Zeitschrift: Revue suisse d'apiculture
Herausgeber: Société romande d'apiculture
Band: 142 (2021)
Heft: 3

Artikel: Concepts de sélection appliqués à l'abeille
Autor: Guichard, Matthieu / Phocas, Florence / Neuditschko, Markus
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1068313

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 09.12.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Agroscope Transfer | N° 333 / 2020

Note de la rédaction

Comme annoncé dans le précédent numéro nous reproduisons ici en intégralité, mais en plusieurs étapes, la publication du Centre de recherche apicole intitulée « Concepts de sélection appliqués à l'abeille ».

Centre de recherche apicole

Concepts de sélection appliqués à l'abeille

Auteurs: Matthieu Guichard, Florence Phocas, Markus Neuditschko, Benjamin Basso, Benjamin Dainat, Octobre 2020

Nucléi de fécondation contenant des reines initialement vierges placées en station de fécondation en vue d'obtenir une fécondation dirigée avec des mâles sélectionnés (Photo: Matthieu Guichard, Agroscope).

En agriculture, la sélection est une façon intéressante d'améliorer sur le long terme les performances des plantes cultivées et des animaux d'élevage. Cela s'applique également à l'abeille domestique. Cependant, des échanges répétés au sein de la filière apicole ont montré que les concepts utiles en sélection sont en général peu connus par les apiculteurs. Afin de répondre à leurs interrogations concernant les procédures susceptibles de favoriser l'obtention d'un progrès génétique, des rappels

de génétique et leur application dans le cadre de la sélection sont proposés ci-après. Une illustration de ces concepts est apportée par le biais des résultats d'une analyse de données conduite auprès de deux populations suisses d'abeille domestique. De plus, des pistes sont présentées afin de mieux comprendre les différents leviers du progrès génétique et les façons de l'optimiser au sein du cheptel apicole. Enfin, l'intérêt d'utiliser des ressources génétiques locales et de tirer profit de la diversité génétique pour renforcer l'expression de certains caractères est également abordé. Si certains caractères semblent avoir un bon potentiel d'amélioration dans une population donnée, la réussite de la sélection est particulièrement favorisée par une bonne coordination des apiculteurs et un accompagnement scientifique.

Introduction

L'influence de la génétique et de la sélection sur les performances apicoles est difficile à estimer de manière empirique par les apiculteurs. Cette difficulté, rencontrée par les éleveurs de toutes les espèces domestiquées, est encore plus forte pour l'abeille, dont la biologie et la reproduction sont complexes. De ce fait, les apiculteurs se retrouvent souvent partagés entre les enthousiastes et les sceptiques; les premiers comptent avant tout sur la sélection pour l'amélioration des performances, tandis que les seconds préfèrent utiliser d'autres leviers d'action pour tendre vers leur objectif apicole. Afin d'aider les apiculteurs à faire la part des choses entre ce qui peut raisonnablement être apporté par la sélection et ce qui est à améliorer par d'autres approches zootechniques (gestion des colonies, traitements, etc.), une synthèse des concepts utiles en génétique de l'abeille et de leur utilisation en sélection est présentée. Elle est illustrée par l'exemple de deux populations suisses.

Partie 1: Concepts de génétique

1.1 Les caractères à déterminisme simple

Les caractères à déterminisme génétique simple correspondent à des caractères dont l'expression est déterminée par un seul ou un très petit nombre de gènes. L'exemple historique correspond à la transmission à la descendance des gènes de couleur chez le pois, qui a été étudiée par Gregor Mendel au 19e siècle. En son honneur, ces caractères à déterminisme génétique simple sont également appelés caractères mendéliens.

En croisant des lignées parentales de pois (fig. 1) aux caractéristiques différentes (graines vertes x graines jaunes), un hybride F1 est obtenu (100 % jaune). En réalisant des fécondations entre les individus de la génération F1, on obtient une génération F2 dont les proportions sont ¾ jaunes et ¼ verts. Ainsi, en F1, l'aspect « vert » a été transmis à la génération F2 mais était masqué par « jaune » : « jaune » est l'aspect dominant, vert est l'aspect récessif du facteur couleur.

Plus tard, le développement de la théorie génétique a permis d'établir le support de cette transmission. Le facteur « couleur » a été attribué à un gène, à savoir un fragment codant pour une protéine et situé sur un chromosome du pois. Ce chromosome est constitué d'ADN, une molécule qui est le support de l'information génétique. Le gène codant pour la couleur existe en plusieurs « versions » : il s'agit des allèles de ce gène. Le phénotype, c'est-à-dire l'aspect

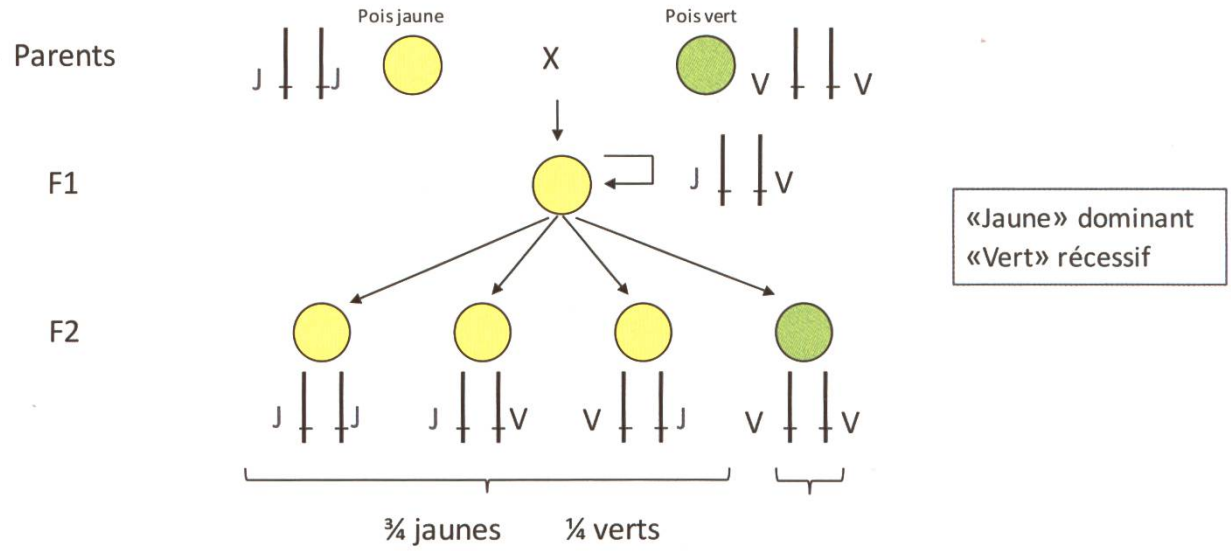


Figure 1 : Croisement de deux lignées parentales de pois (jaunes et verts) produisant une génération F1 (100 % jaune). Le croisement F1 x F1 donne la génération F2 avec ¾ de pois jaunes et ¼ de pois verts. L'hybride est porteur à la fois de l'allèle « jaune » (J) et de l'allèle « vert » (V) pour le gène « couleur ». Les pois de F1 ont le phénotype « jaune » : l'allèle J s'exprime même si l'allèle V est également présent : J est dit « dominant », V est dit « récessif ». En génération F2, la redistribution qui s'opère à partir des allèles (J et V) présents en F1 permet la réapparition de pois verts (VV) semblables à la lignée parentale verte.

observé pour le caractère chez l'individu, est directement déterminé par les allèles portés par l'individu. Dans une espèce diploïde comme le pois, une paire de chaque chromosome est présente (un chromosome d'origine maternelle, l'autre d'origine paternelle), ce qui fait qu'un individu peut posséder deux copies du même allèle ou bien deux allèles différents pour un même gène. Lorsque l'individu possède deux allèles récessifs ou deux allèles dominants, le caractère exprime le phénotype correspondant à l'allèle porté. Lorsqu'un allèle dominant et un allèle récessif sont présents, l'allèle dominant s'exprime : c'est ce qui se produit en génération F1 : le pois a un phénotype jaune mais possède à la fois l'allèle jaune et l'allèle vert, qu'il peut transmettre à sa descendance.

Ce type d'approche fonctionne également pour plusieurs caractères (fig. 2). Par exemple, en étudiant la texture des graines (lisse ou ridée) en plus de leur couleur (jaune ou verte), on retombe sur des résultats similaires. L'hybride est 100 % jaune et lisse (allèles dominants), tandis que les allèles récessifs (vert et ridé) s'expriment dans une minorité des individus de la génération F2.

Les caractères à déterminisme génétique simple sont faciles à modéliser, et on peut connaître le nombre de gènes et d'allèles impliqués dans leur expression sans avoir recours à des analyses génomiques. Un gène (ou un faible nombre de gènes) code pour un caractère. Ce gène possède plusieurs allèles. Il existe un nombre fini de phénotypes pour ce caractère dans une population, dépendant des allèles présents dans cette population et des éventuelles relations de dominance entre les allèles. Dans certains cas (codominance, dominance incomplète), des phénotypes intermédiaires entre les phénotypes des lignées parentales peuvent également apparaître.

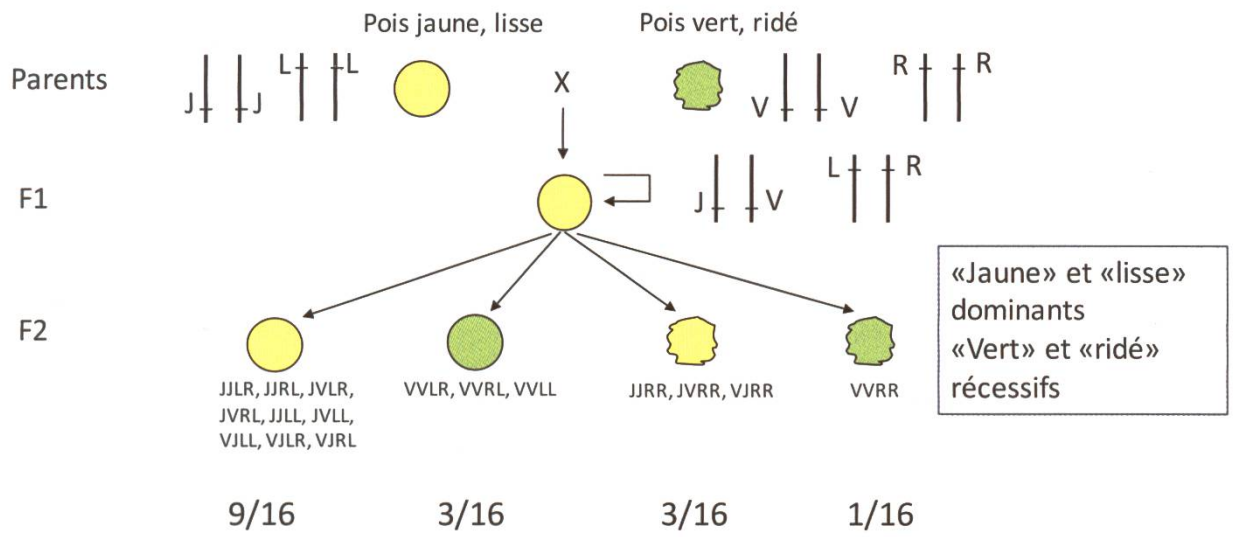


Figure 2: Croisement de deux lignées parentales de pois (jaunes et lisses x verts et ridés) produisant une génération F1 (100 % jaune et lisse). Le croisement F1 x F1 donne la génération F2 avec une majorité de pois jaunes et lisses (phénotypes respectivement codés par les allèles dominants J et L) et une minorité de pois verts et ridés (phénotypes respectivement codés par les allèles dominants V et R).

Par ailleurs, les caractères à déterminisme simple sont, en général, peu voire pas influencés par l'environnement: un nombre fini de phénotypes est alors observable, dépendant directement des allèles présents dans la population. De ce fait, la diversité phénotypique pour un tel caractère reste en général limitée, et est directement liée à la diversité allélique.

De tels caractères sont rares en pratique: il s'agit par exemple de certaines maladies génétiques, de couleurs de pelage, etc. Le cas le plus connu chez l'abeille correspond au déterminisme sexuel, qui est codé par le gène csd (complementary sex determiner) (Beye et al. 2003). Une future ouvrière se développe à partir d'un œuf fécondé (diploïde) lorsqu'elle possède deux allèles différents pour ce gène (hétérozygotie). Lorsque l'œuf n'est pas fécondé, un seul allèle, transmis par la reine, est présent pour le gène (haploïdie), et l'individu issu de la larve sera un mâle viable. Lorsque deux copies du même allèle sont présentes dans l'œuf fécondé (homozygotie), la larve ne se développera pas en femelle mais en mâle diploïde, qui sera détruit par les ouvrières. Ainsi, une grande diversité d'allèles pour ce gène sera nécessaire afin d'obtenir des colonies avec une grande proportion d'ouvrières: cette petite portion du génome est extrêmement variable et plusieurs dizaines d'allèles ont été décrits pour ce gène (Wang et al. 2012).

D'autres exemples de caractères mendéliens concernent des mutations, qui sont en général rares: il s'agit notamment de la couleur des yeux (ex: abeilles aux yeux blancs), de certaines colorations du corps (ex: mutation cordovan, abeilles au corps très clair), de certaines malformations des ailes, ainsi que d'absences de pilosité (Rothenbühler et al. 1968).

1.2 Les caractères quantitatifs

Dans leur immense majorité, les caractères d'intérêt apicole sont des caractères quantitatifs à déterminisme génétique complexe. Ces caractères ont une expression à variation continue et un très grand nombre de valeurs différentes sont observées dans la population (au point que chaque variante ne correspond qu'à un faible nombre d'individus).

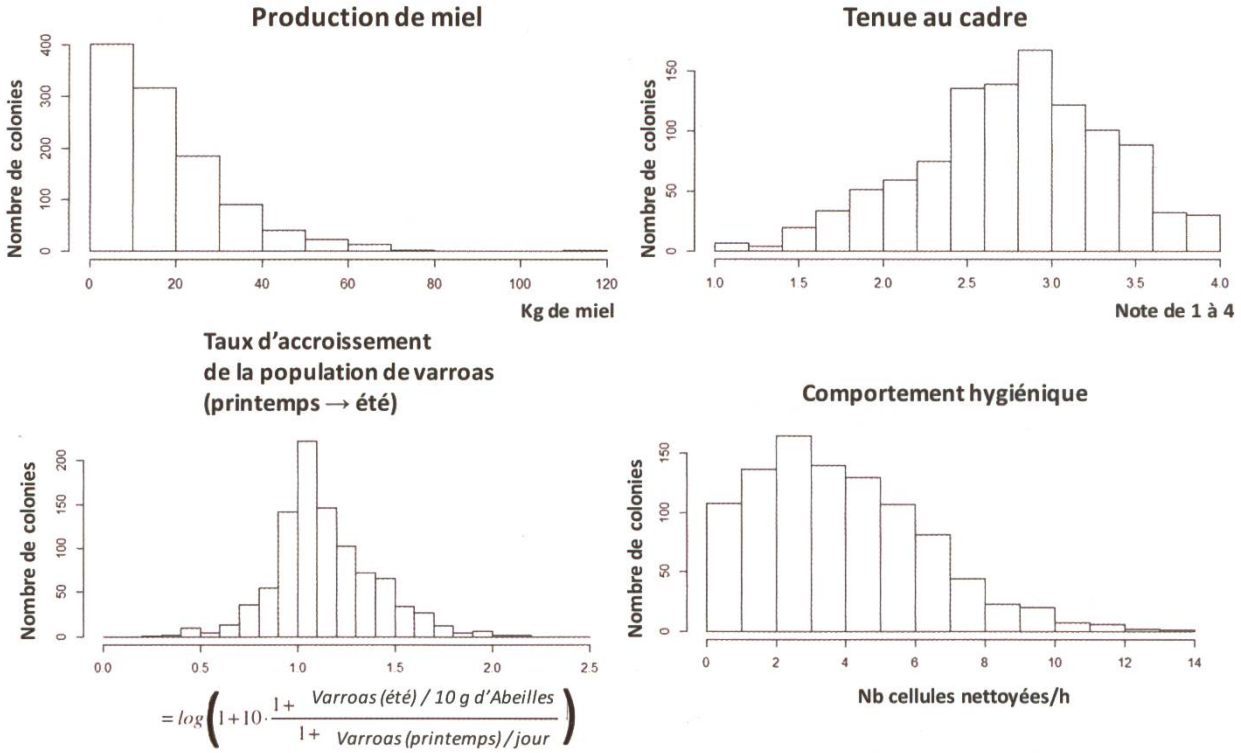
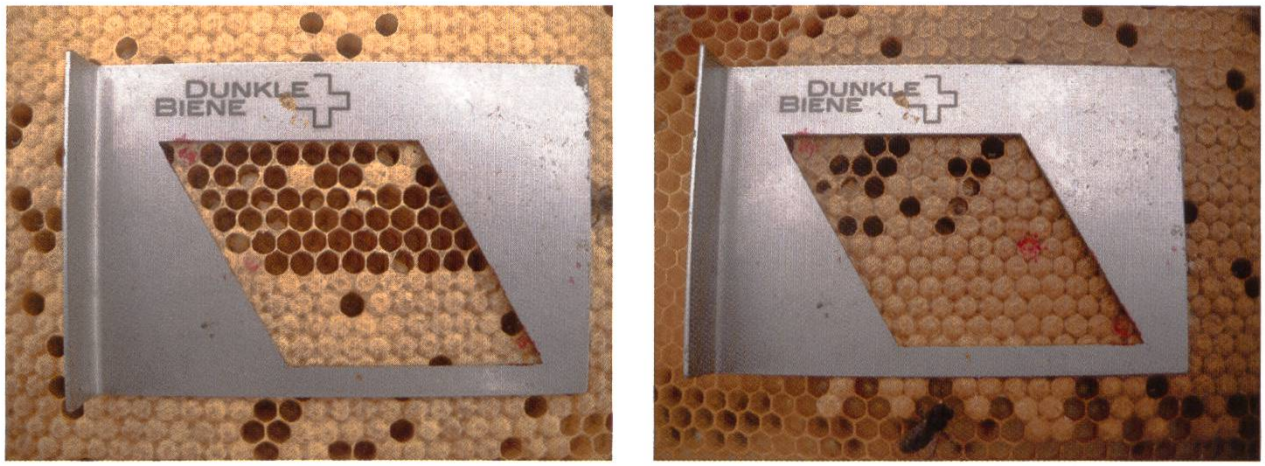


Figure 3: Distribution de caractères quantitatifs mesurés sur une population d'abeilles domestiques: en ordonnées, nombre de colonies correspondant à un certain niveau du caractère, indiqué en abscisses. On remarque que ces caractères adoptent une distribution continue, souvent en forme de «cloche»: peu de valeurs extrêmes, une majorité des données regroupées autour de la médiane).

Dans ce cas, on s'intéresse plutôt aux variations de ces caractères dans une population: la question qui se pose est alors de savoir quelle est la moyenne et la variabilité de ce caractère dans la population plutôt que de savoir s'il est simplement absent ou présent (fig. 3).

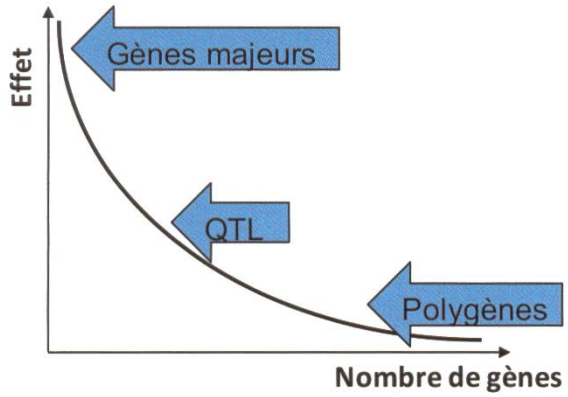
Cela s'applique par exemple pour la production de miel, la moyenne des notes de tenue au cadre attribuées de manière répétée pendant la saison, les niveaux d'infestation varroa ou le comportement hygiénique. À partir de données de testage, il est possible de représenter les distri-



Exemple de caractère quantitatif mesuré chez l'abeille domestique dans le cadre d'un programme de sélection: le comportement hygiénique. La colonie à gauche a évacué davantage de couvain tué expérimentalement que la colonie à droite. Pour les deux colonies les photos des résultats ont été prises 12h après réalisation du test dit de l'aiguille (perçage de 50 nymphes avec une aiguille entomologique) (Photos: Matthieu Guichard, Agroscope).

butions des valeurs des colonies pour ces caractères dans une population donnée, c'est-à-dire le nombre de colonies présentant une valeur donnée du caractère. Souvent, ces distributions s'approchent d'une distribution normale, dite « en cloche », avec un petit nombre d'individus extrêmes et beaucoup d'individus dont les valeurs sont proches de la moyenne de la population.

Les caractères quantitatifs sont à déterminisme polygénique (fig. 4) : contrairement aux caractères à déterminisme simple, de très nombreux gènes (souvent de plusieurs centaines à plusieurs milliers) interviennent et peuvent avoir des effets variables sur les performances. Ces gènes sont dans leur très grande majorité à effets très faibles (polygènes), quelques dizaines de gènes peuvent avoir un effet faible à moyen quantifiable (QTL, quantitative trait locus) tandis qu'aucun ou quelques gènes ont un effet majeur sur le caractère. Les mécanismes expliquant les effets des gènes à effets faibles ou moyens ne sont généralement pas connus, de même que leurs éventuels effets de dominance entre allèles ou d'interaction entre gènes (épistasie).



En général,
- plusieurs centaines de gènes à effets très faibles,
- quelques dizaines de gènes à effets faibles à moyens (QTL)
- très peu de gènes (0–5) à effets majeurs

Figure 4 : Contribution de différents gènes d'effets variables au phénotype observé. Un caractère quantitatif est le plus souvent conditionné par une minorité de gènes ayant un effet important, et par une majorité de gènes ayant un effet faible à très faible. Figure d'après Florence Phocas (adaptée avec son aimable autorisation).

L'exemple de la production de miel d'une colonie permet de comprendre la diversité de gènes qui contribuent à un caractère à déterminisme complexe. Une colonie ayant récolté beaucoup de miel peut posséder des capacités de détection d'une ressource mellifère supérieures, posséder de bonnes capacités de vol, être moins sensible au pillage, mieux résister aux maladies… Par ailleurs, sa reine peut également avoir de bonnes aptitudes à la ponte, ce qui se traduira par davantage de butineuses disponibles pour aller récolter le nectar. Ces différents caractères, à leur tour, sont codés par de multiples gènes. Ainsi, le caractère « production » intègre nécessairement les effets additifs et d'interaction de très nombreux gènes dont les effets individuels sont difficilement identifiables.

Production de reines fécondées au moyen de nucléi de fécondation dans le cadre d'un programme de sélection (Photo : Matthieu Guichard, Agroscope).

Les caractères quantitatifs sont également très liés aux effets de l'environnement, qui se manifestent de différentes façons. En effet, les caractères mesurés à l'échelle de la colonie peuvent être affectés par la météo (précipitations, températures…), mais aussi par l'emplacement du rucher (orientation), les ressources mellifères et polliniques (présence de fleurs et production de nectar, pucerons…), l'environnement chimique (produits phytosanitaires utilisés en agriculture, qualité des cires gaufrées, traitements anti-varroa…), les prédateurs et pathogènes présents, les propriétés de la ruche (format, matériau…) et les interventions de l'apiculteur/trice (formation, technicité). Par ailleurs, la qualité des reines peut être affectée par d'autres effets d'environnement : ces derniers dépendent de l'historique d'élevage (qualité du greffage, de l'éleveuse…) et de la qualité des fécondations (nombre et qualité des mâles…).

Ainsi, la variation des caractères quantitatifs dépend essentiellement de deux facteurs : elle est affectée par un très grand nombre de gènes ayant des effets faibles mais qui se cumulent, et par les effets de l'environnement. Les similitudes observées entre des apparentés résultent d'allèles communs partagés par ces individus. Cette approche a été théorisée dès le début du 20e siècle (Fisher 1918) par un modèle génétique dit infinitésimal et un modèle statistique associé décrivant le phénotype de la colonie en fonction de la somme des petits effets additifs des nombreux gènes expliquant la variabilité du caractère et des effets d'environnement (fig. 5). Comme dans tout modèle statistique, une valeur résiduelle traduit l'écart à la performance observée qui n'a pas pu être expliquée par les autres termes du modèle.

$$P = G_A + E + \varepsilon$$

Valeur phénotypique («Performance»)	Valeur génétique additive	Effets liés à l'environnement	Effet résiduel

Figure 5 : Modélisation de la valeur phénotypique (caractère observé chez les individus) comme résultante de la valeur génétique additive des individus (composante génétique pour laquelle la valeur génétique des descendants est en espérance égale à la moyenne de la valeur génétique des parents) et d'un effet d'environnement.

(à suivre)