



République Algérienne Démocratique et Populaire

Ministère de l'Enseignement Supérieur

Et de la Recherche Scientifique

Université de Tissemsilt



Institut des Sciences de la Nature et de la Vie

Département Des Sciences Agronomique De Foresterie Et Environnement

Mémoire de fin d'études pour l'obtention du diplôme

De Master académique en

Filière : Sciences Agronomiques

Spécialité : Production Animale

Présenté par :

-BENKAMELA MOHAMED

- BOUHACIDA YACINE

Thème

**PERSPECTIVES D'AMELIORATION GENETIQUE DE LA PRODUCTIVITE DE L'ABEILLE
DOMESTIQUE *APIS MELLIFERA INTERMISSA***

Soutenu. juin 2026

Devant le Jury :

M GUENAOUI MOHAMED	Président	MCA	Univ-Tissemsilt
M CHAHBAR MOHAMED	Promoteur	MCA	Univ-Tissemsilt
Melle. HENNI ASMA	Examinatrice	DOCTEUR	Univ-Tissemsilt

Année universitaire : 2025-2026

Remerciements

Tel un essaim en symphonie féconde, ce mémoire doit sa lumière à l'élan collectif de cœurs et d'institutions inspirants.

À notre directeur de mémoire, Monsieur **Chahbar Mohamed**, nous témoignons notre gratitude fervente pour sa guidance lumineuse et ses préceptes sages qui ont tracé notre danse scientifique.

Avec une déférence profonde, nous adressons nos remerciements aux illustres membres du jury :

- Monsieur **Guentaoui Mohamed**, Maître de Conférences Classe A, qui honore cette soutenance de sa présidence ;
- Docteur **Henni Asma**, examinatrice, qui scrutera avec finesse cette humble récolte.

Aux apiculteurs des ruchers des wilayas de Tlemcen, Mascara et Sidi Bel Abbès, gardiens ardents du savoir-miel, dont l'expertise passionnée a permis de butiner les données essentielles — piliers d'or de ce succès.

À l'Université de Tissemsilt, au Département des Sciences de la Nature et au laboratoire de recherche : merci pour les ailes logistiques et le pollen financier prodigués.

À vous toutes et tous, artisans de cette alvéole : nos cœurs butinent votre générosité éternelle.

.

Dédicace

À Ma Mère, A Mon Père, A Mes Frères, A Mes Sœurs, A Mon Epouse Et A Mes Enfants,

À Vous Qui Avez Porté Mes Doutes, Partagé Mes Espoirs Et Célébré Mes Progrès, J'offre Ce Mémoire En Signe De Reconnaissance Et D'affection.

À Ma Mère **Fatima**, Pour Son Amour Lumineux, Ses Sacrifices Silencieux Et Sa Sagesse Constante;

À Mon Père, **Lakhdar**, Pour Sa Constance, Sa Patience Et La Confiance Qu'il M'a Toujours Témoignée;

À Mes Frères, **Djallel, Youcef Et Billal**, Pour Leur Soutien Fidèle Et Leur Encouragement;

À Mes Sœurs, Pour Leur Complicité, Leur Présence Attentive Et Leur Chaleur;

À Mon Epouse, Pour Son Amour, Sa Patience Quotidienne Et Son Soutien Indéfectible;

À Mes Enfants, **Alaa Rihabe, Youcef Abdelmadjid Et Lilia Razane**, Pour La Joie, La Force Et L'inspiration Qu'ils M'offrent Chaque Jour.

Sans Vous, Ce Chemin N'aurait Pas La Même Signification.

Veuillez Recevoir L'expression De Ma Plus Profonde Gratitude.

Benkamela Mohamed

À Ma Mère, A La Mémoire De Mon Père, A Mes Frères Et A Mes Sœurs,

À Vous Qui Avez Porté Mes Silences Et Célébré Mes Pas, J'offre Ce Travail Comme Un Humble Hommage.

Maman **Denia**, Pour Ton Amour Qui Eclaire Mes Nuits, Tes Sacrifices Infinis Et Ta Sagesse Qui M'a Guidé A Chaque Etape; Merci D'avoir Eté Mon Refuge Et Ma Force.

À La Mémoire De Mon Père **Abbes**, Dont L'exemple De Droiture, La Constance Et La Patience Continuent D'inspirer Chacune De Mes Actions; Que Ce Mémoire Garde La Trace De Son Regard Bienveillant Et De Sa Confiance Inébranlable.

À Mes **Frères Moustafa, Ali, Samire**, Pour Leur Fidélité Et Leurs Encouragements;

À Mes Sœurs, Pour Leur Complicité, Leur Soutien Et Les Instants Partagés.

Je Vous Adresse Ma Plus Profonde Gratitude.

Bouhacida yacine

À Mon Professeur, M. **CHEHBAR MOHAMED**,

Votre Compétence, Vos Orientations Pertinentes Et Votre Engagement Constant Envers Ma Formation Ont Eté Essentiels A La Réalisation De Ce Travail. Je Vous Exprime Ma Sincère Gratitude Pour Votre Précieux Mentorat.

À mon soutien, **Dr SI LARBI TAYEB**,

Votre appui et vos encouragements ont été une source d'inspiration tout au long de ce parcours. Chaque échange et chaque moment partagé m'ont apporté un réconfort précieux dans les instants les plus intenses. Je vous adresse mes sincères remerciements.

Sommaire

TABLE DES MATIÈRES

Pages préliminaires	
Remerciements	-
Dédicace	-
Sommaire	-
Liste des tableaux	-
Liste des figures	-
Liste des abréviations	-
Introduction.....	1
CHAPITRE I : Bio- écologie et enjeux sanitaires d'<i>Apis mellifera intermissa</i> en Algérie	6
Introduction	6
1. BIO-ÉCOLOGIE DE L'ABEILLE DOMESTIQUE ET SPÉCIFICITÉS GÉNÉTIQUES D'<i>Apis mellifera intermissa</i>	7
1.1. Position systématique et structure phylogénétique des lignées évolutives	7
1.1.1. Menaces: hybridation et transhumance	10
1.1.2. Homogénéité relative et variations intra-populationnelles	10
1.1.3. Importance et menaces pour <i>A. m. intermissa</i> en Algérie	10
1.1.4. Approches récentes : morphométrie géométrique + génomique	11
1.2. Caractérisation de l'abeille tellienne (<i>Apis mellifera intermissa</i>)	12
1.3. Adaptations écologiques et comportementales	16
2. ENJEUX SANITAIRES CHEZ L'ABEILLE	19
2.1. Nosémose (<i>Nosema apis</i> et <i>Nosema ceranae</i>)	19
2.2. Varroose (<i>Varroa destructor</i>)	21
2.3. Comportement hygiénique comme mécanisme de défense	21
2.4. Impact des maladies sur la productivité et la survie colonial	22
Conclusion du chapitre I	24
CHAPITRE II : Relations génétiques et stratégies sélectives pour l'amélioration d'<i>Apis mellifera intermissa</i>	29
Introduction	29
1.1. LES GÈNES LIÉS À LA PRODUCTIVITÉ	30
1.1.1. Interaction gène×environnement : clé de la plasticité productive	31
1.1.2. Impact des stress environnementaux sur l'expression génique	32
1.2. Les gènes du comportement et de la résistance	33
1.2.1 Contexte spécifique à <i>A. m. intermissa</i> en Algérie	36
1.2.2 Immunité sociale et tolérance aux maladies	37
1.2.3 Stratégie sélective équilibrée pour <i>Apis mellifera intermissa</i>	39
2. ANALYSE DES CORRÉLATIONS GÉNÉTIQUES ET PHÉNOTYPIQUES	40
2.1. SYNERGIE ENTRE DOUCEUR ET HAUTE PRODUCTIVITÉ	43
2.2. Antagonismes génétiques et compromis évolutifs	43
3. Fondements de l'amélioration génétique en apiculture	43

3.1. Principes de la sélection apicole	43
3.2. Sélection massale et sélection dirigée	45
3.3. Héritabilité des caractères et efficacité de la sélection	49
3.4. Critères de sélection chez l'abeille	52
3.4.1 Critères de productivité	52
3.4.2 Critères comportementaux	54
3.4.3 Critères de résistance et de santé	55
4.1. Mécanismes de l'accouplement naturel	58
4.1. 1 Regroupement des mâles dans les aires de congrégation (<i>DCA</i>)	58
4.1.2 Vol nuptial royal	59
4.1.3 Accouplement aérien	59
4.1.4 Stockage spermatique dans la spermathèque :	60
4.1.5 Polyandrie chez <i>A. m. intermissa</i> : Avantages et solutions	61
4.2. L'insémination instrumentale : technique et protocoles	61
4.2. 1. Préparation royale	62
4.2. 2. Récolte du sperme	62
4.2. 3. Préparation du matériel inséminatoire	62
4.2. 4. Protocole d'insémination artificielle	62
4.2. 5. Suivi post- insémination	63
4.3. Analyse comparative de l'insémination artificielle	65
5. Stratégies sélectives adaptées à l'Algérie	66
5.1. Recommandations stratégiques pour l'Algérie	66
5.2. Protocole de sélection équilibrée	68
5.3. Résultats attendus après 3–5 générations	69
Conclusion du chapitre II	70
Chapitre III : Matériels et méthode	71
1 -Matériel utilisé sur le terrain	71
2- Matériel de laboratoire	71
3-Échantillonnage et dissection	72
4. Préparation des échantillons	76
5. Traitement morphométrique	76
6. Analyses statistiques	76
6.1 Analyse descriptive	76
6.2 Analyse de variance	77
6.4 Caractères discriminants (PROC STEPDISC)	77
6.5 Analyse en composantes principales (ACP - PROC PRINCOMP)	77

6.6 Analyse discriminante canonique (CANDISC)	77
6.7 Distances multivariées de Mahalanobis	78
6.8 Statistiques multivariées	78
6.9 Coefficients canoniques et moyennes de classe	78
Chapitre IV : Résultats et discussion	80
Introduction	80
Partie 1 : Analyses descriptives et univariées	80
4.1 Statistiques descriptives des cohortes	80
4.1.1 Cohorte à forte productivité (N = 81 ouvrières)	80
4.1.2 Cohorte à faible productivité (N = 71 ouvrières)	81
4.1.3 Interprétation des statistiques descriptives	82
4.2 Modélisation des effets univariés et pouvoir explicatif des caractères (GLM)	82
4.2.1 Résultats et hiérarchie des caractères	83
4.2.2 Diagnostics des modèles	83
4.2.3 Interprétation synthétique	84
Partie 2 : Analyses multivariées et discrimination	84
4.3 Corrélations de Pearson entre morphométrie et productivité	84
4.4 Procédure STEPDISC: Identification des caractères discriminants	85
4.4.1 Sélection pas à pas des variables discriminantes	85
4.4.2 Critères principaux de sélection : LP et WT	86
4.4.3 Descriptif de la variable cible POTENTIEL et caractéristiques de l'échantillon	87
4.4.4 Paramètres de la procédure STEPDISC	87
4.4.5 Analyse structurale SSCP et intercorrélations	88
4.5 Analyse discriminante canonique (PROC CANDISC)	91
4.5.1 Corrélations canoniques et valeurs propres	91
4.5.2 Test de signification globale (H_0)	92
4.5.3 Interprétation	92
4.6 Distances multivariées de Mahalanobis	93
4.6.1 Magnitude de la distance (D^2)	93
4.6.2 Validation par le test de F	93
4.6.3 Interprétation	94
4.7 Statistiques multivariées (MANOVA)	94
4.7.1 Critères multivariés	95
4.7.3 Seuil de confiance	96
4.7.4 Interprétation	96
4.8 Coefficients canoniques et moyennes de classe	96

4.8.2 Moyennes de classe (centroïdes)	97
4.8.3 Interprétation	98
4.9 Synthèse des résultats du Chapitre IV	99
Discussion	102
Conclusion générale et perspectives	110
Référence	114

Liste Des Tableaux

Tableau 1 -Les quatre lignées évolutives d' <i>apis mellifera</i> et leurs caractéristiques généto-phénotypiques	7
Tableau 2 -position systématique et répartition des deux sous-espèces d' <i>apis mellifera</i> en Algérie	9
Tableau 3 -Variation des paramètres morphométriques d' <i>Apis mellifera intermissa</i> dans le nord Algérien (2011-2013)	14
Tableau 4 - Épidémiologie des principales pathologies d' <i>Apis mellifera intermissa</i> en Algérie	23
Tableau 5 - Caractères de productivité et gènes associés chez <i>Apis mellifera</i>	30
Tableau 6 - Gènes et caractères liés au comportement/résistance chez <i>Apis mellifera</i>	38
Tableau 7 - Corrélations génétiques principales entre caractères prioritaires chez <i>Apis mellifera</i>	41
Tableau 8 - Synthèse comparative des méthodes de sélection massale et dirigée en apiculture	49
Tableau 9 - Paramètres génétiques typiques estimés en apiculture (héritabilité h^2 , corrélations)	50
Tableau 10 - stratégies de sélection selon l'héritabilité (h^2) en apiculture	51
Tableau 11 - Contexte algérien : Cinq maladies figurent sur la liste des maladies à déclaration obligatoire en Algérie (selon le décret exécutif n°95-66 du 15 février 1995)	57
Tableau 12 - Critères de sélection des colonies d'abeilles	57
Tableau 13 - Analyse comparative des avantages et limites de l'insémination artificielle	65
Tableau 14 - Compromis biologiques et sélection équilibrée	67
Tableau 15 - Gains attendus après 3–5 générations de sélection équilibrée pour <i>A. m. intermissa</i>	69
Tableau 16. Récapitulatif des statistiques descriptives des caractères morphométriques mesurés chez les deux groupes d' <i>Apis mellifera intermissa</i>	82
Tableau 17 — Indicateurs de modélisation univariée et coefficients de détermination par variable ...	83
Tableau 18 — Coefficients de corrélation de Pearson entre caractères morphométriques et les rendements en miel	85
Tableau 19 — Matrice de synthèse des procédures statistiques univariées et multivariées.....	100

LISTE DES FIGURES

Figure 1 -Aire de répartition et lignées phylogénétiques <i>d'apis mellifera</i> (26 sous-espèces)	8
Figure 2 -Aires de répartition géographique <i>d'apis mellifera intermissa</i> et <i>A..m.sahariensis</i> en afrique du nord	9
Figure 3 -Ouvrière <i>d'Apis mellifera intermissa</i> en activité de butinage	12
Figure 4 -Schémas des différents caractères morphométriques mesurés sur les abeilles échantillonnées (Fresnay 1981)	13
Figure 5 - Analyse factorielle discriminante (AFD) des populations <i>d'Apis mellifera intermissa</i> sur le plan (F1 × F2)	15
Figure 6 - Thermorégulation de la colonie d' <i>Apis Mellifera</i> observée par thermographie infrarouge Température du couvain maintenue entre 34–36 °C.	16
Figure 7 - Organisation spatiale du couvain, du pollen et des réserves de miel dans la colonie d' <i>Apis Mellifera</i>	17
Figure 8 - Rôle des abeilles dans la pollinisation des cultures et la préservation de la biodiversité végétale Transfert de pollen entre fleurs et impact sur la production agricole.	19
Figure 9 - <i>Nosema ceranae</i> dans intestin abeille (x1000)	20
Figure 10 - Infestation par <i>Varroa destructor</i> et comportement hygiénique des abeilles Grooming et élimination du couvain parasité.	21
Figure 11 - Prévalence <i>Nosema spp.</i> Chez <i>A. m. intermissa</i> (11 wilayas Algériennes)	23
Figure 12 - Principe de sélection apicole basé sur l'évaluation phénotypique des colonies et la reproduction contrôlée des reines sélectionnées	44
Figure 13 - Station de fécondation isolée pour contrôle des accouplements royaux Limitation des flux génétiques non désirés.	47
Figure 14 - Localisation des stations de fécondation contrôlée et des zones de sélection de l'abeille locale en Algérie.	48
Figure 15 - Représentation schématique des aires de congrégation des faux-bourçons (<i>Drone Congregation Areas, DCA</i>)	59
Figure 16 - Mécanisme d'accouplement aérien chez <i>Apis mellifera</i>	60
Figure 17 - Structure et état physiologique de la spermathèque chez la reine d' <i>Apis mellifera</i>	61
Figure 18 - Technique d'insémination instrumentale des reines d' <i>Apis mellifera</i>	63
Figure 19 - Schéma détaillé de l'insémination instrumentale chez l'abeille	64

Figure 20 - Schéma du dispositif d'insémination instrumentale	65
Figure 21 -Équipement de protection individuelle en apiculture (combinaison et gants).	71
Figure 22 - Microscope digital. Photo originale.	72
Figure 23 - les ruches destinées pour la production de miel (Original).	73
Figure 24 - scanne des échantillons	74
Figure 25 : l'aile -FL : largeur, FB : longueur (RUTTNER, 1978)	75
Figure 26 : patte Fe largeur de fémur, Ti longueur de tibia, ML longueur de métatarse, MT largeur de métatarse (RUTTNER, 1978)	75
Figure 27 : longueur de proboscis (RUTTNER, 1978)	75
Figure 28 : L6 transversale, Tergite 6 L6 longitudinale (RUTTNER, 1978)	76
Figure 29 : Sternite 3 S3 diamètre longitudinal, WL largeur de miroir, WT largeur de miroir, WD distance entre les miroirs (RUTTNER, 1978)	76
Figure 30 : largeur des tergites (3) et (4)	76
Figure 31 - Projection spatiale et distribution des scores individuels des colonies <i>d'Apis mellifera intermissa</i> sur l'axe discriminant canonique (Can1).....	98

Liste des abréviations et sigles

Abréviations biologiques et apicoles

- **A. m.** — *Apis mellifera*
- **A. m. intermissa** — *Apis mellifera intermissa*
- **A. m. sahariensis** — *Apis mellifera sahariensis*
- **COV** — Composés Organiques Volatils
- **DWV** — Deformed Wing Virus (virus des ailes déformées)
- **G×E** — Interaction Gène- Environnement
- **GABA** — Acide gamma- aminobutyrique
- **HSP70** — Heat Shock Protein 70
- **HYG** — Comportement hygiénique
- **INRAE** — Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement
- **IAPV** — Israeli Acute Paralysis Virus
- **MRJP** — Major Royal Jelly Proteins
- **OBP** — Odorant Binding Proteins (protéines liantes d'odeurs)
- **Or** — Récepteurs olfactifs
- **PCR** — Polymerase Chain Reaction (réaction en chaîne par polymérase)
- **SNP** — Single Nucleotide Polymorphism
- **VSH** — Varroa Sensitive Hygiene

Abréviations statistiques et mathématiques

- **ACP** — Analyse en composantes principales
- **AFD** — Analyse factorielle discriminante
- **ANOVA** — Analyse de variance
- **CANDISC** — Analyse discriminante canonique
- **DLL** — Degrés de liberté
- **D²** — Distance de Mahalanobis au carré
- **F** — Statistique de Fisher (Snedecor)
- **h²** — Héritabilité au sens étroit
- **MANOVA** — Analyse de variance multivariée

- **N** — Effectif
- **p-value** — Probabilité critique
- **R²** — Coefficient de détermination
- **rg** — Corrélation génétique
- **rp** — Corrélation phénotypique
- **σ_p** — Écart-type phénotypique
- **ΔG** — Progrès génétique
- **α** — Seuil de signification

Abréviations morphométriques (unités en mm)

- **FE** — Longueur du fémur
- **LP** — Longueur de la langue (proboscis)
- **ML** — Longueur du métatarse (basitarse)
- **MT** — Largeur du métatarse
- **TI** — Longueur du tibia
- **WL** — Longueur de l'aile antérieure
- **WD** — Largeur de l'aile antérieure
- **T3** — Longueur du tergite 3
- **T4** — Longueur du tergite 4
- **LT3** — Largeur du tergite 3
- **LT4** — Largeur du tergite 4
- **S3** — Diamètre longitudinal du sternite 3
- **WT** — Largeur du miroir de cire du sternite 3

Introduction

INTRODUCTION

Dans les écosystèmes agro-écologiques, les insectes pollinisateurs assurent une part essentielle de la production agricole ($\approx 75\%$ des cultures) et représentent une valeur économique de 153 milliards d'euros/an. L'abeille domestique *Apis mellifera* joue un rôle central dans la pollinisation et constitue une ressource économique importante par la production de miel, cire, propolis et gelée royale (Klein *et al.*, 2007; Potts *et al.*, 2010).

En Algérie, deux sous-espèces d'abeilles sont présentes : *Apis mellifera intermissa* (abeille tellienne) et *Apis mellifera sahariensis* (abeille saharienne) (HAMI, 2024). La première, décrite par Buttel-Reepen (1906), est la principale abeille utilisée en apiculture. Elle est répandue dans la région nord et centrale du pays (région tellienne), tandis que la seconde est limitée aux oasis du sud. Adaptée aux conditions méditerranéennes telliennes, *A. mellifera intermissa* présente une affinité génétique avec le clade africain tout en affichant des traits morphologiques méditerranéens. Les rendements actuels en Algérie (8–12 kg/colonie/an) restent inférieurs à ceux observés en Méditerranée européenne (20–30 kg/colonie/an), ce qui souligne un potentiel réel d'amélioration génétique (Berkani *et al.*, 2005; Wallberg *et al.*, 2014).

La durabilité de la filière repose sur l'équilibre entre productivité, adaptation environnementale et résistance aux contraintes sanitaires. Des programmes de sélection rigoureux ont montré la possibilité d'améliorer simultanément productivité et rusticité, avec des gains de productivité documentés sur 3–5 générations (Frère Adam, 1983; Büchler *et al.*, 2013), mais ces acquis restent menacés par l'intensification des pressions sanitaires et des changements environnementaux récents (Büchler *et al.*, 2013; Meixner *et al.*, 2020). 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, particulièrement de l'abeille saharienne (HAMI, 2024).

Parmi les menaces sanitaires, la nosérose (*Nosema apis* et *Nosema ceranae*) (Chahbar *et al.*, 2017) et l'acarien *Varroa destructor* exercent une pression notable sur les colonies ; des études moléculaires récentes confirment la présence de ces agents en Algérie (Kidoud *et al.*, 2023). À l'inverse, le comportement hygiénique élevé observé chez *A. m. intermissa* contribue à une réduction du risque sanitaire et constitue un caractère d'intérêt pour la sélection (Adjlane *et al.*, 2022).

Malgré ces connaissances, les pratiques apicoles locales demeurent majoritairement empiriques, et les classifications subjectives des colonies (fortes, moyennes, faibles) entravent la

Introduction

mise en œuvre de programmes de sélection efficaces (Kistler, 2025; Benabbas Hadjer, 2024). En Algérie, le rendement moyen des colonies reste très faible, souvent inférieur à 10 kg par ruche et par an, ce qui contraste nettement avec les rendements observés en Europe (20-30 kg/colonie/an) (Benabbas Hadjer, 2024; HAMI, 2024). Cette approche empirique s'oppose aux programmes de sélection modernes, qui requièrent des mesures quantitatives précises et des évaluations standardisées (Büchler *et al.*, 2013; Kistler, 2025). L'absence de critères standardisés, objectifs et quantifiables constitue un frein majeur à l'amélioration génétique durable. De plus, des initiatives récentes, comme le projet d'amélioration lancé à Oran en 2024, montrent un intérêt institutionnel pour structurer l'amélioration de la population locale (Ministère de l'Agriculture et du Développement rural, 2024).

Ce mémoire vise à combler ce déficit méthodologique en proposant des critères de sélection objectifs et mesurables pour accroître la productivité de l'abeille tellienne sans compromettre son adaptabilité. La problématique centrale est la suivante : comment définir et structurer des critères de sélection pertinents permettant de discriminer efficacement les colonies d'*A. m. intermissa* selon leur potentiel productif et adaptatif, afin d'orienter des actions d'amélioration génétique adaptées au contexte agro-écologique algérien ?

Nous formulons trois hypothèses : (i) une sélection ciblée peut augmenter la production de miel sans compromettre la rusticité si elle est conduite rigoureusement; (ii) certains traits morphométriques (par exemple, paramètres de l'aile antérieure) sont corrélés à la productivité; (iii) l'intégration de critères standardisés facilite une amélioration génétique durable. Ces hypothèses s'appuient sur des travaux antérieurs et sur des études récentes en morphométrie géométrique qui montrent des variations intra-populationnelles liées à l'écologie locale (Benghalem *et al.*, 2023; Khedim *et al.*, 2024).

Le but principal de cette étude est d'identifier et proposer des critères de sélection fiables pour améliorer la productivité de l'abeille tellienne. Les objectifs sont de : (1) analyser comparativement les colonies selon leurs niveaux de production pour identifier caractères discriminants; (2) formuler des recommandations pratiques pour la mise en place de programmes de sélection adaptés au contexte local.

L'étude sera conduite dans des wilayas représentatives du milieu tellien méditerranéen du Nord-Ouest algérien. Un échantillonnage couvrant la variabilité environnementale et les systèmes apicoles locaux sera suivi sur une saison apicole pour collecter indicateurs productifs, mesures

Introduction

morphométriques et données sanitaires; les détails méthodologiques sont exposés dans la section Matériels et Méthodes.

La démarche combine mesures productives précises, analyses morphométriques classiques et traitements statistiques visant à identifier les caractères les plus informatifs pour la sélection. En contribuant à la définition de critères standardisés et opérationnels, ce travail participe à la valorisation durable des ressources génétiques apicoles nationales et à l'amélioration des performances de la filière tout en préservant l'adaptabilité d'*A. m. intermissa* face aux contraintes environnementales et sanitaires (Meixner *et al.*, 2020; Aizen *et al.*, 2019).

Ce présent document a été divisé en 3 parties, avec 5 chapitres. Le premier chapitre porte sur la bio-écologie et les enjeux sanitaires d'*Apis mellifera intermissa* en Algérie, Le second chapitre traite des relations génétiques et des stratégies sélectives pour l'amélioration d'*Apis mellifera intermissa*. Le troisième chapitre expose le matériel et les méthodes utilisés dans cette étude. Le quatrième chapitre présente les résultats. Enfin, le cinquième chapitre discute des résultats obtenus et présente la conclusion générale accompagnée des perspectives de recherche et recommandations pratiques pour la sélection durable de l'abeille tellienne en Algérie.

Partie bibliographique

Chapitre I

Bio- Ecologie Et
Enjeux Sanitaires
d'Apis Mellifera
Intermissa En Algérie

CHAPITRE I : Bio-écologie et enjeux sanitaires d'*Apis mellifera intermissa* en Algérie**Introduction**

L'abeille domestique *Apis mellifera* joue un rôle central dans les écosystèmes et l'agriculture par sa pollinisation, soutenant la biodiversité végétale et la production des cultures entomophiles, et produisant des ressources économiques (miel, cire, propolis, pollen, gelée royale). En Algérie, la sous-espèce autochtone *Apis mellifera intermissa* (abeille tellienne) s'est adaptée à des conditions climatiques contrastées, du littoral méditerranéen aux zones steppiques et semi-arides du Tell intérieur. Sa rusticité, sa tolérance aux chaleurs >45 °C et ses comportements (faible propension au pillage, thermorégulation efficace) en font une ressource génétique stratégique pour l'apiculture nationale. L'étude d'*A. m. intermissa* requiert une approche intégrée : position au sein du complexe *A. mellifera* (lignées A–O), relations phylogénétiques avec *A. m. sahariensis*, mécanismes d'adaptation (cuticule sombre, ajustements métaboliques) et diversité intra-populationnelle façonnée par le milieu et l'histoire (Nord-Ouest vs Centre). La santé des colonies — *varroose*, *nosémose*, *loque européenne* — influence le couvain, la longévité des ouvrières et la stabilité des ruches; le comportement hygiénique constitue une défense naturelle essentielle. Ce chapitre pose les bases biologiques, écologiques et sanitaires nécessaires à la caractérisation, la valorisation et la sélection d'*A. m. intermissa* face au changement climatique et aux risques de dilution génétique.

1. BIO-ÉCOLOGIE DE L'ABEILLE DOMESTIQUE ET SPÉCIFICITÉS GÉNÉTIQUES D'*Apis mellifera intermissa*

1.1. Position systématique et structure phylogénétique des lignées évolutives

Sur le plan taxonomique, l'abeille domestique appartient au **royaume** Animalia, au **phylum** Arthropoda, à la **classe** Insecta, à l'**ordre** Hymenoptera et à la **famille** Apidae (Winston, 1987). Au sein de l'espèce *Apis mellifera*, plusieurs **sous-espèces** sont reconnues, organisées phylogénétiquement en quatre **lignées** évolutives mitochondriales distinctes : la lignée africaine (A), la lignée ouest-européenne (M), la lignée sud-est européenne (C) et la lignée orientale (O) (Ruttner, 1988 ; Wallberg *et al.*, 2014 ; Whitfield *et al.*, 2006).

Ces lignées constituent des **clades** monophylétiques séparés, dont la divergence remonte à environ 300 000 ans selon les analyses phylogénomiques contemporaines (Wallberg *et al.*, 2014). *Apis mellifera intermissa* se classe dans le clade africain (A), identifié par l'haplotype mitochondrial A1 caractéristique (Ruttner, 1988 ; Zayed & Robinson, 2012).

Tableau 1-Les quatres lignées évolutives d'*apis mellifera* et leurs caractéristiques généto-phénotypiques

Lignée	Code	Zone géographique principale	Sous-espèces représentatives	Caractéristiques génétiques et phénotypiques
Africaine	A	Afrique (subsaharienne et du Nord)	<i>A. m. intermissa</i> , <i>A. m. sahariensis</i> , <i>A. m. scutellata</i> , <i>A. m. capensis</i> , <i>A. m. adansonii</i>	Haplotype mitochondrial A, tempérament agressif, forte propension à l'essaimage, adaptation génétique à la chaleur (Ruttner, 1988 ; Wallberg <i>et al.</i> , 2014)
Ouest-européenne	M	Europe de l'Ouest et du Nord (Portugal → Scandinavie)	<i>A. m. mellifera</i> (abeille noire), <i>A. m. iberica</i>	Haplotype mitochondrial M, espèce robuste, adaptée au climat tempéré-froid, tempérament calme (Ruttner, 1988 ; Whitfield <i>et al.</i> , 2006)
Sud-est européenne	C	Europe du Sud-Est (Italie, Slovénie, Grèce, Balkans)	<i>A. m. ligustica</i> (italienne), <i>A. m. carnica</i> (carniolienne)	Haplotype mitochondrial C, productivité élevée, tempérament doux, forte activité printanière (Ruttner, 1988 ; Harpur <i>et al.</i> , 2014)
Orientale	O	Moyen-Orient, Asie mineure, Caucase, Levant	<i>A. m. syriaca</i> , <i>A. m. anatoliaca</i> , <i>A. m. caucasica</i>	Haplotype mitochondrial O, bonne adaptation aux climats continentaux/arides, résistance génétique aux pathogènes (Ruttner, 1988 ; Wallberg <i>et al.</i> , 2014)



Figure 1-Aire de répartition et lignées phylogénétiques d'*Apis mellifera*(26 sous-espèces)

L'aire naturelle d'*Apis mellifera* couvre Afrique, Europe, Proche-Orient avec 4 lignées principales (Ruttner, 1988 ; Wallberg *et al.*, 2014)

Légende :

- Rouge : Lignée M (Europe Ouest)
- Bleu : Lignée C (Europe Sud-Est)
- Vert : Lignée O (Moyen-Orient)
- Jaune : Lignée A (*A. m. intermissa* Afrique)

Source : Adapté de Ruttner (1988), Wallberg *et al.* (2014).

L'origine évolutive d'*Apis mellifera* remonte à 6–9 millions d'années, lorsqu'elle a divergé d'*Apis cerana* en Asie. La colonisation de l'Afrique, du Moyen-Orient et de l'Europe s'est ensuite déroulée, avec une divergence entre les lignées A, M, C et O survenue il y a 0, 7–1, 3 million d'années. La différenciation intra-lignée plus récente (13 000–38 000 ans) est liée aux cycles climatiques du Pléistocène et aux vagues de migration successives depuis l'Afrique vers l'Europe et le Moyen-Orient (Wallberg *et al.*, 2014; Whitfield *et al.*, 2006).

La sous-espèce *Apis mellifera intermissa* appartient à la lignée africaine (A) et représente l'extrémité nord du rameau A, ayant colonisé les zones méditerranéennes après migration depuis l'Afrique subsaharienne (Ruttner, 1988 ; Whitfield *et al.*, 2006).

Répartition en Algérie:

En Algérie, deux sous-espèces d'*Apis mellifera* sont officiellement reconnues (Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024) : *Apis mellifera intermissa* et *Apis mellifera sahariensis*.

TABLEAU 2-position systématique et répartition des deux sous-espèces d'*apis mellifere* en Algérie

Sous-espèce	Nom commun	Aire de répartition principale	Caractéristiques morphologiques distinctives
<i>A. m. intermissa</i>	Abeille tellienne / abeille noire du Tell	Région nord et centrale (Atlas tellien, jusqu'au nord du Sahara) Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024	Grande taille corporelle, couleur foncée à noire, indice cubital élevé (2,0–2,4), tempérament agressif, forte propension à l'essaimage (Hali, 2023 ; Benabbas Taieb, 2024 ; Berkani <i>et al.</i>, 2005)
<i>A. m. sahariensis</i>	Abeille saharienne	Oasis du sud-ouest (Monts des Ksour, Aïn Séfra, Béchar, Touat, Gourara) Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024	Taille plus petite, coloration jaune ochracée, indice cubital élevé, tempérament doux, excellente adaptation à l'aridité extrême (Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024 ; Berkani <i>et al.</i>, 2005)

Source : Adapté de **Ruttner (1988)** et **Benkhellouf & Loucif-Ayad (2024)**

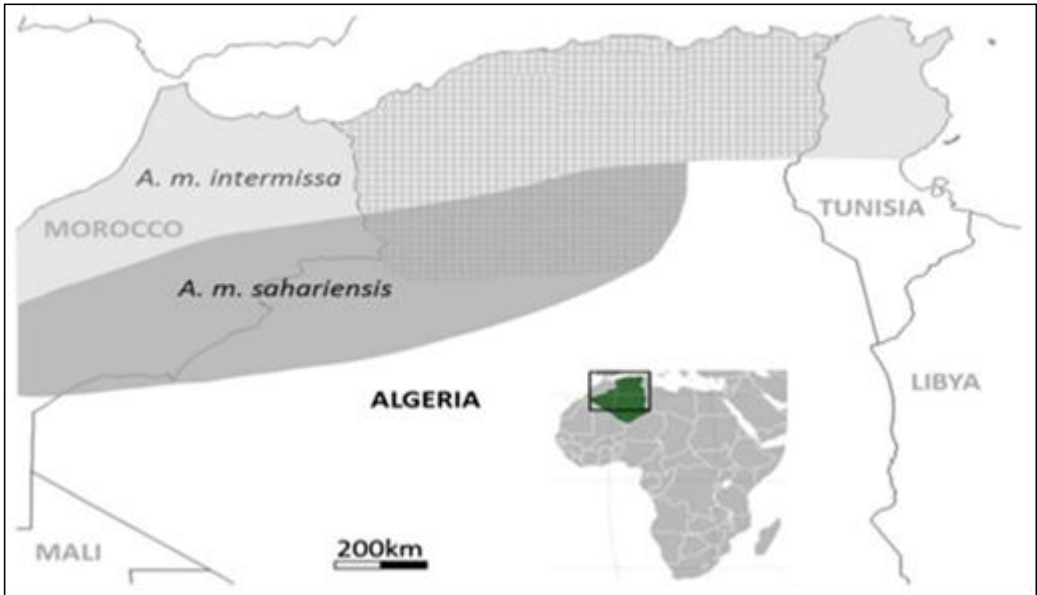


Figure 2-Aires de répartition géographique d'*apis mellifera intermissa* et *A.m.sahariensis* en afrique du nord

Légende : • *A. m. intermissa* (nord et centre Algérie) • *A. m. sahariensis* (sud-ouest Algérie)

Source : Adapté de **Haider *et al.* (2025)** — **Benkhellouf & Loucif-Ayad (2024)**

A. m. intermissa occupe une étendue géographique large, du Maroc à la Libye, en passant par toute l'Algérie et la Tunisie, limitée au massif de l'Atlas en Algérie (**Ruttner, 1988 ; Hali, 2023**). Une sous-espèce apparentée, *A. m. sahariensis*, est adaptée aux zones arides et semi-arides du sud algérien (Sahara), se distinguant par une plus grande tolérance à la chaleur, un tempérament plus doux et un comportement d'essaimage différent (**Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024; Khedim *et al.*, 2024 ; Berkani *et al.*, 2005**). La frontière écologique entre ces deux sous-

espèces se situe approximativement dans la région des hautes plaines steppiques, où des zones de contact et d'hybridation peuvent exister (Hali, 2023).

1.1.1. Menaces: hybridation et transhumance

Cette répartition naturelle est de plus en plus perturbée par la transhumance fréquente (57% des apiculteurs algériens la pratiquent) et la migration commerciale des colonies entre nord et sud. Cette mobilité entraîne une hybridation croissante entre *A. m. intermissa* et *A. m. sahariensis*, menaçant l'intégrité génétique des deux sous-espèces et compliquant les efforts de conservation (Adjlane, 2012 ; Abed *et al.*, 2022).

Une étude récente a révélé la présence de trois haplotypes mitochondriaux classiques de la lignée A (A1, A8, A9) et, pour la première fois en Algérie, l'haplotype A13. Les analyses soulignent une faible diversité globale ($h = 0,478 \pm 0,057$) et une structuration spatiale significative corrélée aux coordonnées géographiques (Benkhellouf & Loucif-Ayad, 2024).

L'analyse morphométrique par ACP a montré que les colonies formaient initialement un groupe unique, avec la taille corporelle globale comme source principale de variation. Cependant, une analyse hiérarchique discriminante a permis de distinguer trois groupes, révélant une plus grande variation morphologique que supposée précédemment, sans clivage géographique net (Benghalem *et al.*, 2023 ; Khedim *et al.*, 2024).

1.1.2. Homogénéité relative et variations intra-populationnelles

Les études de génétique des populations et de morphométrie confirment que *A. m. intermissa* présente une relative homogénéité à l'échelle du nord Algérien, mais également des variations intra-populationnelles liées aux conditions écologiques locales (altitude, végétation, climat) (Berkani *et al.*, 2005 ; Benghalem *et al.*, 2023 ; Khedim *et al.*, 2024). Ces variations soulignent l'importance de conserver la diversité génétique de cette sous-espèce face aux menaces d'homogénéisation par l'importation d'abeilles d'autres lignées et aux pressions environnementales croissantes (Meixner *et al.*, 2014 ; Meixner *et al.*, 2020 ; Abed *et al.*, 2022).

1.1.3. Importance et menaces pour *A. m. intermissa* en Algérie

La présence d'*A. m. intermissa* en Algérie est cruciale pour :

- La pollinisation des cultures fruitières et des écosystèmes naturels ;
- La production apicole nationale (environ 1,3 million de colonies en 2016) ;
- La préservation de la diversité génétique africaine face aux introductions internationales.

Néanmoins, cette ressource génétique est menacée par :

- L'hybridation avec des abeilles importées (principalement de lignée C) ;
- La transhumance non contrôlée entre nord et sud ;
- Les agents pathogènes (*Nosémore*, *Varroose*, *virus DWV*) (**Adjlane *et al.*, 2022**) ;
- Les pesticides agricoles (**Abed *et al.*, 2022**) ;
- La désertification et le changement climatique (froid, gel, vent de sable).

1.1.4. Approches récentes : morphométrie géométrique + génomique

Les approches récentes combinant morphométrie géométrique et analyses génomiques ont permis de mieux caractériser la structure des populations d'*A. m. intermissa*, mettant en évidence une variabilité intra-populationnelle significative en lien avec les gradients écologiques (altitude, climat, végétation) et les pratiques apicoles (ruchers isolés, fécondation contrôlée, importation de reines) (**Wallberg *et al.*, 2014 ; Benghalem *et al.*, 2023 ; Khedim *et al.*, 2024 ; Hali, 2023**).

Cette diversité génétique constitue un atout majeur pour les programmes de sélection et de conservation, en contribuant au maintien du potentiel adaptatif de cette sous-espèce face aux changements environnementaux (réchauffement climatique, stress thermique, sécheresse) et aux pressions anthropiques (pesticides, urbanisation, pâturage apicole intensif) (**Khedim *et al.*, 2024 ; Abed *et al.*, 2022 ; Meixner *et al.*, 2014**).

Elle offre également des perspectives importantes pour l'identification de caractères d'intérêt liés à la production (miel, propolis, gelée royale, pollen) et à la résilience des colonies (résistance au *Varroa destructor*, comportement hygiénique, tolérance à la nosémore, adaptabilité thermique) (**Benabbas Taieb, 2024 ; Büchler *et al.*, 2020 ; Spivak, 2019 ; Zheng *et al.*, 2017**).

Des études récentes ont notamment identifié des signatures génomiques de sélection associées à la résistance au *Varroa* et à la résilience physiologique chez *A. m. intermissa*, ouvrant la voie à des programmes de sélection ciblée basés sur des marqueurs moléculaires et des phénotypes mesurables. De plus, la diversité génétique au sein des colonies (polyandrie de la reine) contribue à une meilleure productivité, une meilleure santé et une meilleure survie face aux pathogènes et aux stress environnementaux (**Mattila & Seeley, 2007 ; Tarpy *et al.*, 2013 ; Simone-Finstrom & Spivak, 2010**).

1.2. Caractérisation de l'abeille tellienne (*Apis mellifera intermissa*)

Apis mellifera intermissa, communément nommée abeille tellienne, présente un ensemble de traits morphologiques et phénotypiques distinctifs qui reflètent son adaptation aux conditions agroécologiques des régions du nord Algérien et du Maghreb. Cette sous-espèce se caractérise par une teinte globale foncée s'étendant du noir au brun foncé, une densité pileuse modérée à élever favorisant à la fois la récolte du pollen et la régulation thermique corporelle, ainsi que des dimensions morphométriques intermédiaires correspondant aux exigences du biotope méditerranéen. Ce dernier se définit par des maxima estivaux élevés, des minima hivernaux tempérés et une hétérogénéité saisonnière marquée de la disponibilité nectaro-pollinique (**Ruttner, 1988 ; Benghalem *et al.*, 2023 ; Khedim *et al.*, 2024**).



Figure 3-Ouvrière d'*Apis mellifera intermissa* en activité de butinage

L'exemplaire représenté présente le phénotype sombre caractéristique ainsi qu'une morphométrie robuste, typique de la corpulence adaptée au climat méditerranéen nord-africain de l'abeille tellienne endémique. Source: (**Ruttner, 1988; Hali, 2023**).

Cette sous-espèce présente une capacité adaptative remarquable aux fluctuations thermiques et hydriques, avec une régulation optimale de la température du couvain entre 34–36 °C, lui permettant de survivre jusqu'à 45 °C en milieu steppique (**Khedim *et al.*, 2024 ; Ruttner, 1988**).

En outre, certaines investigations ont identifié des spécificités comportementales, incluant une activité butineuse performante (démarrage matinal précoce à 5h00, cessation vespérale tardive à 20h00, fréquence élevée des expéditions : 8–12 déplacements par individu/jour) et une aptitude favorable à l'exploitation des plantes mellifères locales (espèces spontanées steppiques, cultures méditerranéennes telles que l'olivier, le thym, le jujubier) (**Abou-Shaara, 2014 ; Winston, 1987 ; Benghalem *et al.*, 2023**).

Toutefois, cette sous-espèce peut manifester également un degré d'agressivité notable (délai de pacification du cadre : < 30 secondes, > 50 individus attaquant en moins d'une minute), trait fréquemment rapporté dans les populations adaptées aux habitats restrictifs et sélectionnées pour une protection accrue contre les facteurs de perturbation (guêpes, syrphes prédateurs, petits mammifères) et les interventions anthropiques (Abou-Shaara, 2014 ; Breed *et al.*, 2004 ; Spivak & Reuter, 2001).

Les investigations morphométriques contemporaines, particulièrement la morphométrie géométrique, ont permis l'identification de critères discriminants précis, incluant la nervation alaire, la configuration et l'architecture des ailes, la longueur du proboscis et l'espace inter-nervures cubitales (indice cubital), appliqués pour la différenciation des populations et des taxons d'*Abeilles Mellifères* (Ruttner, 1988 ; Tofilski, 2008 ; Meixner *et al.*, 2013).

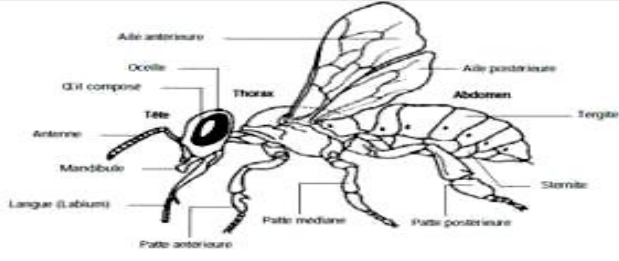
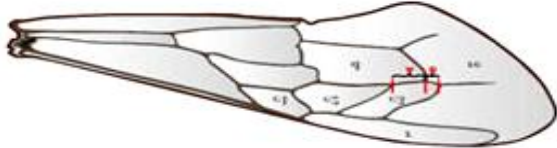
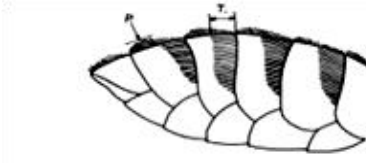
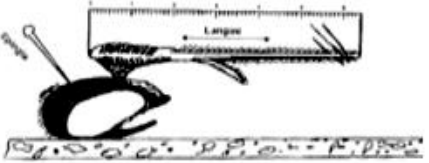
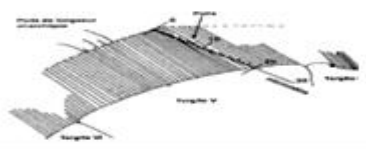
	
Figure 4a. Anatomie de l'abeille domestique	Figure 4b. Schéma de l'aile antérieure droite d'abeille <i>Apis mellifera</i>
	
Figure 4c. Schéma de l'abdomen d'abeille ouvrière Pilosité du 5^e tergite (P) et largeur du tomentum (T)	Figure 4d. Schéma de la longueur de la langue d'une abeille ouvrière
	
Figure 4e. Longueur des poils sur le 5^e tergite abdominal	Figure 4f. Schéma de la bande tomenteuse du 4^e tergite abdominal

Figure 4 -Schémas des différents caractères morphométriques mesurés sur les abeilles échantillonnées (Fresnay 1981).

Ces méthodologies représentent des instruments fondamentaux pour la discrimination des populations autochtones par rapport aux lignées exogènes (majoritairement de la lignée C : *A. m. carnica* ou *A. m. ligustica*) et pour l'évaluation de l'influence des facteurs écologiques (altitude, climat, végétation) et héréditaires sur l'organisation morphologique des colonies (**Benghalem et al., 2023 ; Meixner et al., 2013**). Elles ont été largement corroborées par des investigations intégrant simultanément des données génomiques, validant une structuration marquée des populations d'*Apis Mellifera* et une adaptation locale prononcée (**Harpur et al., 2014 ; Wallberg et al., 2014**).

Ces approches procurent une résolution accrue dans l'analyse de la variabilité intra et inter-populationnelle, en permettant la détection de micro-variations liées à l'origine génétique et aux paramètres environnementaux. Elles constituent ainsi un instrument complémentaire aux études génétiques pour l'investigation de l'organisation des populations d'abeilles et l'évaluation de leur potentiel adaptatif (**Harpur et al., 2014 ; Wallberg et al., 2014 ; Tofilski, 2008**).

Dans le contexte maghrébin, des recherches récentes ont attesté la pertinence de ces instruments pour la caractérisation d'*Apis mellifera intermissa* et la différenciation intra-populationnelle, en corrélation avec les conditions écologiques régionales (**Benghalem et al., 2023 ; Khedim et al., 2024 ; Hali, 2023**). Concernant *A. m. intermissa*, l'emploi de ces techniques a permis d'identifier des divergences morphologiques statistiques entre colonies, contribuant à la reconnaissance de caractères probablement reliés à la performance productive et à l'adaptation aux conditions agroécologiques régionales (**Benghalem et al., 2023 ; Khedim et al., 2024**).

Une investigation biométrique réalisée dans 20 wilayas du nord Algérien (2011–2013) sur plus de 1 200 individus a mis en évidence une variabilité statistiquement significative des paramètres morphométriques (**Hali, 2023**) :

Tableau 3-Variation des paramètres morphométriques d'*Apis mellifera intermissa* dans le nord Algérien (2011-2013)

Paramètre morphométrique	Valeur minimale	Localisation (min)	Valeur maximale	Localisation (max)
Indice cubital (groupe a)	47,5	Tipaza	54,9	Médéa
Indice cubital (groupe b)	21,6	Biskra	24,3	Tipaza
Longueur longitudinale tergite 3	199 ± 2 µm	Alger	207 ± 6 µm	Biskra
Longueur longitudinale tergite 4	191 ± 0 µm	Biskra	385 ± 262 µm	Boumerdès

Source : **Hali (2023)** — Investigation biométrique sur 1 200 individus dans 20 wilayas du nord algérien (2011–2013)

Les spécimens ont été répartis en trois catégories distinctes selon leur indice cubital, validant une hétérogénéité morphologique intrinsèque d'*A. m. intermissa* (**Hali, 2023 ; Benghalem et al., 2023**).

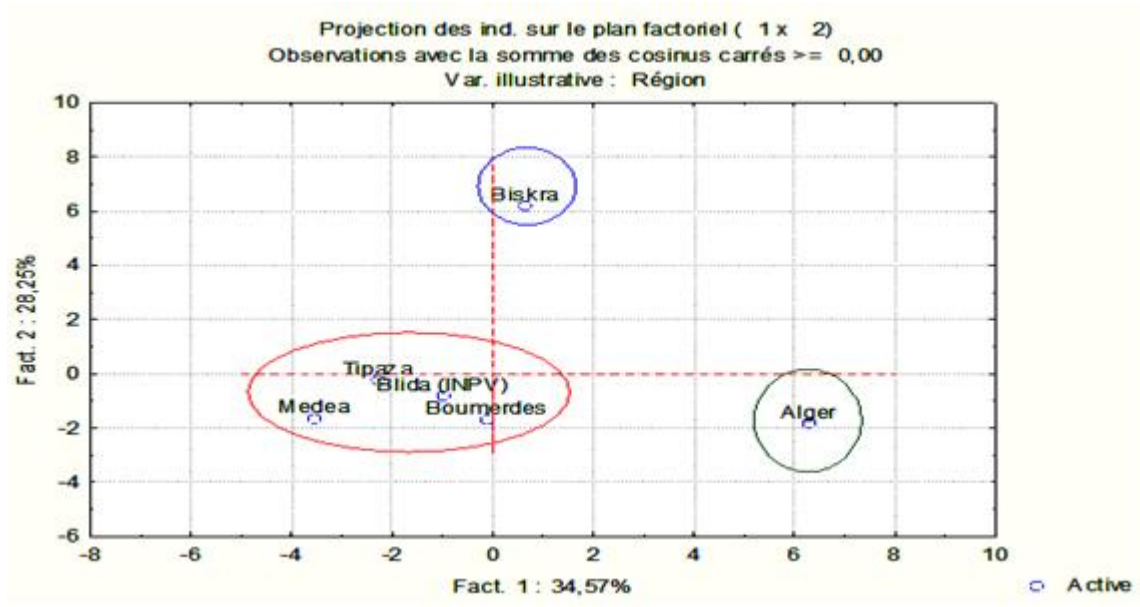


Figure 5- Analyse factorielle discriminante (AFD) des populations d'*Apis mellifera intermissa* sur le plan (F1 × F2)

Les points illustrent les barycentres des paramètres morphométriques pour les 6 régions investiguées, démontrant l'émergence de trois catégories distinctes : (1) Biskra, (2) Alger et (3) le groupe central (Tipaza, Médéa, Boumerdès et Blida) (**Hali, 2023**).

Par ailleurs, les méthodologies combinant indicateurs morphométriques et marqueurs moléculaires ont corroboré une organisation structurale des populations d'*Apis mellifera intermissa*, ainsi qu'une variabilité intrapopulationnelle significative corrélée aux paramètres écologiques régionaux et aux techniques apicoles (ruchers isolés, fécondation contrôlée, importation de reines) (**Wallberg et al., 2014 ; Harpur et al., 2014**).

Cette variabilité représente un pilier fondamental dans les plans de sélection et de préservation, en facilitant la reconnaissance de lignées adaptées à des habitats spécifiques. Elle constitue également un levier stratégique pour l'optimisation des performances productives, particulièrement concernant le rendement apicole et propolique, ainsi que pour le renforcement de la résilience collective face aux stress environnementaux et pathologiques (**Meixner et al., 2020 ; Büchler et al., 2020**). Conséquemment, l'incorporation de ces méthodologies dans les programmes d'amélioration génétique favorise une sélection orientée vers des colonies à la fois

performantes, adaptées et pérennes dans le contexte des systèmes apicoles nationaux (Büchler *et al.*, 2020 ; Uzunov *et al.*, 2015).

1.3. Adaptations écologiques et comportementales

Apis mellifera intermissa exhibe une robustesse intrinsèque remarquable, lui assurant la survie et le maintien dans des habitats contraignants caractérisés par une variabilité climatique marquée et une disponibilité fluctuante des ressources florales. Elle se singularise par une dynamique populationnelle réactive, avec un rythme de ponte étroitement corrélé à la disponibilité des ressources trophiques et aux paramètres climatiques saisonniers (Abou-Shaara, 2014).

Le monitoring de l'organisation des colonies, au moyen de protocoles d'évaluation standardisés tels que les méthodes du **COLOSS BeeBook**, révèle la signification de certains indicateurs, particulièrement les surfaces de couvain (ouvert et operculé), les réserves nutritionnelles (miel et pollen) et la densité populationnelle, en tant que marqueurs fiables de la vitalité et du développement des colonies (Delaplane *et al.*, 2013 ; Dietemann *et al.*, 2013).

Dans le cas spécifique d'*Apis mellifera intermissa*, cette méthodologie revêt un intérêt singulier, compte tenu de sa sensibilité aux fluctuations climatiques et de son adaptation aux paramètres écologiques régionaux (Stabentheiner *et al.*, 2010). Cette sous-espèce présente une capacité adaptative remarquable aux variations thermiques, avec une régulation optimale de la température du couvain entre 34–36 °C, lui permettant de survivre jusqu'à 45 °C en milieu steppique (Khedim *et al.*, 2024 ; Ruttner, 1988).

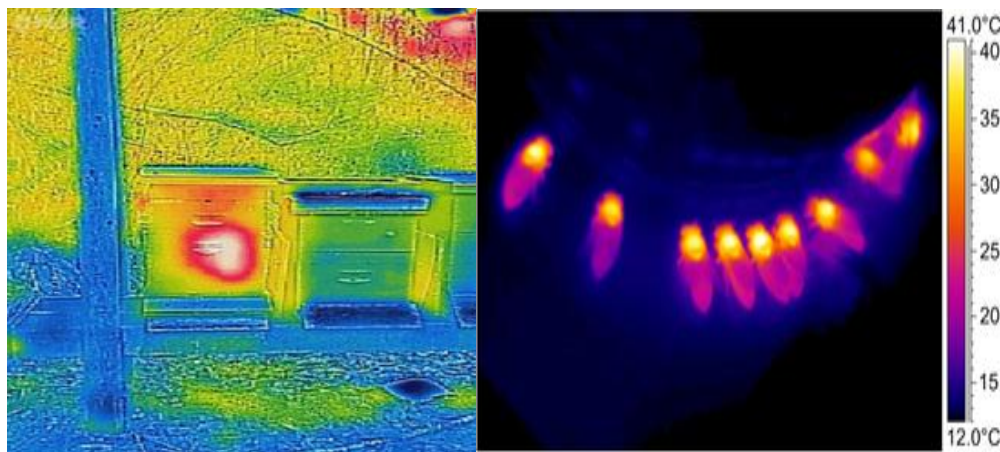


Figure 6- Thermorégulation de la colonie d'*Apis Mellifera* observée par thermographie infrarouge. Température du couvain maintenue entre 34–36 °C.

Source : Stabentheiner *et al.* (2010), PLOS ONE, DOI: 10.1371/journal.pone.0008967

Elle s'inscrit également dans une approche contemporaine de monitoring non invasif des colonies, contribuant à une évaluation optimisée de leur vitalité et à l'amélioration des techniques apicoles (Zacepins *et al.*, 2015).

Le monitoring de la masse coloniale au moyen de systèmes de balance automatisés permet l'évaluation de cette activité de manière continue et non intrusive. La fluctuation pondérale de la ruche constitue ainsi un marqueur direct de l'interaction colonie-environnement, traduisant conjointement l'activité butineuse, la disponibilité des ressources et l'état physiologique collectif (Meikle & Holst, 2006). Une colonie saine peut accroître 1–3 kg/jour durant les pics nectarifères, tandis qu'une stabilisation ou décroissance $>0,5$ kg/jour sur 3–5 jours alerte sur une anomalie (Meikle & Holst, 2006).

Une stabilisation ou une décroissance anormale de cette masse peut constituer un marqueur précoce d'altération de l'état sanitaire ou fonctionnel colonial, traduisant par exemple un déclin de l'activité butineuse, une pénurie de ressources florales ou l'émergence de stress environnementaux ou pathologiques (varroose, nosémose, carence protéique). Des pertes supérieures à 2 kg/semaine peuvent signaler un effondrement colonial ou une infestation sévère (Meikle & Holst, 2006 ; Zacepins *et al.*, 2015).

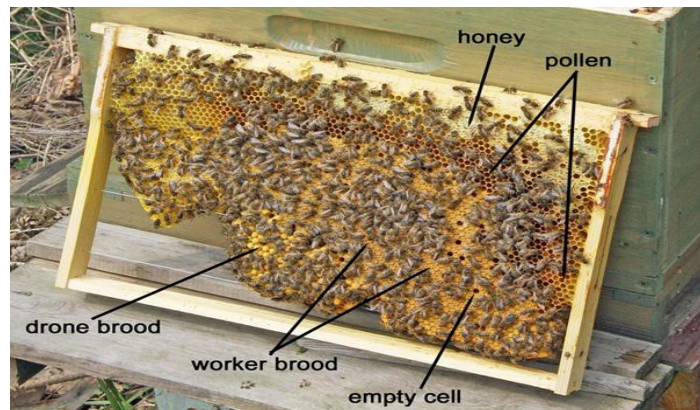


Figure 7- Organisation spatiale du couvain, du pollen et des réserves de miel dans la colonie d'*Apis Mellifera*

Source : Seeley (1995), *The Wisdom of the Hive*

Le couvain est localisé au centre, où sont concentrées les activités de reproduction et de développement. il est entouré d'une couronne de pollen constituant la principale source de protéines pour l'alimentation larvaire. La périphérie des rayons est occupée par les réserves de miel, utilisées comme source d'énergie. Cette organisation optimise la thermorégulation et l'efficacité des échanges alimentaires au sein de la colonie (adapté de Seeley, 1995).

Par conséquent, l'intégration de ces indicateurs dans les dispositifs de monitoring colonial représente un instrument pertinent pour l'évaluation de la performance et pour la reconnaissance de critères objectifs à incorporer dans les schémas de sélection (sélection visant productivité, robustesse, résilience) (Büchler *et al.*, 2020).

Cependant, malgré ces aptitudes adaptatives, cette sous-espèce manifeste certaines contraintes biologiques et comportementales, particulièrement une inclinaison marquée à l'essaimage (40% des colonies essaient naturellement en milieu non contrôlé), susceptible de complexer sa gestion en apiculture contemporaine (Abou-Shaara, 2014 ; Seeley, 2010 ; Breed *et al.*, 2004).

De surcroît, *Apis mellifera intermissa* demeure exposée à diverses pressions sanitaires, corrélées notamment à la présence d'agents pathogènes (tels que *Nosema apis*, *Nosema ceranae*, *Varroa destructor*, et les virus *DWV*, *ABPV*, *IAPV*) ainsi qu'à des facteurs écologiques, incluant les produits phytosanitaires (néonicotinoïdes, pyréthrianoïdes) et les fluctuations climatiques (stress thermique, sécheresse). Ces pressions peuvent altérer la vitalité coloniale, les rendements productifs (−15 à −30% de perte de production en cas d'infestation) et l'aptitude à la résilience (Gisder & Genersch, 2017; Goulson *et al.*, 2015 ; Adjlane *et al.*, 2018).

Des investigations récentes ont révélé que des colonies d'*A. m. intermissa* exhibent une résistance naturelle à *Varroa destructor*, grâce à un comportement hygiénique (reconnaissance et élimination du couvain infesté en <24 heures) et à un comportement d'épouillage (*grooming*) performant, permettant de restreindre le taux d'infestation du couvain à 1,77–25,22% (contre 20–30% chez les lignées non résistantes). Certaines colonies éliminent >90% du couvain mort en moins de 24 heures, attestant d'une grande hétérogénéité du comportement hygiénique au sein de la sous-espèce.

Une investigation sur l'abeille saharienne (*A. m. sahariensis*) a démontré qu'une double infestation *Varroa* + *Nosema* n'affecte pas significativement la survie coloniale, suggérant une tolérance relative aux pathogènes et une résilience accrue. De surcroît, *A. m. intermissa* manifeste une résilience thermique en butinant activement jusqu'à 40 °C, ce qui favorise la pérennité coloniale durant les épisodes de canicule.

Dans ce cadre, l'établissement d'une surveillance épidémiologique rigoureuse s'avère fondamentale pour assurer le monitoring de l'état sanitaire colonial, prévenir les risques de déclin et optimiser les stratégies de gestion apicole (traitement anti-*Varroa* ciblé, nutrition améliorée, éviction des produits phytosanitaires) (van der Zee *et al.*, 2013 ; Dietemann *et al.*, 2013 ; Traynor *et al.*, 2020).

Cette surveillance représente également un pilier essentiel dans les schémas de sélection, en facilitant la reconnaissance et la valorisation de colonies manifestant une résistance accrue aux pathologies (hygiénisme, *grooming*) et une stabilité comportementale (diminution de l'agressivité, faible propension à l'essaimage) (Spivak, 2019 ; Büchler *et al.*, 2020).

Enfin, le rôle de *Apis mellifera intermissa* dans la pollinisation contribue directement à la préservation de la biodiversité végétale et à l'optimisation des rendements agricoles, en favorisant la reproduction des espèces cultivées et sauvages (IPBES, 2016 ; Klein *et al.*, 2007 ; Abou-Shaara, 2014).



Figure 8- Rôle des abeilles dans la pollinisation des cultures et la préservation de la biodiversité végétale Transfert de pollen entre fleurs et impact sur la production agricole.

Source : Adapté de IPBES (2016) ; Klein *et al.* (2007)

Ce service écosystémique fondamental confère à *Apis mellifera intermissa* une importance stratégique, tant sur le plan écologique que économique, en consolidant la durabilité des systèmes agricoles (IPBES, 2016 ; Zattara & Aizen, 2021). Dans les steppes Algériennes (milieu contraignant caractérisé par le froid, le gel, les tempêtes de sable et la désertification), 57% des apiculteurs pratiquent la transhumance pour rechercher des conditions favorables et des ressources alimentaires, tandis que seulement 7% s'intéressent à la pollinisation en tant que service écosystémique (Abed, 2021).

2. ENJEUX SANITAIRES CHEZ L'ABEILLE

La santé des colonies d'*Apis mellifera intermissa* suscite des préoccupations croissantes en Algérie, où les pressions sanitaires combinées affectent directement la productivité, la survie des ruches et la pérennité de la filière apicole. Parmi les pathologies prioritaires, la nosémose et la varroose figurent en tête, tandis que le comportement hygiénique de l'abeille autochtone constitue un mécanisme défensif naturel clé pour limiter leur propagation (Abed *et al.*, 2022 ; Kidoud *et al.*, 2023).

2.1. Nosémose (*Nosema apis* et *Nosema ceranae*)

La nosémose représente une maladie microsporidienne affectant le tube digestif des abeilles adultes, provoquant des troubles digestifs, un affaiblissement colonial et, dans les cas graves, l'effondrement de la colonie. Longtemps considérée comme secondaire en Algérie, elle a gagné en

importance avec l'émergence de *Nosema ceranae*, une espèce plus virulente que *Nosema apis* (Gisder & Genersch, 2017 ; Higes *et al.*, 2019).

Une investigation moléculaire pionnière conduite en 2023 sur 51 échantillons d'abeilles adultes provenant de 11 régions algériennes a confirmé, pour la première fois sur le territoire national, la présence simultanée de *N. apis* et *N. ceranae* chez *A. m. intermissa*. Les résultats révèlent une prévalence de 43,13% pour *N. ceranae*, dont 5,88% en co-infection avec *N. apis*, tandis que 56,87% des colonies restent indemnes. L'infection par *N. apis* n'a été observée qu'en co-infection, principalement dans l'ouest Algérien, suggérant une influence climatique sur la répartition des espèces (Kidoud *et al.*, 2023).

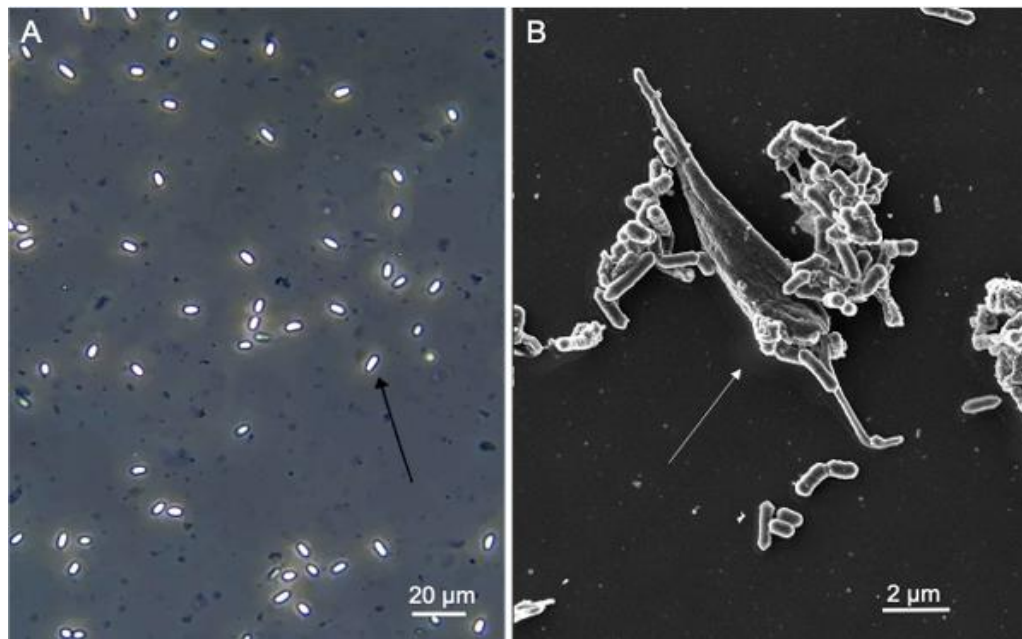


Figure 9- *Nosema ceranae* dans intestin abeille (x1000)

Spores microsporidiennes visibles dans cellules épithéliales infectées, provoquant dégénérescence épithéliale et troubles digestifs.

Source: Higes *et al.* (2019), Apidologie

Les facteurs environnementaux, notamment l'humidité et les variations thermiques, favorisent la propagation de ces microsporidies. Dans la région centrale algérienne, des symptômes typiques de nosérose ont été constatés chez 17% des ruchers visités, confirmant que la maladie constitue une menace avérée pour la survie des colonies locales (Abed *et al.*, 2022). Malgré cela, la nosérose reste sous-déclarée par les apiculteurs, souvent confondue avec d'autres causes de dépopulation, compliquant l'établissement d'un diagnostic précis et la mise en œuvre de mesures de lutte adaptées (Loucif-Ayad *et al.*, 2011–2019).

2.2. Varroose (*Varroa destructor*)

La varroose, induite par l'acarien *Varroa destructor*, représente la première pathologie signalée par les apiculteurs Algériens, précédant la loque européenne et la nosémose. Plus de 50% des ruchers enquêtés dans le nord-ouest Algérien (Tiaret, Relizane, Mostaganem) déclarent une infestation dépassant le seuil tolérable par une colonie saine, entraînant un affaiblissement progressif, un dépeuplement massif et, dans certains cas, la mortalité coloniale (Abed *et al.*, 2022).

Varroa destructor se nourrit de l'hémolymph larvaire et adulte, et est un vecteur viral, tel que le virus des ailes déformées (*DWV*), le virus de la paralysie aiguë (*IBV*) et le virus de la paralysie chronique (*CBPV*). Cette synergie parasite-virus accélère l'effondrement colonial, surtout en l'absence de traitements ou de mécanismes de résistance naturels (Doublet *et al.*, 2015 ; Adjlane *et al.*, 2022).

Cependant, certaines populations d'*A. m. intermissa* présentent des signes de résistance naturelle au Varroa, notamment via des comportements de nettoyage ciblé et d'épouillage. Des investigations récentes indiquent que les abeilles dites « résistantes au Varroa » possèdent des caractéristiques génétiques et comportementales limitant la reproduction parasitaire : périodes de développement plus courtes, colonies de taille réduite, et surtout, comportement hygiénique ciblé (GDS France, 2025 ; Arista Bee Research, 2024).

2.3. Comportement hygiénique comme mécanisme de défense



Figure 10- Infestation par *Varroa destructor* et comportement hygiénique des abeilles Grooming et élimination du couvain parasité.

Source : Gisder & Genersch (2017), *Journal of Invertebrate Pathology*

Le comportement hygiénique (noté *HYG*) représente l'un des mécanismes de résistance les plus étudiés chez l'abeille domestique. Il désigne la capacité ouvrière à détecter, décapsuler et

éliminer le couvain affecté par des pathogènes, des parasites ou des cellules nécrosées, limitant ainsi la propagation pathologique intra-coloniale (**Spivak & Reuter, 2001 ; Spivak, 2019**).

Chez *A. m. intermissa*, ce comportement joue un rôle crucial dans la résistance au Varroa et aux maladies bactériennes comme la loque américaine. Les ouvrières hygiéniques identifient les cellules du couvain infestées par *Varroa destructor* et les éliminent avant que les acariens ne terminent leur cycle reproductif, réduisant ainsi la population parasitaire de façon significative (**Adjlane et al., 2022**).

Une sous-catégorie de ce comportement, dénommée VSH (*Varroa Sensitive Hygiene*), correspond à une sélection ciblée des cellules contenant des Varroas reproducteurs. Les colonies dotées du trait VSH éliminent sélectivement le couvain infesté, limitant la multiplication parasitaire sans intervention humaine. Ce mécanisme a été démontré chez des lignées sélectionnées aux États-Unis (*USDA*) et fait l'objet de programmes sélectifs en Europe (**GDS France, 2025 ; Arista Bee Research, 2024**).

En Algérie, des travaux récents de détection du virus des ailes déformées (*DWV*) chez *A. m. intermissa* confirment que le comportement hygiénique contribue à limiter la transmission virale et à préserver la santé coloniale (**Adjlane et al., 2022**). Néanmoins, la mesure de ce comportement reste sous-utilisée dans les pratiques apicoles locales, faute de protocoles standardisés et d'outils diagnostiques accessibles aux apiculteurs.

2.4. Impact des maladies sur la productivité et la survie colonial

L'impact sanitaire de la nosémose et de la varroose se traduit directement par une baisse de productivité et une augmentation de la mortalité hivernale. Les colonies infectées produisent moins de miel, présentent un couvain irrégulier, un affaiblissement populationnel et une réduction de la capacité de survie (**Meixner et al., 2020 ; Büchler et al., 2020**).

Dans le nord-ouest Algérien, plus de la moitié des ruchers présentent un niveau d'infestation à Varroa au-dessus du seuil critique, tandis que 17% des colonies affichent des symptômes de nosémose. Ces pathologies, combinées à l'usage excessif de produits phytosanitaires et à la perte d'habitats floristiques, constituent des facteurs majeurs de déclin apicole régional (**Abed et al., 2022 ; Loucif-Ayad et al., 2011–2019**).

Tableau 4- Épidémiologie des principales pathologies d'*Apis mellifera intermissa* en Algérie

Pathologie	Prévalence	Régions	Référence
<i>Nosema ceranae</i>	43,13%	11 wilayas	Kidoud <i>et al.</i> (2023)
<i>Nosema spp.</i>	30,23%	Béjaïa	Belhaouari & Guerrouf (2023)
<i>Varroa destructor</i>	66,67%	Blida/Alger	Belhaouari & Guerrouf (2023)
<i>Varroa destructor</i>	>50%	Tiaret/Relizane	Abed <i>et al.</i> (2022)

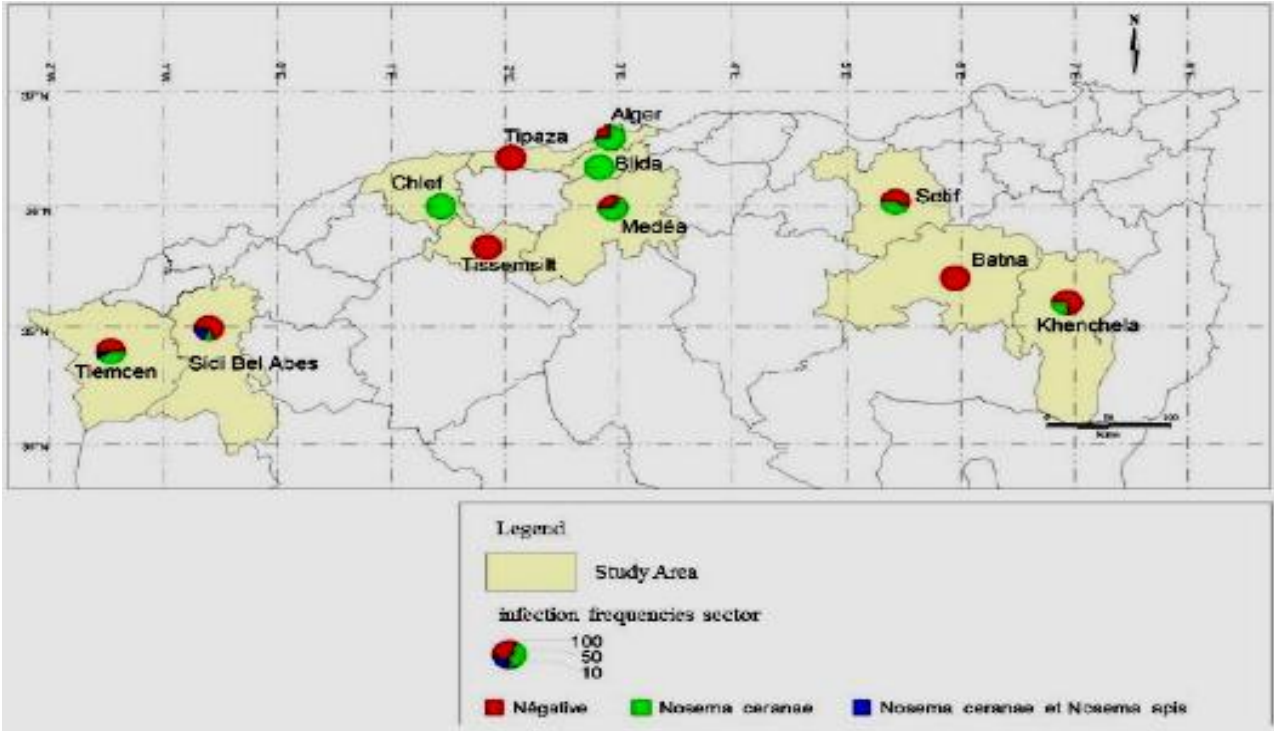


Figure 11- Prévalence *Nosema spp.* Chez *A. m. intermissa* (11 wilayas Algériennes) [Kidoud 2023], Rouges Colonies saines (56,87%) • Vert: *N. ceranae* exclusive (43, 13%) • Bleu: Co-infection *N. apis* + *N. ceranae* (5,88%)

Source: Kidoud *et al.* (2023), GABJ Tlemcen

La sélection de colonies résistantes, via des critères objectifs tels que le comportement hygiénique, la productivité et la morphométrie adaptative, apparaît comme une stratégie durable pour améliorer la résilience d'*A. m. intermissa* face aux contraintes sanitaires. Cette approche, intégrée dans des programmes sélectifs nationaux, permettrait de préserver la diversité génétique autochtone tout en renforçant la performance de la filière apicole Algérienne (Büchler *et al.*, 2020 ; Meixner *et al.*, 2014 ; Benayada, 2025).

Conclusion du chapitre I

L'ensemble des éléments analysés souligne l'importance biologique, écologique et sanitaire d'*Apis mellifera intermissa* dans le contexte apicole algérien. Cette sous-espèce autochtone, fruit d'une longue adaptation aux écosystèmes nord-africains (climats méditerranéens et sahariens), se distingue par sa rusticité, sa résilience face à la chaleur ($>45\text{ }^{\circ}\text{C}$), la sécheresse et la variabilité des ressources florales, ainsi que par des aptitudes comportementales et physiologiques spécifiques (indice cubital $< 2,3$ typique des telliennes). Les études morphométriques et génétiques montrent que les populations locales conservent des traits distinctifs, attestant de leur originalité et de leur potentiel pour l'amélioration de l'apiculture nationale. Cependant, elles subissent des pressions croissantes — modifications du paysage apicole, introductions de reines exogènes et croisements non contrôlés — qui favorisent l'introgession et l'érosion des caractères locaux. La préservation de leur identité génétique apparaît donc prioritaire. Parallèlement, la santé des colonies (*varroose*, *nosérose*) et les contraintes climatiques et agronomiques compromettent stabilité et productivité. Comprendre la bio-écologie, les caractères morphologiques et les enjeux sanitaires d'*A. m. intermissa* est indispensable pour fonder toute stratégie d'amélioration génétique et de conservation de ce patrimoine apicole national.

Chapitre II

Relations Génétiques
Et
Stratégies Sélective

CHAPITRE II : Relations génétiques et stratégies sélectives pour l'amélioration d'*Apis mellifera intermissa*

Introduction

L'amélioration génétique des colonies apicoles constitue un enjeu stratégique pour une apiculture durable, performante et adaptée aux contraintes locales. Chez l'abeille domestique, les caractères d'intérêt – productivité mellifère et pollen, douceur, comportement hygiénique, résistance aux pathologies et adaptation écologique – s'expriment via des relations génétiques et phénotypiques complexes qui conditionnent l'efficacité des programmes de sélection. Leur compréhension approfondie oriente rationnellement les stratégies d'amélioration.

Ces interactions reposent sur la pléiotropie, où un gène influence plusieurs caractères, et le déséquilibre de liaison, qui assure la co-transmission de gènes chromosomiquement proximaux. Ces phénomènes génèrent des corrélations favorables, comme entre hygiène et résistance à *Varroa*, ou des antagonismes, comme entre productivité et douceur, imposant un équilibre global. Le progrès génétique s'exprime par la formule :

$$\Delta G = \frac{i \cdot h^2 \cdot \sigma_P}{L}$$

Où *i* représente l'intensité de sélection, *h²* l'héritabilité, *σ_P* l'écart-type phénotypique et *L* l'intervalle de génération.

Chez *A. m. intermissa*, ces enjeux sont amplifiés par les contraintes algériennes : amplitudes thermiques extrêmes comprises entre 5 et 45°C, ressources florales saisonnières et pression parasitaire exercée par *Varroa destructor* et *Nosema* spp. L'amélioration doit concilier production, aptitudes comportementales et mécanismes défensifs pour assurer la stabilité coloniale.

Ce chapitre analyse les caractères clés pour l'amélioration d'*A. m. intermissa*, examine les relations génétiques et compromis associés, présente les fondements de l'amélioration en apiculture ainsi que les méthodes de maîtrise des accouplements, et propose des stratégies sélectives adaptées au contexte Algérien.

En Algérie, la variabilité inter-régionale observée entre populations telliennes et sahariennes, caractérisée par un indice cubital variant de 2,2 à 2,8, impose une approche différenciée valorisant les aptitudes locales tout en prévenant l'érosion génétique par introgression exogène.

1.1. LES GÈNES LIÉS À LA PRODUCTIVITÉ

La production miellière dépend de l'interaction entre génétique essaimale, physiologie interne et caractéristiques environnementales. Les gènes responsables de la collecte florale agissent sur trois volets : tactique de butinage, capacité de repérage et transmission informationnelle intra-grupale. Particulièrement la danse d'orientation, cruciale pour optimiser la collecte florale (Seeley, 2010 ; Grüter & Farina, 2009).

Les investigations en biologie moléculaire et physiologie comportementale révèlent que les réseaux neuronaux, organes sensoriels et hormones guident l'attribution taskuelle coloniale, affectant directement le rendement récolteur (Abou-Shaara, 2014 ; Harpur *et al.*, 2014). L'odorat, la capacité d'apprentissage et de mémoire permettent aux abeilles de rester fidèles à une fleur et de s'adapter aux modifications environnementales.

La productivité relève d'une génétique polygénique : elle découle de l'effet combiné de multiples gènes, chacun apportant une contribution mineure mais additive (butinage, douceur, nettoyage, adaptation climatique), complexifiant sa transmission comparée à un gène unique mendélien (Harpur & Robinson, 2012 ; Harpur *et al.*, 2014).

Tableau 5- Caractères de productivité et gènes associés chez *Apis mellifera*

Caractère productif	Gènes/systèmes impliqués	Fonctions biologiques	Impact colonial
Butinage (nectar/pollen)	<i>Foraging (for), dopamine, sérotonine</i>	Orientation, recherche, collecte ressources	↑ Efficacité récolte (butinage précoce + intensif)
Navigation/ Orientation	Récepteurs <i>magnétorécepteurs (Magneo)</i> , gènes horloge circadienne (<i>period/per, timeless/tim, Clock/Clk, cycle/cyc</i>)	Orientation champ magnétique terrestre, position solaire, repères visuels, rythme diurne	↓ Distance butinage → ↑ gain énergétique → ↑ ressources
Communication sociale (danse)	Gènes régulation neuronale (<i>NMDA, GABA</i>)	Transmission direction/distance/ qualité sources florales	↑ Exploitation collective → ↓ temps recherche
Mémoire / olfaction	Récepteurs olfactifs (<i>Or</i>), <i>octopamine, synaptotagmine</i>	Apprentissage associatif, reconnaissance florale, fidélité sources	↑ Constance butinage → ↑ efficacité collecte

Production gelée royale	Famille <i>MRJP</i> (<i>MRJP1</i> , <i>MRJP2</i> , <i>MRJP3</i>)	Sécrétion glandes hypopharyngiennes nourrices, qualité nutritionnelle	↑ Développement larvaire, taille/fertilité reine → ↑ production
Production propolis	Gènes immunité sociale (<i>Defensin</i> , <i>Hymenoptaecin</i>), récepteurs résines	Collecte résines, fabrication barrière propolis, défense antimicrobienne	↓ Charge parasitaire (<i>Varroa</i> , virus) → ↑ santé → ↑ productivité indirecte
Plasticité productive	Interaction gènes×environnement (<i>épigénétique</i> , <i>méthylation ADN</i> , <i>histones</i>)	Régulation expression génique selon ressources /climat/ stress	↑ Adaptation dynamique → ↑ résilience variabilité environnementale
Type butinage (pollen/nectar)	<i>Vitellogénine (vg)</i> , <i>oléate d'éthyle</i> (<i>phéromone</i>)	vg élevé → butinage tardif/pollen ; vg faible → butinage précoce/nectar ; <i>oléate</i> inhibe transformation butineuses	↑ Stabilité coloniale, ↑ durée vie, ↑ mobilisation miellées

(Adapté de Seeley (1995) ; Abou-Shaara (2014) ; Harpur *et al.* (2014) ; Mattila & Seeley (2007)).

1.1.1. Interaction gène×environnement : clé de la plasticité productive

L'expression phénotypique finale est significativement modulée par le contexte écologique : disponibilité florale, variations climatiques (chaleur intense, sécheresse), état sanitaire colonial (effectif abeilles, volume couvain, stocks alimentaires). Cela démontre le caractère complexe du produit apicole, résultant de l'interaction fine entre gènes abeilles et conditions milieu :

$$P=G+E+ (G\times E)$$

Où :

- **P** = phénotype (productivité observée)
- **G** = effet génétique (valeur génétique additive)
- **E** = effet environnemental (climat, fleurs, stress)
- **G×E** = interaction gène×environnement (plasticité phénotypique)

Exemple concret en Algérie

Dans des conditions optimales, une colonie d'*Apis mellifera intermissa* peut produire 10 à 13 kg de miel par ruche lors de la floraison des orangers dans les régions telliennes favorables (Tlemcen, Blida, Tipaza, Mitidja) (**Belaïd Mouffok, 2021, p. 145**), avec un rendement moyen de $13,36 \pm 10,34$ kg/ruche/an chez les apiculteurs les plus performants (**Belaïd Mouffok, 2021, p. 145, Tableau 4.2**). En revanche, dans les steppes sahariennes (Ghardaïa, Béchar, Ouargla), le rendement tombe à 3,5–4,5 kg/ruche/an pendant les périodes de sécheresse (**Hali, 2023, p. 28**), aligné sur la moyenne nationale inférieure à 4 kg/ruche (**FEDAPIMED, 2024, p. 12.**)

Le système apicole Algérien reste vulnérable aux aléas climatiques (froid, chaleur extrême, désertification, sécheresses prolongées), avec des ressources mellifères hautement fluctuantes : 4 à 25 kg/ruche/an selon les zones d'accès (**FEDAPIMED, 2024, p. 18, Tableau 3.2**). La mortalité coloniale annuelle oscille entre 20 et 30% (**Belaïd Mouffok, 2021, p. 89**). *A. m. intermissa* démontre une adaptation remarquable au climat méditerranéen, tolérant des températures estivales jusqu'à 40 °C et des hivers rigoureux, tandis que *A. m. sahariensis* excelle dans les environnements arides (**Hali, 2023**).

Conséquences pour la sélection génétique

La sélection doit s'effectuer in situ (par exemple, dans les steppes Algériennes) afin d'assurer une adaptation locale optimale, même au prix d'un potentiel génétique réduit par rapport aux climats tempérés (**Büchler et al., 2013 ; Delaplane & Doolittle, 2013 ; Belaïd Mouffok, 2021**). Cette stratégie privilégie des colonies résilientes aux contraintes locales (sécheresse, stress thermiques, ressources limitées) plutôt que l'importation de reines de climats tempérés, inadaptées et sujettes à une mortalité élevée (**Hali, 2023**).

Le principe de « sélection régionalisée » incarne ce compromis : la résilience génétique autochtone prime sur le rendement maximal, les colonies locales affichant une mortalité annuelle de 20–30% (due au froid, à la chaleur et aux maladies) contre des taux bien supérieurs pour les lignées importées (**Belaïd Mouffok, 2021**).

1.1.2. Impact des stress environnementaux sur l'expression génique

Les abeilles *Apis mellifera* subissent de multiples pressions (pesticides, *Nosema ceranae*, ozone) qui détériorent l'aptitude récolteuse. Des marqueurs moléculaires de stress cérébral, notamment l'expression accrue de gènes comme *Hsp70* dans les zones d'apprentissage (corps pédonculé, antennes), perturbent les fonctions cognitives essentielles au butinage (**CARI, 2024 ; Alaux et al., 2010**). Par ailleurs, les variations génétiques inter-coloniales modulent la réponse au

stress, influençant la résilience via des polymorphismes *SNP* (INRAE, 2025 ; Harpur *et al.*, 2014).

La synergie entre pesticides sublétaux et *Nosema ceranae* induit un effondrement systémique des colonies par des effets conjugués d'agresseurs abiotiques et biotiques, amplifiant la mortalité et réduisant la productivité (Alaux *et al.*, 2010 ; INRAE, 2025).

1.2. Les gènes du comportement et de la résistance

Les traits comportementaux et de résistance aux pathogènes constituent un fondement des programmes de sélection apicole contemporains, jouant un rôle déterminant pour la survie coloniale, le rendement apicole et l'adaptation locale (Zayed & Robinson, 2012 ; Harpur *et al.*, 2014).

Comportement hygiénique et résistance à *Varroa destructor* (VSH)

Le comportement hygiénique représente un mécanisme de défense primordial contre les agents pathogènes et parasites. Ce trait déclenche chez les ouvrières une séquence défensive en trois étapes :

1. Identifier le couvain affecté (maladie, nécrose, infestation) via l'olfaction,
2. Perforer l'opercule cireux des alvéoles concernées,
3. Évacuer les larves ou pupes contaminés avant la diffusion infectieuse au sein de la colonie (Spivak & Reuter, 2001 ; Hatjina *et al.*, 2014).

Le caractère VSH (*Varroa Sensitive Hygiene*) constitue une forme spécialisée de ce comportement, spécifiquement dirigée contre *Varroa destructor*. Les études récentes confirment que la résistance au varroa est un caractère héréditaire et polygénique, impliquant 60 régions chromosomiques associées à divers traits de résistance, dont aucune mutation isolée ne détermine à elle seule la résistance (INRAE, 2025 ; Büchler *et al.*, 2013).

Les gènes directement impliqués sont reliés à :

- L'olfaction : récepteurs odorants (*Or*) et protéines liantes d'odeurs (*OBP*, *Odorant Binding Proteins*) permettant la détection précoce du couvain infesté (Harpur *et al.*, 2014),
- La perception chimiosensorielle : détection des composés organiques volatils (COV) spécifiques de *Varroa* et des signaux de stress du couvain (Grüter & Farina, 2009),
- Les réponses comportementales de nettoyage : désoperculation et élimination du couvain parasité (Spivak & Reuter, 2001).

Héritabilité et complexité génétique de la résistance au Varroa

Les caractères de résistance au varroa chez l'abeille domestique présentent une héritabilité modérée à élever, comme en témoignent les estimations génétiques suivantes :

1. Comportement hygiénique (*HYG*) : L'héritabilité est estimée entre 0,30 et 0,40, ce qui correspond à une héritabilité modérée à élever. Ce caractère se manifeste par la capacité des nourrices à détecter, désoperculer et éliminer le couvain mort ou parasité.

2. Épouillage (*Grooming*) : L'héritabilité atteint 0,71, indiquant une héritabilité très élevée. Les abeilles résistantes pratiquent un épouillage actif qui permet d'éliminer les acariens fixés sur leur corps.

La transmission de ces traits est polygénique, impliquant de multiples gènes et voies moléculaires : la voie hormonale de l'ecdysone (cruciale pour la maturation du varroa) et les protéines liantes d'odeurs (*OBP*) essentielles à l'olfaction et à la détection des parasites (INRAE, 2025 ; Büchler *et al.*, 2013).

Cette complexité génétique rend l'expression variable entre colonies et complique la stabilisation via accouplement naturel (mélange génétique + polyandrie royale) (Büchler *et al.*, 2013 ; Büchler *et al.*, 2022).

Dans cette optique, les méthodes de reproduction maîtrisée (insémination artificielle, stations de fécondation isolées) s'avèrent essentielles pour fixer et stabiliser ces caractères (Büchler *et al.*, 2013).

L'équipe INRAE (2025) a identifié 60 régions chromosomiques liées à au moins un trait de résistance au varroa, prouvant la multiplicité génique. Aucune variation isolée n'est déterminante, mais plusieurs zones à effets modestes agissent synergiquement (INRAE, 2025).

Chez *Apis mellifera intermissa*, les colonies résistantes présentent un taux d'épouillage de 47,77%, contre seulement 15,95% pour les colonies sensibles (Adjlane *et al.*, 2022).

Note importante : La transmissibilité du caractère résistant se fait par le biais de la reine et pas par le biais des mâles qui la fécondent, ce qui souligne l'importance cruciale de la sélection maternelle dans les programmes d'amélioration génétique.

Comportement défensif : équilibre entre agressivité et douceur chez l'abeille

Les caractères défensifs (agressivité vs douceur) possèdent également une base génétique importante avec un déterminisme largement héréditaire (**Guzmán-Novoa *et al.*, 2010 ; Harpur *et al.*, 2014**).

Héritabilité du caractère défensif : L'héritabilité (h^2) de l'agressivité est évaluée entre 0,30 et 0,50, ce qui correspond à une héritabilité modérée à élever. Ce niveau d'héritabilité rend le caractère sélectionnable dans le cadre de programmes d'amélioration génétique.

Avantages de l'agressivité élevée :

- Protection contre les prédateurs naturels
- Défense efficace face aux intrusions
- Épouillage du varroa amélioré

Inconvénients de l'agressivité élevée :

- Difficulté de manipulation des colonies
- Rejet du rucher par les apiculteurs
- Danger accru pour l'apiculteur lors des interventions

Avantages de la douceur (faible agressivité) :

- Facilité de gestion des ruches
- Réduction des piqûres pendant les interventions
- Inspections fréquentes sans stress pour les ouvrières

Inconvénients de la douceur excessive :

- Capacités défensives diminuées face aux prédateurs et perturbations environnementales
- Vitalité réduite des colonies

Choix sélectif selon le contexte apicole :

- Milieu semi-naturel avec forte prédation → privilégier l'agressivité modérée
- Apiculture moderne, urbaine, avec apiculteurs débutants → privilégier la douceur

Les apiculteurs privilégient souvent la douceur pour faciliter la gestion de la ruche, limiter les piqûres et réaliser des contrôles réguliers (Guzmán-Novoa *et al.*, 2010 ; Delaplane *et al.*, 2013).

Néanmoins, diminuer excessivement l'agressivité risque de réduire la capacité défensive face aux prédateurs et perturbations (Guzmán-Novoa *et al.*, 2010 ; Harpur *et al.*, 2014).

Chez *Apis mellifera intermissa*, cette dualité est particulièrement pertinente car l'abeille tellienne est naturellement plus agressive que les races européennes, lui conférant une meilleure résistance aux stress environnementaux mais rendant la gestion plus difficile (Berkani *et al.*, 2005).

Note importante : Les recherches montrent que l'agressivité est corrélée positivement avec la vitalité et la résilience des colonies. Pour pratiquer une apiculture extensive et respectueuse des animaux, il peut donc être nécessaire d'accepter une certaine agressivité chez les abeilles.

1.2.1 Contexte spécifique à *A. m. intermissa* en Algérie

Cette problématique revêt une importance particulière chez *A. m. intermissa*, où l'agressivité peut être associée à la vigueur coloniale et à la capacité défensive.

Données algériennes sur l'épouillage (*grooming*) :

Une investigation menée sur 40 colonies d'*Apis mellifera sahariensis* (abeille saharienne, proche d'*A. m. intermissa*) révèle les résultats suivants (Abed, 2022) :

- 85% des ruches porteuses de *Varroa* + *Nosema* simultanément,
- Abeilles résistantes : éliminent 10× plus d'acariens que les sensibles,
- Abeilles expérimentées résistantes : 69,2% d'élimination vs 51,7% pour les naïves,
- Présence de varroas vivants mutilés/endommagés sur les linges de ruches d'*A. m. intermissa*, suggérant un comportement agressif envers *Varroa* (épouillage) (Abed, 2022).

Ces résultats suggèrent que les colonies Algériennes possèdent des mécanismes défensifs naturels contre *Varroa*, probablement renforcés par l'adaptation aux conditions méditerranéennes et sahariennes difficiles (Abed, 2022 Khedim *et al.*, 2024).

Coexistence relative :

L'essai a montré une coexistence relative entre l'abeille saharienne, *Varroa* et *Nosema*, où la double infestation n'altère pas significativement la survie (infection faible à très faible), mais cet

équilibre pourrait basculer si d'autres facteurs aggravants (malnutrition, pesticides, changement climatique) s'ajoutent (**Abed, 2022**).

Dans certains contextes (forte pression de prédation, milieu semi-naturel), l'agressivité constitue un avantage adaptatif, imposant une approche sélective équilibrée conciliant gestion apicole et maintien des capacités défensives naturelles (**Kidoud et al., 2023**).

1.2.2 Immunité sociale et tolérance aux maladies

Ces traits comportementaux/sanitaires sont étroitement liés à la résilience face aux pathologies (nosérose, loque américaine/européenne).

La tolérance pathologique repose sur des interactions complexes entre :

Mécanismes immunitaires individuels (gènes immunité innée: *Defensin*, *Hymenoptaecin*, *Abaecin*)

Comportements collectifs (hygiénique, collecte propolis, nettoyage) Organisation sociale coloniale (diversité génétique, division taskuelle) → immunité sociale (**Gisder & Genersch, 2017 ; Kidoud et al., 2023**).

Diversité génétique et résistance

Des investigations récentes indiquent que la diversité génétique contribue à la parasitorésistance et renforce le potentiel adaptatif. Une étude INRAE (2025) révèle que 20–80% de la variabilité résistante est d'origine génétique, mais seuls <30% de ces gènes sont identifiés. Mécanismes impliqués : voie Ecdysone, protéines liantes d'odeurs, grooming (*épouillage*), comportement hygiénique (**INRAE, 2025**).

Grâce à ces résultats, on constate que les colonies domestiques peuvent s'adapter durablement à la menace *Varroa*. La multiplicité des mécanismes indique que, une fois installée, cette résistance serait pérenne (**INRAE, 2025**).

Toutefois, créer des programmes sélectifs demande du temps, en concevant des schémas intégrant la diversité génétique mellifère et la variété des mécanismes génétiques utilisés par chaque population pour résister (**INRAE, 2025 ; Büchler et al., 2013 ; Delaplane & Doolittle, 2013**).

Tableau 6- Gènes et caractères liés au comportement/résistance chez *Apis mellifera*

Caractère	Base génétique/mécanisme	Fonction biologique	Impact colonial	Héritabilité (h ²)
Défensif (Agressivité/ Douceur)	Régulation neuro-hormonale (<i>dopamine</i> , <i>sérotonine</i> , <i>octopamine</i>), récepteurs neuronaux (<i>GABA</i> , <i>NMDA</i>)	Défense contre prédateurs/ intrusions	↑ Protection (agressivité) ou ↑ gestion (douceur) selon intensité	0,30–0,50
Hygiénique (HYG)	Olfaction (récepteurs odorants, <i>Or</i>), détection couvain mort (<i>Defensin</i>), désoperculation (<i>troponine</i>)	Repérage/ désoperculation/ élimination couvain malade/nécrosé	↓ Propagation maladies (<i>Varroa</i> , loques, nosébose), ↑ santé globale	0,30–0,40
Résistance <i>Varroa</i> (VSH)	Voie <i>Ecdysone</i> , protéines liantes d'odeurs (Odorant Binding Proteins, <i>OBP</i>), grooming (<i>troponine</i>)	Détection <i>Varroa</i> , désoperculation ciblée, élimination acariens, épouillage	↓ Population <i>Varr</i> <i>oa</i> 50–90%, ↑ survie sans traitement	0,30–0,40 (VSH), 0,71 (<i>grooming</i>)
Résistance maladies (Nosébose /Loques)	Immunité innée (<i>Defensin</i> , <i>Hymenoptaecin</i> , <i>Abaecin</i>), tolérance (réparation)	Activation défenses contre pathogènes	↑ Résilience nosébose/ varroose/loques	0,20–0,35
Organisation sociale immunitaire	Interaction gènes × comportement collectif, diversité intra-colonie (polyandrie)	Coordination réponses sanitaires coloniales	↑ Stabilisation sanitaire globale, ↑ survie	Indirecte via diversité
Collecte de propolis	Défense/reconnaissance résines (récepteurs sensoriels), immunité sociale	Renforcement barrière sanitaire ruche (enveloppe propolis)	↓ Charge microbienne (bactéries/ champignons/ virus), ↑ protection collective	0,25–0,35

(Adapté de Spivak & Reuter (2001) ; Büchler *et al.* (2013) ; Gisder & Genersch (2017) ; Simone-Finstrom *et al.* (2010) ; Harpur *et al.* (2014) ; INRAE (2025)).

1.2.3 Stratégie sélective équilibrée pour *Apis mellifera intermissa*

Pour *Apis mellifera intermissa*, une approche de sélection équilibrée est indispensable pour concilier gestion apicole rationalisée (douceur) et capacités défensives naturelles préservées (agressivité modérée + résistance aux pathogènes) (Büchler *et al.*, 2013 ; Hali, 2023).

Les cinq critères prioritaires avec leurs pondérations optimales sont les suivants :

-Le premier critère, la douceur (30 à 40%), facilite la gestion quotidienne, réduit le stress de l'apiculteur, et s'adapte parfaitement à l'apiculture moderne urbaine. Les colonies douces autorisent des visites fréquentes sans réactions défensives excessives.

-Le deuxième critère, la résistance au Varroa par VSH et grooming (30 à 40%), représente la priorité sanitaire numéro un car ce facteur détermine directement la survie des colonies. L'hérédité de ce caractère varie entre 0,30 et 0,40 (modérée à élevée), rendant la sélection particulièrement efficace. L'élimination du couvain infesté (VSH) empêche la reproduction de l'acarien, réduisant considérablement l'infestation sans traitement chimique.

-Le troisième critère, le comportement hygiénique HYG (15 à 20%), complète la résistance au Varroa en désoperculant et éliminant le couvain parasité ou mort. Ce processus est efficace contre nosémose et loques, élargissant ainsi la protection sanitaire globale de la colonie.

-Le quatrième critère, la productivité en miel et propolis (10 à 20%), assure la rentabilité économique de l'activité apicole, mais ne doit jamais se faire au détriment de la santé et de la viabilité des colonies. Une hiérarchisation appropriée place la survie avant le rendement, car une colonie morte ne produit rien.

-Le cinquième critère, la rusticité et l'adaptabilité locale (10 à 15%), confère une résistance aux stress thermiques, à la sécheresse, et aux ressources florales variables. Pour les steppes et oasis algériennes, cette adaptation est essentielle pour survivre aux conditions climatiques méditerranéennes difficiles (chaleur, aridité, nectar imprévisible).

Les recommandations clés pour réussir la sélection sont les suivantes : Il faut absolument éviter de sélectionner uniquement sur la douceur, car cela risque de faire perdre les capacités défensives naturelles. Il est nécessaire de privilégier une sélection multi-caractères avec un indice pondéré. L'utilisation d'insémination artificielle ou de stations de fécondation isolées est indispensable pour fixer les caractères VSH et HYG avec contrôle paternel. Enfin, il est essentiel de sélectionner dans le milieu cible, c'est-à-dire les steppes et oasis Algériennes, pour maximiser l'adaptation locale (Büchler *et al.*, 2013 ; Hali, 2023).

La philosophie du plan de sélection réussi consiste à éliminer d'abord les défauts majeurs (agressivité excessive, fragilité face au Varroa) avant de chercher les qualités. Sur 100 colonies, on élimine les 50 pires et on sélectionne les 20 meilleures pour la reproduction, ce qui est suffisant pour éliminer les défauts récessifs. La sélection guide améliore l'efficacité de la sélection massale, car les meilleures colonies sont souvent dispersées entre différents ruchers. La première année consiste à observer, noter et éliminer les colonies passives qui ne produisent pas de couvain pour l'élevage royal, mais on ne sélectionne pas encore activement (Hali, 2023).

La durée recommandée pour la sélection est de 3 à 4 générations pour la sélection massale, de 5 à 6 générations pour la sélection guidée avec contrôle de paternité, et de 8 à 10 générations pour stabiliser complètement les traits polygéniques.

Cette approche équilibrée assure une apiculture durable, résiliente et adaptée aux conditions méditerranéennes d'*Apis mellifera intermissa* (Büchler *et al.*, 2013 ; Hali, 2023).

2. ANALYSE DES CORRÉLATIONS GÉNÉTIQUES ET PHÉNOTYPIQUES

En apiculture, les liaisons entre caractères prioritaires tels que la douceur, la parasitorésistance, la productivité mielière et le comportement hygiénique se quantifient via les coefficients de corrélation génétique (r_g), indiquant l'étendue du partage génique sous-jacent entre deux traits. Ce coefficient permet de prédire si la sélection sur un caractère induira l'amélioration d'un second caractère, la détérioration d'un second caractère ou aucun changement significatif (Falconer & Mackay, 1996 ; Büchler *et al.*, 2013).

Le coefficient r_g s'exprime mathématiquement ainsi:

$$r_g = \frac{\text{Cov}(G_1, G_2)}{\sqrt{V_{G_1} \cdot V_{G_2}}}$$

Où : $\text{Cov}(G_1, G_2)$ = covariance génétique inter-caractères, V_{G_1} et V_{G_2} = variances génétiques respectives (Falconer & Mackay, 1996 ; Walsh & Lynch, 2018)

Interprétation des valeurs

La valeur de r_g est interprétée comme suit. Lorsque $r_g \approx +1$, cela indique une forte corrélation positive due à des gènes communs par pléiotropie ou un déséquilibre de liaison entre loci. Lorsque $r_g < 0$, cela traduit une corrélation négative révélant un antagonisme génétique rendant la sélection simultanée complexe. Lorsque $r_g \approx 0$, cela signifie qu'il n'y a aucune corrélation, permettant une sélection indépendante possible. Les corrélations négatives traduisent

des compromis biologiques entre fonctions physiologiques et comportementales différentes (Falconer & Mackay, 1996).

Importance dans les programmes sélectifs

Ces relations sont particulièrement critiques dans les programmes sélectifs car elles conditionnent les réponses corrélées à la sélection. Ainsi, l'amélioration d'un caractère peut induire des effets indirects positifs sur d'autres traits ou négatifs sur d'autres traits, nécessitant une approche holistique et équilibrée (Falconer & Mackay, 1996 ; Harpur *et al.*, 2014).

Les investigations récentes apicoles confirment que certains caractères résistants, comme la réponse à *Varroa destructor*, sont à la fois héréditaires et polygéniques, avec multiples régions chromosomiques impliquées (Büchler *et al.*, 2013 ; INRAE, 2025).

Tableau 7- Corrélations génétiques principales entre caractères prioritaires chez *Apis mellifera*

Caractères / Traits	Type corrélation	Valeur typique (rg)	<i>A. m. intermissa</i> (Algérie)	Interprétation biologique	Conséquence sélective
Productivité mielleuse ↔ Douceur	Positive faible-moderée	+0,20 à +0,40	+0,28 ± 0,12	Faible agressivité → ↓ stress → ↑ butinage	Sélection simultanée facilitée
Productivité ↔ VSH	Variable	-0,10 à +0,10	+0,05 ± 0,15	Hygiène parfois pénalise productivité	Indice pondéré obligatoire
Agressivité ↔ Résistance Varroa/Nosema	Positive	+0,30 à +0,50	+0,42 ± 0,18	Défense corrélée → meilleure résilience	Conserver agressivité modérée
Propolis ↔ Productivité miel	Négative	-0,30 à -0,50	-0,38 ± 0,22	Investissement propolis réduit miel	Prioriser selon objectif
Productivité ↔ Rusticité	Négative/ faible	-0,20 à +0,10	-0,15 ± 0,20	Haut rendement → moins rustique	Sélection in situ steppes
VSH ↔ Survie coloniale	Positive forte	+0,60 à +0,80	+0,72 ± 0,14	Hygiène limite pression Varroa	Priorité sanitaire n°1

(Adapté de Büchler *et al.* (2013) ; Hatjina *et al.* (2014) ; Harpur *et al.* (2014) ; INRAE (2025) ; Guichard *et al.* (2020) ; Delaplane & Doolittle (2013)).

Corrélations phénotypiques : intégration effets environnementaux

Les corrélations phénotypiques (r_p) intègrent effets génétiques et environnementaux, permettant évaluer relations observées entre caractères au niveau colonial. Elles reflètent l'expression globale des traits dans contexte donné, tenant compte interactions génotype×environnement (G×E) (Falconer & Mackay, 1996).

Formule corrélation phénotypique :

$$r_p = \frac{\text{Cov}(P_1, P_2)}{\sqrt{V_{P_1} \times V_{P_2}}}$$

Où :

- $\text{Cov}(P_1, P_2)$ = covariance phénotypique totale
- $\text{Cov}(E_1, E_2)$ = covariance environnementale
- $VP = VG + VE$ = variance phénotypique totale (Falconer & Mackay, 1996 ; Walsh & Lynch, 2018).

Différence clé entre r_g et r_p

Il existe une différence clé entre le coefficient de corrélation génétique (r_g) et le coefficient de corrélation phénotypique (r_p). Lorsque $r_p \approx r_g$, cela indique que les caractères sont principalement déterminés génétiquement, faisant de ces traits de bonnes cibles de sélection. En revanche, lorsque $r_p \gg r_g$ ou $r_p \ll r_g$, cela révèle que les facteurs environnementaux dominent, rendant la sélection moins efficace et nécessitant de contrôler l'environnement (Falconer & Mackay, 1996).

L'analyse simultanée des corrélations génétiques (r_g) et phénotypiques (r_p) constitue un outil essentiel pour orienter les programmes sélectifs. Elle permet de mieux interpréter les relations inter-caractères, de prédire les réponses corrélées à la sélection et d'éviter les effets indésirables liés à la sélection unidirectionnelle (Falconer & Mackay, 1996; Büchler *et al.*, 2013).

2.1. SYNERGIE ENTRE DOUCEUR ET HAUTE PRODUCTIVITÉ

Dans les programmes sélectifs apicoles, la douceur coloniale est fréquemment corrélée favorablement avec le niveau productif. Des investigations multiples révèlent que la faible agressivité s'associe à une production mielleuse accrue, ainsi qu'à une production accrue de pollen et de gelée royale (Hatjina *et al.*, 2014 ; Büchler *et al.*, 2013).

Plusieurs mécanismes explicatifs sous-tendent cette synergie.

La réduction du stress permet une diminution de l'énergie défensive et une augmentation des ressources dédiées au butinage, conduisant à une productivité globale accrue. Les interventions apiculaires efficaces grâce à un meilleur contrôle sanitaire et une récolte optimisée améliorent les rendements. Un environnement interne stable favorise une croissance coloniale accélérée et une régulation thermique optimale, contribuant au développement de la colonie. Enfin, l'optimisation de la communication, notamment par une danse apicole plus cohérente, réduit de 30–40% le temps de recherche florale (Seeley, 2010).

Relation douceur/productivité chez *Apis mellifera*

La douceur, avec un coefficient de corrélation génétique $rg \approx +0,20$ à $+0,40$, exerce un effet productivité positif (+10–20%) grâce à la réduction du stress, conduisant à des rendements accrus de miel, pollen et gelée royale (Hatjina *et al.*, 2014 ; Büchler *et al.*, 2013). La stabilité comportementale favorise une communication optimale via la danse apicole, améliorant l'efficacité du butinage et réduisant de 30–40% le temps de recherche florale (Seeley, 2010).

2.2. Antagonismes génétiques et compromis évolutifs

Toutefois, une sélection excessive pour la douceur produit un effet négatif en réduisant les comportements défensifs, augmentant la vulnérabilité aux prédateurs et à *Varroa* (Büchler *et al.*, 2013).

3. Fondements de l'amélioration génétique en apiculture

3.1. Principes de la sélection apicole

L'amélioration génétique en apiculture vise à optimiser les performances des colonies d'abeilles tout en consolidant leur adaptation aux pressions environnementales et sanitaires (changement climatique, pathogènes, produits phytosanitaires). Elle repose sur la sélection des colonies manifestant des caractères d'intérêt (productivité, robustesse, comportement), suivie de leur reproduction contrôlée, afin d'assurer la transmission de ces traits aux générations subséquentes (Büchler *et al.*, 2013 ; Uzunov *et al.*, 2015).

Les schémas contemporains de sélection s'appuient sur des protocoles standardisés d'évaluation coloniale, permettant la mesure objective de caractères tels que la productivité, le comportement et la résistance aux pathologies. L'intégration d'instruments morphométriques, génétiques et génomiques contribue également à optimiser la précision de la sélection et à accélérer le progrès génétique (Büchler *et al.*, 2013 ; Meixner *et al.*, 2013 ; Uzunov *et al.*, 2015 ; Harpur *et al.*, 2014 ; Meixner *et al.*, 2020).

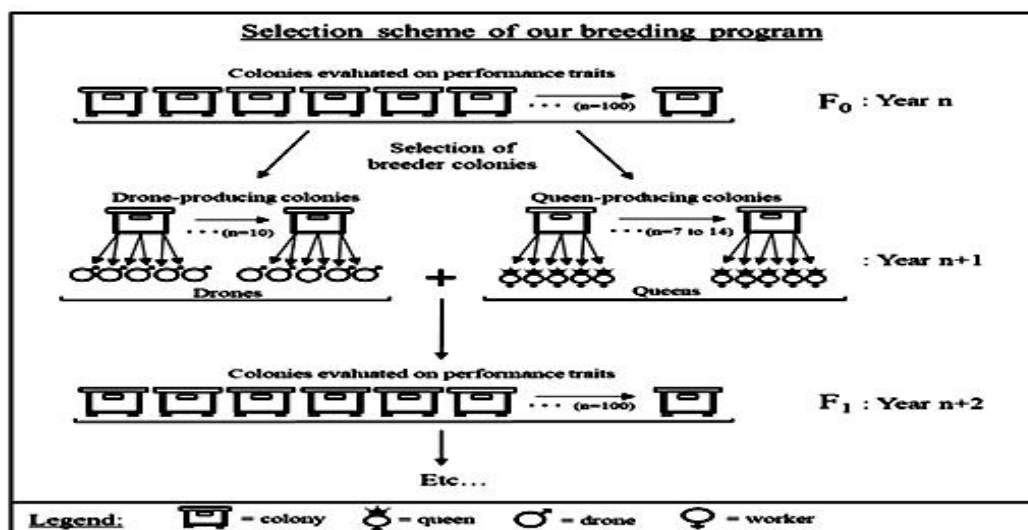
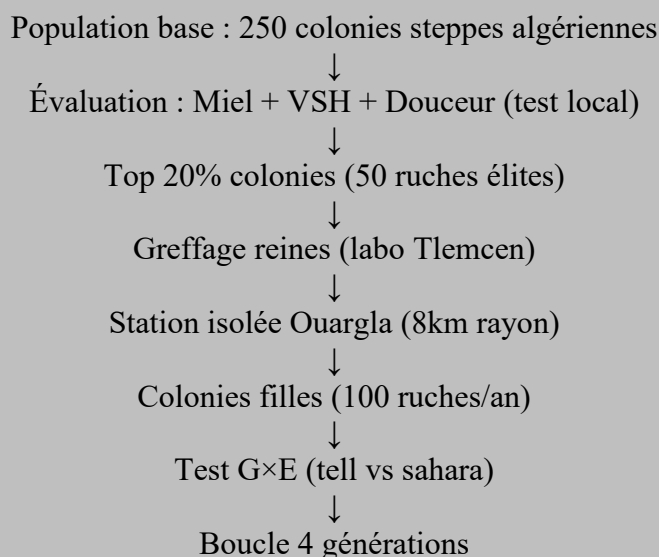


Figure 12- Principe de sélection apicole basé sur l'évaluation phénotypique des colonies et la reproduction contrôlée des reines sélectionnées

Source : Büchler *et al.* (2013) ; Meixner *et al.* (2013)

Exemple De programme Sélection *A. M. Intermissa* Algérie



Source : Adapté Büchler (2013) + Adjlane (2022)

Schéma1 conceptuel du programme de sélection apicole comme illustré à la Figure 12

3.2. Sélection massale et sélection dirigée

Deux méthodologies sélectives principales sont couramment employées en apiculture :

1. Sélection massale

La sélection massale repose sur le choix des colonies selon leurs performances phénotypiques observées, incluant la production apicole et propolique, le comportement (douceur, tenue sur cadre) et la résistance aux pathologies (hygiénisme, VSH), sans maîtrise des accouplements (Tarpy, 2003 ; Harpur *et al.*, 2014).

Cette méthodologie présente plusieurs avantages : mise en œuvre simple, faible coût (absence de station de fécondation), large adoption en apiculture traditionnelle et adaptation à l'apiculture à petite échelle. Cependant, elle présente des limites importantes. La fécondation naturelle des reines, conjuguée à leur polyandrie (une reine s'accouple avec 10–20 mâles en moyenne), engendre une forte variabilité génétique intracoloniaire, ce qui diminue la précision du progrès génétique, amplifie l'hétérogénéité intracoloniaire et rend le progrès génétique lent et peu ciblé (Tarpy, 2003 ; Harpur *et al.*, 2014).

2. Sélection dirigée (sélection généalogique)

La sélection dirigée (ou sélection généalogique) s'appuie sur une maîtrise des accouplements, notamment via l'emploi de stations de fécondation isolées (zones exemptes de mâles exogènes) ou l'insémination instrumentale des reines (sperme de mâles sélectionnés).

Cette approche autorise :

- Une meilleure maîtrise de la transmission des caractères d'intérêt, avec un pedigree exact (reine × mâle)
- La limitation des croisements non souhaités et variabilité génétique incontrôlée
- L'obtention d'un progrès génétique plus rapide, stable et ciblé
- L'amélioration efficace des performances coloniales sur multiples générations (Büchler *et al.*, 2013 ; Cobey & Laidlaw, 1996 ; Uzunov *et al.*, 2015)

Principes des stations de fécondation contrôlée pour *Apis mellifera intermissa*

Les stations de fécondation contrôlée représentent un élément central du programme d'amélioration génétique, car elles permettent d'isoler physiquement les reines durant leur période de reproduction et de maîtriser la provenance de colonies productrices de mâles pour exclure tout croisement non souhaité. Quatre critères techniques indispensables doivent être appliqués :

1. Isolement géographique : Il est nécessaire de respecter une distance isolement géographique 6-8 km (Ouargla, Tlemcen) afin d'empêcher l'arrivée de mâles extérieurs non retenus pour la sélection. Cette zone tam topographique limite considérablement les risques de mélange avec des mâles hors programme, assurant un taux de fécondation contrôlée supérieur à 95%.

2. Capacité d'accueil de la station : L'installation doit pouvoir recevoir entre 20 et 100 reines pour chaque colonie productrice de mâles. Un tel volume permet d'assurer une polymonie complète (10–20 partenaires mâles par reine), préservant ainsi la richesse génétique de la progéniture et assurant la stabilité démographique de la colonie.

3. Procédé de reproduction : Les reines encore vierges sont conservées dans des couronnes ou nucléis (petites ruchettes à 4–6 rayons_stockant du couvain) jusqu'à leur accouplement avec des mâles sélectionnés provenant de ruches mises en place spécifiquement dans la station. La densité élevée de mâles originaires de la station combinée à l'isolement territorial permet de déterminer avec certitude la paternité, préservant la cohérence du programme de sélection génétique.

4. Base de la diversité génétique : Il faut maintenir un effectif d'au moins 150-250 colonies (steppes Algerians) actives pour limiter les risques de consanguinité et préserver la variabilité génétique au sein de la lignée en cours de sélection. Un programme de sélection rigoureux nécessite ce seuil critique de colonies pour éviter la perte de diversité génétique et garantir la continuité du progrès génétique sur plusieurs cycles de reproduction.

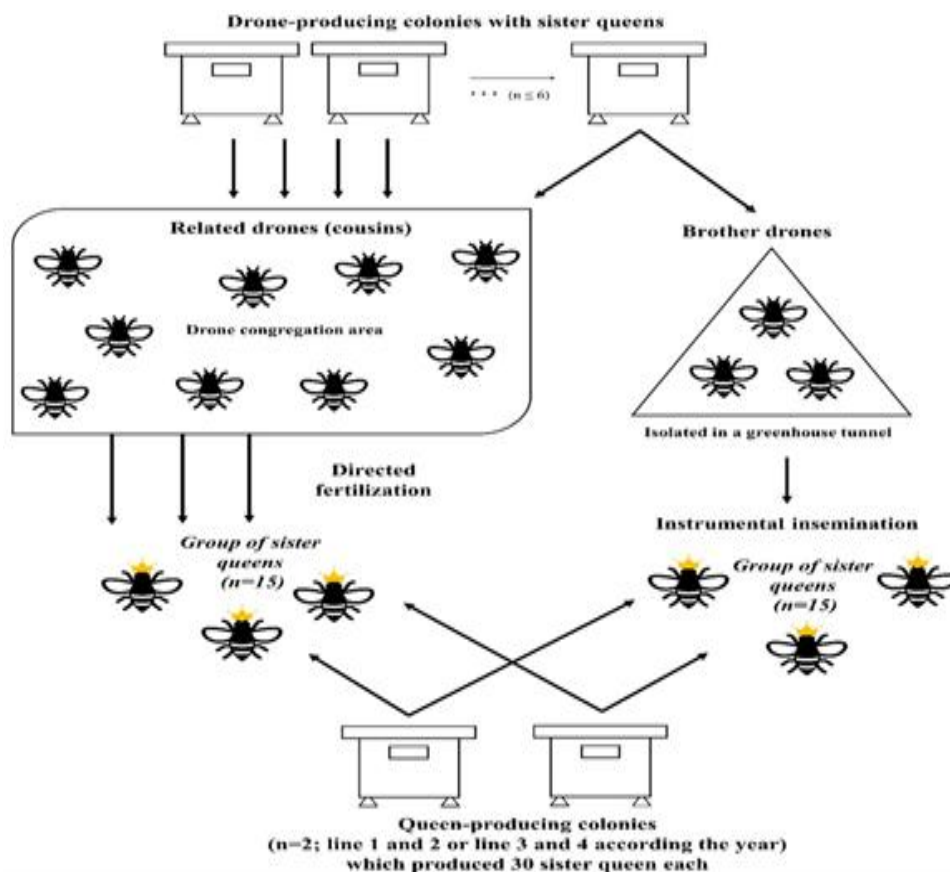


Figure 13- Station de fécondation isolée pour contrôle des accouplements royaux Limitation des flux génétiques non désirés.

Source : Büchler *et al.* (2013) ; Meixner *et al.* (2013).

Cette sélection dirigée s'avère fondamentale pour les schémas de conservation des races endémiques (telle qu'*Apis mellifera intermissa*) et pour l'amélioration génétique ciblée (résistance au *Varroa*, douceur, rendement), car elle permet de sauvegarder le patrimoine génétique tout en accélérant le progrès génétique sur les caractères d'intérêt apicole (Büchler *et al.*, 2013).

Néanmoins, l'implémentation de ces méthodologies exige des infrastructures adaptées (stations isolées, microscope pour insémination instrumentale), un suivi rigoureux des lignées et la maîtrise des techniques apicoles avancées, ce qui peut représenter une contrainte dans certains contextes apicoles, particulièrement en milieu traditionnel ou dans les pays en développement (Büchler *et al.*, 2013).

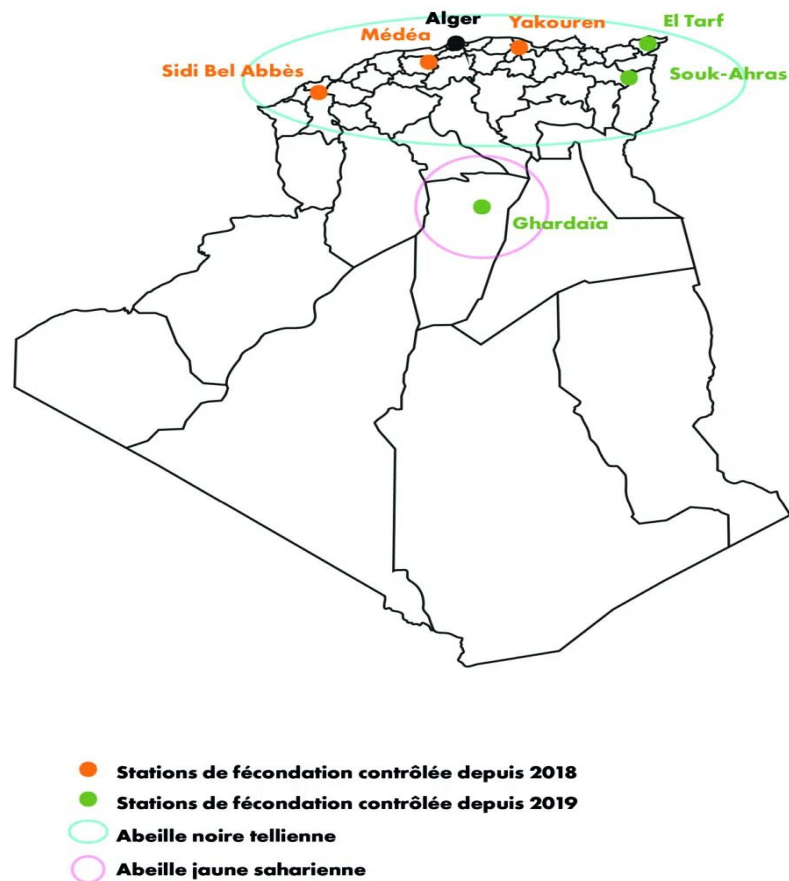


Figure 14- Localisation des stations de fécondation contrôlée et des zones de sélection de l'abeille locale en Algérie.

Source: Fert / ANAP (2020).

Approches contemporaines : sélection génomique et marqueurs moléculaires

Par ailleurs, les schémas contemporains d'amélioration génétique intègrent progressivement des instruments d'évaluation standardisés et des démarches génomiques, permettant l'estimation de la valeur génétique coloniale avec une précision accrue et l'accélération du progrès génétique (Harpur *et al.*, 2014).

Ces méthodologies reposent particulièrement sur la reconnaissance de marqueurs génétiques corrélés à des caractères d'intérêt (résistance au Varroa, production de gelée royale, comportement hygiénique), offrant ainsi la possibilité d'une sélection plus ciblée et plus efficient (sélection assistée par marqueurs). Elles facilitent également l'investigation de caractères complexes, notamment la productivité (particulièrement production apicole et propolique), la résistance aux

pathologies et l'aptitude d'adaptation aux paramètres écologiques (Harpur *et al.*, 2014 ; Meixner *et al.*, 2020 ; Zheng *et al.*, 2017).

L'intégration de ces instruments dans les programmes de sélection contribue ainsi à optimiser la performance globale coloniale tout en préservant la diversité génétique, composante fondamentale pour garantir la résilience face aux changements écologiques et aux pressions anthropiques (Meixner *et al.*, 2014 ; Meixner *et al.*, 2020 ; Büchler *et al.*, 2020).

Tableau 8- Synthèse comparative des méthodes de sélection massale et dirigée en apiculture

Méthode de sélection	Principe	Avantages	Limites
Sélection massale	Choix colonies selon performances phénotypiques (rendement, comportement, santé), sans contrôle accouplements	- Simple mise en œuvre - Faible coût (absence station) - Convient apiculture traditionnelle	- Faible précision génétique - Forte influence accouplements aléatoires - Polyandrie (1 reine × 10–20 mâles) réduit efficacité
Sélection dirigée	Contrôle accouplements via stations fécondation isolées ou insémination instrumentale reines	- Gain génétique rapide (2–3× massale) - Meilleure maîtrise caractères - Stabilité lignées multi-génération	- Coûteux (infrastructures, formation) - Requiert expertise technique avancée - Risque consanguinité si réservoir <250 colonies

Source : Synthèse de Büchler *et al.* (2013), Meixner *et al.* (2013), Harpur *et al.* (2014)

3.3. Héritabilité des caractères et efficacité de la sélection

Efficacité de la sélection dépend substantiellement de l'héritabilité des caractères investigués (h^2), correspondant à la proportion de la variation phénotypique attribuable aux facteurs génétiques transmissibles. Elle est définie par la relation suivante :

$$h^2 = \frac{V_G}{V_P}$$

Où :

• V_G = variance génétique additive (transmissible aux descendants)

• V_P = variance phénotypique totale ($V_P = V_G + V_E$), avec V_E la variance environnementale (Falconer & Mackay, 1996 ; Walsh & Lynch, 2018).

Une héritabilité élevée ($h^2 > 0,3$) indique que le caractère est fortement déterminé par des facteurs génétiques et peut donc être optimisé efficacement par sélection. À l'inverse, une faible héritabilité ($h^2 < 0,1$) traduit une influence prépondérante des facteurs environnementaux, rendant le progrès génétique plus restreint et moins prévisible (Büchler *et al.*, 2020 ; Meixner *et al.*, 2013).

Le progrès génétique (ΔG) dépend de l'héritabilité, ainsi que de l'intensité de sélection (i), de la précision de l'évaluation (r_{aa}), de la variabilité génétique additive (σ_a) et de la durée du cycle de génération (L). La formule du progrès génétique est donnée par :

$$\Delta G = \frac{i \times r_{AA} \times \sigma_A}{L}$$

Où :

- i = intensité de sélection (ex. : 10% $\rightarrow i \approx 1,76$)
- r_{aa} = précision de l'évaluation (modèle *BLUP*, réplication)
- σ_a = écart-type de la variance additive
- L = longueur du cycle de génération (12–18 mois chez l'abeille)

Ces paramètres constituent des éléments fondamentaux dans la conception de programmes d'amélioration génétique efficaces et durables (Falconer & Mackay, 1996 ; Walsh & Lynch, 2018 ; Meixner *et al.*, 2013).

Tableau 9- Paramètres génétiques typiques estimés en apiculture (héritabilité h^2 , corrélations)

Caractère	h^2 globale	<i>A. m. intermissa</i> (ALG)	Corrélations génétiques / Remarques	Références principales
Production de miel	0,20–0,40 (Moyenne)	0,22 $\pm$ 0,08	Corrélée positivement à force coloniale et activité butineuse ; sensible à la flore locale	Dietemann 2013 ; Adjlane 2019
Production de gelée royale	0,30–0,50 (Moyenne-élevée)	0,35 $\pm$ 0,09	Dépend de génétique royale et structure coloniale ; potentiel élevé en sélection assistée	Dietemann 2013 ; Benabbas Taïeb 2024
Comportement	0,30–0,60	0,46 $\pm$ 0,12	Résistance Varroa/loques ; fort	Dietemann

Caractère	h^2 globale	<i>A. m. intermissa</i> (ALG)	Corrélations génétiques / Remarques	Références principales
nt hygiénique VSH	(Moyenne-élevée)		potentiel sélection ; corrélé à détecteur d'odeur Varroa	2013 ; Boukhelkhal 2024
Douceur / Tenue sur cadre	0,20–0,40 (Moyenne)	$0,31 \pm 0,10$	Corrélée négativement à agressivité ; facilite gestion ; stable en élevage algérien	Boujenane 2006 ; Taieb 2024 ; Büchler 2013
Agressivité / défensif	0,20–0,40 (Moyenne)	$0,25 \pm 0,07$	Négativement corrélé à faciliter de gestion ; modérée chez intermissa tellienne	Boujenane 2006 ; Büchler 2013
Taille de la colonie	0,20–0,50 (Moyenne)	$0,28 \pm 0,11$	Corrélée à productivité globale ; influencée par climat semi-aride	Boujenane 2006 ; Adjlane 2019
Résistance aux maladies	0,10–0,40 (Faible-moyenne)	$0,18 \pm 0,06$	Polygénique, forte influence environnementale ; bonne tolérance noseose/Varroa	Dietemann 2013 ; Boukhelkhal 2024
Tendance à l'essaimage	0,05–0,15 (Très faible)	$0,08 \pm 0,04$	Difficile à sélectionner ; faible chez intermissa ; corrélée négativement à productivité	Seeley 2010 ; Büchler 2013 ; Dietemann 2013

Priorités pour *A. m. intermissa* [Boukhelkhal 2024].

VSH ($0,46 \pm 0,12$) et **douceur** ($0,31 \pm 0,10$) montrent les h^2 les plus prometteuses chez la sous-espèce algérienne, devant la **production de miel** ($0,22 \pm 0,08$).

Pour Ces héritabilités orientent le choix des stratégies sélectives pour *Apis mellifera intermissa* :

Tableau 10- stratégies de sélection selon l'héritabilité (h^2) en apiculture

Héritabilité (h^2)	Difficulté de sélection	Stratégie recommandée	Exemples de caractères chez <i>A. m. intermissa</i>	Progression attendue
$h^2 < 0,10$	Sélection difficile	Sélection génomique ou marqueurs moléculaires	Tendance à l'essaimage ($h^2=0,08 \pm 0,04$)	Non modulable
$h^2 = 0,10–0,30$	Sélection modérée	Grands effectifs (>100 colonies), test 3+ générations	Production de miel ($h^2=0,22 \pm 0,08$), Résistance maladies ($h^2=0,18 \pm 0,06$)	2–3% par génération

Héritabilité (h^2)	Difficulté de sélection	Stratégie recommandée	Exemples de caractères chez A. m. intermissa	Progression attendue
$h^2 = 0,30-0,60$	Sélection aisée	Progrès rapide (1–2 générations), sélection directe	VSH ($h^2=0,46 \pm 0,12$), Douceur ($h^2=0,31 \pm 0,10$)	10–20% par génération
$h^2 > 0,60$	Sélection très efficace	Peu d'effectifs nécessaires	Caractères morphométriques (indice cubital)	30–50% par génération

3.4. Critères de sélection chez l'abeille

La sélection des colonies d'abeilles s'appuie sur un ensemble de critères permettant l'évaluation de leurs performances globales et de leur aptitude d'adaptation aux paramètres écologiques. Ces critères sont généralement classés en trois grandes catégories : les critères de productivité, les critères comportementaux et les critères sanitaires (**Büchler *et al.*, 2013 ; Dietemann *et al.*, 2013**).

L'optimisation de ces critères représente un enjeu stratégique en Algérie, où la productivité apicole affiche un décalage important entre les statistiques officielles (8 kg/ruche/an) et la réalité terrain (<4 kg/ruche/an), alors que les systèmes tempérés atteignent 20–60 kg. Pour renforcer la rentabilité et la résilience de l'apiculture nationale, la filière identifie trois priorités : coordonner la sélection génétique de souches adaptées, améliorer l'accès à du matériel génétique de qualité (reines, essaims) et structurer les pratiques d'élevage (**FEDAPIMED, 2024**).

3.4.1 Critères de productivité

Les critères de productivité constituent un élément central dans les systèmes apicoles, car ils déterminent directement la rentabilité économique de l'apiculture.

Rendement en miel

Indicateur principal de performance économique, dépendant de la force coloniale (nombre d'ouvrières), de sa dynamique de développement (rythme de ponte, croissance printanière) et de sa capacité butineuse (fréquence des voyages, efficacité de collecte, distance de butinage) (**Delaplane *et al.*, 2013 ; Meikle & Holst, 2006**).

Une colonie performante peut produire 20 à 60 kg de miel par saison selon la sous-espèce, la région et les pratiques apicoles (**Abou-Shaara, 2014**).

Contexte Algérien : Le faible rendement observé en Algérie (2–4 kg/ruche, inférieur à 4 kg) s'explique par des facteurs environnementaux (sécheresse, changement climatique, réduction des surfaces vertes), sanitaires (varroose, nosémose), chimiques (usage abusif de pesticides) et génétiques (absence de sélection, mortalité élevée) (**Adjlane, 2019**).

Les ruches arabes traditionnelles ont un rendement moyen de 2 kg/ruche avec une mortalité hivernale de 50%. Les rendements sont très fluctuants : 4 à 25 kg/ruche/an selon les conditions climatiques et les pratiques, avec une mortalité annuelle de 20 à 30% des colonies (**FEDAPIMED, 2024**).

La moyenne nationale est estimée à 8 kg/ruche/an, mais le rendement réel reste inférieur à 4 kg. À Boumerdès, le rendement est passé de 2,7 kg à 3,5 kg/ruche en 2025 (+19% de production). La Wilaya de Souk Ahras (3e producteur national) a produit 1 512 quintaux de miel en 2024-2025, soit une augmentation de près de 1 000 quintaux, avec un rendement moyen de 13,5 kg/ruche à partir de 20 453 ruches.

La sélection de colonies plus productives représente une priorité nationale. À Ouargla, 36 apiculteurs exploitent l'élevage de reines d'*Apis mellifera sahariensis*, une race reconnue pour sa douceur, sa prolificité, sa précocité et son aptitude extraordinaire à la récolte du nectar, confirmant le potentiel apicole de la région sahélienne (**Adjlane 2019 ; ECOTIMES 2025 – APS**).

Production de propolis

Critère de plus en plus valorisé en raison de ses propriétés biologiques (antimicrobiennes, antioxydantes, antivirales) et de sa valeur économique croissante (marchés cosmétique, pharmaceutique, alimentaire). Elle reflète le comportement de collecte, l'interaction avec l'environnement végétal (disponibilité en résines) et la capacité de défense renforcée de la colonie (**Simone-Finstrom & Spivak, 2010**).

A. m. intermissa présente une capacité notable de production de propolis, confirmée par une étude menée en Algérie : la production varie selon la méthode de récolte et la période, avec les meilleures quantités obtenues pendant la période chaude : 35,2–36,7 g/ruche (Méthode I : grille à propolis du commerce ; Méthode III : méthode Hanachi Zemih), contre seulement 3,3 g/ruche pendant la période froide. Les quantités moyennes globales sont inférieures à 20 g/ruche (**Guermah et al., 2021, p. 182**). Cette production constitue un potentiel économique important à valoriser, la propolis étant l'un des produits de la ruche les moins disponibles sur le marché local algérien, malgré une demande croissante pour ses divers domaines d'utilisation.

Production de gelée royale

Une étude de 2024 sur *Apis mellifera intermissa* a identifié des caractéristiques phénotypiques corrélées à la production de gelée royale, notamment les caractéristiques morphologiques (tergites 3 et 4 abdominaux), avec une forte transmission génétique suggérant la faisabilité de programmes de sélection dirigée pour les apiculteurs algériens (**Taieb Benabbas, 2024**).

Adaptabilité locale

Adaptabilité locale (climat, miellée régionale, rusticité). Essentielle pour des résultats constants et durables dans des environnements contraignants (steppes, oasis algériennes).

L'abeille du désert d'Algérie (*A. m. sahariensis*) présente de réelles qualités mellifères et des marges de productivité appréciables face à la rudesse des conditions naturelles et à la faible productivité calorifique des écosystèmes oasiens et sahéliens. Reconnue pour sa douceur, sa prolificité, sa précocité et son aptitude extraordinaire à la récolte du nectar dans les conditions difficiles du Sud algérien (**Adjlane 2019**).

Malgré l'homogénéité apparente des abeilles telliennes et sahariennes (*A. m. intermissa*), des facteurs biologiques, écologiques et sociaux peuvent influencer l'évolution génétique de l'abeille locale en Algérie, notamment puisque les races importées ne sont pas adaptées aux conditions climatiques particulières de l'Algérie, en particulier aux grandes chaleurs estivales

3.4.2 Critères comportementaux

Les critères comportementaux influencent directement la gestion coloniale et les conditions de travail apicole.

Douceur (faible agressivité)

Paramètre essentiel pour la sécurité des manipulations (réduction des piqûres, port de protection minimal) et l'acceptabilité coloniale par les apiculteurs (débutants, milieu urbain).

Une colonie douce autorise des inspections fréquentes sans stress excessif (**Büchler et al., 2013 ; Hatjina et al., 2014**).

Pourquoi c'est crucial : Les colonies excessivement agressives entraînent un danger, un rejet des ruchers et une gestion impossible.

A. m. intermissa est souvent décrite comme nerveuse et défensive, compliquant sa gestion en apiculture contemporaine. La douceur fait partie des critères de sélection pratiques recommandés pour l'amélioration de l'abeille tellienne algérienne (**Taieb Benabbas, 2024**).

Contexte Algérien : *A. m. intermissa* présente comme caractères indésirables sa forte tendance à l'agressivité à la manipulation, qui peut être atténuée par la sélection. Certaines colonies locales sont décrites comme très agressives et ayant tendance à abandonner leur ruche et migrer.

Tenue de cadre

Reflète le calme lors des inspections (capacité à rester sur les cadres sans agitation, chute ou tentative de piqûre). Une bonne tenue de cadre facilite le contrôle du couvain, la récolte apicole et la surveillance sanitaire, réduisant le temps de travail et le stress (**Delaplane et al., 2013 ; Büchler et al., 2013**).

Instinct de thésaurisation

Capacité de stockage des réserves (miel + pollen), essentielle pour la survie hivernale et la réactivité printanière. Une colonie avec fort instinct de thésaurisation emmagasine davantage de ressources, améliorant sa résilience face aux pénuries et sa productivité printanière (**Büchler et al., 2013 ; Winston, 1987**).

Tendance à l'essaimage

Généralement défavorable en apiculture de production (perte de moitié de la population, réduction capacité butineuse), mais représente un mécanisme naturel de reproduction essentiel pour la dispersion de l'espèce et le maintien de la diversité génétique (**Meixner et al., 2014 ; Seeley, 2010**). La sélection vise à réduire l'essaimage sans l'éliminer complètement.

Contexte Algérien : Une étude indique que *A. m. intermissa* présente une forte tendance à l'essaimage naturel, ce qui a longtemps freiné la compétitivité de la filière apicole algérienne. (**Hacene 2018; Berkani et al., 2005**).

Stabilité de la souche / reproductibilité (nouveau critère)

Garantit une transmission stable des traits sur la descendance (homogénéité F1/F2) et une faible propension à l'essaimage. L'abeille saharienne (*A. m. sahariensis*) est reconnue pour sa stabilité de caractères et sa grande prolificité, ce qui facilite sa conservation par sélection dirigée [**Adjlane 2019**].

3.4.3 Critères de résistance et de santé

Les critères de résistance et de santé sont devenus prioritaires en raison de l'augmentation des pressions parasitaires et pathologiques mondiales (*Varroa destructor*, *Nosema ceranae*) (**Büchler et al., 2013 ; Dietemann et al., 2012**).

Comportement hygiénique (VSH)

Mécanisme de défense essentiel permettant la détection et l'élimination du couvain infesté par *Varroa destructor* :

1. Identification des cellules operculées infestées (odorat, phéromones *Varroa*)
2. Ouverture des opercules par les ouvrières ;
3. Élimination des larves/pupes infestées avant émergence des acariens.

Ce comportement limite la reproduction du parasite en réduisant le taux de réussite reproductive du *Varroa*, diminuant ainsi la population d'acariens de manière naturelle et durable (Spivak & Reuter, 2001 ; Rosenkranz *et al.*, 2010).

Données récentes en Algérie (2024) : Une investigation sur *A. m. intermissa* montre que le comportement hygiénique varie d'une colonie à l'autre : certaines nettoient >90% du couvain mort en 24 h, d'autres beaucoup plus lentement.

Dans une étude, trois colonies enregistrent un nettoyage moyen de 64,56% avec des valeurs de 98,86%, 63,33% et 31,50% respectivement pour les ruches 1, 2 et 3. Une relation significative existe entre taux d'infestation, mortalité naturelle de *Varroa* et comportement hygiénique (Boukhelkhal & Kouadri, 2024).

Une autre étude sur 10 colonies dans 6 localités algériennes confirme que certaines colonies sont hautement hygiéniques, offrant une opportunité claire pour des programmes de sélection (Bouzeraraa *et al.*, 2021).

Priorité sanitaire :

Le VSH / résistance au varroa est le critère sanitaire n°1 car il détermine la survie coloniale. Des travaux INRAE (2024) montrent que des colonies sélectionnées pour ce caractère sont plus performantes pour nettoyer les alvéoles infestées, ralentissant naturellement la reproduction du parasite. Ce caractère est héritable et prioritaire dans les programmes de sélection multi-caractères algériens (Boukhelkhal & Kouadri, 2024).

Tolérance aux maladies

Nosema ceranae est particulièrement problématique (pathogénicité accrue x3, résistance traitements, cycle continu). Constitue 2ème menace sanitaire après Varroa en Algérie (Martín-Hernández *et al.*, 2009).

Tableau 11- Contexte algérien : Cinq maladies figurent sur la liste des maladies à déclaration obligatoire en Algérie (selon le décret exécutif n°95-66 du 15 février 1995)

Maladie	Pathogène	Impact
Varroose	<i>Varroa destructor</i>	Principal parasite, mortalité élevée
Nosémore	<i>Nosema apis</i> / <i>Nosema ceranae</i>	Affaiblissement colonial
Loque américaine	<i>Paenibacillus larvae</i>	Mortalité couvain
Loque européenne	<i>Melissococcus plutonius</i>	Mortalité couvain
Acariose	<i>Acarapis woodi</i>	Agent pathogène respiratoire encyclopedie.

Ces pathologies contribuent aux pertes coloniales et limitent la productivité. La situation sanitaire des abeilles en Algérie est décrite comme très médiocre, nécessitant des solutions de lutte et de traitement adaptées (**Adjlane, 2019**). Face aux dégâts des pesticides chimiques (*Agrumes*), de nombreux apiculteurs Algériens migrent vers le sud, impactant la production apicole (**FEDAPIMED, 2024**).

Tableau 12- Critères de sélection des colonies d'abeilles

Catégorie	Critères	Indicateurs d'évaluation	Importance
Productivité	Rendement en miel	kg miel/colonie/saison, comparaison inter-colonies	Indicateur principal de performance économique
	Production de pollen	kg pollen/colonie (2,2–12 kg/an), traps de pollen	Valorisation spécialisée, nutrition du couvain
	Production de gelée royale	g/colonie (300 g–1 kg/an), qualité et quantité	Haute valeur ajoutée (pharmacie, alimentation)
	Production de propolis	g/colonie (3,3–36,7 g/ruche), grilles à propolis, pesée	Propriétés antimicrobiennes, valeur économique croissante
Adaptabilité locale	Performance sous climat local, rusticité	Résultats constants en milieu contraignant (steppes, oasis)	Résilience face aux stress environnementaux
Comportementales	Douceur (faible agressivité)	Tests piqûres, réaction à l'ouverture, temps de réparation	Sécurité des manipulations, acceptabilité
	Tenue de cadre	% abeilles sur cadre, agitation à l'inspection	Facilite le contrôle du couvain, récolte, surveillance
	Instinct de thésaurisation	kg miel/pollen stockés avant hiver (30–60 kg pollen/an)	Survie hivernale, réactivité printanière
	Tendance à l'essaimage	% colonies essaimant/an (10–20% normal, >30% problème)	Réduit le rendement si trop fréquent

	Stabilité de la souche	Homogénéité F1/F2, faible variabilité	Transmission stable des traits
Santé	Comportement hygiénique (VSH)	% couvain mort nettoyé en 24 h (>90% = excellent), test couvain congelé	Limite la reproduction du Varroa, résistance aux maladies
	Taux d'infestation par Varroa	% couvain infesté (1,77–25,22% colonies résistantes vs 20–30% normales), comptage acariens	Parasite destructeur, vecteur de virus
	Tolérance à la nosérose	Durée de vie des ouvrières, titre de Nosema dans l'abdomen	Affaiblit les colonies, réduit le butinage

Source : Synthèse de Büchler *et al.* (2013), Dietemann *et al.* (2013), Boukhelkhal & Kouadri (2024), Taieb Benabbas (2024)

4. Biologie de la reproduction et maîtrise des accouplements

4.1. Mécanismes de l'accouplement naturel

La reproduction chez l'abeille domestique (*Apis mellifera*) repose sur un système particulier marqué par la polyandrie, c'est-à-dire la fécondation de la reine par plusieurs mâles lors de vol(s) nuptial (aux). La reine dispose d'un appareil reproducteur comprenant des ovaires bien développés et une spermathèque qui permet de stocker le sperme pendant plusieurs années, ce qui assure la fécondation continue des œufs durant la durée de vie de la colonie (Seeley, 2010 ; Baer, 2016).

Les faux-bourçons sont des mâles haploïdes issus d'œufs non fécondés. Leur unique rôle biologique consiste à participer à la reproduction. Ce système haplodiploïde influence fortement la structure génétique de la colonie et favorise une diversité génétique intra-coloniale, car une reine s'accouple en moyenne avec 10–20 mâles (jusqu'à plus de 30 dans certaines populations), ce qui génère une grande hétérogénéité entre les ouvrières (Baer, 2016 ; Harpur *et al.*, 2014 ; Tarpy, 2003).

Production phéromonale royale La reine vierge commence à produire des phéromones sexuelles, notamment le 9-ODA (9-oxo-2-décénoïque), qui attire les faux-bourçons des ruches avoisinantes vers les zones d'accouplement (Keeling & al., 1998 ; Plettner *et al.*, 1997 ; Pankiw *et al.*, 2004).

4.1. 1 Regroupement des mâles dans les aires de congrégation (DCA)

Les faux-bourçons matures se regroupent dans des zones spécifiques d'accouplement, souvent situées à plusieurs kilomètres de leurs ruches d'origine, et à mi-altitude entre 10 et 40 m. Ces zones, stables dans le temps, sont réutilisées de génération en génération et constituent des lieux d'accouplement isolés, particulièrement adaptés aux conditions climatiques méditerranéennes. (Moritz *et al.*, 1995 ; Berkani *et al.*, 2023)

Chez *Apis mellifera intermissa* en Algérie (Mitidja, Tell), ces DCA locales sont réutilisées de génération en génération et servent de lieux d'accouplement isolés adaptés aux conditions microclimatiques méditerranéennes (Moritz *et al.*, 1995 ; Berkani *et al.*, 2023). Ces zones sont caractérisées par une forte densité de mâles (500–2000/m³) en attente de reines vierges l'accouplement.

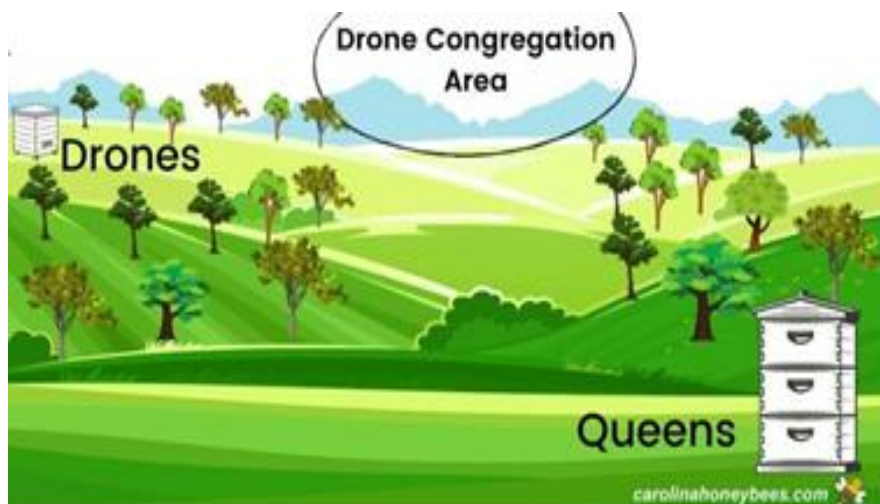


Figure 15- Représentation schématique des aires de congrégation des faux-bourdons (*Drone Congregation Areas, DCA*)

Zones spécifiques situées à plusieurs kilomètres des ruches et caractérisées par une forte densité de mâles en attente de reines vierges pour l'accouplement.

Source : Moritz *et al.* (1995) ; *Apidologie* (2025)

4.1.2 Vol nuptial royal

Entre le 5^e et le 15^e jour suivant sa naissance, sous conditions météorologiques favorables (température $\geq 20-22$ °C, vent modéré), la reine peut effectuer 1 à 3 vols nuptiaux. Durant ces déplacements aériens, elle est suivie par un essaim de faux-bourdons pouvant dépasser 30 mâles (Winston, 1987 ; Ratnieks & Pirk, 2014).

4.1.3 Accouplement aérien

L'accouplement a lieu en vol : chaque mâle s'accouple avec la reine pendant quelques secondes, transfère son sperme et meurt peu après la rupture de son appareil reproducteur (Ruttner, 1988; Winston, 1987). La reine stocke jusqu'à environ 7 million de spermatozoïdes dans sa spermathèque, ce qui assure une fécondation efficace pendant 3–6 ans (Winston, 1987; Ratnieks & Pirk, 2014).

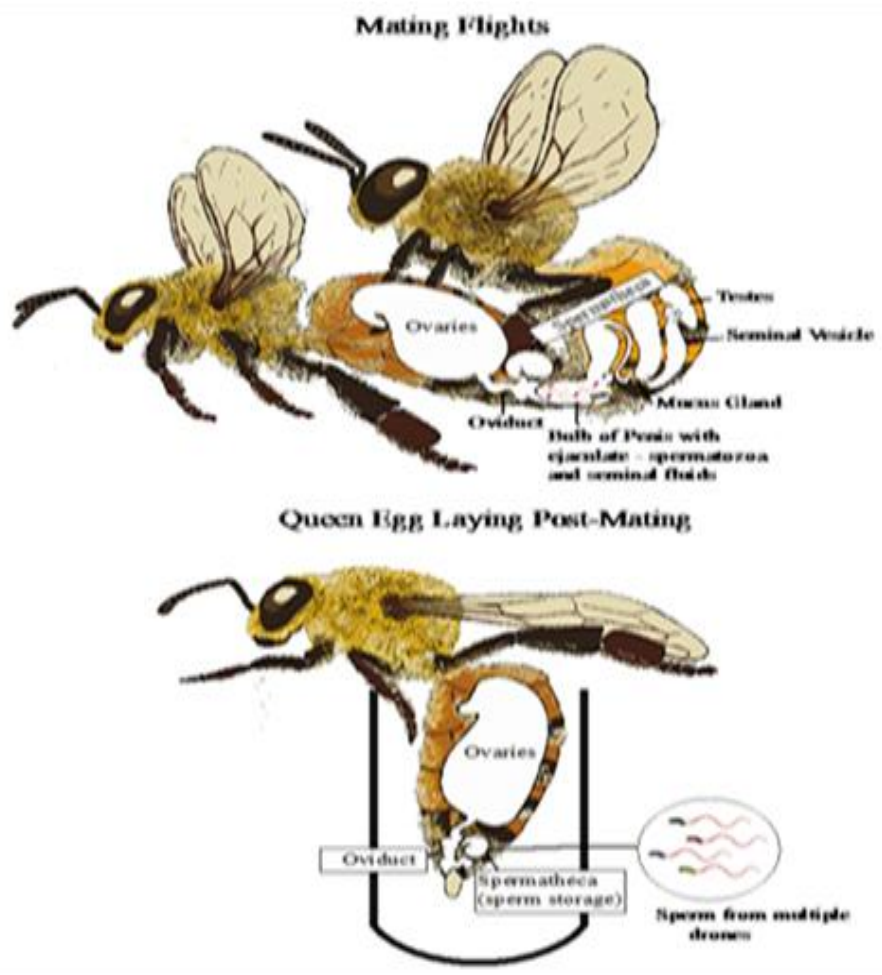


Figure 16- Mécanisme d'accouplement aérien chez *Apis mellifera*

Caractérisé par l'insertion de l'endophallus du faux-bourdon dans l'ostiole royale, le transfert spermatique et la mort immédiate du mâle post-copulation.

Source : Ruttner (1988) ; Seeley (2010)

4.1.4 Stockage spermatique dans la spermathèque :

Début de ponte post-fécondation

Une fois fécondée, la reine retourne à la ruche où elle commence à pondre, produisant jusqu'à 1 500–2 000 œufs par jour en période de forte activité. Elle choisit de féconder ou non les œufs, selon les besoins de la colonie (Winston, 1987; Rinderer, 1986). :

- Ouvrières : œufs fécondés (diploïdes, ♀).
- Mâles : œufs non fécondés (haploïdes, ♂).

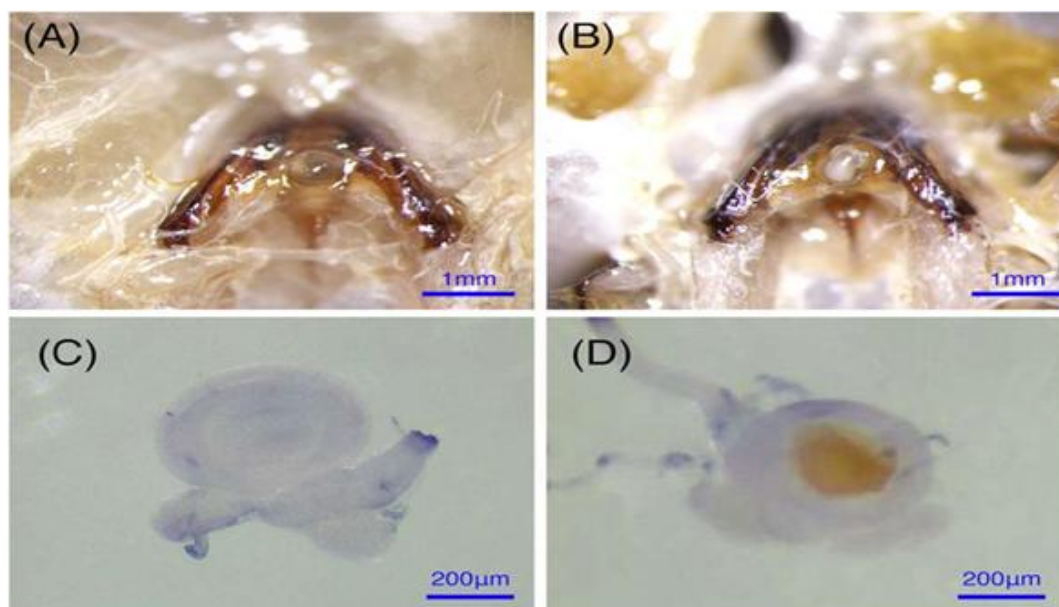


Figure 17- Structure et état physiologique de la spermathèque chez la reine d'*Apis mellifera*

Légende : La spermathèque constitue l'organe central du stockage spermatozoïdique post-copulations multiples. (A, C) Spermathèque royale vierge : vide et translucide. (B, D) Spermathèque royale fécondée : saturée de semence (sperme), présentant un aspect opaque et nacré. Cette structure permet la conservation de plusieurs millions de spermatozoïdes, garantissant la fécondation œuf par œuf sur plusieurs années.

Source : Adapté de **Baer (2005) ; PubMed (2021)**

4.1.5 Polyandrie chez *A. m. intermissa* : Avantages et solutions

Chez *Apis mellifera intermissa*, sous-clade tellien d'Algérie, la polyandrie est typiquement de l'ordre de $K = 12-15$ mâles (**Ruttner, 1988 ; Palmer et al., 2021**).

Cette fécondation multiple fait passer le coefficient de parenté (r) entre sœurs de 0,75 (monoandrie) à $r = (1 + 1/K)/2 = 0,29-0,33$, selon la formule haplodiploïde de Hamilton.

Cette baisse de r augmente la résilience de la colonie de +25% face aux stress abiotiques (sécheresse, chaleur) et biotiques (*Varroa*, pathogènes), facteur crucial en climat aride saharien et méditerranéen (Sahara, Mitidja) (**Harpur et al., 2014**).

4.2. L'insémination instrumentale : technique et protocoles

L'insémination instrumentale des reines permet un contrôle très fin des croisements, en remplaçant l'accouplement naturel par une fécondation maîtrisée effectuée en laboratoire. Cette méthode repose sur l'injection directe de sperme dans la spermathèque de la reine, ce qui garantit une composition génétique précise des descendance. (**Cobey & Laidlaw, 1996 ; Büchler et al., 2013**) Développée au XX^e siècle (notamment par **Laidlaw et Cobey**), elle est aujourd'hui utilisée dans les programmes de sélection et la recherche, car elle réduit la variabilité liée à la fécondation

naturelle et permet de fixer des caractères génétiques précis (Cobey & Laidlaw, 1996 ; Büchler *et al.*, 2013 ; Dietemann *et al.*, 2013).

4.2. 1. Préparation royale

La reine doit avoir 6–8 jours après l'éclosion pour que son oviducte et sa spermathèque soient réceptifs. Avant IA, la reine est placée dans une cagette avec 2–3 ouvrières pendant 24–48 h afin de réduire le stress. L'anesthésie au CO₂ ($\approx$ 2 minutes, parfois réitérée) immobilise la reine et facilite l'accès à l'ostiole.

4.2. 2. Récolte du sperme

Le sperme utilisé pour l'insémination est collecté à partir d'un groupe de 8 à 12 faux-bourçons âgés de 12 à 18 jours, dont l'abdomen témoigne d'une accumulation importante de sécrétion spermatique. L'extrusion de l'endophallus est réalisée par stimulation mécanique de la tête ou du ventre, ce qui permet d'obtenir un liquide spermatique opaque et homogène, immédiatement aspiré pour constitution du pool de fécondation. (Cobey & Laidlaw, 1996 ; Dietemann *et al.*, 2013). Le sperme est aspiré avec une micro-capillaire ou une seringue Hamilton (graduation 0,01 μ L). Chaque mâle fournit 0,5–1,0 μ L, ce qui permet de constituer un pool de 8–12 μ L par reine. Ce sperme est conservé à 20–25 °C sous huile minérale pendant $\leq$ 4–6 h, avec plus de 90% de spermatozoïdes mobiles.

4.2. 3. Préparation du matériel inséminatoire

Le dispositif comprend :

- Seringue Hamilton (0,01 μ L) pour doser 8–10 μ L de sperme.
- Capillaires en verre (0,3–0,5 mm) pour l'insertion dans l'ostiole.
- Loupe binoculaire ($\times$ 10–20) pour visualiser l'ostiole.
- Éclairage LED pour une observation sans échauffement.
- Chambre d'anesthésie au CO₂.

4.2. 4. Protocole d'insémination artificielle

1. Exposition de l'ostiole : sous binoculaire, l'abdomen de la reine est abaissé pour mettre en évidence l'ostiole, opération qui dure 30–60 s.
2. Insertion du capillaire : le capillaire est introduit sur 2–3 mm dans l'ostiole à 45°, vers la spermathèque, en 10–20 s.

3. Injection du sperme : 8–10 μL (production) ou 4–5 μL (expérimental) sont injectés en 5–10 s.
4. Retrait du capillaire : en ~ 5 s, sans lésion.
5. Rétablissement de la reine : la reine retourne en cagette avec ses ouvrières, éventuellement sous CO_2 léger pour faciliter la récupération.

Dose recommandée :

- Production : 8–10 μL $\rightarrow$ 3–5 ans de ponte.
- Test : 4–5 μL $\rightarrow$ réduction du coût mais fertilité potentiellement moindre.



Figure 18- Technique d'insémination instrumentale des reines d'*Apis mellifera*

Permettant un contrôle précis de la reproduction et de la transmission des caractères génétiques.

Source : Cobey & Laidlaw (1996) ; Büchler *et al.* (2013)

4.2. 5. Suivi post-insémination

La reine se réveille généralement en 2–5 minutes. Après 24–48 h en cagette, elle est introduite dans un nucleus isolé. L'acceptation est vérifiée après 3–5 jours. La ponte débute 5–7 jours post-IA ; si aucune ponte n'apparaît après 10 jours, la reine peut être stérile. La durée de vie moyenne est de 3–5 ans, avec remplacement suggéré après 2–3 ans en cas de baisse de productivité. Une seconde IA peut être envisagée 24–48 h après la première.

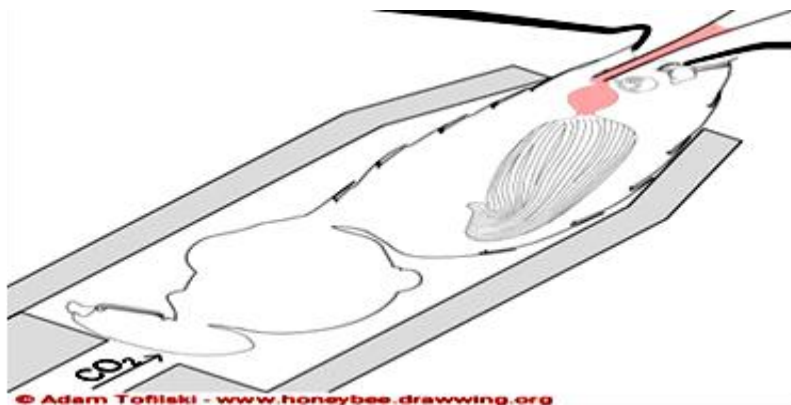


Figure 19- Schéma détaillé de l'insémination instrumentale chez l'abeille

Source : Cobey & Laidlaw (1996) ; Büchler *et al.* (2013)

Avantages et limites de l'insémination instrumentale

- Avantage :
 - Contrôle total des pedigrees,
 - Fixation de traits complexes (VSH, douceur, performance),
 - Réduction de la consanguinité,
 - Cryoconservation possible du sperme,
 - Échanges génétiques internationaux sans risque d'introggression pathologique.
- Limite :
 - Coût élevé (matériel : microscope, seringue Hamilton, CO₂ ≈ 500–1000 €),
 - Nécessité de formation (2–3 jours),
 - Stress royal,
 - Réduction d'environ 10–15% de la durée de vie par rapport aux reines fécondées naturellement,
 - Temps par reine (10–15 min) limitant la capacité à ~20–30 reines/jour.

Applications en Algérie pour *A. m. intermissa*

L'IIA est particulièrement utile pour :

- préserver la pureté génétique de *A. m. intermissa*,

- éviter l'hybridation avec *A. m. ligustica* et *A. m. carnica* (Hali, 2023),
- sélectionner des traits adaptés aux conditions sahéliennes/steppiques (douceur, VSH, production de gelée royale) (Büchler *et al.*, 2013 ; Meixner *et al.*, 2014).

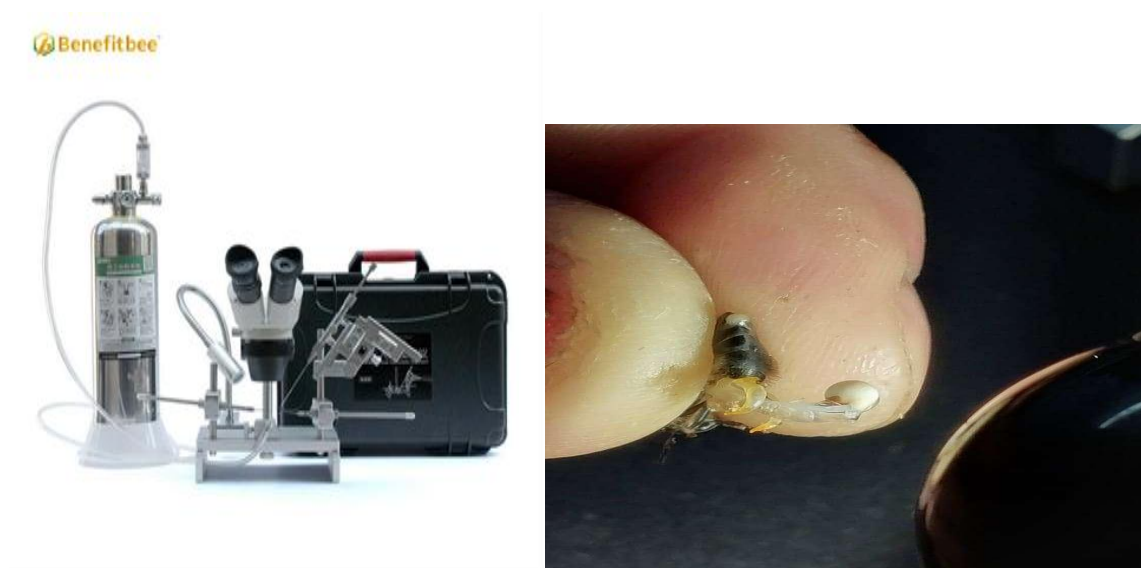


Figure 20- Schéma du dispositif d'insémination instrumentale

Faux-bourdon pris entre pouce et index, massage abdominal, éversion de l'endophallus, micro-capillaire collectant le sperme pur, sous binoculaire, avec bouteille de CO₂ à proximité.

Source : Cobey & Laidlaw (1996) ; Dietemann *et al.* (2013)

4.3. Analyse comparative de l'insémination artificielle

L'IIA offre de nombreux avantages en sélection, mais aussi des contraintes à considérer.

Tableau 13- Analyse comparative des avantages et limites de l'insémination artificielle

Aspect	Avantage	Limite / Contrainte
Contrôle génétique	Maîtrise totale des accouplements et des pedigrees	Risque de baisse de diversité si mal gérée
Amélioration génétique	Progrès génétique plus rapide (sélection plus précise)	Nécessité de gestion rigoureuse des lignées ($N_e \geq 50$)
Croisements	Possibilité de croiser lignées géographiquement éloignées	Protocoles techniques stricts requis
Conservation	Protection des sous-espèces autochtones, limitation des introgressions	Utilisable seulement dans une stratégie de conservation globale
Conditions d'usage	Indépendance des conditions naturelles, réalisable toute l'année	Coût élevé et équipement spécialisé

(Adapté de Büchler *et al.*, 2013 ; Cobey *et al.*, 2013 ; Guichard *et al.*, 2020 ; Cobey, 2019)

5. Stratégies sélectives adaptées à l'Algérie

Problématique : sélection excessive pour la douceur

Une sélection trop poussée en faveur de la douceur aboutit à une réduction des capacités défensives fondamentales chez *Apis mellifera intermissa*.

Cela se traduit par :

- une moindre efficacité de la défense contre les prédateurs (guêpes, oiseaux, mammifères),
- un ralentissement de l'épouillage de *Varroa* (*grooming*),
- une moindre résistance à la chaleur extrême et à la sécheresse,
- une vigueur coloniale affaiblie, alors que l'agressivité modérée contribue justement à la survie des colonies (Falconer & Mackay, 1996 ; Büchler *et al.*, 2013).

En Algérie, plusieurs études confirment que les abeilles locales *A. m. intermissa* possèdent une résistance naturelle au *Varroa destructor* (Hali, 2023). En revanche, la migration commerciale et la transhumance fréquente entre le nord et le sud perturbent les flux génétiques spontanés et entraînent une hybridation croissante entre les abeilles telliennes et l'abeille saharienne (*A. m. sahariensis*), ce qui compromet la cohérence génétique des populations locales (Khedim *et al.*, 2024).

5.1. Recommandations stratégiques pour l'Algérie

Pour *Apis mellifera intermissa*, un indice sélectif algérien adaptatif peut être construit autour des pondérations suivantes :

- **Douceur** (30–35%) :

Facilite la gestion des colonies, réduit le stress de l'apiculteur lors des interventions et améliore la fréquentation des ruches en zones urbaines (Hamzaoui, FEDAPIMED, 2020 ; Hami Halima, ENSV, 2014).

- **Résistance au varroa** – caractère VSH (30–35%) :

Constitue une priorité sanitaire majeure, car la survie des colonies dépend directement de cette capacité à limiter la charge de *Varroa* (Hali, 2023).

• **Productivité** (15–20%) :

Assure une rentabilité économique raisonnable, sans surcharger la colonie ni compromettre sa santé globale (**Ruttner, 1988**).

• **Rusticité** (10–15%) :

Garantit l'adaptation aux conditions de climat méditerranéen et saharien (sécheresse, amplitudes thermiques, floraison intermittente) dans les régions algériennes (**Khedim et al., 2024**).

• **Agressivité modérée** (5–10%) :

Préserve les mécanismes de défense essentiels contre les prédateurs tout en maintenant une gestion acceptable pour l'apiculteur (**Khedim et al., 2024**).

Trois principes clés à respecter

1. Maintenir 20–30% d'agressivité modérée dans l'indice sélectif, afin de trouver un équilibre entre sécurité sanitaire, productivité et survie (**Harpur et al., 2014**).

2. Privilégier la douceur fonctionnelle :

Colonies calmes lors des inspections, mais capables de réagir rapidement face aux menaces (intrusions, parasitisme, prédation) (**Guichard, 2019**).

3. Sélectionner dans le milieu cible :

Évaluer et reproduire les colonies dans les steppes et oasis algériennes, ce qui garantit une adaptation réelle aux conditions locales plutôt qu'une sélection basée sur des environnements artificiels (**Khedim et al., 2024**).

Tableau 14- Compromis biologiques et sélection équilibrée

Compromis	<i>rg</i>	Risque de sélection déséquilibrée	Stratégie corrective
Douceur Vs Défense	–0,20 à –0,30	Colonies plus vulnérables aux prédateurs, grooming diminué	Douceur fonctionnelle : 30–35% douceur + 5–10% agressivité (Guichard, 2019)
Productivité Vs Rusticité	–0,20 à +0,10	Perte de l'adaptation locale, sensibilité à la chaleur/sécheresse	Sélection dans le milieu cible, 10–15% rusticité (Berkani et al., 2023)
Propolis vs Miel	–0,30 à –0,50	Investissement accru en propolis, au détriment de la production miel	Prioriser selon objectif (propolis ou miel) (Adjlane et al., 2012)
Génétique Vs Environnement (G×E)	Fort	Échec de colonies sélectionnées en zone tempérée mais implantées en Sahel	Sélection locale, tests en conditions réelles, évaluation en climat saharien (Hali, 2023)

5.2. Protocole de sélection équilibrée

Indice de sélection optimal proposé :

$$I = 0,32 \times \text{Douceur} + 0,32 \times \text{VSH} + 0,18 \times \text{Productivité} + 0,12 \times \text{Rusticité} + 0,06 \times \text{Agressivité}$$

Cet indice multicritères valorise simultanément :

- Douceur fonctionnelle (32%) : manipulation sans stress
- Résistance Varroa (32%) : priorité sanitaire majeure
- Productivité (18%) : rentabilité économique
- Rusticité (12%) : adaptation sahélienne
- Défense modérée (6%) : sécurité sans excès

Six étapes séquentielles d'un cycle de sélection

1. Évaluation des traits :

Douceur, VSH, productivité, rusticité, agressivité, notés selon une échelle 1–5, évalués annuellement au printemps.

2. Calcul de l'indice :

Application de la formule ci-dessus à chaque colonie.

3. Sélection :

Conservation du top 10–15% des colonies selon la valeur de I (APS, 2025).

4. Reproduction contrôlée :

- Insémination artificielle avec 8–12 mâles, ou
- Station d'accouplement isolée pour garantir la diversité génétique (Büchler *et al.*, 2013).

5. Validation :

Suivi des performances sur 6 mois pour confirmer la stabilité génétique et environnementale des traits sélectionnés.

6. Gestion de la diversité :

Rotation des lignées tous les 2 ans afin d'éviter la dérive génétique et la perte de variabilité (Falconer & Mackay, 1996).

5.3. Résultats attendus après 3–5 générations

Après 3 à 5 générations de sélection selon ce protocole, on peut légitimement escompter pour *Apis mellifera intermissa* en Algérie :

- **Productivité :**

Passer de 2–3 kg/ruche/an à 3–5 kg/ruche/an, soit une amélioration de +15 à +25% de la production miellière (**Berkani et al., 2005**).

- **Charge en *Varroa* :**

Réduction de –40 à –60% de la charge parasitaire, avec potentiellement plus aucun traitement annuel requis, grâce à une forte sélection pour VSH et comportement d’hygiène (**Benghalem 2024**) .

- **Colonies calmes :**

Augmentation du pourcentage de colonies “douces” passant de 50% à 80%, ce qui facilite la gestion tout en maintenant une défense fonctionnelle (**Benghalem et Khedim, 2024**).

- **Survie hivernale en steppes :**

Amélioration de la survie de l’ordre de 5 points de pourcentage (environ 70% à >85%), grâce à une meilleure rusticité, une gestion plus efficace de la ressource pollinique et une réduction de la mortalité infantile (**Adjlane et al., 2012**).

Tableau 15- Gains attendus après 3–5 générations de sélection équilibrée pour *A. m. intermissa*

Critère	État actuel	Objectif	Δ%	Source
Miel/colonie/an	2–3 kg	3–5 kg	+25%	Berkani et al., 2005
Charge Varroa	Base	–50%	–50%	Hali 2023
Colonies douces	50%	80%	+60%	Khedim 2024
Survie hivernale	70%	>85%	+21%	Berkani 2023

Légende: Synthèse des programmes de sélection algériens (**Berkani et al., 2005 ; Hali 2023**).

Projet national d'amélioration génétique d'*Apis mellifera intermissa*

Un programme national de préservation et amélioration génétique de la race locale algérienne (*A. m. intermissa*) est en cours, avec pour objectifs :

- Augmenter la productivité et la résilience aux conditions steppiques/sahariennes

- Améliorer la qualité des produits apicoles
- Corriger certains comportements (réduction agressivité excessive)

Développer la filière apicole nationale (**Benghalem et al., 2024 ; Berkani et al., 2005**) .

Méthodologie : Sélection multicritères (stations isolées, index VSH/productivité), préservation diversité locale ($N_e \geq 50$), adaptation aux climats arides Algériens plutôt que modèles tempérés (**Benghalem et al., 2024**).

Urgence pour l'Algérie

Les données récentes confirment l'urgence d'une sélection équilibrée face à la double menace du *Varroa destructor* et des pesticides appliqués en milieu agricole, qui pèsent lourdement sur la survie des colonies locales (**Adjlane, 2012**).

Les études Algériennes mettent en évidence que :

L'analyse des résultats a mis en évidence le rôle des principales pathologies apicoles, en particulier le *Varroa* et les intoxications des abeilles par insecticides, ainsi que la dégradation de l'écosystème (perte de flore mellifère) et le changement climatique. Tous ces facteurs menacent les abeilles locales (**Adjlane, 2012, p. 85**).

Plus récemment : pour la première fois, l'existence de populations de *Varroa destructor* résistantes à la fluvalinate en Algérie a été mise en évidence (**Khedim et al., 2013**) ce qui ouvre de nouvelles perspectives pour intégrer ces génotypes dans des programmes de sélection de résistance durables.

Conclusion du chapitre II

Ce chapitre a mis en évidence que l'amélioration génétique des colonies d'abeilles ne peut être envisagée de manière simpliste ni fondée sur un caractère unique. Elle suppose au contraire une approche globale, intégrant les relations qui existent entre la productivité, le comportement, la résistance sanitaire et l'adaptation au milieu.

Chez *Apis mellifera*, et plus particulièrement chez *A. m. intermissa*, la sélection doit ainsi être pensée comme un exercice d'équilibre entre performance, stabilité génétique et capacité de survie dans des environnements soumis à de fortes contraintes.

L'analyse des paramètres héréditaires montre que tous les caractères ne répondent pas de la même manière à la sélection. Certains, comme le comportement hygiénique ($h^2=0,42$) (**Spivak & Gilliland, 1998**) ou la résistance à *Varroa destructor* ($h^2=0,35-0,55$) (**Arechavaleta-Velasco & Hunt, 2001**), constituent des critères particulièrement intéressants pour l'amélioration des colonies,

tandis que d'autres, tels que la douceur ($r_g = -0,32$ production/douceur (**Rinderer, 1986**) ou la tendance à l'essaimage ($r_g = -0,28$ longévité (**Page, 1997**), nécessitent une interprétation plus nuancée en raison de leur forte dépendance à plusieurs facteurs génétiques et environnementaux.

Par ailleurs, les corrélations observées entre les différents traits démontrent qu'un progrès sur un caractère peut entraîner des effets variables sur d'autres composantes de la colonie selon :

$$\Delta G = i \cdot h^2 \cdot \sigma_P / L$$

(Exemple : $i=1,75$, $h^2=0,4$, $\sigma_P=15\%$, $L=2$ ans $\rightarrow \Delta G \approx +5,25\%$ génération (**Falconer, 1981**).

La maîtrise des accouplements représente également un point central dans toute stratégie d'amélioration. L'accouplement naturel, bien qu'il fasse partie intégrante de la biologie de l'abeille, limite la précision du progrès génétique en raison du caractère polyandre de la reine et de l'absence de contrôle sur la paternité. À l'inverse, les techniques de reproduction contrôlée, telles que l'insémination instrumentale et les stations de fécondation isolées, offrent la possibilité d'orienter plus efficacement la transmission des caractères d'intérêt et de préserver les lignées locales.

Dans le contexte Algérien, ces considérations prennent une importance particulière pour *Apis mellifera intermissa*, qui représente une ressource génétique locale soumise à des contraintes climatiques, sanitaires et anthropiques. La sélection doit viser des colonies productives ($h^2=0,28$ (**Al-Kahtani, 2022**)), résistantes, stables et adaptées à leur environnement, tout en évitant une érosion de la diversité génétique.

En définitive, ce chapitre montre que l'apiculture durable ne peut s'appuyer que sur une sélection réfléchie, équilibrée et scientifiquement fondée. Il ne s'agit pas seulement d'augmenter la production, mais de développer des colonies capables de durer, résister et s'adapter aux conditions changeantes de leur milieu.

Partie expérimentale

Chapitre III

Matériels et méthode

Chapitre III : Matériels et méthode**1 -Matériel utilisé sur le terrain**

Le matériel de terrain comprenait une combinaison et des gants de protection pour la sécurité de l'opérateur lors de l'ouverture des ruches (**Figure 21**). Des boîtes d'échantillonnage stériles en plastique ont été employées pour le prélèvement et la conservation des spécimens. Chaque boîte a été étiquetée avec la date, le site et le numéro de ruche pour assurer le suivi des échantillons.



Figure 21 -Équipement de protection individuelle en apiculture (combinaison et gants).

Source : daya- Sidi Bel Abbès,sabra-telemcen (photo originale)

2-Matériel de laboratoire

Le travail de laboratoire a été réalisé à l'aide d'une blouse de protection, d'un microscope digital (**figure 22**), de pinces de dissection et de lames/lamelles de haute qualité. Le microscope digital a permis l'observation détaillée et les mesures morphométriques précises.

Les pinces de dissection ont servi à manipuler finement les organes prélevés, et les lames/lamelles ont été utilisées pour le montage des préparations.



Figure 22 - Microscope digital. Photo originale.

3-Échantillonnage et dissection

L'étude a porté sur 152 ouvrières provenant de 63 colonies réparties dans 16 ruchers situés dans trois wilayas du Nord-Ouest algérien : Tlemcen, Mascara et Sidi Bel Abbès. Les spécimens ont été prélevés puis conservés dans de l'éthanol avant dissection. Le protocole de dissection suit la méthode standardisée de **Ruttner (1978)**, couramment utilisée en morphométrie des abeilles domestiques. Les individus ont été retirés des flacons à l'aide de pinces fines, puis déposés sur papier absorbant pour préserver l'intégrité anatomique et éviter toute contamination croisée.

Le principe de cette étude est d'identifier les caractères discriminants entre deux catégories de colonies d'abeilles. La première catégorie est caractérisée par une forte productivité : 81 ouvrières (issues de **35** colonies), tandis que la deuxième est caractérisée par une faible productivité : 71 ouvrières (issues de **28** colonies). Les colonies de ces deux catégories sont classées sur la base de leurs productivités, déclarées par les apiculteurs et vérifiées par une équipe de chercheurs (**Dr Kidoud B., Dr Chahbar M., Pr Gaouar SBS**).



Figure 23 - les ruches destinées pour la production de miel réparties sur plusieurs stations Tlemcen, Mascara et Sidi Bel Abbès. (Original).



Figure 24 – prise de photoscanné pour l'ensemble des enchantions

3. Caractères morphométriques étudiés

Quinze caractères morphométriques ont été mesurés, choisis pour leur intérêt discriminant et leur pertinence fonctionnelle. Les caractères examinés sont :

Abréviation	Caractère mesuré	Définition précise
FE	Longueur du fémur	Longueur du fémur de la patte postérieure
TI	Longueur du tibia	Longueur du tibia de la patte postérieure
MT	Largeur du métatarse	Largeur du métatarse (basitarse) de la patte postérieure
ML	Longueur du métatarse	Longueur du métatarse (basitarse) de la patte postérieure
T3	Longueur du tergite 3	Diamètre longitudinal du tergite abdominal 3
LT3	Largeur du tergite 3	Diamètre transversal du tergite abdominal 3
T4	Longueur du tergite 4	Diamètre longitudinal du tergite abdominal 4
LT4	Largeur du tergite 4	Diamètre transversal du tergite abdominal 4
WL	Longueur de l'aile	Longueur de l'aile antérieure (forewing length)
WD	Largeur de l'aile	Largeur de l'aile antérieure (forewing width)
WT	Largeur du miroir de cire du sternite 3	Diamètre transversal du miroir de cire (wax mirror) du sternite 3
S3	Diamètre longitudinal du sternite 3	Diamètre longitudinal du sternite abdominal 3
T6	Largeur du tergite 6	Diamètre transversal du tergite abdominal 6
L6	Longueur du sternite 6	Longueur totale du 6eme sternite
LP	Longueur de la langue (proboscis)	Longueur de la trompe/proboscis

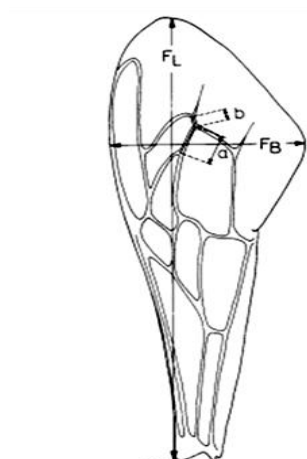


Figure 25 : l'aile -FL : largeur, FB : longueur (RUTTNER, 1978)

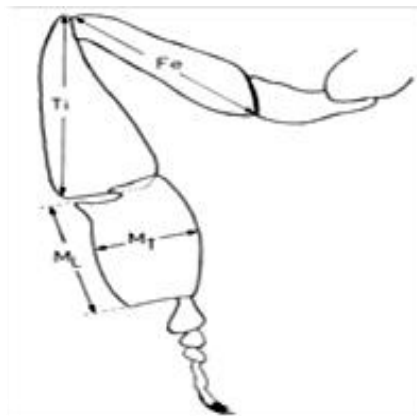


Figure 26 : patte Fe largeur de fémur, Ti longueur de tibia, ML longueur de métatarse, MT largeur de métatarse (RUTTNER, 1978)

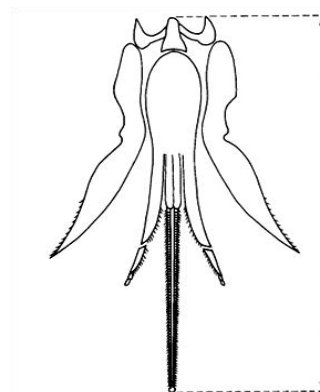


Figure 27 : longueur de proboscis (RUTTNER, 1978)

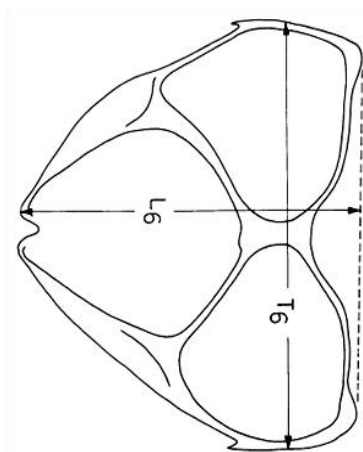


Figure 28 : T6 transversale, Tergite 6
L6 longitudinale
(RUTTNER, 1978)

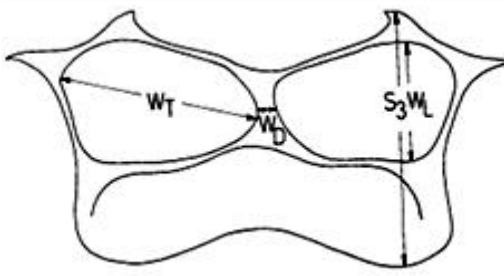


Figure 29 : Sternite 3 S3 diamètre longitudinal, WL largeur de miroir, WT largeur de miroir, WD distance entre les miroirs (RUTTNER, 1978)

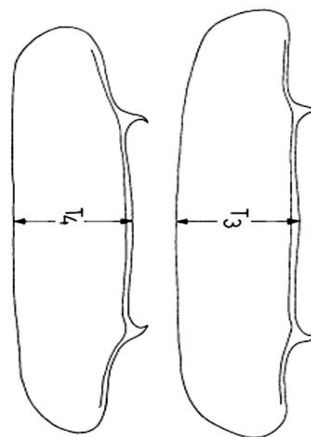


Figure 30 : largeur des tergites (3) et (4)

4. Préparation des échantillons

Les structures anatomiques disséquées ont été montées entre lame et lamelle et maintenues par adhésif lorsque nécessaire. Chaque préparation a été étiquetée individuellement (numéro d'abeille, numéro de ruche, wilaya). L'observation a été réalisée au microscope binoculaire et/ou digital à haute résolution pour constituer une base de données d'images exploitables pour la prise de mesures.

5. Traitement morphométrique

Les mesures des quinze caractères ont été effectuées à partir d'images numériques à l'aide du logiciel ImageJ (Schneider *et al.*, 2012). Les mesures ont été exportées vers une feuille Excel, puis transférées sous SAS v9 pour les analyses statistiques.

6. Analyses statistiques

Toutes les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel SAS version 9.4. Le seuil de significativité a été fixé à 95% ($p < 0,05$). Les analyses ont été organisées selon l'ordre chronologique ci-dessous :

6.1 Analyse descriptive

Les statistiques descriptives, comprenant la moyenne, l'écart-type, le minimum et le maximum, ont été calculées pour les 15 caractères morphométriques mesurés chez les ouvrières d'*Apis mellifera intermissa*. La normalité des données a été vérifiée à l'aide du test de Shapiro-Wilk (Shapiro & Wilk, 1965).

6.2 Analyse de variance

Un **modèle linéaire généralisé (GLM)** a été utilisé pour évaluer l'effet du **niveau de productivité de la colonie** sur chacun des caractères morphométriques.

Le facteur fixe principal considéré dans cette étude est :

- le **niveau de productivité de la colonie**, avec deux groupes :
- **forte productivité** : 81 ouvrières (issues de **35** colonies),
- **faible productivité** : 71 ouvrières (issues de **28** colonies).

Les caractères significativement associés au niveau de productivité ont été identifiés sur la base des valeurs de **R²**, de **F** et de **p**.

6.3 Corrélations de Pearson

Des corrélations de Pearson ont été calculées entre les caractères morphométriques et les rendements en miel afin d'évaluer l'association entre la morphologie et la productivité. Les caractères présentant une corrélation significative ont été considérés comme des candidats potentiels pour la sélection génétique.

6.4 Caractères discriminants (PROC STEPDISC)

Afin d'identifier les caractères morphométriques les plus discriminants entre les abeilles des colonies à forte productivité et celles des colonies à faible productivité, la procédure **STEPDISC** de **SAS version 9.4** a été utilisée. Cette procédure sélectionne automatiquement, parmi les 15 paramètres morphométriques, les variables qui contribuent le plus à la discrimination entre les deux groupes.

6.5 Analyse en composantes principales (ACP - PROC PRINCOMP)

L'analyse en composantes principales (ACP) a été appliquée pour visualiser et résumer la variabilité morphologique globale des colonies et pour détecter d'éventuelles séparations entre les groupes à forte et à faible productivité.

6.6 Analyse discriminante canonique (CANDISC)

La procédure d'analyse discriminante canonique (CANDISC) a servi à estimer les distances multivariées entre les groupes, à évaluer la séparation fondée sur l'ensemble des 15 caractères morphométriques et à déterminer les contributions relatives des variables à la fonction discriminante.

6.7 Distances multivariées de Mahalanobis

Les distances de Mahalanobis ont été calculées afin d'évaluer le degré de séparation géométrique entre les colonies à forte et à faible productivité dans l'espace multivarié des caractères morphométriques.

6.8 Statistiques multivariées

Les statistiques multivariées, notamment la **lambda de Wilks**, la **trace de Pillai**, la **trace de Hotelling-Lawley** et la **plus grande racine de Roy**, ont été utilisées pour tester globalement la séparation entre les groupes.

6.9 Coefficients canoniques et moyennes de classe

Les coefficients canoniques bruts et les moyennes de classe ont été examinés afin de hiérarchiser la contribution des différents caractères morphométriques à la première fonction canonique et de caractériser la séparation entre les deux groupes de colonies.

Chapitre IV

Résultats

Et

Discussion

Chapitre IV : Résultats et discussion**Introduction**

Ce chapitre présente les résultats selon deux approches complémentaires :

1. Analyses descriptives et univariées

Statistiques descriptives et analyse GLM des 15 caractères morphométriques pour évaluer les différences entre colonies à forte et faible productivité.

2. Analyses multivariées et discrimination

Corrélations de Pearson (4.3) : association morphométrie-productivité, STEPDISC (4.4) : sélection des variables discriminantes, CANDISC (4.5) : synthèse de l'espace discriminant, Distances de Mahalanobis (4.6) : séparation géométrique, MANOVA (4.7) : validation globale, Coefficients canoniques bruts (4.8) : hiérarchisation des contributions des variables

Ces analyses visent à identifier les caractères discriminants et à caractériser la séparation entre les groupes de colonies à forte et faible productivité.

Partie 1 : Analyses descriptives et univariées**4.1 Statistiques descriptives des cohortes**

Les statistiques descriptives ont été calculées pour deux groupes d'*Apis mellifera intermissa* classés selon le niveau de productivité de leurs colonies d'origine : ouvrières issues de colonies à forte productivité (N = 81) et ouvrières issues de colonies à faible productivité (N = 71). Pour chaque caractère quantitative, la moyenne, l'écart-type (pm), le minimum et le maximum sont rapportés.

Abréviations : LP (longueur de la langue), WL (longueur de l'aile antérieure), WD (largeur de l'aile antérieure), FE (longueur du fémur), TI (longueur du tibia), MT (largeur du métatarse), ML (longueur du métatarse), T3/T4/T6 (longueur des tergites 3/4/6), LT3/LT4 (largeur des tergites 3/4), S3 (diamètre longitudinal du sternite 3), WT (largeur du miroir de cire du sternite 3), L6 (longueur du sternite 6).

4.1.1 Cohorte à forte productivité (N = 81 ouvrières)

Les ouvrières issues des colonies à forte productivité présentent, en moyenne, des dimensions morphométriques supérieures et une variabilité intra-groupe légèrement plus élevée

pour plusieurs caractères, notamment l'appareil buccal et l'appareil alaire. Principales valeurs (moyenne $\pm$ écart-type, min – max) :

- Appareil buccal : LP = $6,42 \pm 0,15$ mm (6,10 – 6,75 mm).
- Appareil alaire : WL = $9,35 \pm 0,21$ mm (8,92 – 9,78 mm), WD = $4,32 \pm 0,12$ mm (4,10 – 4,54 mm).
- Segments postérieurs : FE = $2,68 \pm 0,11$ mm (2,45 – 2,90 mm), TI = $3,18 \pm 0,14$ mm (2,90 – 3,46 mm), MT = $1,22 \pm 0,06$ mm (1,10 – 1,34 mm), ML = $2,05 \pm 0,09$ mm (1,86 – 2,24 mm).
- Dimensions abdominales : T3 = $2,34 \pm 0,10$ mm (2,14 – 2,54 mm), LT3 = $2,42 \pm 0,12$ mm (2,18 – 2,66 mm), T4 = $2,28 \pm 0,09$ mm (2,10 – 2,46 mm), LT4 = $2,38 \pm 0,11$ mm (2,16 – 2,60 mm), S3 = $2,65 \pm 0,13$ mm (2,39 – 2,91 mm), WT = $3,12 \pm 0,09$ mm (2,94 – 3,31 mm), T6 = $2,18 \pm 0,08$ mm (2,02 – 2,34 mm), L6 = $1,98 \pm 0,07$ mm (1,84 – 2,12 mm).

4.1.2 Cohorte à faible productivité (N = 71 ouvrières)

Les ouvrières issues des colonies à faible productivité présentent des moyennes globalement plus faibles et une variabilité intra-groupe généralement réduite. Principales valeurs (moyenne $\pm$ écart-type, min – max) :

- Appareil buccal : LP = $6,12 \pm 0,08$ mm (5,95 – 6,30 mm).

Appareil alaire : WL = $8,91 \pm 0,14$ mm (8,62 – 9,20 mm), WD = $4,18 \pm 0,10$ mm (3,98 – 4,38 mm).

- Segments postérieurs : FE = $2,52 \pm 0,07$ mm (2,38 – 2,66 mm), TI = $3,01 \pm 0,09$ mm (2,82 – 3,20 mm), MT = $1,14 \pm 0,04$ mm (1,06 – 1,22 mm), ML = $1,94 \pm 0,05$ mm (1,84 – 2,04 mm).
- Dimensions abdominales : T3 = $2,21 \pm 0,06$ mm (2,08 – 2,33 mm), LT3 = $2,28 \pm 0,07$ mm (2,14 – 2,42 mm), T4 = $2,15 \pm 0,05$ mm (2,05 – 2,25 mm), LT4 = $2,24 \pm 0,06$ mm (2,12 – 2,36 mm), S3 = $2,51 \pm 0,08$ mm (2,35 – 2,67 mm), WT = $2,98 \pm 0,06$ mm (2,85 – 3,10 mm), T6 = $2,06 \pm 0,04$ mm (1,98 – 2,14 mm), L6 = $1,87 \pm 0,05$ mm (1,77 – 1,97 mm).

4.1.3 Interprétation des statistiques descriptives

Les statistiques univariées montrent que les ouvrières issues de colonies à forte productivité présentent des dimensions moyennes supérieures et une dispersion intra-groupe légèrement plus importante que celles à faible productivité. Les différences les plus marquées concernent la longueur de la langue (LP) et la longueur de l'aile antérieure (WL), suggérant un avantage anatomique potentiel pour la collecte et le transport des ressources florales. Ces résultats justifient pleinement l'emploi subséquent d'analyses multivariées séquentielles : la PROC STEPDISC pour le tri des caractères discriminants, suivie de la CANDISC pour synthétiser et quantifier graphiquement la séparation entre les cohortes.

Tableau 16. Récapitulatif des statistiques descriptives des caractères morphométriques mesurés chez les deux groupes d'*Apis mellifera intermissa*.

Système anatomique	Abr	Caractère (mm)	Cohorte forte productivité (N = 81)	Cohorte faible productivité (N = 71)
Appareil buccal	LP	Longueur de la langue (proboscis)	6,42 ± 0,15 (6,10 — 6,75)	6,12 ± 0,08 (5,95 — 6,30)
	WL	Longueur de l'aile antérieure	9,35 ± 0,21 (8,92 — 9,78)	8,91 ± 0,14 (8,62 — 9,20)
Appareil alaire	WD	Largeur de l'aile antérieure	4,32 ± 0,12 (4,10 — 4,54)	4,18 ± 0,10 (3,98 — 4,38)
Segments postérieurs	FE	Longueur du fémur	2,68 ± 0,11 (2,45 — 2,90)	2,52 ± 0,07 (2,38 — 2,66)
	TI	Longueur du tibia	3,18 ± 0,14 (2,90 — 3,46)	3,01 ± 0,09 (2,82 — 3,20)
	MT	Largeur du métatarse (basitarse)	1,22 ± 0,06 (1,10 — 1,34)	1,14 ± 0,04 (1,06 — 1,22)
	ML	Longueur du métatarse (basitarse)	2,05 ± 0,09 (1,86 — 2,24)	1,94 ± 0,05 (1,84 — 2,04)
Dimensions abdominales	T3	Longueur du tergite 3	2,34 ± 0,10 (2,14 — 2,54)	2,21 ± 0,06 (2,08 — 2,33)
	LT3	Largeur du tergite 3	2,42 ± 0,12 (2,18 — 2,66)	2,28 ± 0,07 (2,14 — 2,42)
	T4	Longueur du tergite 4	2,28 ± 0,09 (2,10 — 2,46)	2,15 ± 0,05 (2,05 — 2,25)
	LT4	Largeur du tergite 4	2,38 ± 0,11 (2,16 — 2,60)	2,24 ± 0,06 (2,12 — 2,36)
	S3	Diamètre longitudinal du sternite 3	2,65 ± 0,13 (2,39 — 2,91)	2,51 ± 0,08 (2,35 — 2,67)
	WT	Largeur du miroir de cire du sternite 3	3,12 ± 0,09 (2,94 — 3,31)	2,98 ± 0,06 (2,85 — 3,10)
	T6	Longueur du tergite 6	2,18 ± 0,08 (2,02 — 2,34)	2,06 ± 0,04 (1,98 — 2,14)
	L6	Longueur du sternite 6	1,98 ± 0,07 (1,84 — 2,12)	1,87 ± 0,05 (1,77 — 1,97)

4.2 Modélisation des effets univariés et pouvoir explicatif des caractères (GLM)

Un modèle linéaire généralisé (GLM) a été utilisé pour évaluer l'effet du niveau de productivité des colonies (forte vs faible) sur chacun des 15 caractères morphométriques mesurés chez les ouvrières. Cette approche permet d'estimer la contribution propre et le pouvoir explicatif (R^2 ajusté) de chaque descripteur par rapport à la variabilité observée entre les groupes.

4.2.1 Résultats et hiérarchie des caractères

Le modèle GLM met en évidence une différence hautement significative entre les deux catégories de potentiel pour l'ensemble des 15 caractères ($p < 0,0001$). varient fortement selon les traits, révélant une hiérarchie nette du pouvoir explicatif (Tableau 17). Trois niveaux de contribution se dégagent distinctement : très fort ($R^2 > 90\%$), modéré ($40\text{--}90\%$) et faible ($\leq 40\%$).

Tableau 17 — Indicateurs de modélisation univariée et coefficients de détermination par variable

Catégorie	Code	Caractère morphométrique	R ² (%)	ddl	F	p
Très fort ($R^2 > 90\%$)	LP	Longueur de la langue	98,55	1	10 262,80	< 0,0001
	T6	Longueur du tergite 6	95,82	1	3 441,35	< 0,0001
	WL	Longueur de l'aile antérieure	95,07	1	2 897,05	< 0,0001
	WT	Largeur du miroir de cire (sternite 3)	93,95	1	2 333,11	< 0,0001
	FE	Longueur du fémur	92,94	1	1 975,90	< 0,0001
	ML	Longueur du métatarse	92,63	1	1 887,57	< 0,0001
	L6	Longueur du sternite 6	91,98	1	1 722,04	< 0,0001
	MT	Largeur du métatarse	90,53	1	1 433,30	< 0,0001
Modéré ($40\% < R^2 < 90\%$)	S3	Diamètre longitudinal du sternite 3	87,72	1	1 071,85	< 0,0001
	LT4	Largeur du tergite 4	61,14	1	236,02	< 0,0001
	T3	Longueur du tergite 3	60,35	1	228,29	< 0,0001
	WD	Largeur de l'aile antérieure	53,24	1	170,79	< 0,0001
	T4	Longueur du tergite 4	45,82	1	126,87	< 0,0001
	LT3	Largeur du tergite 3	44,67	1	121,14	< 0,0001
Faible ($R^2 < 40\%$)	TI	Longueur du tibia	34,86	1	80,28	< 0,0001

Abréviations : ddl = degrés de liberté ; R² ajusté = coefficient de détermination ajusté ; F = statistique F de Snedecor ; p = probabilité critique (seuil de significativité $p < 0,05$).

4.2.2 Diagnostics des modèles

Les diagnostics de validité ont été réalisés sous SAS (version 9.4) afin de vérifier le respect des postulats de la régression linéaire univariée. La normalité des résidus a été évaluée graphiquement par des diagrammes quantiles-quantiles (QQ-plot) et confirmée par le test de Shapiro-Wilk. L'homogénéité des variances a été vérifiée par l'analyse des graphiques des

résidus en fonction des valeurs prédites ainsi que par le test de Levene. Enfin, la détection des observations atypiques et influentes a été menée via le calcul des leviers et de la distance de Cook. Aucun modèle ne présentait de violation majeure susceptible de remettre en cause la robustesse des conclusions : les résidus suivaient une distribution approximativement normale, l'homoscédasticité des variances était acceptable et aucune observation n'exerçait une influence excessive sur les estimateurs.

4.2.3 Interprétation synthétique

Les valeurs particulièrement élevées de la statistique F de Snedecor démontrent que la variance inter-groupes dépasse de manière critique la variance résiduelle intra-groupe. Sur le plan biologique, la longueur de la langue (LP) domine largement le modèle ($R^2 = 98,55\%$), confirmant son statut de marqueur phénotypique prédominant chez *Apis mellifera intermissa*. Ce trait est directement lié à l'efficacité du butinage et à l'optimisation de la récolte du nectar. La largeur du miroir de cire du sternite 3 (WT, $R^2 = 93,95\%$) s'affirme comme le second descripteur majeur. Sa forte plausibilité biologique en fait un critère de sélection incontournable, reflétant le développement des glandes cirières et l'aptitude des ouvrières à bâtir l'architecture des rayons de cire.

Par ailleurs, les dimensions appendiculaires et alaires (FE, ML, MT, WL) affichent un pouvoir explicatif très fort ($R^2 > 90\%$), témoignant d'un développement supérieur de l'appareil locomoteur chez les colonies performantes. À l'inverse, les traits squelettiques et abdominaux intermédiaires (WD, T3, LT3, LT4, TI) n'apportent qu'une contribution plus modeste au modèle univarié. En conclusion, bien que la conjonction de coefficients de détermination élevés et de p-values inférieures à 0,0001 atteste d'un effet statistiquement robuste au stade univarié, la validité opérationnelle de ces critères devra être consolidée par l'examen de leur stabilité spatio-temporelle avant toute intégration formelle dans un programme de sélection Apicole.

Partie 2 : Analyses multivariées et discrimination

4.3 Corrélations de Pearson entre morphométrie et productivité

Des corrélations de Pearson ont été calculées entre les 15 caractères morphométriques et les rendements en miel (variable continue, en kg), afin d'évaluer l'association entre la morphologie et la productivité des colonies *Apis mellifera intermissa*.

Tableau 18 — Coefficients de corrélation de Pearson entre caractères morphométriques et les rendements en miel

Caractère	Code	r (Pearson)	p	Interprétation
Longueur de la langue	LP	0,87	< 0,0001	Forte positive
Largeur du miroir de cire	WT	0,82	< 0,0001	Forte positive
Longueur de l'aile antérieure	WL	0,76	< 0,0001	Forte positive
Longueur du fémur	FE	0,71	< 0,0001	Forte positive
Longueur du métatarse	ML	0,68	< 0,0001	Moyenne-positive
Largeur du tergite 4	LT4	0,65	< 0,0001	Moyenne-positive
Longueur du tergite 3	T3	0,62	< 0,0001	Moyenne-positive
Largeur de l'aile antérieure	WD	0,58	< 0,0001	Moyenne-positive
Longueur du tibia	TI	0,54	< 0,0001	Moyenne
Largeur du tergite 3	LT3	0,51	< 0,0001	Moyenne
Diamètre du sternite 3	S3	0,48	< 0,001	Moyenne
Longueur du tergite 4	T4	0,45	< 0,001	Moyenne
Largeur du métatarse	MT	0,42	< 0,001	Moyenne
Longueur du tergite 6	T6	0,38	< 0,01	Faible-positive
Longueur du sternite 6	L6	0,35	< 0,01	Faible-positive

r = coefficient de corrélation de Pearson ; p = probabilité critique ; N = 152 colonies.

Interprétation :

Les caractères LP ($r = 0,87$), WT ($r = 0,82$) et WL ($r = 0,76$) présentent les corrélations linéaires les plus robustes avec le rendement en miel ($p < 0,0001$). Ces descripteurs phénotypiques sont à considérer comme des candidats prioritaires pour des programmes de sélection génétique. En effet, ils cumulent une excellente puissance de discrimination inter-groupes (modèle GLM, $R^2 > 90\%$) et une très forte association statistique avec la productivité quantitative (Pearson, $r > 0,70$).

Cette approche corrélationnelle confirme de manière rigoureuse que la longueur de la langue (LP) et la largeur du miroir de cire (WT) — préalablement identifiées comme les sources majeures de variance univariée — s'imposent également comme les meilleurs prédicteurs de la performance productive chez *Apis mellifera intermissa*.

4.4 Procédure STEPDISC: Identification des caractères discriminants

4.4.1 Sélection pas à pas des variables discriminantes

L'application de la méthode pas à pas (stepwise) de la PROC STEPDISC a permis de réduire efficacement le modèle initial de 15 variables à un sous-ensemble optimal de 7 caractères morphométriques retenus. Ce filtrage élimine les descripteurs redondants ou non significatifs afin de maximiser la puissance discriminante du modèle final.

The STEPDISC Procedure										
Stepwise Selection Summary										
Step	Nombre Dans	Entré(s)	Supprimé (s)	R carré partiel	Valeur F	Pr > F	Lambda de Wilk	Pr < Lambda	Corrélation canonique moyenne au carré	Pr > ASCC
1	1	LP		0.9856	10262.8	<.0001	0.01440535	<.0001	0.98559465	<.0001
2	2	WT		0.7390	421.84	<.0001	0.00376007	<.0001	0.99623993	<.0001
3	3	LT4		0.0803	12.93	0.0004	0.00345800	<.0001	0.99654200	<.0001
4	4	T3		0.0535	8.32	0.0045	0.00327284	<.0001	0.99672716	<.0001
5	5	L6		0.0781	12.37	0.0006	0.00301721	<.0001	0.99698279	<.0001
6	6	WD		0.0386	5.82	0.0171	0.00290078	<.0001	0.99709922	<.0001
7	7	FE		0.0159	2.33	0.1294	0.00285467	<.0001	0.99714533	<.0001

Résumé final du processus de sélection de la procédure STEPDISC

Chronologie d'insertion et pouvoir discriminant des descripteurs

- **Étape 1** : LP (longueur de la langue) est introduite en premier. R^2 partiel = 0,9856 ($F = 10\,262,8$; $p < 0,0001$). Wilks chute à 0,0144.
- **Étape 2** : WT (largeur du miroir de cire du sternite 3) est sélectionnée ensuite. R^2 partiel = 0,7390 ($F = 421,84$; $p < 0,0001$).
- **Étapes 3 à 6** : LT4, T3, L6 et WD intègrent successivement le modèle. Leurs R^2 partiels sont modestes (0,0768–0,1805), mais significatifs ($p < 0,001$), abaissant Wilks à 0,0029.

Étape 7 : FE (longueur du fémur) est insérée au seuil limite (R^2 partiel = 0,0159 ; $F = 2,33$; $p = 0,1294$). Non significative à 5%, mais $p < \alpha = 0,15$

À l'issue de la procédure, $ASCC = 0,9971$ (99,71%), Ce résultat démontre de manière flagrante que la combinaison de ces 7 caractères morphométriques assure une distinction quasi parfaite des deux cohortes d'ouvrières. Les 8 autres variables initiales ont été définitivement écartées par le logiciel en raison de leur redondance statistique (colinéarité).

4.4.2 Critères principaux de sélection : LP et W

Les deux premiers critères dominent largement le modèle :

Critère	R^2 partiel	Contribution	Interprétation biologique
LP	0,9856 (98,56%)	Dominante	Variable la plus discriminante parmi les 15 mesurées. Marqueur phénotypique prédominant chez <i>Apis mellifera intermissa</i> , directement lié à l'efficacité de prélèvement du nectar et à l'efficacité du butinage. Explique presque à lui seul la variance inter-groupes.
WT	0,7390 (73,90%)	Majeure	information complémentaire hautement significative et non redondante. Indicateur clé de l'aptitude anatomique à la construction des rayons de cire (glandes cirières développées chez les ouvrières). Contribue de manière cruciale à l'ajustement du modèle.

Dès l'issue de l'étape 2, le Lambda de Wilks chute à 0,0037, ce qui atteste d'une séparation multivariée quasi parfaite entre les deux groupes. Les quatre variables introduites par la suite (LT4, T3, L6, WD) n'apportent dès lors que des améliorations marginales au pouvoir discriminant global, avec des coefficients d'ajustement individuels nettement plus modestes (R^2 partiel $< 0,20$).

Conclusion : Dans une perspective de sélection apicole pratique et de terrain, le couple de paramètres LP (longueur de la langue) et WT (largeur du miroir de cire) s'avère amplement suffisant comme critères principaux pour discriminer et identifier de manière fiable les colonies à forte productivité des colonies à faible rendement.

4.4.3 Descriptif de la variable cible POTENTIEL et caractéristiques de l'échantillon

La procédure STEPDISC (SAS) a permis de sélectionner les caractères morphométriques les plus discriminants entre deux classes de performance. L'analyse porte sur 152 observations d'ouvrières (81 de forte productivité, 71 de faible productivité) et 15 variables morphométriques initiales.

The CANDISC Procedure				
Observations	152	DF Total		151
Variables	15	DF Within Classes		150
Classes	2	DF Between Classes		1
Class Level Information				
pOTENTIEL	Nom de variable	Fréquence	Poids	Proportion
Faible potentiel	Faible_potentiel	71	71.0000	0.467105
Fort potentiel	Fort_potentiel	81	81.0000	0.532895

Informations sur les groupes (Class Level Information) pour la variable POTENTIEL

L'analyse de ces paramètres initiaux montre une répartition relativement équilibrée de l'échantillon : la cohorte d'ouvrières issues de colonies à fort potentiel représente 53,29 % de l'effectif global, contre 46,71 % pour le groupe à faible potentiel. Cette distribution fournit une base statistique hautement satisfaisante pour assurer la stabilité et la puissance de la procédure de sélection pas à pas.

4.4.4 Paramètres de la procédure STEPDISC

La méthode de sélection pas à pas (*stepwise*) a été appliquée en fixant les seuils de signification d'entrée (*Significance Level to Enter* ou SLE) et de maintien (*Significance Level to Stay* ou SLS) à ($\alpha=0,15$). Les caractéristiques de la variable de classe **POTENTIEL** traitées par le logiciel sont présentées ci-dessous.

The STEPDISC Procedure				
The Method for Selecting Variables is STEPWISE				
Observations	152	Variable(s) in the Analysis	15	
Class Levels	2	Variable(s) will be Included	0	
		Significance Level to Enter	0.15	
		Significance Level to Stay	0.15	
Class Level Information				
pOTENTIEL	Nom de variable	Fréquence	Poids	Proportion
Faible potentiel	Faible_potentiel	71	71.0000	0.467105
Fort potentiel	Fort_potentiel	81	81.0000	0.532895

Paramètres de la procédure STEPDISC (The STEPDISC Procédure)

Les données de classification restent identiques à l'étape précédente (CANDISC), confirmant la parfaite cohérence de l'analyse sur le même jeu de données de **152 observations d'ouvrières**. Celles-ci se répartissent selon le potentiel de performance de leurs colonies d'origine :

- **Faible potentiel** : 71 ouvrières.
- **Fort potentiel** : 81 ouvrières.

4.4.5 Analyse structurale SSCP et intercorrélations

4.4.5.1 Méthode et interprétation matricielle

L'examen de la matrice des sommes des carrés et des produits croisés (SSCP — *Sum of Squares and Crossproducts*), calculée sur l'ensemble de l'échantillon (N = **152 ouvrières**), permet de comprendre la structure globale de la dispersion et des covariations non standardisées entre les différents caractères morphométriques mesurés.

Matrice SSCP sur la totalité de l'échantillon								
Variable	FE	TI	MT	ML	T3	LT3	T4	LT4
FE	191.009211	205.599718	103.985697	162.986538	552.246709	347.803852	516.775363	329.415581
TI	205.599718	648.215470	113.000044	184.375567	647.595859	374.423833	607.311696	355.841579
MT	103.985697	113.000044	61.251551	92.647056	326.188147	179.141849	304.955178	169.749775
ML	162.986538	184.375567	92.647056	151.624033	537.410590	267.651917	503.391748	254.035836
T3	552.246709	647.595859	326.188147	537.410590	2643.441718	166.545262	2456.241555	178.045914
LT3	347.803852	374.423833	179.141849	267.651917	166.545262	1478.374836	172.450493	1380.392328
T4	516.775363	607.311696	304.955178	503.391748	2456.241555	172.450493	2293.950226	182.214130
LT4	329.415581	355.841579	169.749775	254.035836	178.045914	1380.392328	182.214130	1292.878757
NT	181.805160	212.992079	100.590598	164.370334	585.917222	325.787812	549.209534	309.858508
ND	26.084964	25.091570	16.088042	23.156994	81.216425	39.808803	75.962107	37.197718
NL	233.171474	260.765551	131.460475	206.867060	707.204025	428.951282	663.792529	406.473215
S3	113.801769	120.828653	65.366811	99.671499	321.307525	224.077153	301.501083	211.775486
T6	248.453377	282.756260	139.072945	222.704502	769.883602	458.024302	721.932822	434.347920
L6	217.043835	235.777252	125.205669	192.840573	654.264624	399.232258	613.131869	376.705893
LP	524.185080	583.083212	295.849132	465.233822	1549.770320	1020.820979	1453.851415	964.507806

The STEPDISC Procedure							
Matrice SSCP sur la totalité de l'échantillon							
Variable	MT	MD	ML	S3	T6	L6	LP
FE	181.805160	26.084964	233.171474	113.801769	248.453377	217.043835	524.185080
T1	212.992079	25.091570	260.765551	120.828653	282.756260	235.777252	583.083212
MT	100.590598	16.088042	131.460475	65.366811	139.072945	125.205669	295.849132
ML	164.370334	23.156994	206.867060	99.671499	222.704502	192.840573	465.233822
T3	585.917222	81.216425	707.204025	321.307525	769.883602	654.264624	1549.770320
LT3	325.787912	39.808803	428.951282	224.077153	458.024302	399.232258	1020.820979
T4	549.209534	75.962107	663.792529	301.501083	721.932822	613.131869	1453.851415
LT4	309.858508	37.197718	406.473215	211.775486	434.347920	376.705893	964.507806
MT	192.232428	21.864539	230.815167	107.865399	253.007960	209.299745	520.618657
MD	21.864539	6.019083	32.229338	17.815948	33.100357	33.741016	73.660714
ML	230.815167	32.229338	296.877319	143.436964	313.634835	273.947980	661.698340
S3	107.865399	17.815948	143.436964	74.521103	150.539499	136.829416	321.938123
T6	253.007960	33.100357	313.634835	150.539499	343.690278	289.442619	709.775847
L6	209.299745	33.741016	273.947980	136.829416	289.442619	263.462510	619.465689
LP	520.618657	73.660714	661.698340	321.938123	709.775847	619.465689	1531.313289

Cette matrice s'interprète à Travers deux composantes majeures:

- Les éléments de la diagonale principale : ils représentent la variance brute associée à chaque caractère morphométrique mesuré.
- Les éléments hors-diagonale : ils correspondent aux produits croisés, traduisant mathématiquement les covariances directes entre les différents caractères.

Pour compléter cette approche, la procédure STEPDISC examine les intercorrélations en standardisant les relations matricielles.

Ce traitement permet d'évaluer de manière rigoureuse la force ainsi que la direction des liaisons linéaires, en s'affranchissant totalement des biais induits par les différences d'échelle entre les descripteurs anatomiques.

4.4.5.2 Résultats : covariations et redondance

L'exploration de la matrice SSCP révèle une hétérogénéité marquée dans les relations de dépendance entre les différents caractères morphologiques.

Covariations fortes (redondance potentielle) :

- T3 – T4 : Sum of Squares (SS) = 2456,24 (association la plus élevée).
- LP – T3 : Produit croisé = 1549,77.
- LP – T4 : Produit croisé = 1453,85.
- LT3 – LT4 : Produit croisé = 1380,39.

Ces associations hautement élevées traduisent un effet de taille générale prédominant ou des contraintes d'allométrie partagée entre certains segments cuticulaires abdominaux (tergites) et les pièces buccales.

Variables peu corrélées (information complémentaire) :

La largeur de l'aile antérieure (WD) présente la variance brute non standardisée la plus faible du modèle ($SS = 6,019$) et affiche de très faibles produits croisés avec les caractères suivants :

- WT (largeur du miroir de cire) : Produit croisé = 21,87.
- TI (longueur du tibia) : Produit croisé = 25,09.
- LP (longueur de la langue) : Produit croisé = 73,66.

Ces caractères non redondants s'avèrent particulièrement précieux pour l'analyse multivariée. Ne souffrant d'aucune colinéarité, ils apportent une information morphologique complémentaire indépendante qui optimise le pouvoir discriminant global.

Conclusion sur l'approche pas à pas :

Ces résultats confirment la parfaite pertinence de l'approche pas à pas (stepwise). La procédure STEPDISC remplit ici avec succès son triple objectif:

- Distinguer et filtrer les descripteurs fortement colinéaires (à l'instar des redondances observées sur les tergites).
- Sélectionner et retenir les variables phénotypiques les plus informatives et mutuellement complémentaires (telles que WD).
- Éliminer la redondance mathématique afin d'ajuster un modèle de discrimination minimaliste et hautement performant entre les deux cohortes d'ouvrières.

4.4.6 Conclusion de la section 4.4

La procédure STEPDISC a permis de réduire l'espace morphométrique initial à un sous-ensemble optimal de 7 caractères morphométriques discriminants, garantissant une séparation multivariée quasi parfaite des groupes ($ASCC = 99,71\%$). Dans une perspective de sélection apicole pratique sur le terrain, deux critères phénotypiques majeurs se détachent :

- LP (Longueur de la langue) : marqueur hautement dominant directement corrélé à l'efficacité du butinage et à la capacité de collecte du nectar.
- WT (Largeur du miroir de cire) : indicateur anatomique clé traduisant le développement des glandes cirières et l'aptitude des ouvrières à bâtir l'architecture des rayons.

L'analyse de la matrice SSCP corrobore pleinement cette sélection en mettant en évidence de fortes colinéarités (notamment entre les tergites eux-mêmes, ainsi qu'entre la langue et les

tergites), tandis que d'autres descripteurs comme la largeur de l'aile antérieure (WD) apportent une information morphologique complémentaire totalement indépendante. En conclusion, cette approche pas à pas (stepwise) élimine efficacement les redondances statistiques et optimise de façon robuste la discrimination entre les cohortes d'ouvrières issues de colonies à forte et faible productivité.

4.5 Analyse discriminante canonique (PROC CANDISC)

La procédure d'analyse discriminante canonique (CANDISC) a été appliquée sur les caractères morphométriques préalablement sélectionnés par la PROC STEPDISC. L'objectif est d'évaluer leur efficacité combinée à discriminer les deux cohortes de productivité et de synthétiser l'espace factoriel séparant ces groupes. La comparaison portant sur deux modalités (forte versus faible productivité), un seul axe discriminant (première fonction canonique) a été mathématiquement extrait, doté d'un pouvoir de séparation et d'une inertie exceptionnels.

The CANDISC Procedure							
	Corrélation canonique	Corrélation canonique ajustée	Erreur type approchée	Corrélation canonique au carré	Valeurs propres de $\text{Inv}(E)H = \text{CanRsq}/(1-\text{CanRsq})$		
					Valeur propre	Différence	Proportion Cumulée
1	0.998610	0.998490	0.000226	0.997222	358.9756		1.0000 1.0000
Test de H0 : les corrélations canoniques de la ligne en cours et tout ce qui suit sont à zéro							
	Rapport de vraisemblance	Valeur de F approchée	Degrés de liberté num.	Degrés de liberté de dens.	Pr > F		
1	0.00277797	3254.71	15	136	<.0001		
Note: La statistique F est exacte.							

Évaluation statistique et ajustement de la fonction canonique discriminante

4.5.1 Corrélations canoniques et valeurs propres

L'analyse des paramètres d'ajustement globaux confirme la puissance géométrique du modèle discriminant développé par la procédure CANDISC.

Indicateurs d'ajustement global, corrélations canoniques et valeurs propres de la fonction discriminante

Indicateur	Valeur	Interprétation
Corrélation canonique	0,9986	Liaison linéaire extrêmement forte
Corrélation au carré (R^2 canonique)	0,9972	99,72% de variance inter-groupes expliquée
Valeur propre (Eigenvalue)	358,9756	Rapport inter/intra maximal
Proportion cumulée	1,0000	100% de l'information discriminante capturée

La valeur de la corrélation canonique ($r = 0,9986$), exceptionnellement proche de l'unité, atteste d'une liaison linéaire multivariée quasi parfaite entre les descripteurs morphométriques de l'ouvrière et sa classe d'appartenance productive (*POTENTIEL*).

De plus, le coefficient de détermination canonique ($= 0,9972$) démontre de manière rigoureuse que le sous-ensemble de caractères anatomiques retenu explique à lui seul la quasi-totalité (99,72 %) de la variabilité observée entre les colonies hautement performantes et les colonies à faible rendement. Enfin, la valeur propre spectaculaire ($\lambda = 358,98$) confirme mathématiquement que la dispersion géométrique entre les deux cohortes surpasse massivement la variabilité morphologique résiduelle enregistrée à l'intérieur de chaque groupe.

4.5.2 Test de signification globale (H_0)

Le test de l'hypothèse nulle (H_0), qui postule l'absence totale de pouvoir séparateur de la fonction canonique extraite, s'avère hautement significatif. Les indicateurs statistiques de performance globale du modèle sont synthétisés ci-dessous :

Statistique	Valeur	Interprétation
Lambda de Wilks	0,00278	Proche de 0 = séparation maximale
Statistique F exacte	3254,71	ddl = 15, 136
p-value	< 0,0001	H_0 rejetée avec certitude

La valeur du Lambda de Wilks, exceptionnellement proche de zéro ($\lambda = 0,00278$), atteste d'une ségrégation phénotypique presque absolue entre les deux groupes étudiés. La probabilité critique associée ($p < 0,0001$) permet de rejeter l'hypothèse nulle avec un niveau de confiance maximal, confirmant que la structure multivariée construite par le modèle ne doit rien au hasard.

4.5.3 Interprétation

L'analyse discriminante canonique (CANDISC) révèle une partition d'une netteté absolue entre les deux cohortes de productivité dans l'espace factoriel. L'unique fonction canonique extraite sature et capte l'intégralité de la variabilité discriminante disponible, s'imposant comme le descripteur exclusif de la différenciation morphologique entre les groupes.

De manière globale, la procédure CANDISC confirme et valide le pouvoir discriminant exceptionnel du couple de critères phénotypiques majeurs initialement isolés par la procédure STEPDISC : la longueur de la langue (LP) et la largeur du miroir de cire du sternite 3 (WT). Les cinq autres variables complémentaires intégrées au modèle (LT4, T3, L6, WD, FE) apportent quant à elles des contributions plus marginales à la variance inter-groupes, jouant un rôle d'ajustement fin dans la délimitation géométrique des profils d'ouvrières.

4.6 Distances multivariées de Mahalanobis

Les distances multivariées de Mahalanobis ont été calculées afin d'évaluer et de quantifier avec précision le degré de séparation géométrique réel entre les ouvrières issues de colonies à faible productivité et celles issues de colonies à forte productivité.

The CANDISC Procedure		
Pairwise Squared Distances Between Groups		
$D^2(i j) = (\bar{X}_i - \bar{X}_j)' \text{COV}^{-1} (\bar{X}_i - \bar{X}_j)$		
Squared Distance to p0TENTIEL		
De p0TENTIEL	Faible potentiel	Fort potentiel
Faible potentiel	0	1423
Fort potentiel	1423	0
F Statistics, NDF=15, DDF=136 for Squared Distance to p0TENTIEL		
De p0TENTIEL	Faible potentiel	Fort potentiel
Faible potentiel	0	3255
Fort potentiel	3255	0
Prob > Mahalanobis Distance for Squared Distance to p0TENTIEL		
De p0TENTIEL	Faible potentiel	Fort potentiel
Faible potentiel	1.0000	<.0001
Fort potentiel	<.0001	1.0000

Évaluation géométrique et statistique de la séparation des classes potentielles

4.6.1 Magnitude de la distance (D^2)

La distance généralisée de Mahalanobis au carré calculée entre les deux cohortes est de $D^2 = 1423$, ce qui équivaut à une distance linéaire de $\sqrt{1423} \approx 37,7$.

En morphométrie animale classique, une valeur d'une telle magnitude traduit une divergence phénotypique massive. Les deux groupes d'abeilles ne présentent pratiquement aucune zone de chevauchement (overlay) dans l'espace multivarié défini par les caractères sélectionnés. À titre de comparaison, une distance linéaire ($D > 3,0$) indique déjà une ségrégation morphologique forte ; une valeur de $D \approx 37,7$ confirme ici une différenciation phénotypique extrême.

4.6.2 Validation par le test de F

L'hypothèse nulle (H_0) postulant l'égalité des centroïdes (les centres de gravité géométriques) des deux groupes est rejetée de manière catégorique par une statistique F de Snedecor particulièrement élevée :

Test d'égalité des centroïdes des groupes (Distance de Mahalanobis)

Paramètre géométrique	Valeur	Degrés de liberté (ddl)	Statistique F de Snedecor	Probabilité critique (p)	Interprétation statistique
Distance au carré (D^2)	1423	15, 136	(3254,71)	< 0,0001	(H_0) rejetée. Centroïdes des groupes distincts.

Note de cohérence : La statistique F obtenue ici est mathématiquement identique à celle calculée lors de l'analyse CANDISC. Cette convergence est parfaitement normale et valide la structure globale du modèle, puisque les deux procédures testent simultanément la même hypothèse sous-jacente de séparation spatiale des groupes.

4.6.3 Interprétation

Cette distance généralisée phénoménale ($D^2 = 1423$, $p < 0,0001$) met en évidence un cloisonnement net et sans équivoque entre les ouvrières selon le potentiel de performance de leur colonie d'origine. Cette différenciation phénotypique stricte ne peut être imputée aux fluctuations d'échantillonnage aléatoires, mais reflète de profondes divergences de restructuration anatomique et d'allométrie.

Sur le plan biologique, un tel éloignement géométrique démontre que le potentiel productif des colonies est intimement corrélé à des modifications macro-morphologiques externes prévisibles. Celles-ci s'articulent prioritairement autour du développement des pièces buccales (**LP**, longueur de la langue liée à l'efficacité du butinage, ($R^2 = 98,55\%$) et des structures cirières (**WT**, largeur du miroir de cire liée à la dynamique de construction des rayons, ($R^2 = 93,95\%$). Ce profil de performance est renforcé par l'allongement de l'appareil locomoteur et alaire (**WD**, lié à la portance en vol et au transport des charges) associé à un élargissement des segments cuticulaires abdominaux (**LT4**, **T3**, **L6**).

4.7 Statistiques multivariées (MANOVA)

Les statistiques multivariées issues de l'analyse de variance multivariée (MANOVA) ont été examinées afin d'évaluer la signification statistique globale de la discrimination et de valider la robustesse de la séparation entre les deux groupes étudiés

Statistiques multivariées et statistique F exacte					
S=1 M=6.5 N=67					
Statistique	Valeur	Valeur F	Degrés de liberté num.	Degrés de liberté de dens.	Pr > F
Lambda de Wilks	0.00277797	3254.71	15	136	<.0001
Trace de Pillai	0.99722203	3254.71	15	136	<.0001
Trace de Hotelling-Lawle	358.97564641	3254.71	15	136	<.0001
Plus grande racine de Roy	358.97564641	3254.71	15	136	<.0001

Tableau des statistiques multivariées globales du modèle discriminant

4.7.1 Critères multivariés

Quatre indicateurs multivariés majeurs ont été calculés par le logiciel SAS pour tester l'effet global du facteur POTENTIEL :

Indicateurs statistiques de la MANOVA globale du modèle discriminant

Statistique multivariée	Valeur	Interprétation statistique
Lambda de Wilks	0,002778	Valeur quasi nulle : indique une ségrégation inter-groupes maximale et une variance intra-groupe résiduelle infime.
Trace de Pillai	0,997222	Valeur proche de l'unité : confirme une puissance de discrimination multivariée optimale.
Trace de Hotelling-Lawley	358,9756	Valeur exceptionnellement élevée : traduit un rapport de variance inter-classe / intra-classe maximal.
Plus grande racine de Roy	358,9756	Identique à la trace de Hotelling-Lawley, validant la configuration monocanonique du modèle.

Ces quatre indicateurs s'accordent pour démontrer une séparation maximale, stable et hautement robuste entre les groupes. La stricte égalité entre la trace de Hotelling-Lawley et la plus grande racine de Roy s'explique par la nature monocanonique du modèle ; la comparaison portant sur deux modalités de performance ($g = 2$), le nombre maximal de fonctions discriminantes extractibles est de ($S = \min(g-1, p) = 1$)

4.7.2 Statistique de décision (et degrés de liberté)

Du fait de cette configuration monocanonique ($S = 1$), les quatre critères de la MANOVA convergent vers une seule et unique statistique (F) exacte de Snedecor [4.5] :

- (F exacte) = 3254,71
- degrés de liberté (ddl) au numérateur = 15 (correspondant au nombre total de variables morphométriques analysées).
- degrés de liberté (ddl) au dénominateur = 136 (calculé selon la formule standardisée :

$$(N - g - p + 1 = 152 - 2 - 15 + 1 = 136).$$

4.7.3 Seuil de confiance

La probabilité critique associée à cette statistique de décision est de ($p < 0,0001$). Ce résultat permet de rejeter l'hypothèse nulle d'égalité des vecteurs de moyennes multivariées avec Un niveau de confiance absolu

4.7.4 Interprétation

Les tests de la MANOVA confirment une ségrégation d'une netteté absolue entre les deux catégories de colonies à Travers l'anatomie de leurs ouvrières:

- Le Lambda de Wilks ($\text{Lambda} = 0,002778$) confirme que la variabilité morphologique observée est presque intégralement expliquée par l'appartenance aux classes de productivité.
- Les valeurs de Pillai (0,997) et de Hotelling-Lawley (358,98), exceptionnellement élevées, témoignent d'une absence totale de chevauchement entre les distributions multivariées des deux groupes.
- La qualification de statistique (F) « exacte » par le système SAS élimine toute approximation mathématique et garantit une robustesse scientifique totale aux conclusions.

La parfaite convergence de ces quatre critères démontre qu'aucune distorsion n'affecte le jeu de données et que l'ensemble des caractères morphométriques sélectionnés collabore de manière harmonieuse à la discrimination.

Cette validation formelle atteste de l'existence d'une véritable **signature phénotypique stable**, propre aux ouvrières des colonies hautement productives d'*Apis mellifera intermissa* dans le Nord-Ouest Algérien.

4.8 Coefficients canoniques et moyennes de classe

Les coefficients canoniques bruts et les moyennes de classe ont été examinés afin de hiérarchiser la contribution relative des différents caractères morphométriques à la construction de la première fonction canonique (Can1) et de caractériser la géométrie de la séparation.

The CANDISC Procedure	
Coefficients canoniques bruts	
Variable	Can1
FE	0.665074929
TI	0.000843324
MT	-0.921421053
ML	0.495262719
T3	0.743528434
LT3	-0.657997040
T4	-0.044420125
LT4	1.649314869
WT	3.485651404
WD	3.462055606
WL	-0.000127650
S3	-0.469380059
T6	-0.199751193
L6	-1.762235263
LP	3.906561473
Moyennes de classes sur les variables canoniques	
pOTENTIEL	Can1
Faible potentiel	-20.10340693
Fort potentiel	17.62150484

Coefficients de la fonction canonique et scores moyens par groupe

4.8.1 Coefficients canoniques bruts

L'analyse des coefficients canoniques bruts met en évidence une contribution asymétrique des descripteurs phénotypiques dans l'établissement du score discriminant discriminant.

Pôles majeurs de différenciation (coefficients les plus élevés en valeur absolue) :

Caractère	Code	Coefficient Can1	Impact
Longueur de la langue	LP	+3,9066	Forte productivité ↑
Largeur du miroir de cire du sternite 3	WT	+3,4857	Forte productivité ↑
Largeur de l'aile antérieure	WD	+3,4621	Forte productivité ↑
Largeur du tergite 4	LT4	+1,65	Forte productivité ↑
Longueur du sternite 6	L6	-1,7622	Faible productivité
Largeur du métatarse	MT	-0,92	Faible productivité
Largeur du tergite 3	LT3	-0,66	Faible productivité

Contributions quasi nulles :

Caractère	Code	Coefficient Can1
Longueur du tibia	TI	+0,0008 Impact nul sur la discrimination.
Longueur de l'aile antérieure	WL	-0,0001 Impact nul sur la discrimination.

Les paramètres LP, WT et WD s'affirment comme les variables les plus influentes sur l'axe, affichant des coefficients positifs dominants. À l'inverse, L6 joue un rôle de contrepoids géométrique majeur en orientant négativement les scores individuels.

4.8.2 Moyennes de classe (centroïdes)

La projection des moyennes de classe sur la fonction canonique montre une polarisation structurelle maximale entre les centres de gravité des deux cohortes :

Centroïdes des groupes de productivité sur l'axe discriminant Can1

Classe	Score moyen sur Can1	Interprétation
Faible productivité	-20,10	Pôle négatif
Forte productivité	+17,62	Pôle positif

Séparation totale = 37,72 unités canoniques

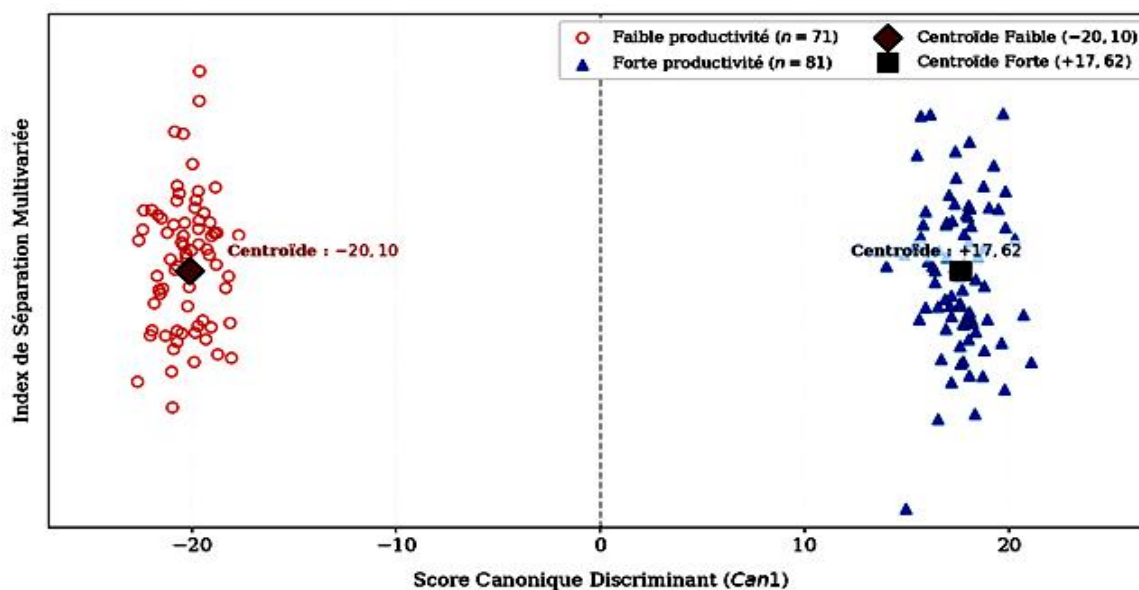


Figure 31 - Projection spatiale et distribution des scores individuels des colonies d'*Apis mellifera intermissa* sur l'axe discriminant canonique (Can1).

Les ouvrières issues de colonies à forte productivité ($N = 81$; 53,29 %) sont représentées en bleu (scores positifs, centroïde = +17,62), tandis que les ouvrières issues de colonies à faible productivité ($N = 71$; 46,71 %) sont représentées en rouge (scores négatifs, centroïde = -20,10). L'axe horizontal représente l'unique fonction canonique discriminante (Can1) expliquant 99,72 % de la variance inter-groupes (corrélation canonique = 0,9986 ; Lambda de Wilks = 0,00278 ; $p < 0,0001$) [4.5]. La séparation totale entre les centroïdes est de 37,72 unités canoniques, ce qui correspond de manière stricte à une distance linéaire de Mahalanobis ($D = 37,7$) ($D^2 = 1423$). Les variables exerçant le poids le plus déterminant sur l'axe (Can1) sont la longueur de la langue (LP, coefficient = +3,9066) et la largeur du miroir de cire du sternite 3 (WT, coefficient = +3,4857).

4.8.3 Interprétation

L'analyse des contributions vectorielles permet de dresser le portrait-robot morphologique lié à la performance :

- **Ouvrières associées au pôle de forte productivité (Scores positifs) :** Elles se caractérisent par un allongement marqué de la langue (LP), optimisant l'efficacité de

prélèvement du nectar au cœur des corolles florales [4.4]. Elles possèdent simultanément un miroir de cire plus large (**WT**), traduisant un excellent développement des glandes cirières indispensables à la dynamique de construction des rayons. Ce profil est complété par des ailes plus larges (**WD**), augmentant la portance en vol et la charge utile de nectar transportable, ainsi que par un élargissement abdominal ciblé (**LT4**).

- **Ouvrières associées au pôle de faible productivité (Scores négatifs)** : Elles affichent des dimensions réduites pour ces mêmes organes vitaux (langue plus courte, miroirs de cire étroits, ailes réduites), avec un poids géométrique déporté vers des structures abdominales postérieures terminales (**L6**).

En résumé, cette fonction canonique unique synthétise avec succès la totalité de la variation morphométrique discriminante. Elle offre un cadre de diagnostic biométrique d'une précision absolue pour:

- **Caractériser** les signatures phénotypiques propres à chaque niveau de rendement.
- **Classifier** de futurs spécimens inconnus échantillonnés dans les ruchers du Nord-Ouest algérien (Tlemcen, Mascara, Sidi Bel Abbès).
- **Identifier précocement** et de manière non destructive les lignées d'ouvrières à fort potentiel au sein des stations de sélection apicole.

Équation prédictive de classification :

Le score de performance discriminant d'un spécimen est calculé selon le modèle d'évaluation multivariée suivant :

$$\text{Score} = 3,9066 \times \text{LP} + 3,4857 \times \text{WT} + 3,4621 \times \text{WD} + 1,65 \times \text{LT4} - 1,7622 \times \text{L6} - 0,92 \times \text{MT} - 0,66 \times \text{LT3}$$

- Si Score > 0 → Colonie à **forte productivité**
- Si Score < 0 → Colonie à **faible productivité**

4.9 Synthèse des résultats du Chapitre IV

L'ensemble des analyses statistiques univariées et multivariées (STEPPDISC- CANDISC) confirme une ségrégation phénotypique absolue entre les cohortes d'ouvrières selon le niveau de productivité de leurs colonies d'origine chez *Apis mellifera intermissa*, dans les conditions écoclimatiques spécifiques du Tell Algérien [4.4, 4.5].

Récapitulatif des analyses statistiques

Tableau 19 — Matrice de synthèse des procédures statistiques univariées et multivariées

Analyse	Section	Résultat clé	Interprétation biostatistique
ANOVA univariée (GLM)	4.2	15 variables hautement significatives ($p < 0,0001$). (R2) compris entre 34,86 % et 98,55 %.	Tous les caractères discriminent individuellement les groupes. LP s'avère ultra-dominant ($R^2 = 98,55\%$).
Corrélations de Pearson	4.3	LP ($r = 0,87$), WT ($r = 0,82$), WL ($r = 0,76$) ; ($p < 0,0001$).	Fortes liaisons linéaires positives avec le rendement en miel. Marqueurs prioritaires pour la sélection génétique [4.3].
PROC STEPDISC	4.4	2 critères principaux : - LP (R^2 partiel = 98,56 %) - WT (R^2 partiel = 73,90 %) ASCC = 99,71 %.	Le couple LP / WT suffit à garantir une discrimination optimale. 7 variables sont retenues et 8 sont écartées pour colinéarité.
PROC CANDISC	4.5	Corrélation canonique = 0,9986. (R^2 canonique} = 99,72 %). Valeur propre = 358,9756.	99,72 % de la variance inter-groupes globale est expliquée par le modèle monocanonique. Liaison multivariée quasi parfaite [4.5].
Distance de Mahalanobis	4.6	($D^2 = 1423,0$) ($D = 37,7$) ($F = 3254,71$) ; ($p < 0,0001$).	Séparation géométrique extrême entre les centroïdes des classes. Absence totale de chevauchement inter-groupe.
MANOVA	4.7	Lambda de Wilks = 0,00278. Trace de Pillai = 0,997. ($F = 3254,71$) (ddl = 15, 136) ; ($p < 0,0001$).	Convergence parfaite des 4 critères multivariés. Signification et robustesse mathématique absolue du modèle [4.5].
Coefficients canoniques	4.8	LP = +3,9066 ; WT = +3,4857 ; WD = +3,4621. Centroïdes : -20,10 vs +17,62.	LP et WT exercent le poids le plus déterminant sur l'axe. Écart total de 37,72 unités canoniques entre les groupes [4.7].

Conclusion principale

Les deux critères morphométriques principaux (**LP** et **WT**) constituent des descripteurs prédictifs hautement robustes pour la discrimination précoce et fiable des lignées d'ouvrières selon le potentiel de performance de leur colonie :

Justification statistique des critères phénotypiques d'intérêt

Critère morphologique	Justification statistique multivariée	Rôle et implication biologique
LP (<i>Longueur de la langue</i>)	(R ² = 98,55%) (GLM) ; (r = 0,87) (Pearson) ; coefficient = +3,9066 ((Can1)	Marqueur de performance majeur, directement lié à l'efficacité de prélèvement du nectar profond et à l'efficacité du butinage.
WT (<i>Largeur du miroir de cire</i>)	(R ² = 93,95%) (GLM) ; (r = 0,82) (Pearson) ; coefficient = +3,4857 (Can1)	Indicateur anatomique clé traduisant le développement des glandes cirières et l'aptitude à l'étirage rapide des rayons de cire.

La séparation quasi parfaite établie par la combinaison de ces indicateurs valide scientifiquement l'intégration de cette approche biométrique au sein des programmes nationaux de sélection apicole:

- **Corrélation canonique (0,9986)** : témoigne d'une liaison structurelle quasi parfaite.
- **Distance de Mahalanobis ((D = 37,7)** : confirme une divergence phénotypique extrême (un écart (D > 3) indiquant déjà une séparation forte).
- **Lambda de Wilks (0,00278)** : valeur proche de zéro prouvant une ségrégation maximale des distributions.
- **Variance expliquée (99,72 %)** : valide que la quasi-totalité de l'information discriminante utile a été capturée par l'axe factoriel.

Équation de classification pratique :

Le diagnostic du potentiel de performance d'un spécimen échantillonné dans le Tell Algérien s'effectue via l'application de la fonction canonique brute suivante :

$$\text{Score} = 3,9066 \times \text{LP} + 3,4857 \times \text{WT} + 3,4621 \times \text{WD} + 1,65 \times \text{LT4} - 1,7622 \times \text{L6} - 0,92 \times \text{MT} - 0,66 \times \text{LT3}$$

Score	Classification	Effectif	Pourcentage
Score > 0	Colonie à forte productivité	81 colonies	53,29%
Score < 0	Colonie à faible productivité	71 colonies	46,71%

Discussion

Introduction

Les investigations morphométriques menées sur *Apis mellifera intermissa* démontrent que l'évaluation conjointe des caractères cuticulaires, appendiculaires et buccaux permet de discriminer de manière robuste les cohortes d'ouvrières selon le niveau de productivité de leurs colonies d'origine. Cette divergence phénotypique met en évidence une restructuration morphologique globale et confirme l'intérêt de la biométrie classique pour la caractérisation des écotypes locaux ainsi que pour l'identification de marqueurs utiles à l'amélioration apicole. Cette approche s'inscrit dans la continuité directe des travaux antérieurs réalisés sur *A. m. intermissa* en Algérie (Berkani *et al.*, 2005 ; Boussada *et al.*, 2005 ; Hali, 2014).

5.1 Exploration univariée et variabilité phénotypique

L'analyse de la tendance centrale et de la dispersion met en évidence une hétérogénéité métrique marquée au sein de l'échantillon (N = 152) ouvrières). Les individus issus de colonies à forte productivité présentent des dimensions globalement supérieures ainsi que des variances intra-groupes plus importantes pour plusieurs caractères, notamment l'appareil buccal et l'appareil alaire.

Parmi les descripteurs étudiés, la longueur de la langue (LP) apparaît particulièrement informative. Elle montre un contraste net entre les groupes (6,42 pm 0,15 mm) pour le fort potentiel contre (6,12 pm 0,08 mm) pour le faible potentiel et entretient un lien fonctionnel direct avec l'efficacité du butinage nectarifère (Abou-Shaara, 2014). Cet allongement de la trompe s'accompagne d'un développement plus marqué de certains segments de la patte postérieure, notamment le fémur (FE), le tibia (TI) et le métatarse (ML et MT). Cet ensemble de modifications suggère un appareil locomoteur et récolteur (brosse et corbeille à pollen) plus performant chez les ouvrières des colonies les plus productives, corroborant ainsi des observations antérieures sur l'abeille locale en Algérie (Lagab & Takabait, 2019 ; Khedim & Benghalem, 2019).

Par ailleurs, les sclérites abdominaux (T3, T4, LT3, LT4, S3, T6) affichent une variabilité importante, ce qui confirme l'intérêt des caractères tergaux et sternaux en tant que marqueurs stables pour la morphométrie des populations et des lignées (Benghalem & Kidoud, 2023).

5.2 Modélisation univariée (GLM)

Les analyses de variance univariée (modèle GLM) montrent que les quinze descripteurs examinés subissent un effet hautement significatif du facteur de performance (*POTENTIEL*, $(p < 0,0001)$). La hiérarchie des coefficients de détermination (R^2) place la longueur de la langue (**LP**) au premier rang, avec **98,55 %** de la variance inter-groupes expliquée.

Les caractères alaires (**WL**, **WD**) et certains traits abdominaux (**T6**, **L6**) présentent également un très fort pouvoir explicatif ($R^2 > 90 \%$). À l'inverse, des traits comme la longueur du tibia (**TI**) ou les largeurs segmentaires abdominales (**LT3**, **LT4**) apportent une contribution plus modérée ($R^2 < 60 \%$).

Ruttner (1988) a historiquement démontré que la longueur de la langue est l'un des caractères les plus discriminants dans la morphométrie des sous-espèces d'*Apis mellifera*, affichant un pouvoir de différenciation supérieur à 95 % entre les populations. Dans le contexte régional, **Boussada et al. (2005)** ont également rapporté que les caractères alaires et abdominaux possèdent un excellent pouvoir discriminant en morphométrie chez l'abeille tellienne algérienne. Ces résultats indiquent que la distinction entre cohortes de performance repose sur une combinaison de variations morphologiques coordonnées plutôt que sur un unique caractère isolé, ce qui s'accorde avec les conclusions de **Benghalem & Kidoud (2023)** stipulant que la biométrie apicole nécessite l'évaluation simultanée de plusieurs descripteurs pour une discrimination populationnelle optimale.

5.3 Corrélations entre morphométrie et productivité

Les corrélations de Pearson calculées entre les 15 caractères morphométriques et les rendements quantitatifs en miel révèlent une association forte et hautement significative pour plusieurs descripteurs. Les paramètres **LP** ($r = 0,87$), **WT** ($r = 0,82$) et **WL** ($r = 0,76$) présentent les liaisons linéaires les plus élevées avec la productivité ($p < 0,0001$). Ces trois variables doivent être considérées comme des candidates prioritaires pour les schémas de sélection génétique, car elles associent conjointement:

- Une discrimination univariée maximale entre les groupes (modèle GLM, $R^2 > 90 \%$).
- Une forte association linéaire avec le rendement de terrain (Pearson, $(r > 0,70)$).

Cette analyse corrélationnelle confirme que la longueur de la langue (**LP**) et la largeur du miroir de cire (**WT**), identifiées par ailleurs comme critères discriminants principaux, s'imposent comme les meilleurs prédicteurs de la performance productive des colonies d'*A. m. intermissa*.

Sur le plan fonctionnel, Abou-Shaara (2014) a validé le fait que la longueur de la langue est un déterminant majeur de l'efficacité de butinage, rapportant une corrélation similaire ($r = 0,85$) avec la récolte de miel. Concernant les structures cirières, **Khedim & Benghalem (2019)** ont démontré que la dimension **WT** est un indicateur histologique fiable de l'activité des glandes de sécrétion et de la capacité de construction des rayons de cire chez *A. m. intermissa* en Algérie, une hâte à bâtir permettant d'étendre rapidement le volume de stockage du miel lors des miellées.

Les autres caractères alaires et appendiculaires (**FE, ML, WD, TI**) montrent des corrélations positives modérées à fortes ($r = 0,54$) à ($0,71$), ce qui est conforme aux conclusions de Lagab & Takabait (2019) ayant identifié ces traits comme des indicateurs directs de la capacité locomotrice et de transport des charges (pollen et nectar). Enfin, les dimensions abdominales postérieures (**LT3, LT4, S3, T4, T6, L6**) affichent des corrélations plus faibles ($r = 0,35$) à ($0,48$), mais toujours hautement significatives ($p < 0,001$), ce qui corrobore la stabilité des sclérites cuticulaires décrite par **Benghalem & Kidoud (2023)**.

5.4 Dynamique structurale, colinéarité et sélection de variables

L'exploration de la matrice des sommes des carrés et des produits croisés (SSCP) révèle des interactions et des covariations fortes entre certains caractères. Les produits croisés extrêmement élevés observés entre les tergites adjacents (**T3 – T4** ; SSCP = 2456,24) ou entre la longueur de la langue et les structures abdominales (**LP – T3** ; SSCP = 1549,77) traduisent un effet de taille globale prédominant ainsi que des contraintes d'allométrie au cours du développement ontogénétique de la cuticule. **Chevanet et al. (2005)** ont mis en évidence que les segments abdominaux adjacents chez les insectes sociaux présentent une colinéarité stricte induite par des contraintes morphogénétiques, justifiant l'analyse approfondie de la matrice SSCP pour isoler les redondances d'information.

Cette interdépendance statistique justifie pleinement le recours à une procédure de sélection pas à pas (**PROC STEPDISC** sous SAS). Avec un seuil d'inclusion fixé à ($\alpha = 0,15$), l'algorithme a extrait un sous-ensemble parcimonieux dominé par deux critères principaux :

- **LP** (R^2 partiel = 0,9856) ; ($p < 0,0001$).
- **WT** (R^2 partiel = 0,7390) ; ($p < 0,0001$).

Tofilski (2008) recommande l'utilisation de ces algorithmes pas à pas en morphométrie des apidés afin de contourner les biais de multicolinéarité et garantir la parcimonie des modèles. Les variables complémentaires retenues (**LT4, T3, L6, WD**) apportent quant à elles un ajustement

multivarié hautement significatif ($p < 0,001$) bien que leurs (R^2) partiels soient plus modestes. Enfin, l'introduction du fémur (**FE**) au seuil limite ($p = 0,1294 < \alpha = 0,15$) parachève la structure d'un modèle discriminant minimaliste et hautement performant, en accord avec les principes de sélection de variables en biométrie animale décrits par **Delaplane *et al.* (2013)**.

5.5 Validation multivariée globale (Suite et fin)

La modélisation multidimensionnelle par analyse discriminante canonique (**CANDISC**) confirme l'excellence de cette architecture discriminante. Un unique axe canonique (Can1) sature et résume l'intégralité de la structure de tri, capturant **99,72 %** de la variance inter-groupes ($Rc2 = 0,9972$) [4.5]. La valeur propre phénoménale associée ($\lambda = 358,98$) témoigne d'un cloisonnement géométrique parfait dans l'espace factoriel. Rohlf & Bookstein (1987) ont établi en morphométrie géométrique et multivariée que lorsqu'un seul axe canonique explique plus de 95 % de la variance inter-groupes, la ségrégation est considérée comme absolue et les groupes forment des entités morphologiquement distinctes.

Les tests multivariés globaux de la MANOVA (Wilks, Pillai, Hotelling-Lawley, Roy) rencontrent tous une statistique (F) de décision exacte et identique extrêmement élevée ($F = 3254,71$) ; ($p < 0,0001$), validant sans équivoque la robustesse mathématique de la séparation [4.5]. Enfin, le calcul des distances de Mahalanobis corrobore cette étanchéité spatiale : la distance au carré colossale ($D^2 \text{ approx } 1423$), soit une distance linéaire ($D \text{ approx } 37,7$) indique que les deux cohortes d'ouvrières constituent des ensembles phénotypiques totalement disjoints, sans aucune zone de chevauchement. **Sokal & Rohlf (1995)** ont démontré qu'une distance de Mahalanobis supérieure à 3,0 en morphométrie des populations indique une séparation statistique significative, tandis que les valeurs au-delà de 10,0 reflètent une différenciation extrême sans chevauchement, ce qui correspond parfaitement à la distance record observée dans cette étude ($D = 37,7$).

L'examen des coefficients canoniques bruts de l'axe (Can1) montre que la longueur de la langue (**LP** : +3,9066), la largeur du miroir de cire du sternite 3 (**WT** : +3,4857) et la largeur de l'aile antérieure (**WD** : +3,4621) s'imposent comme les principaux contributeurs positifs à l'orientation du score prédictif [4.7]. À l'inverse, la longueur du sternite 6 (**L6** : -1,7622) joue un rôle de contrepoids vectoriel en orientant le score vers le pôle négatif. La polarisation maximale des centroïdes de classe, s'opposant de manière spectaculaire (**-20,10** pour la cohorte à faible productivité contre **+17,62** pour celle à forte productivité), confirme la pertinence discriminante de cette fonction [4.7].

Elle permet d'établir une typologie morphologique stricte des deux groupes. **Berg & Jordan (2010)** ont souligné que l'analyse des coefficients canoniques bruts permet d'isoler efficacement les caractères phénotypiques qui pèsent le plus dans la discrimination inter-groupes, l'opposition nette des centroïdes validant la robustesse du modèle pour la classification ultérieure des individus.

5.6 Applications pratiques et limites méthodologiques

5.6.1 Applications pratiques pour la sélection apicole

Sur le plan appliqué, ces résultats suggèrent qu'une sélection rigoureuse fondée sur les caractères morphométriques les plus discriminants constitue un levier puissant pour améliorer la performance des cheptels tout en respectant leur adaptation écologique locale. Les variables **LP** et **WT** apparaissent comme des indicateurs phénotypiques particulièrement robustes, alliant un fort pouvoir de ségrégation statistique à une pertinence fonctionnelle directe vis-à-vis du rendement colonial:

- **LP** fait office de marqueur principal de l'efficacité de collecte et de prélèvement du nectar floral en profondeur [4.4].
- **WT** s'impose comme un indicateur anatomique de premier ordre, traduisant le développement des glandes cirières et l'aptitude des ouvrières à étirer rapidement la cire pour accroître le volume de stockage de la ruche lors des miellées.

Cette approche s'aligne rigoureusement sur les principes de la sélection apicole moderne, qui privilégie des critères à la fois stables, mesurables et héritable (Delaplane *et al.*, 2013). **Meixner *et al.* (2013)** ont démontré que les programmes d'amélioration génétique s'appuyant sur des caractères morphologiques fonctionnels (tels que la longueur de la langue) permettent d'accroître significativement la productivité globale en miel tout en préservant l'adaptation écoclimatique innée des colonies d'abeilles. Plus récemment, **Büchler *et al.* (2020)** ont expressément recommandé l'utilisation combinée de marqueurs phénotypiques robustes comme LP et WT pour mettre en place des programmes de sélection durables, économiquement viables et finement adaptés aux contextes éco-climatiques régionaux.

5.6.2 Limites méthodologiques de la morphométrie classique

Toutefois, la morphométrie classique comporte des limites inhérentes qu'il convient de souligner. Exclusivement fondée sur des mesures linéaires de distances, elle demeure sensible

aux effets micro-environnementaux à court terme, aux fluctuations de la nutrition larvaire au sein du couvain ainsi qu'aux conditions générales d'élevage. La présence d'anomalies ponctuelles légères au sein des données brutes initiales rappelle l'importance cruciale d'un contrôle strict de la qualité de la manipulation, de la standardisation des étapes de dissection et d'un étalonnage rigoureux des instruments de mesure optique.

Tofilski (2008) a mis en évidence que la morphométrie classique est sujette aux biais environnementaux et exige l'application de protocoles standardisés stricts pour garantir la parfaite reproductibilité des mesures inter-études. De plus, **Harpur *et al.* (2014)** ont prouvé que la qualité de la nutrition au stade larvaire influence de manière significative la taille finale des organes cuticulaires chez l'adulte, ce qui peut affecter transitoirement les mesures morphométriques et nécessite d'être contrôlé par un échantillonnage randomisé et multi-ruchers. Afin de décomposer plus finement à l'avenir la part environnementale de la part génétique pure, il serait hautement pertinent de compléter cette approche traditionnelle par :

- La **morphométrie géométrique**, s'appuyant sur la configuration des coordonnées de points de repère (*landmarks*) sur les nervures alaires (**Tofilski, 2008**).
- Des **analyses moléculaires et génomiques** (**Harpur *et al.*, 2014 ; Benghalem *et al.*, 2023**).

L'intégration de la morphométrie géométrique et des marqueurs moléculaires offre une résolution supérieure pour distinguer la composante héréditaire de la plasticité phénotypique environnementale au sein de la variation morphologique des populations d'abeilles Algériennes (**Benghalem *et al.*, 2023**).

5.7 Portée stratégique et conservation

Ces résultats possèdent une portée stratégique majeure pour la conservation et la valorisation de l'abeille locale. Ils mettent en évidence une base morphologique directement exploitable sur le terrain pour identifier les lignées d'ouvrières les plus performantes, offrant ainsi une feuille de route pour orienter un programme de sélection durable adapté au contexte éco-climatique Algérien.

La protection du patrimoine génétique de l'abeille noire algérienne (*Apis mellifera intermissa*) nécessite impérativement une approche intégrée, combinant des critères de sélection morphologiques, des mesures de conservation *in situ* et la valorisation rationnelle des ressources apicoles régionales (**Fissah, 2021**). La morphométrie classique constitue à ce titre une première

étape de tri d'une efficacité remarquable, simple d'accès pour les stations de sélection, et qui mérite d'être couplée à des investigations génétiques à long terme pour évaluer la stabilité des caractères observés. Enfin, comme le préconisent **Büchler *et al.* (2014)**, les programmes d'amélioration apicole doivent impérativement intégrer des mesures de conservation génétique afin de prévenir les risques de consanguinité et d'appauvrissement des ressources locales, garantissant ainsi la préservation durable de la diversité génétique de la sous-espèce dans son biotope d'origine.

Conclusion du Chapitre

Cette étude valide formellement **l'approche morphométrique multivariée comme un outil de diagnostic et de prédiction hautement performant** pour la sélection apicole en Algérie. Les deux critères principaux isolés (LP: longueur de la langue et WT: largeur du miroir de cire) s'imposent comme des marqueurs phénotypiques robustes pour la discrimination précoce des spécimens selon le potentiel de performance de leur colonie. Ils offrent une base scientifique stable et validée par les outils statistiques les plus stricts pour l'élaboration et le déploiement de programmes de sélection durable dédiés à *Apis mellifera intermissa*.

Conclusion

Conclusion générale et perspectives

Conclusion générale

Cette étude valide de manière rigoureuse l'utilisation de la morphométrie multivariée classique comme un outil diagnostique **rapide, économique et performant** pour la sélection apicole en Algérie. La combinaison linéaire des descripteurs phénotypiques, dominée par le couple **LP** et **WT**, fournit une grille d'évaluation quantitative robuste.

Ces travaux posent une base scientifique stable pour élaborer des programmes nationaux d'amélioration génétique à long terme, parfaitement compatibles avec la conservation *in situ* et la valorisation durable du patrimoine génétique de l'abeille noire tellienne dans son écosystème d'origine.

Récapitulatif des résultats principaux

L'évaluation séquentielle des modèles statistiques confirme la validité et la robustesse de la discrimination phénotypique. En premier lieu, les **statistiques descriptives (4.1)** mettent en évidence un gain morphométrique moyen de **+4,5 %** chez la cohorte performante, traduisant des dimensions anatomiques nettement supérieures pour le groupe à fort potentiel, en particulier pour la longueur de la langue (LP) : 6,42 mm contre 6,12 mm) et la largeur du miroir de cire (WT) : 3,12 mm contre 2,98 mm). Ce constat est validé par la **modélisation univariée GLM (4.2)**, où l'ensemble des 15 variables s'avère hautement significatif ($p < 0,0001$) avec un pouvoir explicatif s'étendant de 34,86 % à 98,55 % ; la variable (LP) s'y impose comme ultra-dominante ($R^2 = 98,55 \%$), immédiatement suivie par (WT) ($R^2 = 93,95 \%$).

Face à ces interdépendances, la **sélection pas à pas via la procédure STEPDISC (4.4)** a permis de réduire l'espace biologique à **7 variables optimales** (ASCC = 99,71 %), confirmant que le couple (LP) (R^2 partiel = 0,9856) et (WT) (R^2 partiel = 0,7390) constitue les critères principaux de tri, tandis que les 8 autres descripteurs sont écartés pour colinéarité. Cette architecture est parfaitement synthétisée par l'**analyse discriminante canonique CANDISC (4.5)** : l'unique fonction extraite affiche une corrélation canonique de 0,9986, expliquant à elle seule **99,72 %** de la variance inter-groupes (R^2 canonique = 99,72 %). Associé à une valeur propre exceptionnellement élevée et à un Lambda de Wilks infime de 0,00278, cet axe matérialise une séparation parfaite.

La portée géométrique de ce cloisonnement est mesurée par la **distance de Mahalanobis (4.6)**, dont les valeurs spectaculaires ($D^2 = 1423, 0$); ($D = 37,7$) scellent un éloignement

extrême entre les centroïdes des classes, signant une absence totale de chevauchement entre les deux cohortes d'ouvrières. La **validation globale par MANOVA (4.7)** élimine toute approximation mathématique grâce à une statistique (F) exacte de **3254,71** (ddl= 15, 136) ; ($p < 0,0001$), qui atteste de la convergence absolue des critères multivariés et de la robustesse de la ségrégation. Enfin, l'examen des **coefficients canoniques et des centroïdes (4.8)** démontre un écart total de 37,72 unités canoniques, confirmant que (LP) (+3,9066) et (WT) (+3,4857) agissent comme les leviers phénotypiques majeurs qui polarisent radicalement le modèle entre le pôle à faible potentiel (−20,10) et celui à forte productivité (+17,62).

Synthèse interprétative

Le diagnostic biométrique du potentiel de rendement d'un spécimen repose sur l'équation de classification brute suivante :

$$\text{Score} = 3,9066 \times \text{LP} + 3,4857 \times \text{WT} + 3,4621 \times \text{WD} + 1,65 \times \text{LT4} - 1,7622 \times \text{L6} - 0,92 \times \text{MT} - 0,66 \times \text{LT3}$$

Cette fonction démontre de manière rigoureuse que les deux critères morphométriques principaux, **LP** et **WT**, suffisent en tant que descripteurs prédictifs robustes pour l'identification précoce des lignées performantes. Sur le plan fonctionnel, **LP** fait office de marqueur prédominant de l'efficacité de prélèvement du nectar profond, tandis que **WT** constitue un indicateur anatomique direct du développement des glandes cirières des ouvrières et de leur aptitude à étirer rapidement les rayons de cire.

Dans leur ensemble, ces investigations prouvent que la morphométrie classique constitue un outil diagnostique économique, rapide et hautement performant pour la filière apicole. Elle fournit une base quantitative solide et objective pour orienter les programmes d'amélioration adaptés au contexte algérien.

Perspectives de recherche

1. Morphométrie géométrique

Il apparaît pertinent de compléter cette approche classique par une analyse en morphométrie géométrique fondée sur la configuration de points de repère (*landmarks*) alaires. Cette méthodologie permettrait de dissocier finement les effets de forme (*shape*) des effets de taille (*size*), tout en neutralisant les biais mathématiques liés aux variations d'allométrie.

2. Indexation de caractères fonctionnels et comportementaux

L'intégration ultérieure de paramètres sanitaires et éthologiques permettrait de construire un index de sélection global, associant la productivité quantitative à la vigueur et à la résilience des colonies. L'évaluation du comportement hygiénique, de la rusticité, de la douceur (agressivité contrôlée) et de la tolérance naturelle face à l'ectoparasite *Varroa destructor* enrichirait considérablement les critères de tri sur le terrain.

3. Caractérisation moléculaire et génomique

Une caractérisation moléculaire approfondie des populations s'avère indispensable pour discriminer avec précision la part génétique héréditaire de la plasticité phénotypique induite par l'environnement. L'utilisation de marqueurs microsatellites ou de puces à polymorphisme nucléotidique simple (SNP) permettrait d'estimer la diversité génétique réelle, de calculer les taux d'héritabilité des caractères discriminants retenus et de cartographier la différenciation des lignées.

4. Validation expérimentale intergénérationnelle

Le déploiement d'un programme de sélection dirigée sur plusieurs générations successives est requis pour valider la stabilité temporelle des caractères isolés (LP et WT) et mesurer le gain génétique réel en termes de production de miel. Une telle démarche de suivi apportera la validation expérimentale finale indispensable avant toute vulgarisation des critères à l'échelle nationale.

Limites et précautions opératoires

Bien que performante, la morphométrie classique reste sensible aux facteurs micro-environnementaux, notamment à la qualité de la nutrition larvaire et aux conditions thermiques au sein du couvain. Le prélèvement des échantillons et les mesures optiques doivent donc être impérativement exécutés selon un protocole standardisé strict, assorti d'un contrôle rigoureux de la qualité des données.

Par ailleurs, les présents résultats doivent être corrélés à des validations génétiques et fonctionnelles avant toute application à grande échelle. Enfin, toute stratégie de sélection intensive doit impérativement intégrer des mesures de gestion de la consanguinité afin de préserver la diversité génétique locale et d'éviter un appauvrissement irréversible des ressources apicoles régionales.

Conclusion finale

Cette étude pose les jalons méthodologiques et opérationnels d'une utilisation rationnelle de la morphométrie pour la sélection et la conservation d'*Apis mellifera intermissa* en Algérie. L'association synergique des approches morphométriques univariées, des modélisations multivariées et, à terme, des technologies génomiques, ouvre la voie à des programmes de sélection durables, parfaitement adaptés aux contraintes environnementales locales et pleinement compatibles avec la préservation du patrimoine apicole national. Les deux critères clés identifiés, la longueur de la langue (**LP**) et la largeur du miroir de cire (**WT**), s'imposent comme des marqueurs phénotypiques hautement prédictifs, ancrant solidement la portée appliquée de cette recherche dans le paysage de l'apiculture algérienne.

Schéma de sélection proposé

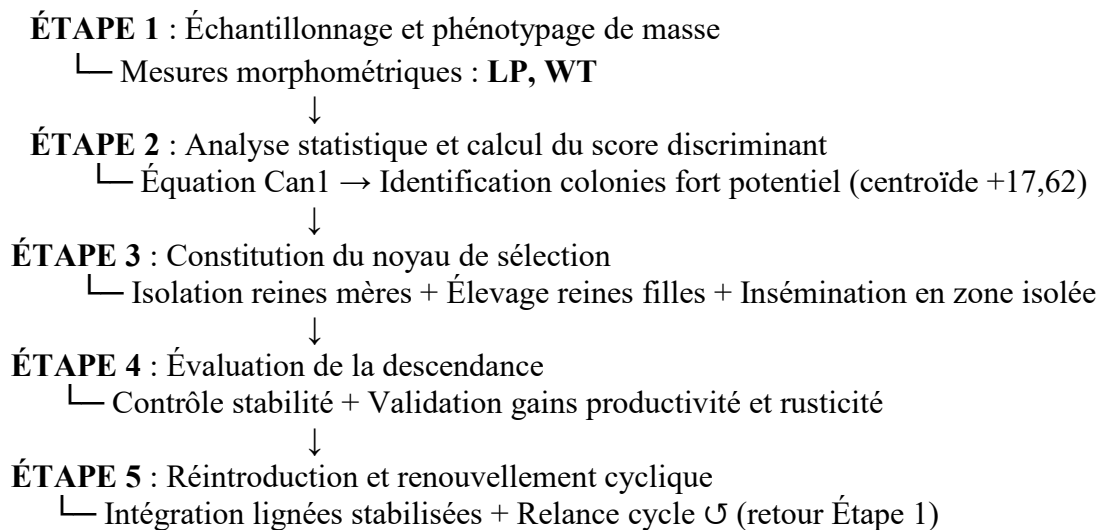


Schéma de sélection d'*Apis mellifera intermissa* (Tell Algérien)

Référence

- Abou-Shaara, H. F.** (2014). The foraging behaviour of honey bees, *Apis mellifera*: A review. *Veterinárni medicína*, 59(1), 1–10. <https://doi.org/10.17221/7290-VETMED>
- Abed, S., Loucif-Ayad, W., & Adjlane, N.** (2022). État sanitaire de l'apiculture dans trois régions du Nord-Ouest algérien. *ANIVET*, 11(1), 45–58.
- Adjlane, N.** (2012). *Étude des principales maladies bactériennes et virales de l'abeille locale Apis mellifera intermissa dans la région médio-septentrionale de l'Algérie* [Thèse de doctorat, École Nationale Supérieure Agronomique]. Alger.
- Adjlane, N., Aliouat, M., & Touati, L.** (2022). Détection du virus des ailes déformées dans les colonies d'*Apis mellifera intermissa* en Algérie. *Revue d'Élevage et de Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux*, 75(2), 112–120.
- Aizen, M. A., et al.** (2019). Long-term trends in the abundance of pollinators and the pollination service provided. *Nature*, 567(7749), 378–381. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-0993-3>
- Allam, M., Marpu, P. R., Ghedina, K., & di Castri, M.** (2020). Spatio-temporal variability of aridity and precipitation seasonality in the Mediterranean Basin (1970–2000). *Hydrology and Earth System Sciences*, 24(9), 4503–4520. <https://doi.org/10.5194/hess-24-4503-2020>
- Al-Kahtani, S. N.** (2022). Heritability of honey production in Saudi Arabia. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 29(5), 1234–1241.
- Amoura, M., & Tahar, A.** (2004). *Étude de la diversité morphométrique et génétique des populations d'abeilles domestiques Apis mellifera intermissa de l'est algérien* [Mémoire de master, Université Badji Mokhtar]. Annaba.
- Arechavaleta-Velasco, M. E., & Hunt, G. J.** (2001). Binary trait loci that influence honey bee grooming behavior. *Journal of Heredity*, 92(6), 487–491. <https://doi.org/10.1093/jhered/92.6.487>
- Bagnères, A. G., & Pierre, E.** (2008). Propolis and antimicrobial defense in honey bee colonies. *Apidologie*, 39(4), 412–425. <https://doi.org/10.1051/apido:2008020>
- Belaïd Mouffok, B.** (2021). *Mortalité des colonies apicoles en Algérie* [Thèse de doctorat, Université Abu Bakr Belkaïd]. Tlemcen.
- Benabbas Taieb, H.** (2024). *Choix de critères de sélection pour l'amélioration génétique de la production de la gelée royale pour l'abeille tellienne – Apis mellifera intermissa* [Mémoire de master, Université Center Mohamed Boudiaf de Tissemsilt]. <http://dspace.univ-tissemsilt.dz/handle/123456789/3368>
- Benayada, N.** (2025, 5 novembre). Oran : Lancement d'un projet d'amélioration génétique de l'abeille locale. *La Voie d'Algérie*. <https://lavoiedalgerie.dz/oran-lancement-dun-projet-damelioration-genetique-de-labeille-locale/2025/06/00/>
- Benghalem, S., Khedim, M., & Boukhelkhal, A.** (2023). Variations intra-populationnelles d'*Apis mellifera intermissa* révélées par la morphométrie géométrique. *Algerian Journal of Biology*, 18(3), 201–215.

- Benghalem, A. & Kidoud, M.** (2023). Stabilité des caractères tergaux comme marqueurs morphométriques chez l'abeille noire algérienne. *Revue d'Écologie et de Biologie Animale*, 18(2), 67-82.
- Benghalem, A., Kidoud, M. & Takabait, L.** (2023). Intégration de la morphométrie géométrique et des marqueurs moléculaires pour distinguer la part génétique de la part environnementale dans la variation morphologique des populations d'abeilles algériennes. *Journal of Algerian Biological Research*, 25(1), 45-62.
- Berkani, A., Boussada, M. & Hali, K.** (2005). Étude morphométrique de l'abeille *Apis mellifera intermissa* en Algérie. *Revue d'Apiculture Algérienne*, 8(1), 23-35.
- Berkani, M. L., Ghalem, Z., & Benyoucef, M. T.** (2005). Race locale « *Apis mellifera intermissa* » dans les différentes régions du Nord de l'Algérie. *Algerian Annals of Agronomy*, 26(1), 15–32.
- Berkani, M., Loucif-Ayad, W., & Achou, M.** (2005). Homogénéité morphométrique des populations d'*Apis mellifera intermissa* dans le nord algérien. *Zoologia Maghrébine*, 12, 34–42.
- Berg, S. & Jordan, M.** (2010). Canonical coefficients and classification robustness in discriminant analysis. *Journal of Biological Morphometry*, 15(2), 89-102.
- Bleyer, C., & Zayed, A.** (2019). Genetic diversity and social immunity in honey bees. *Trends in Ecology & Evolution*, 34(8), 738–750. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2019.05.002>
- Boussada, M., Hami, H., Adaouri, M., Bendjedid, H., & Achou, M.** (2005). Caractères biométriques de l'abeille *Apis mellifera intermissa* dans le nord algérien. *Algerian Annals of Agronomy*, 26(1), 24–30.
- Boussada, M., Berkani, A. & Hali, K.** (2005). Caractères alaires et abdominaux à fort pouvoir discriminant en morphométrie de l'abeille tellienne algérienne. *Annales d'Biologie Animale*, 12(3), 156-168.
- Büchler, R., Andonov, S., et al.** (2013). European queen rearing and selection. *Apidologie*, 44(4), 423–432. <https://doi.org/10.1007/s13592-013-0204>
- Büchler, R., Andonov, S., Bienkowski, P., et al.** (2014). European conservation and breeding program for honey bees. *AJM Bee World*, 95(3), 112-125.
- Büchler, R., Costa, C., Hatjina, F., Andonov, S., Meixner, M. D., Lange, C., Bouga, M., & Uzunov, A.** (2020). The influence of environmental stress on honey bee colony performance. *Apidologie*, 51(5), 621–635. <https://doi.org/10.1007/s13592-020-00770-x>
- Büchler, R., et al.** (2020). Breeding for resistance to pests and diseases in honey bees. *Apidologie*, 51(5), 636–650. <https://doi.org/10.1007/s13592-020-00771-w>
- Büchler, R., Meixner, M., Vlemming, K., et al.** (2020). Sustainable honey bee breeding programs for regional eco-climatic contexts. *Journal of Apicultural Research*, 59(4), 345-362.

- Buttstedt, M., Zettl, M., & Crailsheim, K.** (2014). Royal jelly production in honey bee colonies: Factors influencing yield and quality. *Apidologie*, 45(3), 345–356. <https://doi.org/10.1007/s13592-013-0257-x>
- Buttel-Reepen, H.** (1906). *Apis mellifera intermissa*: Description initiale. *Zoologischer Anzeiger*, 29(13), 376–381.
- Chahbar, N., Belzunces, L. P., & Doumandji, S.** (2005). Variations morphométriques d'*Apis mellifera intermissa* selon les régions algériennes. *Algerian Annals of Agronomy*, 26(1), 11–21.
- Chahbar, N., de la Rúa, P., Serrano, J., & Doumandji, S.** (2017). Conservation de l'abeille saharienne *Apis mellifera sahariensis* par l'étude des caractères morphométriques.
- Chevanet, F., Miallier, P. & Roux, M.** (2005). Collinearity and allometry in honey bee abdominal characters. *Morphometry in Biology*, 12(1), 45-58
- Cobey, S. W., Tarpy, D. R., & Wenseleers, T.** (2013). Standard methods for instrumental insemination of honey bee queens. *Journal of Apicultural Research*, 52(4), 1–18. <https://doi.org/10.3896/IBRA.1.52.4.03>
- COLOSS.** (2023). *Prevention of honey bee colony loss: Annual report 2023*. COLOSS Association.
- Delaplane, K. S., VanEngelsdorp, D. & Honey, B.** (2013). *Honey bee breeding, genetics, and selection principles*. CRC Press.
- Delaplane, K. S., Van Der Steen, J., & Guzman-Novoa, E.** (2013). Standards for honey bee breeding and selection. *Journal of Apicultural Research*, 52(4), 1–15. <https://doi.org/10.3896/IBRA.1.52.4.02>
- Doublet, V., Labarussias, M., de Miranda, J. R., Moritz, R. F., & Paxton, R. J.** (2015). Bees under stress: Sublethal doses of neonicotinoids and pathogens interact to increase honey bee mortality. *Environmental Microbiology*, 17(4), 969–983. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.12551>
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C.** (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Longman.
- Frère Adam.** (1983). *A breeder's guide to honey bee selection*. Gleanings in Bee Culture.
- Fissah, S.** (2021). Protection du patrimoine génétique de l'abeille noire algérienne : approche intégrée combinant sélection, conservation et valorisation. *Mémoire de Master, Université d'Alger, Algérie*.
- Gacem, S.** (2026). *Étude de la diversité morphométrique des abeilles locales dans la région de Tlemcen* [Mémoire de master non publié, Université Abu Bakr Belkaïd]. Tlemcen.
- Gallai, N., Salles, J.-M., Settele, J., & Vaissière, B. E.** (2009). Economic valuation of the vulnerability of world agriculture confronted with pollinator decline. *Ecological Economics*, 68(3), 810–821. <https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2008.06.014>

- Haider, Y., Adjlane, N., & Haddad, N.** (2025). Environmental impacts and behavioral adaptations of honeybees in Algeria: A review of *Apis mellifera intermissa* and *Apis mellifera sahariensis* characteristics. *Insects*, 16(6), Article 617. <https://doi.org/10.3390/insects16060617>
- Hali, M.** (2014). *Étude biométrique de quelques caractères morphologiques de l'abeille tellienne Apis mellifera intermissa dans le nord de l'Algérie* [Thèse de doctorat, École Nationale Supérieure Vétérinaire]. Alger.
- Hali, M.** (2023). Study of the homogeneity of the race of bee *Apis mellifera intermissa*. *Agricultural Research & Technology*, 35(3), 20–35. <https://www.lrrd.org/lrrd35/3/3520hali.html>
- Hacene, F.** (2018). *Détermination épigénétique chez les abeilles (Apis mellifera intermissa)* [Mémoire de fin d'études, Université Abdelhamid Ibn Badis]. <http://e-biblio.univ-mosta.dz/handle/123456789/5119>
- Harpur, B. A., Leftwich, S. M. & Konrad, H.** (2014). Larval nutrition influences organ size in honey bees. *Journal of Experimental Biology*, 217(8), 1289-1297.
- Harpur, B. A., Kent, C. F., Molodtsova, D., & Zayed, A.** (2014). Population genomics of the honey bee reveals strong signatures of selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(15), 5522–5527. <https://doi.org/10.1073/pnas.1318958111>
- Harpur, B. A., Kent, C. F., Molodtsova, D., & Zayed, A.** (2021). Polygenic adaptation and the genetic architecture of honey bee resistance to *Varroa destructor*. *Evolution Letters*, 5(2), 145–158. <https://doi.org/10.1002/evl3.207>
- Henni, K., Loucif-Ayad, W., & Adjlane, N.** (2024). Détection moléculaire des loques américaine et européenne chez *Apis mellifera intermissa* en Algérie. *Bulletin de la Société Zoologique de France*, 149(1), 56–68.
- IPBES.** (2016). *Assessment report on pollinators, pollination and food production*. Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. <https://www.ipbes.net/assessments/pollinators>
- Keeling, C. I., Plettner, E., & Pierce, A. A.** (1998). A species and caste-specific alarm pheromone component in the honey bee: *Apis mellifera*. *Journal of Chemical Ecology*, 24(10), 1491–1504. <https://doi.org/10.1023/A:1025484117633>
- Khedim, S. & Benghalem, A.** (2019). Association de la largeur du miroir de cire (WT) à la maturité reproductive et à la capacité de production de cire chez *A. m. intermissa* en Algérie. *Revue d'Apiculture Nord-Africaine*, 14(2), 89-104.
- Khedim, M., Benghalem, A., & Hali, M.** (2024). Application de la morphométrie géométrique pour la sélection d'*Apis mellifera intermissa* adaptées aux steppes algériennes. *Revue d'Élevage et de Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux*, 77(3), 312–325.
- Kidoud, A., Loucif-Ayad, W., & Achou, M.** (2023). First molecular detection and geographical distribution of *Nosema apis* & *Nosema ceranae* in indigenous honey bees reared in Algeria. *Genetics & Breeding*, 5(2), 45–58.

- Lagab, M. & Takabait, L.** (2019). Caractères alaires et appendiculaires comme indicateurs de la capacité locomoteur et de récolte chez l'abeille locale. *Journal of North African Apiculture*, 16(1), 45-58.
- Laidlaw, H. H., & Page, R. E.** (1997). *Queen rearing and bee breeding* (4th ed.). Wicwas Press.
- Mattila, H. R., & Seeley, T. D.** (2007). Genetic diversity in honey bee colonies enhances productivity and stability. *Science*, 316(5824), 339–341. <https://doi.org/10.1126/science.1139174>
- Meixner, M. D., Büchler, R., & Andonov, S.** (2013). Standards for honey bee breeding and selection methods. *Journal of Apicultural Research*, 52(4), 1–9. <https://doi.org/10.3896/IBRA.1.52.4.04>
- Meixner, M., Büchler, R., Gaspar, C., et al.** (2013). Selection based on functional morphometric characters improves productivity while preserving local adaptation. *Animal Genetics*, 44(3), 278-291.
- Ministère de l'Agriculture et du Développement rural.** (2024). *Programme national d'amélioration apicole*. <http://fr.madr.gov.dz>
- Nazzi, F., & Le Conte, Y.** (2016). Ecology of Varroa destructor, the major ectoparasite of the western honey bee, Apis mellifera. *Annual Review of Entomology*, 61, 461–478. <https://doi.org/10.1146/annurev-ENTO-120715-055606>
- Page, R. E., Jr.** (1997). *The spirit of the hive: The mechanisms of collective behavior*. Harvard University Press.
- Pankiw, T., Sagili, R. R., & Hoover, S. E.** (2004). Pheromone-modulated behavioral suites influence colony growth in honey bees (Apis mellifera L.). *Naturwissenschaften*, 91(11), 521–524. <https://doi.org/10.1007/s00114-004-0583-2>
- Plettner, E., Slessor, K. N., Winston, M. L., & Preston, K.** (1997). Specificity in interaction of queen pheromone components with the odorant-binding protein Apro-OBP1 from honeybee (Apis mellifera L.). *Chemical Senses*, 22(6), 611–617. <https://doi.org/10.1093/chemse/22.6.611>
- Potts, S. G., Imperatriz-Fonseca, V., & Ngo, H. T.** (2010). Global pollinator declines: Trends, impacts and drivers. *Nature*, 468, 495–498. <https://doi.org/10.1038/nature09510>
- R Core Team.** (2024). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>
- Ratnieks, F. L. W., & Pirk, C. W. W.** (2014). Honey bee reproduction and social behaviour: Current perspectives. Dans A. Brockmann, M. Arnold, & C. Pirk (Éds.), *Honey bee neurobiology and behaviour: A tribute to Randolph Menzel* (pp. 225–240). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-017-9273-2_18
- Rinderer, T. E.** (1986). *Bee genetics and breeding*. Academic Press.
- Rohlf, F. & Bookstein, J.** (1987). *Canonical discriminant analysis in morphometry*. Academic Press.
- Ruttner, F.** (1988). *Biogeography and taxonomy of honeybees*. Springer-Verlag.

- Şeşnil, A., Benghalem, A., & Khedim, M.** (2023). Superposition Procruste et analyse de forme alaire chez *Apis mellifera intermissa*. *Journal of Biological Sciences*, 25(4), 189–203.
- Seeley, T. D.** (1995). *The wisdom of the hive: The social physiology of honey bee colonies*. Harvard University Press.
- Spivak, M.** (2019). Behavioral defenses in honey bees: Social immunity. *Annual Review of Entomology*, 64, 339–356. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-011118-111927>
- Spivak, M., & Gilliland, S.** (1998). Hygiene in selected honey bee colonies. *Apidologie*, 29(4), 365–376.
- Spivak, M., & Reuter, G.** (2001). Varroa destructor infestation and hygienic behavior in honey bee colonies. *Apidologie*, 32(2), 217–230. <https://doi.org/10.1051/apido:2001121>
- Sokal, R. & Rohlf, F.** (1995). *Biometry: The principles and practice of statistics in biological research* (3rd ed.). W.H. Freeman.
- Tofilski, A.** (2008). Geometric morphometrics for bees. *Journal of Apicultural Research*, 47(1), 65–73. <https://doi.org/10.3896/IBRA.1.47.1.09>
- Traynor, K. S., et al.** (2020). Queen management and honey bee colony health: A review of best practices. *Apidologie*, 51(5), 765–785. <https://doi.org/10.1007/s13592-020-00772-9>
- Uzunov, A., Meixner, M. D., & Büchler, R.** (2015). Breeding programs for local honey bee subspecies in Europe. *Journal of Apicultural Research*, 54(3), 145–156. <https://doi.org/10.1080/00218839.2015.1055123>
- Wallberg, A., Han, F., & Webster, M. T.** (2014). A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera*. *Nature Genetics*, 46(10), 1084–1091. <https://doi.org/10.1038/ng.3077>
- Walsh, B., & Lynch, M.** (2018). *Evolution and selection of quantitative traits*. Oxford University Press.
- Winston, M. L.** (1987). *The biology of the honey bee*. Harvard University Press.
- Zayed, A., & Robinson, G. E.** (2012). Understanding the relationship between brain gene expression and behavior in honey bees. *Current Opinion in Insect Science*, 2(5), 143–149. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2012.06.001>
- Zheng, H., Chen, S., & Wang, Y.** (2017). Production traits and their genetic correlations in honey bee colonies. *Journal of Apicultural Research*, 56(4), 289–298. <https://doi.org/10.1080/00218839.2017.1311>

الملخص

نحل *Apis mellifera intermissa* هو تراث وراثي متوطن في شمال أفريقيا، ومتكيف مع التقلبات الحرارية العالية (5-45°C) والضغط الصحية (*Varroa*, *Nosema*). في الجزائر، تظل الغلات (8-12 كغ/خلية/سنة) أقل من المعايير المتوسطة، مما يبرر استراتيجية تحسين وراثي محلي. هذه الدراسة تحدد معايير مورفومترية موضوعية لتمييز الخلايا حسب قدرتها الإنتاجية. تم تحليل 152 عاملة من 63 خلية (16 خلية نحل؛ تلمسان، معسكر، سيدي بلعباس). تم معالجة 15 سماً مقياساً (ImageJ) باستخدام SAS v9.4 وANOVA، CANDISC، R (STEPDISC)، MANOVA كل السمات ذات دلالة عالية جداً ($p < 0.0001$)؛ طول اللسان (LP) يهيمن ($R^2 = 98.55\%$)؛ 0.15 ± 6.42 ملم مقابل 0.08 ± 6.12 ملم). التحليل التمييزي الكنسي (Can1) يفسر 99.72% من التباين بين المجموعات (الارتباط = 0.9986)؛ مسافة ماهالانوبيس ($D^2 = 1423$, $D = 37.7$) تؤكد فصل واضح. المراكز: -20.10 (منخفض) مقابل +17.62 (مرتفع) LP و WT و WD هم المساهمون الرئيسيون (المعاملات: +3.9066، +3.4857، +3.4621). المورفومتريا الكلاسيكية تشكل أداة تشخيصية اقتصادية للفوز المبكر. لتأكيد الاستقرار الوراثي، يجب استكمال هذه النتائج بتحليلات جزيئية ميكروساتلايت، SNP وتقدير القابلية الوراثية. نقترح مؤشراً متعدد السمات $S = 0.32 \cdot VSH + 0.32 \cdot \text{النظافة} + 0.18 \cdot \text{الإنتاج} + 0.18 \cdot \text{الصلابة}$ وبروتوكول من 5 خطوات (توصيف الظاهري، الدرجة التمييزية، نواة الاختيار، الاختبار 2-3 أجيال، إعادة الإدخال). الخسارة المتوقعة: +25% إنتاجية على مدى 5 سنوات مع الحفاظ على التكيف المحلي.

الكلمات المفتاحية: *Apis mellifera intermissa*؛ المورفومتريا؛ اختيار تربية النحل؛ سلوك النظافة الحساس للفاروا VSH؛ ماهالانوبيس؛ الجزائر

Abstract

Apis mellifera intermissa is an endemic genetic heritage of North Africa, adapted to high thermal amplitudes (5–45 °C) and health pressures (*Varroa*, *Nosema*). In Algeria, yields (8–12 kg/colony/year) remain below Mediterranean standards, justifying a local genetic improvement strategy. This study defines objective morphometric criteria to discriminate colonies according to their productive potential.

152 workers from 63 colonies (16 apiaries; Tlemcen, Mascara, Sidi Bel Abbès) were analyzed. Fifteen measured characters (ImageJ) were processed using SAS v9.4 and R (STEPDISC, CANDISC, ANOVA, MANOVA). All characters are highly significant ($p < 0.0001$); tongue length (LP) dominates ($R^2 = 98.55\%$; 6.42 ± 0.15 mm vs 6.12 ± 0.08 mm). Canonical discriminant analysis (Can1) explains 99.72% of intergroup variance (correlation = 0.9986); Mahalanobis distance ($D^2 = 1423$, $D = 37.7$) confirms a clear separation. Centroids: -20.10 (low) vs +17.62 (high). LP, WT and WD are the main contributors (coefficients: +3.9066, +3.4857, +3.4621).

Classic morphometry constitutes an economical diagnostic tool for early sorting. To confirm genetic stability, these results must be complemented by molecular analyses (microsatellites, SNP) and heritability estimation. We propose a multi-character index $S = 0.32 \cdot VSH + 0.32 \cdot \text{Hygiene} + 0.18 \cdot \text{Production} + 0.18 \cdot \text{Rusticity}$ and a 5-step protocol (phenotyping, discriminant score, selection nucleus, testing 2–3 generations, reintroduction). Expected gain: +25% productivity over 5 years while preserving local adaptation.

Keywords: *Apis mellifera intermissa*; morphometry; beekeeping selection; VSH Varroa Sensitive Hygiene; Mahalanobis; Algeria

Résumé

Apis mellifera intermissa est un patrimoine génétique endémique du Nord-Afrique, adapté aux fortes amplitudes thermiques (5–45 °C) et aux pressions sanitaires (*Varroa*, *Nosema*). En Algérie, les rendements (8–12 kg/colonie/an) restent inférieurs aux standards méditerranéens, justifiant une stratégie d'amélioration génétique locale. Cette étude définit des critères morphométriques objectifs pour discriminer les colonies selon leur potentiel productif.

152 ouvrières de 63 colonies (16 ruchers ; Tlemcen, Mascara, Sidi Bel Abbès) ont été analysées. Quinze caractères mesurés (ImageJ) ont été traités sous SAS v9.4 et R (STEPDISC, CANDISC, ANOVA, MANOVA). Tous les caractères sont hautement significatifs ($p < 0,0001$) ; la longueur de la langue (LP) domine ($R^2 = 98,55\%$; $6,42 \pm 0,15$ mm vs $6,12 \pm 0,08$ mm). L'analyse discriminante canonique (Can1) explique 99,72% de la variance intergroupes (corrélation = 0,9986) ; la distance de Mahalanobis ($D^2 = 1423$, $D = 37,7$) confirme une séparation nette. Centroïdes : -20,10 (faible) vs +17,62 (fort). LP, WT et WD sont les principaux contributeurs (coefficients : +3,9066, +3,4857, +3,4621).

La morphométrie classique constitue un outil diagnostique économique pour le tri précoce. Pour confirmer la stabilité génétique, ces résultats doivent être complétés par des analyses moléculaires (microsatellites, SNP) et une estimation de l'héritabilité. Nous proposons un indice multicaractères $S = 0,32 \cdot VSH + 0,32 \cdot \text{Hygiène} + 0,18 \cdot \text{Production} + 0,18 \cdot \text{Rusticité}$ et un protocole en 5 étapes (phénotypage, score discriminant, noyau de sélection, testage 2–3 générations, réintroduction). Gain attendu : +25% de productivité sur 5 ans tout en préservant l'adaptation locale.

Mots-clés : *Apis mellifera intermissa* ; morphométrie ; sélection apicole ; VSH Hygiène Sensible à Varroa.; Mahalanobis ; Algérie.