

Zeitschrift: Revue suisse d'apiculture
Herausgeber: Société romande d'apiculture
Band: 142 (2021)
Heft: 4

Artikel: Concepts de sélection appliqués à l'abeille [suite]
Autor: Guichard, Matthieu / Phocas, Florence / Neuditschko, Markus
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-1068318>

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: 26.04.2026

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

Partie II: Application en sélection

2.1 La démarche de sélection

La sélection est un processus qui consiste à choisir les futurs reproducteurs au sein d'une population de candidats en vue d'améliorer la valeur génétique d'une population pour un objectif de sélection pré-défini (fig. 6). Pour cela, les futurs reproducteurs doivent avoir un niveau de performance supérieur à la moyenne de la population : un taux de sélection est appliqué à la population des candidats à la sélection, aboutissant à une différence ΔP , appelée différentielle de sélection, entre la moyenne de la population et la moyenne des candidats retenus comme reproducteurs. Le but est d'obtenir une réponse à la sélection (R), c'est-à-dire une performance moyenne des descendants supérieure à la performance moyenne de la génération des parents.

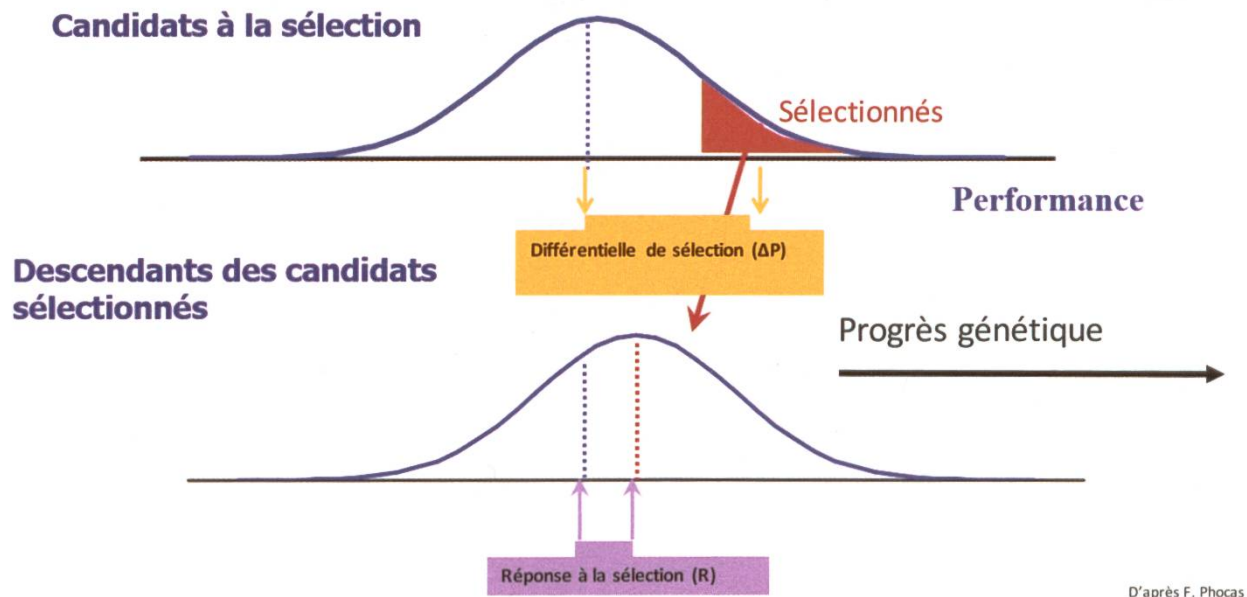


Figure 6: Représentation graphique de la démarche de sélection. La courbe bleue supérieure représente la distribution d'une population pour un caractère quantitatif : ici, la courbe ressemble à une distribution dite normale, avec une minorité d'individus ayant des performances extrêmes et beaucoup d'individus proches de la moyenne (ici égale à la médiane de la population, pointillés bleus). Les meilleurs individus de cette population (zone rouge) sont sélectionnés comme reproducteurs. La courbe inférieure représente la distribution de la population des descendants des individus sélectionnés. Le but de la sélection est d'améliorer la population de cette façon au fil des générations, afin de progresser sur un objectif de sélection donné (ex: abeilles douces, productives, résistantes aux pathogènes...). Figure adaptée d'après Phocas, 2011 avec l'aimable autorisation de Florence Phocas.

Cependant, une réponse à la sélection, et donc un progrès génétique au fil des années, peut uniquement être obtenue si la variation observée dans la population pour le caractère considéré est au moins partiellement d'origine génétique additive (le caractère est héritable au sens strict). Afin de réaliser une sélection efficace (donc obtenir une réponse élevée), il est important d'accomplir le choix des reproducteurs en s'affranchissant des effets d'environnement pour discriminer au mieux les potentiels génétiques des candidats à partir de leurs performances.

2.2 Héritabilité d'un caractère

À ce titre, l'héritabilité au sens strict (h^2) est un outil essentiel pour identifier les caractères pour lesquels une part de la variabilité phénotypique peut être attribuée à une origine génétique additive, donc les caractères pour lesquels le choix des reproducteurs parmi les meilleurs individus sera susceptible d'augmenter le niveau de performance global de la population à la génération suivante. L'héritabilité correspond à la part de la variabilité phénotypique (variabilité observée corrigée des effets d'environnement identifiés) qui est d'origine génétique additive. Elle varie entre 0 (pas d'influence de la génétique sur la variabilité phénotypique) et 1 (la variation phénotypique du caractère est uniquement d'origine génétique). Plus le caractère est héritable, plus il est susceptible de pouvoir être amélioré rapidement par la sélection. Cependant, un caractère peu ou non héritable n'est pas forcément un caractère qui n'a pas de composante génétique : il est simplement possible que ce caractère n'ait pas de variabilité génétique dans la population, ou, le plus souvent, que les mesures effectuées ne permettent pas d'identifier cette composante génétique soit parce que la précision des mesures est trop faible soit parce que la variabilité phénotypique est très forte en raison d'effets d'environnement non identifiés et induisant une forte variabilité. De ce fait, la précision des mesures revêt une importance centrale pour aboutir à de meilleures valeurs d'héritabilité : une production de miel estimée au kilogramme près permettra une meilleure identification de la variabilité du caractère qu'une production estimée à la hausse près. Par ailleurs, si des effets d'environnement majeurs ne sont pas pris en compte dans l'analyse du caractère (par exemple, un effet rucher non renseigné dans le jeu de données, ou une hétérogénéité des conditions d'environnement au sein d'un rucher non relevée par l'apiculteur), une grande partie de la capacité d'explication de la variabilité observée sera perdue. L'héritabilité peut également fluctuer au cours des générations de sélection en raison d'une diminution de la variance génétique sous l'effet de la sélection, de l'accumulation de la consanguinité et de la dérive génétique dans des populations de taille limitée.

La part de la variabilité phénotypique qui n'est pas d'origine génétique additive est due à des effets d'environnement non identifiés ainsi qu'à des effets génétiques non additifs. De ce fait, l'héritabilité varie suivant la population et les conditions de mesure : en effet, la variabilité environnementale peut être plus ou moins importante selon les régions. Par ailleurs, selon les populations, un même caractère peut avoir des causes biologiques différentes : si dans une population la production de miel est particulièrement impactée par la capacité de détection des ressources, dans une autre elle pourra plutôt dépendre de la capacité de vol. Cette notion est importante car elle implique que les résultats obtenus dans une population donnée ne sont pas automatiquement extrapolables aux autres. Par exemple, une mesure d'héritabilité de la

douceur dans une population extrêmement douce (sans variabilité observée) pourrait laisser supposer que ce caractère ne se sélectionne pas alors que dans une population avec une plus grande variabilité des comportements, la douceur pourra éventuellement être héritable et donc sélectionnable.

Pour chaque programme de sélection, le calcul des héritabilités au sein de la population considérée est donc nécessaire afin de déterminer les caractères pour lesquels un progrès génétique pourrait être le plus facilement obtenu et améliorer la fiabilité de l'évaluation génétique de ces caractères.

2.3 Évaluation génétique des individus

Afin d'identifier les potentiels reproducteurs avec le meilleur potentiel d'amélioration génétique pour la population, la valeur génétique additive des individus est prédite. Cette prédiction est couramment appelée « index » ou « EBV » (de l'anglais *estimated breeding value*) et correspond au potentiel génétique estimé par la part de performance corrigée des effets de l'environnement de testage et transmissible à la descendance. En Suisse, on parle souvent de valeur d'élevage au lieu de valeur génétique en traduisant littéralement le terme anglais *breeding value*.

Cette valeur est estimée à partir des ressemblances phénotypiques entre individus apparentés qui sont évaluées grâce aux données de performances et de pedigree des colonies (origines maternelles et paternelles des colonies) :

En effet, à performances égales, une colonie dont les apparentés proches (colonies-sœurs, parents, descendants) auront eu de très bons résultats aura potentiellement une meilleure valeur génétique qu'une colonie dont les performances des colonies apparentées seront très mauvaises. En effet, dans le premier cas, en comparaison avec ses apparentées, la performance de la colonie en question pourra avoir été limitée du fait de spécificités environnementales, alors que dans le second cas elle aura tiré profit de conditions particulièrement favorables.

La valeur génétique d'un individu peut être calculée même s'il ne possède pas de données phénotypiques propres (performances individuelles), sur la base des phénotypes observés sur ses apparentés et de la connaissance des coefficients d'apparentement (degré de liens génétiques) avec ces autres individus pour lesquels les performances ont été mesurées. De cette façon, la valeur génétique d'une génération future peut être déterminée à partir des informations disponibles sur les parents ; les index des parents contribuent ainsi au choix des accouplements à réaliser.

Des modèles statistiques sont utilisés pour calculer ces index (Bienefeld et al. 2007 ; Brascamp et Bijma 2014). Le modèle de base de l'évaluation génétique décrit le phénotype d'une colonie en fonction de la moyenne générale de la population pour le caractère, un effet environnemental fixe (rucher-année-apiculteur/trice) et un effet génétique additif aléatoire des individus associés à la performance de la colonie (reine ou ouvrières).

Modèle étudiant les performances observées en fonction de l'identité des reines :

Performance de la colonie = moyenne de la population

- + Effet génétique de la reine de la colonie
- + Effet de l'environnement
- + Effet résiduel

Modèle étudiant les performances observées en fonction des ouvrières composant la colonie :

Performance de la colonie = moyenne de la population

- + Effet génétique moyen des ouvrières de la colonie
- + Effet de l'environnement
- + Effet résiduel

Ce type d'évaluation génétique est utilisé en routine dans la majorité des filières de sélection animale (bovin, ovin, caprin, lapin, porc, poissons, volailles). Cependant, à part dans certains cas, comme Beebreed (www.beebreed.eu), ce système est encore peu utilisé en sélection chez l'abeille domestique. Plusieurs spécificités de cette espèce compliquent l'application de cette approche.

Premièrement, à la différence des autres espèces, la performance mesurée est celle de la reine de la colonie et de milliers d'individus non reproducteurs et non identifiables individuellement, ni par leur performance, ni par leur origine paternelle. En effet, la plupart des caractères sont mesurés sur une colonie, qui est composée pour l'essentiel de différents groupes d'ouvrières avec des origines paternelles différentes. Cette complexité découle du système de fécondation multiple de la reine, qui s'accouple avec environ 10 à 20 mâles dans l'environnement. Seule une maîtrise de ces fécondations, par exemple au moyen de stations de fécondation dédiées ou d'inséminations artificielles, permet d'apporter des informations génétiques sur la voie mâle.

Il existe donc une incertitude forte sur les coefficients d'apparentements entre individus au sein d'une colonie ou entre colonies d'une même population échangeant des reproducteurs.

Par ailleurs, ces calculs de coefficients d'apparentements sont encore complexifiés par le système haplo-diploïde de l'abeille (le faux-bourdon possède un seul exemplaire de chaque chromosome, tandis que l'ouvrière ou la reine en a deux). Il amène à considérer les reines productrices de faux-bourdons comme des « pères virtuels » diploïdes (à l'image des autres espèces d'élevage qui sont diploïdes) pour ne pas avoir à gérer directement l'haploïdie et la multiplicité des faux-bourdons dans les calculs.

Partie 3: Exemple d'application

3.1 Données et modèle

L'exemple ci-après est adapté d'après la publication de Guichard et al. (2020).

On s'intéresse ici à l'estimation d'héritabilités sur la base de données phénotypiques correspondant à la période 2010-2018 dans deux populations d'abeilles suisses : une population

d'abeilles *Apis mellifera carnica* (Société Romande d'Apiculture, SAR, 1009 colonies testées) et une population d'*Apis mellifera mellifera* (mellifera.ch, MEL, 1071 colonies testées). Pour ces colonies, les données phénotypiques suivantes étaient disponibles : production de miel, douceur, tenue au cadre, propension à l'essaimage, comportement hygiénique vis-à-vis du couvain percé et infestation à Varroa (infestation au printemps, en été et taux d'accroissement entre les deux périodes). Par ailleurs, les origines maternelles des reines à la tête des colonies testées ainsi que l'origine des mâles utilisés pour les fécondations étaient connues.

Les héritabilités (et les erreurs standard associées) ont été estimées pour les différents caractères séparément pour les effets des reines et ceux des ouvrières. Les valeurs sont présentées dans le tableau 1.

Caractère	MEL (<i>A. m. mellifera</i>)	SAR (<i>A. m. carnica</i>)
Récolte de miel	MO : $h^2O = 0,02 \pm 0,04$ MR : $h^2R = 0,10 \pm 0,06$	MO : $h^2O = 0,11 \pm 0,06$ MR : $h^2R = 0,11 \pm 0,06$
Douceur	MO : $h^2O = 0,34 \pm 0,09$ MR : $h^2R = 0,32 \pm 0,08$	MO : $h^2O = 0,02 \pm 0,03$ MR : $h^2R = 0,02 \pm 0,04$
Tenue au cadre	MO : $h^2O = 0,16 \pm 0,07$ MR : $h^2R = 0,12 \pm 0,06$	MO : $h^2O = 0,03 \pm 0,04$ MR : $h^2R = 0,09 \pm 0,05$
Essaimage	MO : $h^2O = 0,06 \pm 0,05$ MR : $h^2R = 0,07 \pm 0,05$	MO : non détecté MR : $h^2R = 0,01 \pm 0,04$
Comportement hygiénique	MO : $h^2O = 0,19 \pm 0,08$ MR : $h^2R = 0,18 \pm 0,08$	MO : $h^2O = 0,06 \pm 0,05$ MR : $h^2R = 0,09 \pm 0,06$
Accroissement de la population de varroas (*)	MO : non détecté MR : non détecté	MO : non détecté. MR : non détecté

* Varroa au printemps et en été : idem

Tableau 1 : Héritabilités (h^2) et erreurs standard associées pour différents caractères évalués dans deux populations d'abeilles suisses : mellifera.ch (MEL) et Société Romande d'Apiculture (SAR). Les valeurs sont obtenues pour la voie mâle par le modèle ouvrière (MO) et pour la voie femelle par le modèle reine (MR).

3.2 Résultats et discussion

De manière générale, les héritabilités obtenues sont assez faibles. Certaines estimations ont des ordres de grandeur compatibles avec l'obtention d'un progrès génétique (douceur, tenue au cadre et comportement hygiénique chez MEL, potentiellement récolte de miel chez SAR).

D'autres valeurs sont très faibles (souvent proches de zéro), ce qui peut être dû à différentes raisons. Par exemple la qualité des données recueillies par les apiculteurs peut éventuellement souffrir d'un manque de fiabilité pour certains caractères. Par ailleurs, en cas de mortalité parmi les colonies testées, la connexion génétique entre les différents ruchers de testage peut s'avérer insuffisante pour estimer sans biais les valeurs génétiques correspondant à certains caractères.

Cependant, d'autres explications peuvent également être avancées. Comparées aux données de la littérature, les héritabilités pour la production de miel sont faibles. Les conditions de

miellée sont très particulières en Suisse : elles dépendent des floraisons de printemps (colza, pissenlit), qui varient énormément selon la météo et les années, ainsi que de la production de miellat l'été, qui est directement liée aux populations de pucerons et aux conditions de température-humidité : il est de ce fait possible que la production de miel soit massivement affectée par des effets (non additifs) d'interaction entre la génétique et l'environnement (section 5.1), ce qui expliquerait la faible héritabilité. De façon similaire, il n'est pas exclu que la forte densité de colonies dans certaines régions suisses entraîne parfois une compétition entre colonies (potentiellement entre des colonies situées au même emplacement) pour les ressources les années où celles-ci sont peu abondantes.

Pour d'autres caractères, par exemple la douceur, la tenue au cadre chez SAR, les faibles héritabilités peuvent correspondre à une grande homogénéité des colonies composant la population pour ce caractère. Cette explication est également avancée par les testeurs, qui évaluent souvent des colonies phénotypiquement homogènes avec un très haut niveau de douceur : la moitié des colonies a une note comprise entre 3,5 et 4 (sur une échelle globale de 1 à 4). Dans ce cas, il est possible que la sélection ait valorisé au maximum les ressources génétiques présentes dans la population de départ, et qu'il n'existe plus de voie d'amélioration possible, à moins de changer d'échelle d'évaluation pour traduire le plus finement possible les différences observées entre les colonies.

Dans le cas de l'infestation à varroa, mesurée au printemps, en été, ou exprimée comme taux d'accroissement entre ces deux périodes, l'héritabilité a été estimée à zéro dans les deux populations. Ceci peut s'expliquer par certains facteurs environnementaux majeurs mais difficiles à appréhender par les apiculteurs (section 4.1).

(à suivre)

Publicité

A VENDRE

dès fin avril - début mai

**Nuclei DB, sur 4c de
couvain avec reine race
carnolienne très douce**

Lignée 1012 à fort rendement. Prix 250.-

Robert PRAZ - Route du Sanetsch 54
1950 Sion, 027 322 48 19

A VENDRE

**Extracteur
manuel**

16 cadres, inox

032 476 68 36 - (après 18h)