans l'ensemble de données définitif. Des analyses évolutives ont été effectuées dans MEGA6 (**Tamura et al., 2013).** Les groupes sont mis en évidence selon leur lignée de mtDNA (DraI RFLP of tRNAleu-COII inter-genic region). Les échantillons de la présente étude, représentés par les noms de leurs localités, sont exprimés en rouge.

Discussion

Pour pouvoir vivre dans les divers écosystèmes de sa répartition naturelle en Asie de l'Ouest, en Afrique et en Europe, l'abeille domestique, *Apis mellifera*, a évolué en de nombreuses sous-espèces ou races géographiques. Actuellement, 30 sous-espèces sont reconnues **(Ruttner, 1988; Engel, 1999; Meixner et al., 2011; Sheppard et al, 2003).**

Une connaissance adéquate de la diversité naturelle des sous-espèces et des écotypes locaux est essentielle à leur gestion et à leur conservation. Toutefois, alors que les sous-espèces européennes ont été étudiées en profondeur, l'étude de leurs homologues asiatiques et africains est encore au début, dans de nombreux endroits **(Meixner et al., 2013)**.

Avec seulement 190 colonies (de 91localités) analysées morphométriquement **(Hepburn et al, 1998)** et 114 (de 10 localités) et 30 (d'une localité) colonies analysées pour l'ADN mitochondrial et les microsatellites, respectivement **(Franck et al., 2001),** la partie nord de l'Afrique (Pays en Afrique de nord, du Maroc à l'ouest, de l'Algérie au centre jusqu'à Tunisie dans l'Est) est évidemment sous-étudie. Par conséquent, la présente étude tente d'améliorer notre connaissance de la diversité des abeilles de l'Algérie en analysant des colonies de 30 localités dans quatre zone de pays - le Centre, le Nord-Ouest, le Nord-Est et le Sud- à travers la morphométrie classique et les méthodes moléculaires (mitochondrial DNA polymorphism).

1. Morphométrie

En morphométrie 35 caractères ont été mesurés dans 10 ouvriers de chacune des colonies de 30 localités de 2 sous espèces *Apis mellifera intermessa* et *Apis mellifera sahariensis* . Les valeurs moyennes pour un ensemble de ces caractères sont en général en accord avec ce qui a été rapporté pour les sous-espèces d' *Apis mellifera* en Algérie **(Ruttner, 1988; Yu et al., 2012**), confirmant ainsi la validité des mesures prises.

Comme l'a révélé une analyse des composants principaux (ACP), la variation morphologique la plus importante des abeilles de cette région est la taille, suivie de la pigmentation. Comme on peut le constater à partir des parcelles des composantes principales, les colonies forment un grand groupe mixte : C'est-à-dire qu'ils ne se séparent pas selon le type de végétation de leur origine.

Cela suggère une variation continue de la taille, qui n'est pas liée à la variation écologique de la région. Par exemple, pour l'abeille tellienne, la plupart des plus petites abeilles proviennent du Nord-Centre et du Nord-Ouest de pays (les parties les plus humides), et que la zone Nord-Est abrite les plus grandes abeilles. Un contour de la première composante principale du l'ACP, qui est chargé de caractères de taille du corps, éclaire davantage la répartition des abeilles dans la zone d'étude : Grandes abeilles dans le Sud pour l'abeille saharienne et au Nord –Est de pays pour l'abeille tellienne, petites abeilles dans le Centre et abeilles de taille moyenne dans l'Ouest. En d'autres termes, les abeilles augmentent de taille vers le Sud, dans la partie ouest de la zone d'étude, et vers le sud, dans l'est. Cette situation, dans laquelle deux tendances opposées sont observées dans le même domaine, nécessite une explication.

Friedrich **Ruttner (1985)** a signalé une augmentation progressive de la taille *d' Apis mellifera mellifera* avec l'augmentation de la latitude, au nord et au sud de l'équateur, y compris la côte Est de l'Algérie, où des échantillons ont été recueillis à 35°et 36°N (la même plage avec la présente étude) ont montré une variation de taille le long de cette zone. Toutefois, étant donné que dans la partie Est la température augmente généralement à l'intérieur de la zone (c'est-à-dire avec l'augmentation de la latitude), une inversion de cette tendance, telle qu'observée dans la partie Sud de la zone d'étude, est attendue.

Ainsi, l'explication possible d'avoir des abeilles plus grandes dans le nord (dans la partie Est de la zone d'étude) peut reposer dans des modèles historiques de distribution ou des forces locales inconnues d'évolution, plutôt que des facteurs environnementaux actuels tels que la température. Ce point de vue est soutenu par la forte corrélation positive entre la latitude (localisation) et la taille des abeilles.

La tendance observée dans la partie Est de la zone d'étude, en apparence contraire à la règle de Bergmann, pourrait résulter de l'influence d'une écocline, définie comme une variation graduelle de caractères mesurables en fonction de l'altitude dans différentes zones géographiques **(Huxley, 1938, 1939).** Ainsi, la taille des abeilles augmente de manière proportionnelle à l'altitude, suivant une trajectoire du nord-ouest vers le nord-est, en corrélation avec le relief de la région.

En d'autres termes, cette tendance, conforme à la règle de Bergmann, s'explique par la variation d'altitude, montrant que les individus sont généralement de plus grande taille à des altitudes plus élevées. Cette observation est soutenue par la forte corrélation positive entre la taille et l'altitude. De même, une augmentation progressive de la taille des abeilles a été observée en Afrique de l'Est, avec une hauteur croissante. **(Smith, 1961 ;Amssalu et al 2004)**. Et selon l'observation faite par **Friedrich Ruttner (1985)** les plus petites abeilles se trouvent dans des endroits chauds.

Il convient de noter que la corrélation positive modérée significative observée entre la taille et la latitude ne reflète pas le modèle réel de répartition des abeilles. C'est parce que les résultats suggèrent une augmentation de la taille vers le nord et les hauteurs, dans toute la zone d'étude, ce qui, peut-être, n'est pas le cas. Cela souligne l'importance de tenir compte des conditions locales lors de la réalisation d'études sur le terrain.

Bien que la composante principale 3 ait une charge très forte de pigmentation du scutellum (qui peut représenter la pigmentation globale du corps) il a aussi une charge forte d'un caractère de taille, de largeur du métatarse. Ainsi, malgré sa corrélation avec les facteurs environnementaux, interpréter cette composante principale comme une composante de la pigmentation peut ne pas être approprié. En outre, il y a, en fait, peu de variation dans la couleur des abeilles de Nord.

Les colonies ont été classées, selon les localités d'où elles ont été recueillies, en utilisant une analyse hiérarchique de la structure, suivie d'une analyse discriminante (AD). Bien que trois groupes morphométriques aient été obtenus, ces groupes ne sont pas géographiquement définis : Les membres de chaque groupe sont constitués de colonies de différentes zones écologiques. Ainsi, une fois de plus, suggérant que la variation morphologique observée n'est pas liée à l'adaptation aux conditions environnementales actuelles d'une partie particulière de la zone d'étude.

Deuxièmement, les colonies ont été classées, selon la répartition géographique au Sud, par une analyse hiérarchique des groupes, suivie d'une analyse discriminatoire. Toutefois, en raison du faible pourcentage de cas correctement classés, associé à une plus faible proportion (moins de la moitié) de colonies clairement classées (classifiées avec une probabilité postérieure d'au moins 95%) et d'une superposition prononcée des groupes, on peut raisonnablement supposer que la classification des abeilles selon la répartition géographique au Sud est faible.

Cela soutient en outre l'observation antérieure selon laquelle la variation morphologique des abeilles n'est pas liée aux grandes variations écologiques de la zone d'étude. Cette observation est conforme à celle de **Ruttner (1988)** : « Bien qu'une ligne phénétique ait été établie le long de la côte Sud de l'Afrique, aucune différenciation morphométrique n'a encore été trouvée, malgré l'énorme distance géographique et des différences importantes en matière d'humidité et de végétation. »

Ainsi, il ressort clairement de ce qui précède que, bien qu'il existe une variation dans la population des abeilles étudiées, sur la base de laquelle la population pourrait être divisée en trois formes morphométriques, cette variation qui est liée à l'écologie ou au climat actuel de la région et, par conséquent, les trois formes manquent de délimitation géographique. De même, bien que la répartition des abeilles dans la zone d'étude présente un modèle qui correspond au relief de la région, elle ne correspond pas au modèle écologique global de la zone.

Les valeurs obtenues lors de notre étude sont donc significativement supérieures aux mesures enregistrées sur les différentes sous-espèces préalablement étudiées. Elles corroborent les observations de **Cornuet et al (1975) et Ruttner (1976).**

Si on compare la taille du corps entre abeilles étudiées, il apparaît qu'elle décroît progressivement en parcourant le nord de pays en allant du nord - Est vers le Nord-Ouest. Pour expliquer cette variation annuelle et graduelle de la taille du corps, selon **(Cornuet et al, 1988)** il semble difficile d'invoquer une pression de sélection et de disponibilité de la flore visitée par les abeilles. En effet, cela conduirait à admettre l'existence d'un effet altitude. L'hypothèse, avancée par **Ruttner (1988),** nous paraît plus vraisemblable. Elle consiste à admettre que des règles écologiques (comme l'adaptation au climat et écosystème) peuvent influencer sur la morphométrie de l'abeille. Ces règles stipulent que la taille du corps des abeilles dans écosystème riche en flore mellifère tend à être plus grande que celle de la même race d'abeille vivant dans des écosystèmes dépourvus de végétation.

Ces résultats peuvent être attribués aux variations de l'environnement des zones étudiées. Plusieurs travaux sur les caractères morphologiques *d'Apis mellifera* ont prouvé qu'il y a une forte influence d'environnement dans la morphologie des abeilles (**Eischen *et al*, 1982, Milne et al 1984 et Milne *et al*, 1986)**. Ces résultats sont en accord avec les résultats de **Marghitas *et al*.(2008),** qui a déclaré que la taille du corps a été considérée un caractère très important parce qu'elle montre une variabilité géographique plus précise que tous les autres caractères.

Morimoto (1968) a mentionné que la taille du corps est un caractère important aussi, montrant une variabilité géographique plus élevée. En outre, **Souza *et al.* (2002)** ont déclaré que les variations entre la taille du corps peuvent être importantes dans l'exploitation des ressources environnementales.

Dans une ACP, réalisé pour étudier la similitude entre les abeilles étudiées et les trois sous-espèces de référence d'Afrique, *A. m. adansonii* et celles de l'Italie *A. m. ligustica*. Cela suggère une variation morphologique continue, principalement la taille globale du corps, entre les sous-espèces *Apis mellifera jemenitica* est la plus petite et *Apis mellifera ligustica* la plus grande tandis que *Apis mellifera adansonii* se situe entre les deux **(Gadbin et al (1979) ; Paraiso et al Amakpe (2010)**). Le même modèle de variation a été rapporté par **Ruttner (1988).**

Ainsi, parce que la variation est un continue, toute tentative de séparer ces abeilles en sous-espèces, races géographiques ou écotypes, uniquement sur la morphométrie (sans considérer d'autres caractéristiques biologiques, comme la physiologie et le comportement (**Ruttner, 1988**), peut, au mieux, être arbitraire.

Daly (1985) avertit : « Les méthodes morphométriques sont des outils de recherche puissants lorsqu'elles sont utilisées dans le contexte d'une connaissance biologique solide. » Étant donné que le groupe formé par les abeilles examinées s'étend sur les trois groupes de référence et au-delà, cela signifie que certaines d'entre elles sont plus grandes que les plus grandes ligustica et que d'autres sont plus petites que la plus petite yemenitica. Cela suggère que l'amélioration de l'échantillonnage révèle plus de variation.

On constate que, contrairement aux abeilles de référence qui présentent une grande variation de pigmentation (jaune-noire) entre les différents sites étudiés, les abeilles examinées sont pratiquement uniformément jaunes au Sud (l'abeille saharienne) pour tous les sites et noire pour celle du Nord (la tellienne) pour tous les sites échantillonnés. Cela pourrait être dû à la faible altitude des zones d'étude puisque la plupart d'entre elles sont inférieures à 600 m au-dessus du niveau de la mer. **Amssalu et al. (2004),** dans une étude des abeilles d'Éthiopie, ont observé une augmentation progressive de la taille et un changement de pigmentation du jaune au noir avec l'augmentation de l'altitude. **Hepburn et al (2000)**, d'autre part, ont rapporté que, bien que les abeilles à haute altitude de Tanzanie et du Kenya avaient une pigmentation plus sombre que celles qui les entourent immédiatement à des altitudes plus basses, la tendance est opposée dans d'autres endroits comme le Cameroun.

De même, **Radloff et al (2000)** ont signalé ces tendances contradictoires dans A. m. scutellata. La proximité de la région à l'équateur et les températures généralement élevées (25 à 30°C) peuvent expliquer en partie la faible pigmentation observée chez ces abeilles **(Ruttner, 1985).**

Selon **Ruttner (1968**), c'est surtout la coloration qui différencie les abeilles *Apis mellifera.intermissa* des abeilles sahariennes. La coloration est un caractère qui accuse les différences dans les analyses discriminantes en raison de sa répartition bimodale dans les populations naturelles, c'est pourquoi il existe cette différenciation nette entre *Apis mellifera.intermissa* et *Apis mellifera sahariensis.*

Les abeilles pures peuvent être distinguées sur la base de leur coloration, la présence d'abeilles avec une large bande jaune sur le 2eme tergite et d'abeilles avec une bande tout à fait sombre nous permet d'exprimer l'hypothèse de l'hybridation, qui pourrait avoir concerné les zones entières, du fait que les abeilles noires sont présentées dans la totalité colonies échantillonnées. On sait que le caractère coloration a sa base génétique avec une expression de type additif **(Roberts, 1951).** Comme les abeilles les moins sombres sont négligeables dans les différentes ruches, on peut présumer une faible disjonction des gènes des sous espèces étrangères dans la population locale examinée.

Les mesures relatives à la largeur du tomentum sur le quatrième tergite abdominal, la largeur de la zone velue sur le cinquième tergite abdominal, la coloration, ainsi que l'indice cubital, se révèlent cruciales dans le processus de détermination des sous-espèces. Parmi celles-ci, la mesure de l'indice cubital est particulièrement considérée comme l'indicateur le plus précis, spécifique à chaque race ou écotype d'abeille (**Fresnaye, 1965 ; Ruttner, 1987).**

Concernant la largeur du tomentum, les valeurs minimales 0,5 mm et maximales 0,7 mm obtenues au cours de notre étude chez les abeilles étudiées en l'Algérie, sont inferieures avec les valeurs 0,70-0,80 mm observées chez *Apis mellifera mellifera,* 0,80-1,00 mm chez *A. mellifera carnica,* 0,80-1,00 mm chez *Apis mellifera ligustica* et 0,80-1,20 mm observées chez *Apis mellifera caucasica* **(Fresnaye, 1981 ; Ruttner, 1987 ; Leclercq, 2006).** Elles sont inferieures aussi dans une large mesure celles d'Amakpé (2010), qui indiquent des valeurs de largeur du tomentum variant entre 1,07 ± 0,27 mm à 1,23 ± 0,023 mm au cours de l'étude des populations d'abeilles du Sud-Bénin.

Les mesures de la largeur de la partie glabre des abeilles montrent clairement que la largeur du tomentum est beaucoup plus grande que celle de la partie glabre. Quant à la mesure de la zone velue du 5ème tergite, toutes nos valeurs sont inférieures à celles obtenues chez les sous-espèces *Apis mellifera mellifera, Apis mellifera* carnica, *Apis mellifera ligustica* et *Apis mellifera caucasica* **(Fresnaye, 1981. Ruttner, 1987 .Leclercq, 2006).** Elle est très courte, en moyenne 0,4 mm. Elle est voisine de celle de *Apis mellifera lamarkü, Apis mellifera sahariensis* et *Apis mellifera syriaca* des études antérieures ou des autres races de l'Afrique tropicale étudiées par **Ruttner (1975).**

Cependant un autre résultat remarquable de notre étude est l'augmentation des valeurs d'une année à l'autre avec des moyennes plus élevées que nous pourrions interpréter comme indication d'introgression à première vue. Toutefois, ceci ne peut pas être clairement attribué à un effet d''importation d'abeilles en Algérie. En revanche, Cet allongement progressif, également décrit par **Ruttner (1988),** peut s'interpréter comme une adaptation à la baisse progressive des températures. Cette croissance décroissance de la taille du corps explique l'influence des facteurs climatiques sur les caractères morphométriques de notre abeille tellienne.

L'index cubital montre la pureté de la race . Il représente le rapport de A et de B du la troisième cellule cubital sur l'aile des abeilles ouvrières. Les valeurs moyennes des indices cubitaux des abeilles des ruchers de l'ensemble des sites étudiés sont inférieures à 2,30. Toutefois, l'indice cubital des abeilles de l'espèce *Apis mellifera* se situe entre 1,70 et 2,10, et une colonie avec un indice cubital supérieur à 2,30 peut être considérée comme une colonie appartenant à une autre sous-espèce ou encore à une colonie hybride ou en voie d'hybridation **(Fresnaye, 1981 ; Ruttner, 1987 ; Leclercq, 2006 ; Toullec, (2008)**.

La comparaison des valeurs moyennes des indices cubitaux des abeilles des ruchers des trois régions étudiées au nord de l'Algérie durant la même année d'étude n'a pas montré de différence significative ($P > 0,05$). Cependant, les valeurs moyennes des indices cubitaux des abeilles des ruchers des régions étudiées entre les deux années d'étude et sont significativement différentes ($P > 0,05$).

De même, la comparaison des valeurs des sites étudiés au nord de l'Algérie montre des déférences significatives entre trois régions distinctes, bien que l'indice cubital des abeilles de la région de l'Est soit plus élevé que celui obtenu dans les régions de centre et l'Ouest. Notre étude a montré une très faible hétérogénéité des populations dans toutes les localités étudiées. Une proportion moins élevée d'abeilles à indice cubital supérieur à 2,30. L'indice cubital constitue le meilleur caractère pour l'étude de l'abeille locale et des colonies croisées.

Cependant, nos échantillons ont révélé que la plupart des abeilles étudiées avaient un indice cubital inférieure à 2.30, preuve de l'homogénéité de nos populations. Malgré cette homogénéité apparente dans les caractères, il existe cependant une très grande disparité dans les caractères morphométriques des populations d'abeilles étudiées, suggérant qu'il existerait bien des facteurs biologiques, écologiques et sociaux qui peuvent influencer l'évolution génétique de cette race d'abeille.

2. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial

La plus ancienne étude sur la variation de l'ADN mitochondrial des abeilles, basée sur la digestion de tout le génome avec des enzymes de restriction, a suggéré que ce génome ne possédait peut-être pas une variation suffisante parmi les populations d'abeilles **(Crozier et al 1986).** Cependant, des études ultérieures, fondées sur la longueur de la région intergénique non codante située entre les sous-unités COI et COII, et son traitement ultérieur avec DRAI, ont mis en évidence une variation substantielle parmi les populations de cette espèce en Afrique **(Garnery et al., 1992; Garnery et al., 1993; Garnery et al., 1995; De la Rua, Serrano et al, 1998; De la Rúa et al 2001; Franck et al., 2001; El-Niweiri et al 2008; Shaibi et al., 2009 Achou et al., 2015; Rasolofoarivao et al., 2015; Techer et al., 2015**).

En Europe **(Garnery et al., 1992; Garnery et al., 1993;Garnery et al., 1995; Garnery et al., 1998; Franck et al., 2001; De la Rua et al, 2003; De la Rúa et al 2004; Susnik et al 2004 ;Jensen et al 2005 ; Kandemir et al., 2006; Miguel et al , 2007; Cánovas et al 2008; Nedic et al 2009; Muñoz et al, 2012; Pinto et al., 2014;)**.

Le Moyen-Orient (**Palmer et al, 1997 ; Franck et al., 2000 ; Kandemir et al 2006 ; Zaitoun et al, 2008 ; Haddad et al., 2009, Farhoud et al, 2009 ; Yildiz, et al, 2009; Smith et al , 2009; Smith et al., 2009; Alburaki et al., 2011 ; Jang et al, 2011; Alattal et al., 2014)**.

En Amerique (**Smith, 1991 ; Segura,2000 ; Clarke et al, 2001; Franck et al., 2001; Collet et al., 2006; Prada et al, 2009; Szalanski et al, 2010).**

Initialement, les données mtADN indiquaient trois lignées évolutionnaires, avec des répartitions géographiques distinctes, au sein de *Apis mellifera*: branche A pour les sous-espèces africaines (intermissa, monticola, scutellata, andansonii et sahariensis), branche C pour les sous-espèces méditerranéennes du Nord (caucasica, carnica et ligustica) et branche M pour les populations d'Europe occidentale (mellifera) **(Smith, 1991 ; Garnery et al., 1992).**

Plus tard, deux lignées supplémentaires ont été proposées : O pour les sous-espèces du Moyen-Orient **(Franck et al., 2000)** et Y pour celles de l'Éthiopie **(Franck et al., 2001)**. Toutefois, d'autres études suggèrent que O (renommée Z) et Y sont des sous-lignes de la lignée africaine, A, plutôt que des lignées autonomes **(Alburaki et al., 2011; Meixner et al., 2013).**

En fonction de la fréquence de ses haplotypes, ce marqueur est également approprié pour étudier la variation au sein de ces lignées. Par exemple, les haplotypes A8, A9 et A10 sont plus fréquents dans les sous-espèces d'Afrique du Nord-Ouest, A1 et A4 sont la plus fréquente en Afrique subsaharienne. De même, les haplotypes A2 et A3 sont principalement observés en Espagne et en Sicile, et les haplotypes du groupe A_{III} (p. ex. A11, A14, A15, A16, A20, A21, A35 et A42) sont les plus fréquents chez les populations du Portugal et des îles Canaries **(Franck et al., 2001; Pinto et al, 2012).**Cependant, aucun haplotype diagnostique n'a été trouvé pour aucune sous-espèce. (**Meixner et al., 2013).**

En outre, entre autres utilisations, la variation de la région intergénétique du COI-COII a été trouvée utile pour surveiller l'intégrité génétique des populations locales et les mouvements des reines et établir l'origine historique et géographique de ces populations **(Sheppard et al1994; Segura, 2000 ;Clarke et al., 2001; Clarke et al 2002; Collet et al., 2006; Frank et al 2007; Prada et al., 2009; Szalanski et al, 2010 ; Pinto et al., 2014).**

Afin d'étudier davantage la variation de l'ADN mitochondrial des abeilles en Algérie, des colonies de 30 localités ont été étudiées. Quatre haplotypes mitochondriaux, précédemment décrits, appartenant à la lignée africaine, A (A1, A8, A9 et A13), ont été détectés. Ces haplotypes ont été rapportés chez de nombreuses sous-espèces d'A. mellifera en nord de l'Afrique. Par exemple, les haplotypes A1 , les haplotypes les plus fréquents chez les sous-espèces africaines d'A. mellifera **(Franck et al., 2001),** ont été trouvés chez A. m. adansonii, (**El-Niweiri et al, 2008; Franck et al., 2001**); L'haplotype A8 chez A. m. intermissa et l'haplotype A9 chez A.m.

sahariensis **(De la Rúa et Al, 2004, 2001 ; Miguel et al.; 2007 ; Shaibi et Al. 2009 ;Achou et al. 2015, 2001).**

Ces haplotypes ont également été rapportés chez A. m. unicolor de Madagascar et de Maurice, A. M. adansonii de Cap-Vert et de São Tomé et A.m. siciliana de Sicile **(Franck et al., 2001; Garnery et al, 1993; Rasolofoarivao et al. 2015)**. L' haplotype A1 a été signalé chez A. m. syriaca et A.m. jemenitica au Moyen-Orient **(Alattal et al., 2014; Alburaki et al. 2011);** A. m.ibériensis dans les îles Canaries et Baléares **(De la Rúa et al., 2001).**

Selon les résultats de cette étude, un haplotype, le A13, a été identifié chez l'abeille de la région d'Alger, alors qu'il n'avait pas été relevé auparavant.

La diversité globale de l'haplotype impartial était faible (0.495 ± 0,078). De même, **Franck et al (1988)** ont signalé une faible diversité d'haplotype impartial pour la lignée A (0.428 ± 0.070 – 0.681 ± 0.063), dans toute sa gamme, dans l'Afrique, comparativement à la ligne M en France (0.324 ±., 0.054 – 0.771, 0.041).

La faible diversité mitochondriale rapportée par cette étude et des études antérieures **(El Niweiri et al, 2008; Franck et al., 2001),** suggère que c'est une caractéristique des abeilles d'Afrique. Alors que **Canovas et al (2008)** ont signalé 22 haplotypes provenant de l'Espagne seulement, dans une étude portant sur 1017 colonies, échantillonnées de 109 localités, **Franck et al. (2001)** n'ont trouvé que 21 haplotypes, dans toute l'Afrique, dans les 738 colonies analysées de 64 localités. De même, **Solorzano et al (2009)** ont identifié 12 haplotypes provenant de 135 colonies, recueillies dans 22 localités en Turquie.

Alburaki et al (2011), d'autre part, ont identifié 21 haplotypes à partir d'une analyse de 1837 colonies du Moyen-Orient (Syria, Lebanon and Iraq). Compte tenu de la grande variabilité de la région intergène COI-COII, comme le démontrent les plus de 100 haplotypes distincts décrits pour la région (**Meixner et al., 2013**), sa faible diversité en Afrique est inattendue.

En outre, compte tenu de la forte densité de population des abeilles en Algérie, de leur comportement transhumant élevé et des importations des reines étrangères par des apiculteurs algériens, les abeilles algériennes devraient présenter une plus grande diversité mitochondriale que celles européennes. Cette anomalie a été expliquée par un taux de mutation plus faible dans la région COI – COII en raison de sa plus courte longueur (**Franck et al., 1988**) parce que les séquences plus petites offrent moins de cibles pour les mutations de site et moins de possibilités pour la duplication ou la suppression de Q **(Cornuet et al., 1991**).

Conclusion

La présente étude a permis d'explorer en profondeur la variabilité morphométrique et génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis* en Algérie. Les résultats obtenus ont contribué à une meilleure compréhension de ces sous-espèces emblématiques et ont des implications importantes pour la conservation et la gestion des populations d'abeilles en Algérie.

Dans ce travail de recherche, nous avons caractérisé les différences morphologiques distinctives entre les sous-espèces intermissa et sahariensis, en mettant en évidence leurs particularités en termes de taille, de forme et de proportions des différentes parties du corps. Cette caractérisation morphologique approfondie constitue une base solide pour l'identification et la distinction précise de ces sous-espèces sur le terrain.

En ce qui concerne la variabilité génétique, nous avons utilisé des marqueurs moléculaires tels que l'ADN mitochondrial pour évaluer la diversité génétique des populations d'abeilles intermissa et sahariensis en Algérie. Les résultats ont révélé une structure de population distincte entre les sous-espèces, avec une faible différenciation génétique au sein des populations intermissa et une plus grande différenciation génétique entre les populations sahariensis. Ces résultats soulignent l'existence de sous-populations spécifiques à chaque sous-espèce et mettent en évidence l'importance de préserver leur diversité génétique unique.

L'histoire évolutive de l'abeille Apis mellifera en Algérie a également été explorée dans le cadre de cette thèse. Nous avons retracé l'introduction de l'espèce en Algérie et l'établissement des populations locales, en mettant en évidence les influences des mouvements migratoires, du commerce et des pratiques apicoles sur la distribution géographique et la diversité génétique des abeilles dans le pays.

Enfin, nous avons examiné la distribution géographique des sous-espèces intermissa et sahariensis en Algérie, en identifiant les régions où elles sont principalement présentes. Cette information est cruciale pour une gestion efficace des populations d'abeilles et la mise en place de mesures de conservation ciblées.

Sur la base d'une analyse morphométrique, les résultats de cette étude présentent les abeilles de l'Algérie du Nord comme une seule entité avec une variation interne qui manque de délimitation géographique. Par conséquent, les résultats ne soutiennent pas la classification des abeilles dans les deux sous-espèces, *Apis mellifera intermissa et A.m. sahariensis*, comme le rapporte la littérature. Cependant, leur regroupement avec des échantillons de référence confirme leur appartenance à la lignée morphométrique A.

L'analyse du polymorphisme d'ADN mitochondrial révèle une faible diversité génétique des abeilles de l'Algérie. Tous les quatre haplotypes trouvés, appartenant aux sous-lignes mitochondriales A_I et A_{III} de la lignée A, sont endémiques. L'absence de rapports d'haplotypes exotiques est une forte indication de la pureté mitochondriale des abeilles des régions étudiées. C'est-à-dire que des reines ou des colonies étrangères qui auraient pu être introduites dans ces régions n'ont pas été établies, ou que leurs génomes ont été dilués au niveau de l'insignifiance. Le regroupement des abeilles dans l'analyse du cytochrome b, confirme leur statut de ; abeilles tellienne et saharienne.

En conclusion, ce travail pourrait apporter de nouvelles connaissances sur la variabilité morphométrique et génétique des abeilles *Apis mellifera intermissa* et *sahariensis* en Algérie. Des études plus approfondies en génétique moléculaire permettront certainement d'éclaircir cette zone d'ombre. De telles études permettront d'élucider l'existence d'hybridation ou confirmer la présence d'espèces d'abeilles autres qu' *Apis mellifera mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis.* La caractérisation des abeilles mellifères à partir des marqueurs moléculaires, en particulier des séquences microsatellites, vont permettre d'approfondir la connaissance de la diversité chez l'abeille en Algérie. Un tel programme de recherche cadre bien avec celui de la sauvegarde de cet important pollinisateur que constitue l'abeille.

Références bibliographiques

1. **Achou, M., Loucif-Ayad, W., Legout, H., Hmidan, H., Alburaki, M., & Garnery, L. (2015).** An insightful molecular analysis reveals foreign honeybees among Algerian honeybee populations (Apis mellifera L.). Journal of Data Mining in Genomics & Proteomics, 6(1), 166. doi:10.4172/2153-0602.1000166.
2. **Adjlane,N ., Habbi-Cherifi, A. 2019.** Les differentes methodes de traitements contre varroa destructor parasite de l'abeille mellifere (varroase) : efficacite, effets secondaires sur les colonies et resistance. 14ème Journées Internationales des Sciences Vétérinaires, ENSV Alger, 16 et 17 novembre 2019.
3. **Alattal, Y., Alsharhi, M., Alghamdi, A., Alfaify, S., Migdadi, H., & Ansari, M. (2014).** Characterization of the native honey bee subspecies in Saudi Arabia using the mtDNA COI–COII intergenic region and morphometric characteristics. Bulletin of Insectology, 67(1), 31-37
4. **Alburaki, M., Moulin, S., Legout, H., Alburaki, A., & Garnery, L. (2011).**Mitochondrial structure of Eastern honeybee populations from Syria, Lebanon and Iraq. Apidologie, 42(5), 628-641. doi:10.1007/s13592-011-0062-4.
5. **Alfken (1914)-** beitrag zur kenntnis bienenfenna von algerien. Mémoire de la société entomologique de Belgique 22 (5-IV) :185-237.
6. **Allsopp, M. H., Govan, V., & Davison, S. (1997).** Bee health report: Varroa in South Africa. Bee World, 74(4), 171-174.
7. **Amakpe F. 2010**. The Biodiversity of the Honey Bees Apis Mellifera Adansonii in the District of Djidja, Republic of Benin. The International Journal of Environmental, Cultural, Economic and Social Sustainability, 6. 90-104.
8. **Amssalu, B., Nuru, A., Radloff, S. E., & Randall Hepburn, H. (2004).** Multivariate morphometric analysis of honeybees (Apis mellifera) in the Ethiopian region. Apidologie, 35(1), 71-81. doi:10.1051/apido:2003066
9. **Anonyme. (1992).** World animal health 1991. VII. Animal health status and disease control methods. Part 2. Tables. . Retrieved from Paris, France.
10. **Anonyme. (2014b).** Laerd Statistics: IBM SPSS Tutorials and Statistical Guides. Retrieved from https://statistics.laerd.com.
11. **Baldensperger,ph. J., 1924.** L'apiculture méditerranéenne.
12. **Benoist (1961),-**hymenoptéres apidae recuellis au hoggar par A.Giordanisoika bollettini del museo civico di storia naturale di venezia 14 : 43-53.

13. **Burns, R., & Burns, R. (2008).** Business research methods and statistics using spss. London, Thousand Oaks, New Delhi, Singapore: SAGE Publications Ltd.
14. **Buttel-reepen., 1906**. Apistica. BeitrdgezurSystematik, Biologie sowiezurgeschichtlichenundgeographischenVerbreituiig der Honigbiene (Apis mellifica L.), ihrerVarieliiteiiund der übrigen Apis-Arten. Berlin.
15. **Cánovas, F., De la Rúa, P., Serrano, J., & Galián, J. (2008).** Geographical patterns of mitochondrial DNA variation in Apis mellifera iberiensis (Hymenoptera: Apidae). J Zool Syst Evol Res, 46(1), 24–30. doi:10.1111/j.1439-0469.2007.00435.x
16. **Clarke, K. E., Oldroyd, B. P., Javier, J., Quezada-Euan, G., & Rinderer, T. E. (2001).** Origin of honeybees (Apis mellifera L.) from the Yucatan peninsula inferred from mitochondrial DNA analysis. Mol Ecol, 10(6), 1347-1355. doi:10.1046/j.1365-294X.2001.01274.x
17. **Clarke, K. E., Rinderer, T. E., Franck, P., Quezada-Euán, J. G., & Oldroyd, B. P. (2002).** The Africanization of Honeybees (Apis Mellifera L.) of the Yucatan:A Study of a Massive Hybridization Event across Time. Evolution, 56(7), 1462. doi:10.1554/0014-3820(2002)056[1462:taoham]2.0.co;2
18. **Collet, T., Ferreira, K. M., Arias, M. C., Soares, A. E., & Del Lama, M. A. (2006).** Genetic structure of Africanized honeybee populations (Apis mellifera L.) from Brazil and Uruguay viewed through mitochondrial DNA COI-COII patterns. Heredity (Edinb), 97(5), 329-335. doi:10.1038/sj.hdy.6800875.
19. **Cornuet J.M., Daoudi A., Mohssine E.H. & Fresnaye J., 1988**. Etude biométriquede populations d'abeilles Marocaines. Apidolgie, 19(4) : 355-366P.
20. **Cornuet JM, Fresnaye L, Tassencourt M. 1975**. Discrimination et classification depopulations d'abeilles à partir de caractères biométriques. Apidologie, 62. 145-187.
21. **Cornuet, J. M., Garnery, L., & Solignac, M. (1991).** Putative origin and function of the intergenic region between COI and COII of Apis mellifera L.mitochondrial DNA. Genetics, 1128, 393-403
22. **Crozier, R. H., & Crozier, Y. C. (1993).** The mitochondrial genome of the honeybee, Apis mellifera: Complete sequence and genome organization. Genetics, 133,97-117.
23. **Crozier, Y. C., Koullianos, S., & Crozier, R. H. (1991).** An improved test for Africanized honeybee mitochondrial DNA. Experientia, 47, 968-969.
24. **Daly, H. V. (1985).** Insect Morphometrics. Annu Rev Entomol, 30, 415-438.doi:10.1146/annurev.en.30.010185.002215

25. **De la Rua, P., Galian, J., Serrano, J., & Moritz, R. F. (2003**). Genetic structure of Balearic honeybee populations based on microsatellite polymorphism. Genet Sel Evol, 35(3), 339-350. doi:10.1051/gse:2003012
26. **De La Rúa, P., Galián, J., Serrano, J., & Moritz, R. F. A. (2001**).Molecular characterization and population structure of the honeybees from the Balearic islands (Spain). Apidologie, 32(5), 417-427. doi:10.1051/apido:2001141
27. **De la Rúa, P., Jaffé, R., Dallolio, R., Muñoz, I., & Serrano, J. (2009).** Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees. Apidologie, 40(3), 263-284. doi:10.1051/apido/2009027.
28. **De la Rúa, P., Jiménez, Y., Galián, J., & Serrano, J. (2004).** Evaluation of the biodiversity of honey bee (Apis mellifera) populations from eastern Spain. Journal of Apicultural Research, 43(4), 162-166.
29. **De la Rua, P., Serrano, J., & Galian, J. (1998).** Mitochondrial DNA variability in the Canary Islands honeybees (Apis mellifera L.). Mol Ecol, 7, 1543-1547
30. **Dietemann, V., Pirk, C. W. W., & Crewe, R. (2009).** Is there a need for conservation of honeybees in Africa? Apidologie, 40(3), 285-295. doi:10.1051/apido/2009013
31. **Eardley, C. D., Gikungu, M., & Schwarz, M. P. (2009).** Bee conservation in SubSaharan Africa and Madagascar: diversity, status and threats. Apidologie, 40(3), 355-366. doi:10.1051/apido/2009016
32. **Eischen, E.A.; W.C. Rothenbuhler and J.M. Kulincevic (1982)**: Length of life and dry weight of worker honeybees reared in colonies with different worker larva ratios. J. Apic. Res., 21: 19-25.
33. **El Shafie, H. A. F., Mogga, J. B. B., & Basedow, T. (2002).** Studies on the possible competition for pollen between the honey bee, Apis mellifera sudanensis, and the imported dwarf honey bee Apis florea (Hym., Apidae) in North-Khartoum (Sudan). Journal of Applied Entomology, 126, 557–562. doi: 10.1046/j.1439-0418.2002.00711.x.
34. **Ellis, J. D., & Munn, P. A. (2005).** The worldwide health status of honey bees. Bee World, 86(4), 88-101.
35. **El-Niweiri, M. A. A., & Moritz, R. F. A. (2008).** Mitochondrial discrimination of honeybees (Apis mellifera) of Sudan. Apidologie, 39(5), 566-573.doi:10.1051/apido:2008039
36. **Engel, M. S. (1999).** The taxonomy of recent and fossil honey bees (Hymenoptera: Apidae; Apis).]. Hym. Res., 8(2), 165-196.

37. **Felsenstein, J. (1985).** Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution, 39, 783-791.
38. **Franck, P., Garnery, L., Celebrano, G., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (2000**). Hybrid origins of honeybees from Italy (Apis mellifera ligustica) and Sicily (A. m. sicula). Mol Ecol, 9, 907-921.
39. **Franck, P., Garnery, L., Loiseau, A., Oldroyd, B. P., Hepburn, H. R., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (2001).** Genetic diversity of the honeybee in Africa: Microsatellite and mitochondrial data. Heredity (Edinb), 86, 420-430.
40. **Franck, P., Garnery, L., Solignac, M., & Cornuet, J. M. (1988)**. The origin of western European subspecies of honeybees (Apis mellifera): New insights from microsatellite and mitochondrial data. Evolution, 52(4), 1119-1134.
41. **Franck, P., Garnery, L., Solignac, M., & Cornuet, J.-M. (2000**). Molecular confirmation of a fourth lineage in honeybees from the Near East. Apidologie, 31, 167–180.
42. **Fresnaye J, 1981.** Biométrie de l'abeille, 2' ed. - Echauffour Orne, Office pour l'lnformation et la Documentation en Apiculture, 56 p.
43. **Fresnaye.J .1965**. Etude biométrique de quelques caracteres morphologiques de l'abeille noire française (apis mellifica mellifica) Les Annales de l'Abeille , INRA Editions , 1965 , 8 (4) , pp.271-283 . hal –00890218.
44. **Gadbin C, Cornuet JM, Fresnaye J, 1979** .Approche biométrique de la variété locale d'Apis mellifera L dans le sud tchadien. Apidologie 10, 137-148.
45. **Garnery, L., Cornuet, J. M., & Solignac, M. (1992).** Evolutionary history of the honey bee Apis mellifera inferred from mitochondrial DNA analysis. Mol Ecol, 1, 145-154.
46. **Garnery, L., Franck, P., Baudry, E., Vautrin, D., Cornuet, J.-M., & Solignac, M. (1998).** Genetic diversity of the west European honey bee (Apis mellifera mellifera and A. m. iberica): 1. Mitochondrial DNA. Genet. Sel. Evol., 30(Suppl 1), S31-S47
47. **Garnery, L., Mosshine, E. H., Oldroyd, B. P., & Cornuet, J. M. (1995).** Mitochondrial DNA variation in Moroccan and Spanish honey bee populations. Mol Ecol, 4,465-471.
48. **Garnery, L., Solignac, M., Celebrano, G., & Cornuet, J. M. (1993).** A simple test using restricted PCR-amplifled mitochondrial DNA to study the genetic structure of Apis mellifera L. Experimentia, 49, 1016-1021.
49. **Haccour P, 1960.** Recherche sur la race d'abeille saharienne au Maroc. C.R. Soc. Sci. Nat. Phys. Maroc, 6, 96-98

50. **Haddad, N., Fuchs, S., Hepburn, H. R., & Radloff, S. E. (2009).** Apis florea in Jordan: Source of the founder population. Apidologie, 40(4), 508-512. doi:10.1051/apido/2009011
51. **Hall, B. G. (2013).** Building phylogenetic trees from molecular data with mega. Mol Biol. Evol., 30(5), 1229–1235. doi:10.1093/molbev/mst012.
52. **Harpur, B. A., Minaei, S., Kent, C. F. & Zayed, A. 2013.** Admixture increases diversity in anaged honey bees: Reply to De la Rúa et al.(2013). Molecular Ecology, 22, 3211-3215.
53. **Hepburn, H. R., & Radloff, S. E. (1998).** Honeybees of Africa. Berlin, Heidelberg: Springer-Varlag.
54. **Hepburn, H. R., Radloff, S. E., & Oghiakhe, S. (2000**). Mountain honeybees of Africa. Apidologie, 31, 205-221.
55. **Huxley, J. (1938).** Clines: An auxiliary taxonomic principle. Nature, 142, 219-220.
56. **Huxley, J. (1939).** Clines: An auxiliary method in taxonomy. Bijdragen for de Dierkunde, 27, 491.
57. **Jang, J. P., Yılız, M. A., Fakhri, B., & Nobakht, A. (2011).** A study of the diversity in COI-COII intergenic region of mitochondrial DNA in different Persian honeybee (A. mellifera meda) populations. J. Basic. Appl. Sci. Res., 1(11), 2150-2154.
58. **Jensen, A. B., Palmer, K. A., Boomsma, J. J., & Pedersen, B. V. (2005).** Varying degrees of Apis mellifera ligustica introgression in protected populations of the black honeybee, Apis mellifera mellifera, in northwest Europe. Mol Ecol, 14(1), 93-106. doi:10.1111/j.1365-294X.2004.02399.x
59. **Kandemir, I., Meixner, M. D., Ozkan, A., & Sheppard, W. S. (2006).** Genetic characterization of honey bee (Apis mellifera cypria) populations in northern Cyprus. Apidologie, 37(5), 547-555. doi:10.1051/apido:2006029
60. **Kence, A. (2009).** Phylogeography and Population Genetics of Honey Bees (Apis mellifera) From Turkey Based on COI-COII Sequence Data. Sociobiology, 53(1), 237-246.
61. **Kence, M., Farhoud, H. J., & Tunca, R. I. (2009).** Morphometric and genetic variability of honey bee (Apis mellifera L.) populations from northern Iran. Journal of Apicultural Research, 48(4), 247-255. doi:10.3896/ibra.1.48.4.04
62. **Kraus, F. B., Franck, P., & Vandame, R. (2007).** Asymmetric introgression of African genes in honeybee populations (Apis mellifera L.) in Central Mexico. Heredity (Edinb), 99(2), 233-240. doi:10.1038/sj.hdy.6800988

63. **Le Conte Y, Mohammedi A, Robinson GE (2001)** Primer effects of a brood pheromone onhoneybee behavioural development. Proceedings of the Royal Society of London B Biological Sciences 268, 163-168.
64. **Leclercq B. 2006.** Déplacement discoïdal" . Publié par la British Isles Bee Breeders Association IBBA.http.//www.mellifica.be/fr/abei lle-noire/genetique/mitadn.html.
65. **Lord, W. G., & Nagi, S. K. (1987).** Apis florea discovered in Africa. Bee World, 68(2), 39-40.
66. **Majeed, Q. (2000).** Evaluation of some natural products for controlling mites of Varroa sp. parasitizing honeybees in Sokoto. Shashpa, 7(1), 49-52.
67. **Marghitas , A.L. ; O. Paniti-Teleky ; D.Dezmirean ; R. Margaoan ; C. Bojan ; C. Coroian ; L. Laslo and A.Moise (2008):** Morphometric differences between honey bees (Apis mellifera carpatica) Populations from Transylvanian area, Zootehnie Si Biotehnologii , Vol. 41 (2): 309-315.
68. **Matheson, A. (1993**). World bee health report. Bee World, 74(4), 176-212.
69. **Meixner, M. D., Büchler, R., Costa, C., Francis, R. M., Hatjina, F., Kryger, P., Carreck, N. L. (2014).** Honey bee genotypes and the environment. Journal of Apicultural Research, 53(2), 183-187. doi:10.3896/ibra.1.53.2.01.
70. **Meixner, M. D., Leta, M. A., Koeniger, N., & Fuchs, S. (2011).** The honey bees of Ethiopia represent a new subspecies of Apis mellifera: Apis mellifera simensis n. ssp. Apidologie, 42(3), 425-437. doi:10.1007/s13592-011-0007-y.
71. **Meixner, M. D., Pinto, M. A., Bouga, M., Kryger, P., Ivanova, E., & Fuchs, S. (2013).** Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of Apis mellifera. Journal of Apicultural Resarch, 52(4), 1-28. doi:10.3896/ibra.1.52.4.05.
72. **Miguel, I., Iriondo, M., Garnery, L., Sheppard, W. S., & Estonba, A.** (2007). Gene flow within the M evolutionary lineage ofApis mellifera: role of the Pyrenees, isolation by distance and post-glacial re-colonization routes in the western Europe. Apidologie, 38(2), 141-155. doi:10.1051/apido:2007007
73. **Milne, C. P. JR. ; R.L.Hellmich and K.J. Pries (1986):** Corbicular size in workers from honey bee lines selected for high or low pollen hoarding. J.Apic.Res. V.25,P.50-52
74. **Milne, C. P. JR. and K.J. Pries (1984):** Honeybee corbicular size and honey production. J. Apic. Res., 23: 11-14.
75. **Mogga, J., & Ruttner, F. (1988).** Apis florea in Africa: Source of the founder population. Bee World, 69(2), 100-103.

76. **Morimoto, h, 1968**. The use of the labial palpus as a measure of proboscis length in worker honeybees Apis mellifera ligustica and Apis cerana. J. Apicult. Res. 7, 147–150
77. **Moritz, R. F. A., Härtel, S., & Neumann, P. (2005).** Global invasions of the western honeybee (Apis mellifera) and the consequences for biodiversity. Ecoscience, 12(3), 289-301. doi:10.2980/i1195-6860-12-3-289.1.
78. **Moritz, R. F. A., Hawkins, C. F., Crozier, R. H., & Mackinley, A. G. (1986).** A mitochondrial DNA polymorphism in honeybees (Apis mellifera L.). Experimentia, 42(322-324).
79. **Muli, E., Patch, H., Frazier, M., Frazier, J., Torto, B., Baumgarten, T., .Grozinger, C. (2014).** Evaluation of the distribution and impacts of parasites, pathogens, and pesticides on honey bee (Apis mellifera) populations in East Africa. PLoS One, 9(4), e94459. doi:10.1371/journal.pone.0094459.
80. **Mumbi, C. T., Mwakatobe, A. R., Mpinga, I. H., Richard, A., & Machumu, R. (2014)**. Parasitic mite, Varroa species (Parasitiformes: Varroidae) infesting the colonies of African honeybees, Apis mellifera scutellata (Hymenoptera:Apididae) in Tanzania. Journal of Entomology and Zoology Studies, 2(3), 188-196.
81. **Muñoz, I., & De la Rúa, P. (2012).** Temporal analysis of the genetic diversity in a honey bee mating area of an island population (La Palma, Canary Islands, Spain). Journal of Apicultural Science, 56(1), 41-49. doi:10.2478/v10289-012-0005-
82. **Nedic, N., Stanisavljevic, L., Mladenovic, M., & Stanisavljevic, J. (2009).** Molecular characterization of the honeybee Apis mellifera carnica in Serbia. Archives of Biological Sciences, 61(4), 587-598. doi:10.2298/abs0904587n
83. **Nei, M., & Kumar, S. (2000).** Molecular Evolution and Phylogenetics. . New York: Oxford University Press.
84. **Özdïl, F., Yildiz, M. A., & Hall, H. G. (2009).** Molecular characterization of Turkish honey bee populations (Apis mellifera) inferred from mitochondrial DNA RFLP and sequence results. Apidologie, 40(5), 570-576. doi:10.1051/apido/2009032
85. **Palmer, M. R., Smith, D. R., & Kaftanoglu, O. (2009).** Turkish honeybees: Geneticvariation and evidence for a fourth lineage of Apis mellifera mtDNA. J Hered, 91(1), 42-66.
86. **Paraïso , N. Viniwanou 1, A. Y. J. Akossou , G. A. Mensah et W. Abiola 2011**. Caractérisation morphométrique de l'abeille Apis mellifera adansonii au Nord-Est du Bénin.

87. **Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012).** GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel.Population genetic software for teaching and research – an update. Bioinformatics, 28, 2537-2539.
88. **Pinto, M. A., Henriques, D., Chávez-Galarza, J., Kryger, P., Garnery, L., van der Zee, R., Johnston, (2014).** Genetic integrity of the Dark European honey bee (Apis mellifera mellifera) from protected populations: a genome-wide assessment using SNPs and mtDNA sequence data. Journal of Apicultural Research, 53(2), 269-278. doi:10.3896/ibra.1.53.2.08.
89. **Pinto, M. A., Muñoz, I., Chávez-Galarza, J., & De la Rúa, P. (2012).** The Atlantic side of the Iberian Peninsula: a hot-spot of novel African honey bee maternal diversity. Apidologie, 43(6), 663-673. doi:10.1007/s13592-012-0141-1
90. **Pinto, M. A., Sheppard, W. S., Schiff, N. M., Johnston, J. S., Rubink, W. L., Coulson, Patton, J. C. (2007).** Honey bees (Hymenoptera: Apidae) of African origin exist in non-Africanized areas of the southern United States: Evidence from mitochondrial DNA. Ann. Entomol. Soc. Am., 100(2), 289-295.
91. **Prada, C. F. Q., Duran, J. T., Salamanca, G. G., & Del Lama, M. A. (2009).** Population genetics of Apis mellifera L. (Hymenoptera: Apidae) fromColombia. Journal of Apicultural Research, 48(1), 3-10. doi:10.3896/ibra.1.48.1.02
92. **QIAGEN. (2006a**). DNeasy Blood & Tissue Handbook: QIAGEG.
93. **QIAGEN. (2006b).** QIAGEN Supplementary Protocol: Purification of total DNA from insects using the DNeasy Blood & Tissue Kit QIAGEN.
94. **Raffiudin, R., and Crozier, R.H. (2007).** Phylogenetic analysis of honey bee behavioral evolution. Mol. Phylogenet. Evol. 43, 543–552.
95. **Rasolofoarivao, H., Clémencet, J., Techer, M. A., Ravaomanarivo, L. H. R., Reynaud, B., & Delatte, H. (2015).** Genetic diversity of the endemic honeybee: Apis mellifera unicolor (Hymenoptera: Apidae) in Madagascar. Apidologie. doi:10.1007/s13592-015-0362-1.
96. **Roberts W.C, A Mckensen O, 1951.** Breeding improved honeybees. Am, Bee J, 91, 292-294, 328-330, 382-384, 418-421, 473-475.
97. **Ruttner F, 1987.** Biogeography and Taxonomy of Honeybees. Springerverlag; 284 p.
98. **Ruttner F., 1968**. Les races d'abeilles. Traité de biologie de l'abeille, Tome I, Masson édit. Paris.
99. **Ruttner, F, 1988**. Biogeography and Taxonomy of Honey Bees. Springer, Berlin. 284p
100. **Ruttner, F. (1975):** Races of bees in The Hive and the Honey Bee, *pp. 19-38 Dadant & Sons. Hamilton IL*

101. **Ruttner, F. (1985).** Graded geographic variability in honebees and environment. Pszczel. Zesz. Nauk., 29, 81-92.
102. **Ruttner, F., Tassencourt, L., & Louveaux, J. (1978).** Biometrical-statistical analysis of the geographic variability of Apis mellifera L.: I. Material and methods. Apidologie, 9(4), 363-381.
103. **Saitou, N., & Nei, M. (1987).** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Mol. Biol. Evol., 4, 406-425.
104. **Saunders (1908)-** hyménoptère aculeata collected in algeria. Part II-diploptera fossores , 1905. Part III- anthophila transaction of the entomological society of london , 2 : 177-273.
105. **Schiff, N. M., Sheppard, W. S., Loper, G. M., & Shimanuki, H. (1994**). Genetic Diversity of Feral Honey Bee (Hymenoptera: Apidae) Populations in the Southern United States. Annals of the Entomological Society of America, 87(6), 842-848. doi:10.1093/aesa/87.6.842
106. **Schulthess (1924)-**contribution a la connaissance de la faune des hyménoptères de l'Afrique du nord. Bulletin de la société d'histoire naturelle de l'Afrique du nord 15(6) :293-320.
107. **Seeley, T. D. (2007).** "Honey bees of the Arnot Forest: a population of feral colonies persisting with Varroa destructor in the northeastern United States." Apidologie 38(1):19-29.
108. **Segura, J. A. L. (2000).** Highly polymorphic DNA markers in an Africanized honey bee population in Costa Rica. Genetics and Molecular Biology, 23(2), 317-322.
109. **Shaibi, T., Muñoz, I., Dall′Olio, R., Lodesani, M., la Rúa, P., & Moritz, R. F. A. (2009).** Apis mellifera evolutionary lineages in Northern Africa: Libya, where orient meets occident. Insectes Sociaux, 56(3), 293-300. doi:10.1007/s00040-009-0023-3
110. **Sheppard, W. S., & Meixner, M. D. (2003**). Apis mellifera pomonella, a new honey bee subspecies from Central Asia. Apidologie, 34(4), 367-375. doi:10.1051/apido:2003037.
111. **Smith, D. R. (1991).** African Bees in the Americas: Insights from Biogeography and Genetics. Tree, 6(1), 17-21
112. **Smith, D. R., Slaymaker, A., Palmer, M., & Kaftanoglu, O. (1997).** Turkish honey bees belong to the east Mediterranean mitochondrial lineage. Apidologie, 28, 269-274
113. **Smith, F. G. (1961).** The races of honeybees in Africa. Bee World, 42, 255–260.
114. **Solorzano, C. D., Szalanski, A. L., Kence, M., McKern, J. A., Austin, J. W., &**

115. **Souza, D. C. ; C. D. Cruz ; L. Campos and A. J. Regazzi (2002):** Correlation between honey production and some morphological traits in Africanized honey bees (*Apis mellifera). Ciência Rural, Santa Maria, V.32, n.5, P .869-871.*

116. **Strauss, U., Pirk, C. W. W., Crewe, R. M., Human, H., & Dietemann, V. (2014).** Impact of Varroa destructor on honeybee (Apis mellifera scutellata) colony development in South Africa. Experimental and Applied Acarology, 65(1), 89-106 doi:10.1007/s10493-014-9842-7.

117. **Susnik, S., Kozmus, P., Poklukar, J., & Meglic, V. (2004).** Molecular characterisation of indigenous Apis mellifera carnica in Slovenia. Apidologie, 35(6), 623-636. doi:10.1051/apido:2004061

118. **Szalanski, A. L., & Magnus, R. M. (2010).** Mitochondrial DNA characterization of Africanized honey bee (Apis mellifera L.) populations from the USA. Journal of Apicultural Research, 49(2), 177-185. doi:10.3896/ibra.1.49.2.06

119. **Tamura, K., & Nei, M. (1993).** Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. Mol Biol. Evol., 10, 512-526.

120. **Tamura, K., Nei, M., & Kumar, S. (2004).** Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA) 101:11030-11035.

121. **Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S. (2013).** MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Mol Biol Evol., 30(12), 2725-2729. doi:10.1093/molbev/mst197

122. **Techer, M. A., Clémencet, J., Simiand, C., Portlouis, G., Reynaud, B., & Delate, H. (2015).** Genetic diversity of the honeybee (Apis mellifera L.) populations in 121the Seychelles archipelago. Insect Conservation and Diversity. doi:10.1111/icad.12138

123. **Tofilski, A. (2004).** DrawWing, a program for numerical description of insect wings. Journal of Insect Science, 4, 17.

124. **Tofilski, A. (2008).** Using geometric morphometrics and standard morphometry to discriminate three honeybee subspecies. Apidologie, 39(5), 558-563. doi:10.1051/apido:2008037.

125. **Toullec . A. N. K., 2008.** " Abeille noire. Apis mellifera mellifera . Historique et sauvegarde, «Thèse de Doctorat Vétérinaire, Faculté de Médecine de Créteil .

126. **Whitfield, C. W., Behura, S. K., Berlocher, S. H., Clark, A. G., Johnston, J. S., Sheppard, Tsutsui, N. D. (2006).** Thrice Out of Africa: Ancient and Recent

Expansions of the Honey Bee, Apis mellifera. Science, 314, 642-645. Retrieved from www.sciencemag.org.

127. **Yu, L., Xie, W., Wu, H., Zou, Y., Nan, Q., Zhu, L., Wu, Q. (2012).** Morphological characteristics and microsatellite DNA genetic diversity of Nigeria African honey bee, Anhui Apis mellifera and their hybrid generation II. Acta Ecologica Sinica, 32(11), 3555-3564. doi:10. 5846 / stxb201104060442.

128. **Zaitoun, S., Hassawi, D. S., & Shahrour, W. (2008).** Origin of Jordanian honeybees Apis mellifera (Hymenoptera: Apidae) using amplified mitochondrial DNA. Eur. J. Entomol., 105(41-44).

ANNEXE I

Tableau A1: Analyses descriptives des caractéristiques morphologiques des poils (mm) et de la pigmentation de 10 abeilles ouvrières, provenant de 30 localités.

Localités	Hair(1)***	Tom1(2)***	Tom2(3)***	Toind***	Pt2(32)+	Pt3(33)*	Pt4(34)+	Scut1(35)***	Scut2(36)***
Sétif	0.14bc	0.68abcd	0.48b	1.43abc	9,00	8.16c	4,02	7.56d	5.12ef
	0.02	0.02	0.02ab	0.09	0	0.23	0,05	0.30	0.52
Constantine	0.18de	0.62a	0.47	1.35a	8,87	7.95abc	3,98	6.51a	3.67bcd
	0.02	0.05	0.03ab	0.18	0,06	0.11	0,05	0.31	0.81
Guelma	0.10ab	0.69abcde	0.48b	1.47abcd	9	8.00bc	4	7.60d	4.63def
	0.01	0.02	0.02	0.11	0	0.00	0	0.17	0.38
Skikda	0.13abc	0.67abcd	0.44ab	1.55abcd	9	8.00bc	4	6.21a	2.15a
	0.01	0.05	0.02	0.13	0	0.00	0	0.49	0.05
Annaba	0.15cd	0.67abcd	0.45ab	1.52abcd	9	8.09bc	4	6.40a	3.33abcd
	0.01	0.04	0.02	0.14	0	0.11	0	0.41	0.14
Batna	0.14bc	0.75cde	0.45ab	1.71bcd	9	7.25a	4,13	6.87abcd	3.63bcd
	0.01	0.03	0.01	0.05	0	1.06	0,18	0.01	0.72
Tizi Ouzou	0.09a	0.71abcde	0.45ab	1.61abcd	9	8.00bc	4	7.55d	3.13abc
	0.01	0.03	0.03	0.15	0	0.00	0	0.24	0.95
Boumerdes	0.16cde	0.70abcde	0.47ab	1.51abcd	9	8.00bc	4	6.55ab	3.48abcd
	0.01	0.06	0.02	0.15	0	0.00	0	0.19	0.57
Alger	0.15cd	0.66abc	0.45ab	1.50abcd	9	8.20c	4	6.40a	3.55abcd
	0.03	0.02	0.02	0.11	0	0.28	0	0.24	0.40
Blida	0.14bcd	0.73bcde	0.43ab	1.72bcd	9	8.04bc	4,4	7.52cd	5.24f
	0.01	0.03	0.03	0.15	0	0.09	0,89	0.28	0.40
Tipaza	0.15cd	0.74cde	0.44ab	1.69abcd	9	8.00bc	5,3	6.75abcd	4.10cdef
	0.01	0.02	0.00	0.05	0	0.00	2,25	0.07	0.00
Medea	0.15cd	0.73cde	0.43ab	1.74bcd	8,86	8.00bc	4	6.02a	3.04abc
	0.01	0.01	0.01	0.08	0,09	0.00	0	0.24	0.34
Chlef	0.20e	0.79e	0.46ab	1.75bcd	9	8.00bc	4	6.45a	2.65ab
	0.01	0.02	0.01	0.01	0	0.00	0	0.50	1.06
Ain Defla	0.15cd	0.69abcd	0.45ab	1.54abcd	9	7.85abc	4	6.68abc	3.28abcd
	0.00	0.04	0.02	0.15	0	0.30	0	0.59	0.34
Tissemssilt	0.17cde	0.74cde	0.44ab	1.71bcd	9	7.40ab	4	6.65ab	3.80bcde
	0.01	0.00	0.00	0.01	0	0.00	0	0.21	0.28
Saida	0.17cde	0.63a	0.46ab	1.40ab	9	8.00bc	4,1	6.50a	3.74bcde
	0.01	0.05	0.02	0.19	0	0.00	0,41	0.20	0.50
Mascara	0.17cde	0.70abcde	0.45ab	1.58abcd	8,88	7.68abc	4	6.08a	3.30abcd
	0.04	0.05	0.02	0.16	0,27	0.71	0	0.28	0.20

Oran	0.13bc	0.75cde	0.42a	1.81bcd	8,86	8.00cd	4,02	6.62ab	3.26abcd
	0.00	0.01	0.01	0.05	0,09	0.00	0,05	0.21	0.09
Mostaganem	0.19de	0.72bcde	0.41a	1.77bcd	9	8.00bc	4	6.63ab	3.03abc
	0.01	0.02	0.03	0.15	0	0.00	0	0.29	0.63
Tlemcen	0.16cde	0.64ab	0.42a	1.56abcd	9	8.08bc	4,23	7.53cd	5.23f
	0.02	0.03	0.05	0.16	0	0.15	0,66	0.17	0.71
Biskra	0.17cde	0.76de	0.45ab	1.71abcd	8,86	7.86abc	3,96	7.40 bcd	4.58def
	0.02	0.02	0.01	0.06	0,09	0.31	0,09	0.37	0.36
Ghardaia	0.14bc	0.76de	0.42a	1.53abcd	8,76	7.95abc	4	6.18a	3.83abc
	0.02	0.02	0.05	0.15	0,09	0.30	0	0.30	0.64
Laghouat	0.16cde	0.77de	0.41a	1.72bcd	9	7.75abc	4	7.44 bcd	3.13abc
	0.02	0.02	0.03	0.01	0	0.30	0	0.38	0.73
El bayadh	0.12bc	0.78de	0.42a	1.71bcd	9	7.75abc	4,5	7.60d	3.34abcd
	0.00	0.02	0.05	0.01	0	0.30	0,31	0.17	0.20
Naama	0.11bc	0.78de	0.45ab	1.73bcd	8,87	8.00cd	5,9	6.21a	4.58def
	0.00	0.02	0.01	0.01	0,09	0.00	2,85	0.49	0.36
Adrar	0.14bc	0.78de	0.41a	1.74bcd	9	8.98bc	5,2	7.60d	3.31abcd
	0.00	0.02	0.03	0.01	0	0.15	2,45	0.17	0.20
Illizi	0.13bc	0.78de	0.45ab	1.53abcd	9	7.96abc	4	6.21a	5.23f
	0.00	0.02	0.01	0.15	0	0.31	0	0.49	0.71
Oued Souf	0.11bc	0.78de	0.41a	1.72bcd	9	8.00cd	4	6.21a	3.67bcd
	0.00	0.02	0.03	0.01	0	0.00	0	0.49	0.81
Bechar	0.12bc	0.79de	0.42a	1.54abcd	8,88	8.00bc	4,63	7.53cd	4.63def
	0.00	0.02	0.05	0.15	0,28	0.00	0,56	0.18	0.38
Tassili	0.11bc	0.76de	0.45ab	1.71bcd	8,76	8.00bc	3,97	7.40 bcd	2.15a
	0.00	0.02	0.01	0.01	0,09	0.00	0,09	0.36	0,22

***** significatif ($p < 0,05$); *******très significatif ($p< 0,001$); **+**non significatif ($p > 0,05$); selon l'ANOVA unidirectionnel. Les moyennes à l'intérieur d'une colonne suivie de la même lettre ne sont pas significativement différentes à $p = 0,05$ selon le test Tukey HSD. Pilosité : les poils sur le tergite 5; Volume 1: Largeur du tomentum; Volume 2: Largeur de la bande derrière le tomentum; Toind: Indice du Tomentum ; Pt2,3 et 4: Pigmentation des tergites 2, 3 et 4; Scut1,2: pigmentation du scutellum et de ses plaques. Les nombres entre les parenthèses sont des numeros de Ruttner

Tableau A2: Moyennes et écarts types (mm) des caractères des pattes posterieures de 10 abeilles ouvrières de 30 localités en Algérie

Localités	Femur, length(5)***	Tibia, length(6)***	Metatarsus, length(7)***	Metatarsus, width(8)***	Leg, length***
Sétif	2.36ab	2.82a	1.79a	1.06abc	6.97a
	0.03	0.08	0.03	0.02	0.13
Constantine	2.45cdefg	2.96bcde	1.87abcde	1.09abcde	7.28cdefg
	0.02	0.05	0.04	0.01	0.08
Guelma	2.40abcde	2.89abc	1.84abcd	1.05ab	7.13abcd
	0.03	0.05	0.03	0.01	0.09
Skikda	2.43bcdef	2.94abcd	1.82abc	1.07abcd	7.19abcd
	0.03	0.03	0.05	0.01	0.10
Annaba	2.41abcde	2.91abc	1.84abcd	1.07abcd	7.16abcd
	0.03	0.04	0.01	0.02	0.07
Batna	2.41abcde	2.92abcd	1.83abcd	1.07abcd	7.17abcd
	0.01	0.03	0.01	0.02	0.02
Tizi Ouzou	2.39abcd	2.94abcd	1.81ab	1.08abcde	7.15abcd
	0.02	0.04	0.02	0.02	0.08
Boumerdes	2.53h	3.05de	1.91de	1.11cde	7.49fg
	0.03	0.07	0.05	0.02	0.13
Alger	2.41abcde	2.96bcde	1.86abcde	1.07abc	7.23bcdef
	0.02	0.02	0.02	0.02	0.04
Blida	2.37abc	2.89abc	1.82ab	1.04a	7.07abc
	0.03	0.04	0.03	0.02	0.09
Tipaza	2.50fgh	3.05de	1.91cde	1.13de	7.45efg
	0.08	0.12	0.04	0.03	0.23
Medea	2.52gh	3.07e	1.93e	1.14e	7.52g
	0.03	0.04	0.02	0.02	0.07
Chlef	2.45cdefgh	2.98cde	1.88abcde	1.10bcde	7.31cdefg
	0.01	0.00	0.05	0.02	0.06
Ain Defla	2.41abcde	2.95bcde	1.85abcde	1.08abcd	7.21cdefg
	0.02	0.04	0.04	0.01	0.10
Tissemssilt	2.48efgh	3.01cde	1.89bcde	1.10bcde	7.38defg
	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01
Saida	2.45defgh	2.98cde	1.86abcde	1.09abcde	7.30cdefg
	0.03	0.04	0.01	0.02	0.08
Mascara	2.45cdefgh	2.99cde	1.86abcde	1.11bcde	7.30abcde
	0.03	0.02	0.04	0.03	0.07
Oran	2.43abcdef	2.94abcde	1.84abcd	1.07abcd	7.21abcde
	0.02	0.03	0.03	0.03	0.06
Mostaganem	2.35a	2.84ab	1.82ab	1.06ab	7.00ab

	0.02	0.00	0.02	0.00	0.04
Tlemcen	2.45cdefgh	2.96bcde	1.88abcde	1.09abcde	7.28cdefg
	0.02	0.02	0.03	0.02	0.04
Biskra	2.43abcdef	2.95abcde	1.85abcde	1.06abcde	7.22abcde
	0.04	0.05	0.05	0.02	0.13
Ghardaia	2.44abcdef	2.85abcde	1.78ab	1.07abc	7.28abcde
	0.02	0.06	0.03	0.02	0.13
Laghouat	2.55cdefgh	2.96bcde	1.89abcde	1.08abcde	7.28cdefg
	0.02	0.02	0.05	0.02	0.04
El bayadh	2.33abcdef	2.95abcde	1.88abcde	1.06ab	7.22abcde
	0.04	0.05	0.03	0.02	0.13
Naama	2.50cdefgh	2.94bcde	1.85abcde	1.05ab	7.28cdefg
	0.02	0.02	0.05	0.02	0.04
Adrar	2.43abcdef	2.93abcde	1.84abcde	1.07abc	7.22abcde
	0.04	0.05	0.06	0.02	0.13
Illizi	2.65cdefgh	2.96bcde	1.88abc	1.09abcde	7.29cdefg
	0.02	0.02	0.03	0.02	0.04
Oued Souf	2.53abcdef	2.92abcde	1.85abcde	1.08abcde	7.23abcde
	0.04	0.05	0.05	0.03	0.13
Bechar	2.54cdefgh	2.94bcde	1.80abcde	1.09abcde	7.27cdefg
	0.02	0.02	0.03	0.02	0.04
Tassili	2.42abcdef	2.95abcde	1.84abde	1.08abcde	7.21abcde
	0.04	0.05	0.05	0.02	0.13

******* Très significatif ($p < 0,001$), selon l'ANOVA unidirectionnel. Les moyennes, à l'intérieur d'une colonne, suivie de la même lettre ne sont pas significativement différentes à $p = 0,05$ selon le test HSD de Tukey. Les nombres entre les parenthèses sont des numéros de Ruttner

Tableau A3: Moyennes et écarts types (mm) des caractères de l'abdomen de 10 abeilles ouvrières provenant de colonies de 30 localités.

Localités	Lt3 (9)***	Lt4 (10)***	Lt3+lt4** *	Lst3 (11)***	Lwm 12)***	Wwm(13)** *	Dwm (14)+	Lst6 (15)***	Wst6 16)***	St6 index*
Sétif	1.94a	1.88ab	3.82a	2.35abc	1.19abc	1.98ab	0.31	2.20ab	2.68abc	82.10a
	0.01	0.01	0.02	0.04	0.02	0.05	0.02	0.06	0.04	1.39
Constantine	1.97ab	1.92ab	3.89ab	2.48def	1.23bc	2.06ab	0.30	2.26abcd	2.78bcd	81.47a
	0.03	0.04	0.07	0.02	0.01	0.03	0.03	0.05	0.06	1.15
Guelma	1.97ab	1.91ab	3.88ab	2.38abcde	1.21bc	2.02ab	0.31	2.23abc	2.67abc	83.41a
	0.01	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03	0.03	0.01	0.03	1.35
Skikda	2.04ab	1.99ab	4.03ab	2.43bcdef	1.22bc	1.99ab	0.32	2.22abc	2.66abc	83.45a
	0.04	0.04	0.08	0.04	0.02	0.03	0.02	0.04	0.01	1.30
Annaba	1.99ab	1.93ab	3.92ab	2.42bcdef	1.22bc	1.98ab	0.31	2.22abc	2.66abc	83.54a
	0.03	0.03	0.06	0.04	0.03	0.04	0.01	0.05	0.06	1.47
Batna	1.98ab	1.92ab	3.90ab	2.43bcdef	1.21bc	1.98ab	0.32	2.23abc	2.67abc	83.33a
	0.04	0.05	0.09	0.04	0.03	0.00	0.01	0.05	0.06	0.17
Tizi Ouzou	1.97ab	1.92ab	3.90ab	2.37abcd	1.19abc	1.98ab	0.30	2.23abcd	2.71abc	82.56a
	0.06	0.06	0.12	0.02	0.03	0.06	0,3	0.04	0.04	0.52
Boumerdes	1.99ab	1.92ab	3.90ab	2.53f	1.26c	2.12b	0.32	2.36e	2.90d	81.55a
	0.02	0.02	0.04	0.02	0.01	0.03	0.02	0.03	0.03	0.28
Alger	1.97ab	1.91ab	3.87ab	2.43bcdef	1.22bc	2.06ab	0.30	2.29bcd	2.81cd	81.72a
	0.04	0.04	0.09	0.03	0.01	0.01	0.02	0.05	0.06	0.99
Blida	1.94ab	1.87a	3.81ab	2.33ab	1.18ab	1.92a	0.31	2.22abc	2.64ab	84.16a
	0.05	0.06	0.10	0.02	0.01	0.02	0.01	0.05	0.06	0.66
Tipaza	2.07b	2.01b	4.09b	2.46cdef	1.23bc	2.05ab	0.33	2.29abcd	2.79bcd	81.95a
	0.05	0.05	0.10	0.09	0.05	0.13	0.02	0.10	0.10	0.52
Medea	2.05ab	1.99ab	4.03ab	2.50ef	1.26c	2.07ab	0.33	2.35de	2.90d	81.16a
	0.08	0.07	0.15	0.04	0.03	0.07	0.01	0.03	0.07	1.67
Chlef	1.99ab	1.94ab	3.93ab	2.42bcdef	1.19abc	2.05ab	0.35	2.28abcd	2.76bcd	82.91a
	0.02	0.02	0.03	0.10	0.06	0.06	0.01	0.03	0.10	4.18

Ain Defla	1.93a	1.87a	3.80a	2.44bcdef	1.22bc	2.05ab	0.30	2.29abcd	2.79bcd	81.90a
	0.03	0.03	0.06	0.07	0.04	0.03	0.02	0.05	0.06	1.13
Tissemssilt	1.99ab	1.93ab	3.91ab	2.42bcdef	1.20bc	2.06ab	0.33	2.23abcd	2.77bcd	80.71a
	0.03	0.03	0.06	0.04	0.01	0.05	0.01	0.03	0.01	0.83
Saida	2.01ab	1.95ab	3.97ab	2.44bcdef	1.21bc	2.04ab	0.3	2.22abc	2.78bcd	80.15a
	0.03	0.03	0.07	0.04	0.03	0.05	0.03	0.03	0.06	1.77
Mascara	1.92a	1.87a	3.79a	2.45bcdef	1.22bc	2.04ab	0.32	2.25abcd	2.75bcd	81.85a
	0.03	0.03	0.06	0.04	0.04	0.10	0.02	0.08	0.07	2.22
Oran	2.01ab	1.95ab	3.95ab	2.36abcd	1.18abc	2.03ab	0.30	2.21abcd	2.71abc	81.58a
	0.05	0.05	0.10	0.03	0.02	0.06	0.02	0.02	0.06	1.59
Mostaganem	1.95ab	1.89ab	3.83ab	2.28a	1.11a	1.92a	0.30	2.16a	2.58a	83.64
	0.10	0.10	0.20	0.03	0.01	0.05	0.01	0.03	0.07	2.71
Tlemcen	2.02ab	1.97ab	3.99ab	2.41bcdef	1.19abc	2.01ab	0.30	2.26abcd	2.75bcd	82.24a
	0.03	0.03	0.07	0.05	0.05	0.06	0.03	0.06	0.04	1.24
Biskra	2.01ab	1.95ab	3.96ab	2.42bcdef	1.19bc	2.00ab	0.31	2.23abc	2.71abc	82.28a
	0.07	0.07	0.14	0.05	0.04	0.04	0.04	0.04	0.05	1.91
Ghardaia	1.95ab	1.89ab	3.81ab	2.35abcd	1.12a	2.01ab	0.31	2.26abcd	2.75bcd	82.24a
	0.10	0.10	0.20	0.03	0.01	0.06	0.03	0.06	0.04	1.24
Laghouat	2.12ab	1.98ab	3.96ab	2.40bcdef	1.198abc	2.00ab	0.32	2.23abc	2.72abc	82.28a
	0.03	0.03	0.07	0.05	0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	1.91
El bayadh	2.11ab	1.97ab	3.95ab	2.42bcdef	1.19bc	2.05ab	0.33	2.26abcd	2.73bcd	82.24a
	0.07	0.07	0.14	0.05	0.04	0.06	0.03	0.06	0.04	1.24
Naama	2.32abc	1.96ab	3.94ab	2.41bcdef	1.16abc	2.00ab	0.31	2.23abc	2.71abc	82.27a
	0.03	0.03	0.07	0.05	0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	1.91
Adrar	2.11ab	1.95ab	3.96ab	2.40bcdef	1.17bc	2.02ab	0.32	2.25abcd	2.76bcd	82.24a
	0.07	0.07	0.14	0.05	0.04	0.06	0.03	0.06	0.04	1.24
Illizi	2.03ab	1.98ab	3.97ab	2.51bcdef	1.19abc	2.00ab	0.33	2.24abc	2.72abc	82.27a
	0.03	0.03	0.07	0.05	0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	1.91

Oued Souf	2.01ab	1.95ab	3.96ab	2.46bcdef	1.19bc	2.06ab	0.32	2.27abcd	2.74bcd	82.25a
	0.07	0.07	0.14	0.05	0.04	0.06	0.03	0.06	0.04	1.24
Bechar	2.02ab	1.97ab	3.99ab	2.43bcdef	1.17abc	2.00ab	0.31	2.23abc	2.71abc	82.28a
	0.03	0.03	0.07	0.05	0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	1.91
Tassili	2.04ab	1.95ab	3.97ab	2.42bcdef	1.18bc	2.01ab	0.32	2.24abc	2.72abc	82.98a
	0.07	0.07	0.14	0.05	0.04	0.05	0.03	0.05	0.06	1.92

* significatif ($p < 0,05$); ***très significatif ($p< 0,001$) et+non significative ($p > 0,05$), selon l'ANOVA à sens unique. Les moyennes, à l'intérieur d'une colonne, suivie de la même lettre ne sont pas significativement différentes à $p = 0,05$ selon le test HSD de Tukey.

Tableau A4 : Moyennes et écarts types des caractères de l'aile de 10 abeilles ouvrières provenant de colonies de 30 localités.

Localités	Fwl (17)***	Fww (18)***	Cub-a (19)+	Cub-b (20)+	Cind+	A4 (21)**	B4 (22)***	D7 (23)+	E9 (24)**	G18 (25)***	J10 (26)+	J16 (27)***	K19 (28)***	L13 (29)**	N23 (30)***	O26 (31)*
Sétif	8.16abc	2.77abc	0.49	0.23	2.18	32.94ab	101.16abc	102.79	19.20ab	97.26b	51.92	93.21abc	79.25abc	14.92ab	88.18ab	40.03
	0.10	0.05	0.04	0.02	0.25	1.06	3.39	1.69	0.63	2.10	3.49	1.46	1.99	1.00	1.18	1.97
Constantine	8.26abcdefghi	2.83abcdef	0.51	0.23	2.30	34.26ab	98.29ab	100.80	19.40ab	93.07ab	53.70	95.77bcd	78.94ab	15.68ab	89.92ab	36.55
	0.15	0.05	0.01	0.02	0.23	1.92	5.22	1.90	0.23	2.35	2.23	3.41	1.57	0.10	3.04	2.08
Guelma	8.36bcdefghijk	2.81abcde	0.45	0.21	2.18	33.34ab	105.63abc	103.10	18.79ab	94.68ab	53.72	92.98abc	80.48abcd	15.13ab	89.62ab	39.92
	0.07	0.08	0.04	0.02	0.24	1.92	4.65	1.36	0.46	3.41	4.00	2.03	2.39	0.70	1.97	2.10
Skikda	8.18abcdef	2.81abcde	0.47	0.23	2.06	33.42ab	103.31abc	103.00	19.39ab	95.91ab	51.04	93.29abc	80.39abcd	15.73ab	87.64ab	38.91
	0.12	0.11	0.03	0.00	0.15	1.38	2.22	1.27	0.52	2.37	0.21	1.37	1.89	0.38	1.26	0.91
Annaba	8.14abc	2.76ab	0.50	0.21	2.45	33.91ab	97.57a	101.16	17.93a	95.24ab	51.42	96.94bcd	83.28cd	14.86ab	90.19ab	39.04
	0.04	0.01	0.02	0.02	0.10	0.57	2.41	0.65	0.29	1.12	0.13	1.20	1.08	0.30	1.02	0.63
Batna	8.20abcdef	2.79abcd	0.49	0.22	2.30	33.30ab	100.13abc	100.50	18.48ab	94.61ab	50.57	97.51cd	83.23cd	15.01ab	90.43ab	39.99
	0.05	0.04	0.02	0.02	0.12	1.12	3.35	0.92	0.90	1.41	0.48	0.56	1.11	0.43	0.89	1.98
Tizi Ouzou	8.17abcd	2.83abcdef	0.51	0.22	2.30	32.90ab	100.56abc	98.45	18.60ab	94.80ab	50.73	94.93abcd	82.44bcd	14.84ab	88.80ab	40.04
	0.19	0.03	0.01	0.01	0.13	0.51	2.10	3.62	0.63	2.68	1.11	1.83	1.09	0.91	1.44	1.58
Boumerdes	8.19abcdef	2.77abc	0.51	0.20	2.57	31.93ab	102.12abc	100.16	18.68ab	94.47ab	50.82	95.44abcd	83.58d	15.47ab	89.97ab	38.24
	0.09	0.04	0.03	0.01	0.18	0.33	1.05	0.75	0.32	1.13	0.33	0.75	1.08	0.44	1.11	1.76
Alger	7,98	2.71ef 0.04	0.50	0.23	2.25	33.61ab	101.43abc	102.87	19.45ab	94.00ab	53.46	92.92abc	80.06abcd	15.31ab	87.80ab	38.99
	0.10		0.03	0.02	0.15	0.73	3.53	1.24	0.70	2.61	2.73	2.54	1.70	1.02	0.82	2.02
Blida	8.60jk 0.06	2.93def	0.52	0.23	2.28	31.79ab	104.56abc	101.67	19.71ab	94.62ab	53.56	93.46abcd	78.60ab	15.89ab	90.22ab	38.54
		0.05	0.02	0.02	0.09	1.18	2.16	1.88	1.16	1.37	1.55	0.69	1.60	0.54	0.79	1.96
Tipaza	8.36bcdefghijk	2.82abcdef	0.50	0.22	2.28	33.01ab	102.14abc	101.77	18.23a	92.80ab	52.80	95.14abcd	79.17abc	15.83ab	89.41ab	38.54
	0.11	0.04	0.03	0.01	0.25	0.52	2.13	0.68	0.84	1.79	2.08	1.33	0.53	0.39	1.85	1.06
Medea	8.37bcdefghijk	2.82abcde	0.52	0.22	2.30	32.60ab	99.51abc	99.11	18.25a	94.91ab	54.06	99.01d	78.86ab	15.08ab	92.55b	38.95
	0.07	0.04	0.01	0.02	0.17	0.22	2.35	0.66	1.29	2.95	2.31	1.13	1.03	0.23	0.80	0.98
Chlef	8.04ab	2.77abc	0.49	0.21	2.30	32.13ab	103.63abc	101.18	19.61ab	94.17ab	52.51	90.11a	79.29abc	16.04ab	86.18a	36.86
	0.14	0.06	0.04	0.01	0.28	0.67	1.65	1.77	0.98	2.04	0.51	1.34	2.02	0.71	1.98	2.42
Ain Defla	8.50defghijk	2.82abcde	0.48	0.23	2.13	32.63ab	102.45abc	101.40	19.40ab	95.78ab	53.20	93.25abc	78.43ab	15.04ab	88.06ab	38.94
	0.18	0.10	0.03	0.01	0.06	1.36	3.95	2.06	0.61	1.45	1.41	0.87	0.54	0.79	1.17	3.43

Tissemssilt	8.51efghijk	2.89bcdef	0.47	0.21	2.24	32.84ab	105.97abc	101.93	19.89ab	96.45ab	52.73	91.66ab	78.46ab	15.21ab	87.07a	38.22
	0.13	0.05	0.04	0.00	0.20	0.33	2.67	4.03	0.70	1.18	1.24	1.69	0.98	0.43	2.63	1.10
Saida	8.21abcdefg	2.81abcde	0.46	0.21	2.27	32.28ab	105.93abc	104.24	19.20ab	94.12ab	52.33	92.15abc	79.29abcd	14.86ab	88.19ab	36.26
	0.09	0.01	0.02	0.02	0.29	2.33	3.70	1.33	0.08	0.29	0.68	1.77	0.96	0.37	1.15	1.65
Mascara	8.36bcdefghijk	2.84abcdef	0.47	0.23	2.13	34.89b	99.70abc	103.62	18.95ab	94.43ab	52.41	94.88abcd	79.98abcd	15.47ab	87.84ab	38.69
	0.02	0.03	0.01	0.02	0.21	2.64	7.20	1.48	1.29	0.97	3.72	1.16	1.66	0.03	1.01	1.85
Oran	8.43cdefghijk	2.83abcdef	0.49	0.22	2.22	32.92ab	102.72abc	102.80	19.11ab	93.59ab	52.69	94.42abcd	78.87ab	16.06ab	88.55ab	38.07
	0.18	0.07	0.02	0.01	0.16	0.78	4.29	2.33	0.39	1.87	2.17	2.62	1.90	1.81	1.01	0.68
Mostaganem	8.69k	2.96f	0.51	0.23	2.19	30.96a	107.69bc	102.64	19.81ab	92.50ab	52.71	93.71abcd	80.09abcd	15.09ab	89.42ab	36.21
	0.05	0.01	0.01	0.01	0.13	0.75	2.83	1.37	0.45	1.09	0.83	1.17	1.35	0.26	0.86	1.54
Tlemcen	8.42cdefghijk	2.85bcdef	0.50	0.22	2.28	33.35ab	101.59abc	100.28	19.35ab	93.17ab	53.35	95.58bcd	77.32a	14.89ab	88.89ab	40.25
	0.07	0.03	0.04	0.01	0.12	2.49	1.58	3.39	1.13	0.97	2.06	3.55	1.89	1.01	3.82	2.07
Biskra	8.36bcdefghijk	2.89bcdef	0.51	0.21	2.19	33.68ab	100.14abc	101.93	19.84ab	96.55ab	52.43	91.69ab	78.56ab	15.22ab	87.17a	38.82
	0.11	0.05	0.03	0.02	0.24	0.73	3.35	4.03	0.70	1.18	1.34	1.69	0.98	0.43	2.63	1.10
Ghardaia	8.51efghijk	2.81abcde	0.52	0.22	2.07	31.79ab	100.46abc	104.24	19.22ab	94.12ab	52.43	92.25abc	79.39abcd	14.89ab	88.16ab	36.30
	0.13	0.01	0.02	0.02	0.15	1.18	2.10	1.33	0.08	0.29	0.68	1.77	0.96	0.37	1.15	1.65
Laghouat	8.21abcdefg	2.84abcdef	0.50	0.23	2.16	33.01ab	102.13abc	103.62	18.94ab	94.73ab	52.61	94.78abcd	79.95abcd	15.50ab	87.74ab	38.70
	0.09	0.03	0.03	0.01	0.10	0.52	1.05	1.48	1.29	0.97	3.72	1.16	1.66	0.03	1.01	1.85
El bayadh	8.51efghijk	2.83abcdef	0.50	0.24	2.31	32.68ab	101.45abc	102.80	19.11ab	93.79ab	52.59	94.42abcd	78.87ab	16.16ab	88.65ab	38.17
	0.13	0.07	0.03	0.01	0.12	0.22	3.53	2.33	0.39	1.87	2.17	2.62	1.90	1.81	1.01	0.68
Naama	8.36bcdefghijk	2.96f	0.52	0.23	2.30	32.11ab	104.46abc	102.64	19.81ab	92.50ab	52.77	93.77abcd	80.29abcd	15.19ab	89.52ab	36.29
	0.09	0.01	0.02	0.02	0.13	0.67	2.16	4.03	0.70	1.18	1.24	1.69	0.98	0.43	2.63	1.10
Adrar	8.04ab	2.85bcdef	0.54	0.24	2.55	33.61ab	100.16abc	101.93	19.89ab	96.75ab	52.83	91.66ab	78.46ab	15.21ab	87.07a	38.12
	0.14	0.03	0.03	0.02	0.18	0.73	3.35	4.03	0.70	1.18	1.24	1.69	0.98	0.43	2.63	1.10
Illizi	8.50defghijk	2.89bcdef	0.51	0.25	2.19	31.77ab	100.50abc	104.24	19.20ab	94.22ab	52.34	92.25abc	79.29abcd	14.66ab	88.29ab	36.29
	0.10	0.05	0.03	0.02	0.24	1.18	2.10	1.33	0.08	0.29	0.68	1.77	0.96	0.37	1.15	1.65
Oued Souf	8.37bcdefghijk	2.81abcde	0.54	0.26	2.06	33.08ab	102.22abc	103.62	18.99ab	94.53ab	52.41	94.98abcd	79.68abcd	15.49ab	87.74ab	38.79
	0.07	0.01	0.02	0.01	0.15	0.52	1.05	1.48	1.29	0.97	3.72	1.16	1.66	0.03	1.01	1.85
Bechar	8.04ab	2.84abcdef	0.50	0.21	2.30	32.50ab	101.43abc	102.80	19.11ab	93.69ab	52.69	94.42abcd	78.87ab	16.09ab	88.65ab	38.17
	0.14	0.03	0.03	0.01	0.10	0.22	3.53	2.33	0.39	1.87	2.17	2.62	1.90	1.81	1.01	0.68
Tassili	8.50defghijk	2.82abcde	0.44	0.24	2.30	32.23ab	104.46abc	102.64	19.71ab	92.50ab	52.71	93.51abcd	80.19abcd	15.09ab	89.72ab	36.22

	0.18	0.10	0.01	0.02	0.12	0.67	2.16	2.33	0.39	1.87	2.17	2.62	1.90	1.81	1.01	0.68

* significatif (p < 0,05); **extrêmement significatif (p< 0,01); ***Très important (P < 0,001) et +non important (p > 0,05), selon l'ANOVA à sens unique. Les moyennes, à l'intérieur d'une colonne, suivie de la même lettre ne sont pas significativement différentes à p = 0,05 selon le test HSD de Tukey. Les mesures de longueur sont exprimées en mm et d'angles en degrés. Fwl: aile, longueur; Fww: largeur de l'aile; Cub-a, b: veine cubitale, distance a, b; A4-O26: 11 Angles de l'aile.

Tableau A5 : Matrice de proximité de 30 populations d'A. mellifera en Algérie

localités	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
Sétif	0																						
Constantine	39	0																					
Guelma	116	118	0																				
Skikda	147	114	108	0																			
Annaba	117	102	88	43	0																		
Batna	93	87	17	79	67	0																	
Bechar	102	89	88	66	63	69	0																
Boumerdes	134	104	108	46	37	78	60	0															
Alger	118	93	72	60	76	46	73	76	0														
Blida	68	47	84	103	97	51	88	105	53	0													
Tipaza	166	123	101	55	61	96	92	76	96	121	0												
Biskra	76	58	43	91	87	31	76	82	49	58	114	0											
Chlef	67	52	88	49	60	61	35	57	51	59	86	49	0										
Ain Defla	82	46	75	85	88	48	80	89	52	19	94	48	44	0									
Al bayadh	106	65	80	57	83	56	74	78	58	81	68	56	56	57	0								
Saida	95	73	53	54	59	34	42	65	45	58	73	49	25	42	33	0							
Mascara	95	74	65	32	55	48	49	56	42	56	50	62	33	42	32	25	0						
Oran	86	79	41	79	64	27	58	53	49	60	94	33	51	55	73	55	60	0					

Mostaganem	183	148	122	42	59	117	73	77	106	153	46	128	72	111	84	75	53	117	0				
Tlemcen	200	147	110	47	59	95	68	67	86	122	58	121	61	87	77	44	50	105	35	0			
Medea	113	97	74	58	79	54	44	83	43	67	76	79	40	51	45	28	27	68	60	47	0		
Ghardaia	73	67	59	65	68	49	51	85	40	48	72	53	50	48	50	43	45	39	86	87	38	0	
Laghouat	50	56	58	71	65	50	49	83	70	54	71	51	37	41	54	35	42	50	85	88	57	24	0

ANNEXE II

Protocol d'extraction d'ADN selon le kit commercialisé (ZR Tissue & Insect DNA MiniPrep™)

1. Préparation des échantillons

Pour rincer les Abeilles conservées dans l'éthanol :

- Etaler les Abeilles sur un papier filtre pour un égouttage rapide.

- Disposer chaque Abeille dans un tube de 2 ml contenant 1,5 ml de Ringer.

- Mettre les tubes numérotés dans une boite de 50 et agiter fortement pendant 20 mn horizontalement.

- Etaler les Abeilles sur un papier filtre en respectant leur numéro.

- Couper les têtes et les disposer dans des tubes de 1,5 ml ; lisser les abdomens et les thorax dans des tubes de 2 ml numérotés.

2. Préparation du Ringer

Nacl : 7,5 g

KCl : 0,35 g

CaCl2 : 0,21 g

H2O distillée : 1L

Ajuster à pH 7/7,4 (quelques gouttes de NaOH 0,1N)

2. Protocole

For optimal performance, add beta-mercaptoethanol (user supplied) to the Genomic Lysis Buffer to a final dilution of 0.5% (v/v) i.e., 500 µl per 100 ml.

1. Add specimen(s) to a ZR BashingBead™ Lysis Tube. Add 750 µl Lysis Solution to the tube.

Generally, no more than 50 mg tissue should be sampled, for larger samples will exceed the

DNA binding capacity of the spin column (See Specifications on page 1). Up to 400 µl of whole blood or up to 8.5 x106 cells suspended in 200 µl PBS can also be sampled.

2. Secure in a bead beater fitted with a 2 ml tube holder assembly (e.g., Disruptor Genie™) and process at maximum speed for 10 minutes. Processing times may be as little as 40 seconds when using high-speed cell disrupters (e.g., the portable Xpedition™ Sample Processor, page 5, FastPrep®-24 or similar). See manufacturer's literature for operating information.

3. Centrifuge the ZR BashingBead™ Lysis Tube in a microcentrifuge at ≥10,000 x g for 1 minute.

4. Transfer up to 400 µl supernatant to a Zymo-Spin™ IV Spin Filter (orange top) in a collection Tube and centrifuge at 7,000 rpm (~ 7,000 x g) for 1 minute.

5. Add 1,200 µl of Genomic Lysis Buffer to the filtrate in the Collection Tube from step 4 and mix.

6. Transfer 800 µl of the mixture from Step 5 to a Zymo-Spin™ IIC Column in a collection Tube and centrifuge at 10,000 x g for 1 minute.

7. Discard the flow through from the Collection Tube and repeat Step 6.

8. Add 200 µl DNA Pre-Wash Buffer to the Zymo-Spin™ IIC Column in a new collection Tube and centrifuge at 10,000 x g for 1 minute.

9. Add 500 µl g-DNA Wash Buffer to the Zymo-Spin™ IIC Column and centrifuge at 10,000 x g for 1 minute.

10. Transfer the Zymo-Spin™ IIC Column to a clean 1.5 ml microcentrifuge tube and add 50 µl (25 µl minimum) DNA Elution Buffer directly to the column matrix.

Centrifuge at 10,000 x g for 30 seconds to elute the DNA.

L'AND est près pour les amplifications