

Un plan B pour la sélection d'abeilles résistantes au varroa

Un nouveau projet du Centre de recherche apicole (CRA), soutenu par le Fonds national suisse (FNS), vise à améliorer les possibilités de sélection d'abeilles résistantes au varroa. Il se base sur la sélection génomique et naturelle des colonies à l'aide de techniques de pointe.

Hannah Bratschi
Vincent Dietemann
Markus Neuditschko
Benjamin Dainat

Centre de recherche Apicole,
 Agroscope, 3003 Berne

Depuis plusieurs décennies, le parasite *Varroa destructor* est un ennemi impitoyable de l'abeille mellifère. Malgré les traitements disponibles, à base par exemple d'acide formique et d'acide oxalique ou d'acaricides de synthèse, les pertes de colonies sont une réalité amère. La pratique apicole attend avec impatience la possibilité de sélectionner une abeille mellifère résistante au varroa. Mais jusqu'à présent, la sélection de cette résistance n'a pas été très fructueuse. Pour quelles raisons? Et y a-t-il un plan B?

L'hérabilité des caractères de résistance dans les colonies est faible et difficile à mesurer

L'ensemble du génome de l'abeille mellifère a été déchiffré en 2006 et fournit depuis lors des informations importantes, notamment sur d'éventuelles caractéristiques d'élevage¹. Les gènes associés à la douceur, au comportement hygiénique et à la production de miel sont connus et pourraient faire l'objet d'une sélection plus ciblée à l'aide de marqueurs génétiques². La capacité des abeilles à identifier le couvain infesté par des varroas de même qu'à ouvrir puis à refermer les cellules de couvain (recapping) sont également encodées dans le génome. Certes, les connaissances sur les mécanismes de résistance à *V. destructor* augmentent, mais les comportements – décrits jusqu'à présent – qui y sont associés présentent malheureusement une faible hérabilité (transmission d'un caractère d'une génération à l'autre), ce qui rend l'élevage ciblé difficile. Un autre problème est la variabilité entre mesures répétées des caractéristiques de résistance. Les nombreux facteurs environnementaux qui pourraient expliquer cette variabilité et qui influencent également la

survie des colonies ne sont souvent pas pris en compte dans la sélection. La mesure des comportements de résistance s'avère également complexe et fastidieuse pour de nombreuses raisons³.

Le microbiome intestinal, un facteur important de la santé des abeilles

L'influence du microbiome intestinal (ensemble des micro-organismes présents dans le tube digestif) des abeilles fait l'objet de recherches intensives. Il est avéré que le système digestif a une influence considérable sur la santé des abeilles mellifères. Il a par exemple un impact positif sur la transformation de la nourriture, la biosynthèse des vitamines, la prise de poids et l'immunité contre les pathogènes. Comme chez l'homme, le microbiome de l'abeille mellifère est transmis par les interactions sociales et peut être influencé dans sa composition ainsi que dans sa diversité; il est en outre sensible aux facteurs environnementaux. Même au sein d'une colonie, on a relevé récemment des différences dans la composition du microbiome intestinal⁴ entre les abeilles mellifères ayant un compor-

Hannah Katharina Bratschi (M.Sc. en biologie moléculaire) travaille depuis mars 2025 dans l'équipe de projet «Plan B Omics» du Centre de recherche apicole de Liebefeld. Outre son activité en laboratoire, elle intervient également dans les ruchers. C'est dans le Simmental qu'elle s'est familiarisée avec la pratique de l'apiculture, notamment auprès de son père qui partage avec elle, depuis de nombreuses années, la passion des abeilles mellifères.



Bibliographie

¹ The Honeybee Genome Sequencing Consortium. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. Nature 443, 931–949 (2006). <https://doi.org/10.1038/nature05260>

² Guichard, M., Dainat, B., Eynard, S., Vignal, A., Servin, B., and Neuditschko, M. (2021), Identification of quantitative trait loci associated with calmness and gentleness in honey bees using whole-genome sequences. Anim Genet, 52: 472–481. <https://doi.org/10.1111/age.13070>

³ Guichard, M. et al. (2021) La sélection naturelle – une solution miracle face au varroa? Revue suisse d'apiculture 07: 287–292.

⁴ Yola, Y.H., Wagoner, K., Strand, M.K. et al. The gut microbiome differs between hygiene-performing and non-hygiene-performing worker honey bees. Insect. Soc. (2025). <https://doi.org/10.1007/s00040-025-01029-x>

tement hygiénique et celles qui n'en ont pas. En dépit des nombreuses recherches réalisées, certaines questions restent aujourd'hui sans réponse lorsqu'il s'agit des interactions entre les bactéries intestinales de l'abeille mellifère et la santé d'une colonie. L'effet du microbiome intestinal sur les mécanismes de résistance, par exemple la résistance à *V. destructor*, ou sur la survie d'une colonie n'a pas encore été élucidé.

Plan B Omics : une étude génomique de plusieurs années portant sur les organismes dans les colonies d'abeilles

Depuis le début de l'année 2025, le Centre de recherche apicole (CRA) étudie dans le cadre d'un nouveau projet intitulé « Plan B Omics » (Plan B pour les abeilles à l'aide de la génomique) comment le microbiome intestinal et les pathogènes au sein d'une colonie influencent la résistance au varroa. L'objectif est d'obtenir, grâce à des analyses métagénomiques (ensemble des informations génétiques de l'abeille et des microbes associés, y compris le microbiome intestinal et les pathogènes), des informations sur la manière dont ces différentes composantes influencent la survie des colonies. À cet effet, l'équipe du CRA combinera des technologies de séquençage avec des méthodes de métagénomique de pointe. Ce procédé permettra de tenir compte, dans la sélection, des informations fournies par les microbes et de leur influence sur les caractéristiques de résistance à *V. destructor*. Dans la sélection actuelle des abeilles mellifères au moyen de la méthode

BLUP (**B**est **L**inear **U**nbiased **P**rediction, en français « meilleure prédiction linéaire non biaisée ») – qui permet de séparer de manière optimale les effets environnementaux et génétiques – seuls l'emplacement et l'année sont pris en compte dans la composante environnementale. En outre, l'équipe étudiera dans quelle mesure une co-sélection du microbiome, des pathogènes et des abeilles mellifères peut influencer positivement la survie des colonies.

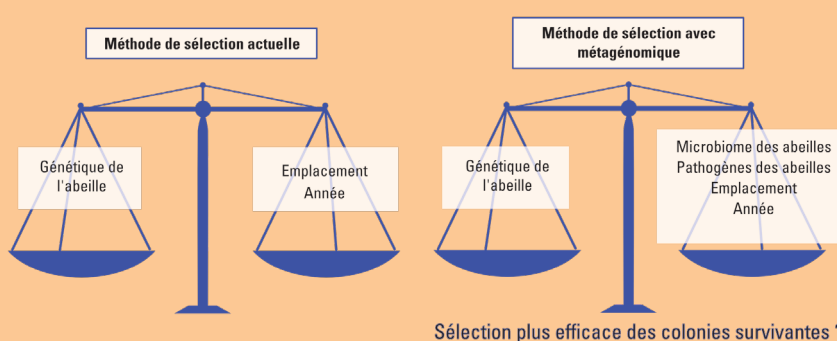
La compréhension des caractéristiques qui mènent à la résistance au varroa étant encore limitée, l'équipe prévoit de ne pas sélectionner de caractéristiques de résistance, mais de miser sur la sélection naturelle de 60 colonies incluses dans l'essai. Des mesures appropriées seront prises afin que les colonies non traitées contre le varroa ne s'effondrent pas et ne représentent pas un danger pour les ruchers environnants.

Grâce à cette recherche réalisée sur plusieurs années, financée par le Fonds national suisse, nous espérons obtenir une meilleure compréhension des interactions entre les abeilles, le microbiome et les pathogènes, en particulier *V. destructor*, afin d'améliorer les stratégies actuelles de sélection des caractéristiques de résistance. L'équipe du CRA, en collaboration avec des collègues de l'université de Berne, Lausanne et Laval au Québec, souhaite en outre en apprendre davantage quant à l'influence du microbiome intestinal sur la santé des colonies, l'objectif principal étant d'améliorer la survie des colonies d'abeilles à long terme, sans traitements médicamenteux.

En bref

But de l'article : Le CRA présente son projet d'amélioration de la stratégie de sélection d'abeilles résistantes au varroa grâce à des techniques permettant l'élargissement des paramètres environnementaux pris en compte tout en exploitant la sélection naturelle.

Contexte : Jusqu'à présent, la sélection d'abeilles sur la base de critères de résistance au varroa n'a pas été très fructueuse. La mesure de ces critères est complexe et la transmission entre les générations des gènes qui en sont responsables est faible. La génétique n'est pas la seule à peser dans la balance, il faut également prendre en compte des caractéristiques environnementales multiples. Une approche analytique plus globale,



grâce à la métagénomique, permettrait d'élargir la connaissance des facteurs qui agissent sur la survie des colonies et d'évaluer si une sélection

plus naturelle (i.e. sans critères à mesurer tels que le recapping par exemple) améliore la santé des cheptels.