

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

Table des matières

Abréviations

Liste de figures

Liste des tableaux

INTRODUCTION.....	1
Revue bibliographique	3
Chapitre I. Introduction sur l'abeille <i>Apis mellifera</i> en Algérie	4
1.1. Origine et histoire de l'abeille <i>Apis mellifera</i>	4
1.1.1. Évolution et domestication de l'abeille <i>Apis mellifera</i>	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 <i>Apis mellifera intermissa et sahariensis</i> en Algérie	11
2.1. Caractéristiques morphologiques des sous-espèces <i>Apis mellifera intermissa et sahariensis</i> .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 <i>Apis mellifera intermissa et sahariensi</i> 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 tRNA ^{Leu} -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

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 ($h = 0,478 \pm 0,057$). 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 mellifera lamarckii*, *Apis Mellifera intermissa*, *Apis mellifera sahariensis* and *Apis mellifera 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 mitochondrial 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 غرار *Apis mellifera lamarckii* ، *Apis mellifera intermissa* ، *Apis mellifera sahariensis* ، و *Apis mellifera major* ، إلا أن توزيعها في المنطقة لا يزال غير مفهوماً تماماً ويمكن أن يعتبر مشكوكاً فيه. في الجزائر، تم الإشارة إلى تحت النوعين *Apis mellifera intermissa* و *Apis mellifera sahariensis*. يتنشر *Apis mellifera intermissa* النحل التالي 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 الاعتيان السابقة. تم معاينة العينات بالاعتماد على التحليل المورفومتري النموذجي وتحليل تغيرات ADNmt باستخدام تضخيم المنطقة tRNA leu-COX-2 متبوعة بهضم باستعمال إنزيم DraI. في تحليل المكونات الرئيسية (ACP) من البيانات المورفومترية، تشكل المستعمرات مجموعة واحدة. وقد أظهرت أيضاً 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 جغرافياً. هذا يشير إلى تغيرات أكبر في القد بين النحل المدروس .

وقد تم إجراء اختبارات DNA في 30 منطقة. وقد تم تحديد ثلاثة أنماط أحادية ميتوكوندرية، التي تم اكتشافها في وقت سابق في الجزائر، والتي تنتمي إلى الخط الميتوكوندرية الأفريقي، (A: A1 (n = 62)، A8 (n= 70)، A9 (N = 15)، بالإضافة إلى نمط أحادي رابع (A13 (n + 1) ، الذي لم يتم اكتشافه سابقاً في الجزائر. كان الفرق المتزايد للنمط الأحادي ضعيفاً. ($h = 0.478 \pm 0.057$) 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.