



HAL
open science

**CASDAR ABEILLE : Première estimation de
paramètres et de valeurs génétiques chez l'abeille avec
l'abeille ligérienne 6 ème Journées Techniques
Inter-Filières SYSAAF -11 et 12 octobre, Rennes**

Jonathan D'ambrosio, Benjamin B. Basso, Florence Phocas, Pierrick Haffray

► **To cite this version:**

Jonathan D'ambrosio, Benjamin B. Basso, Florence Phocas, Pierrick Haffray. CASDAR ABEILLE : Première estimation de paramètres et de valeurs génétiques chez l'abeille avec l'abeille ligérienne 6 ème Journées Techniques Inter-Filières SYSAAF -11 et 12 octobre, Rennes. Journées Techniques Interfilières du SYSAAF, Oct 2023, Rennes, France. hal-04386716

HAL Id: hal-04386716

<https://hal.inrae.fr/hal-04386716>

Submitted on 10 Jan 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

CASDAR ABEILLE : Première estimation de paramètres et de valeurs génétiques chez l'abeille avec l'abeille ligérienne

J. D'ambrosio, B. Poirot, S. Maucourt, R. Azemar, F. Badeau, B. Basso, F. Phocas, P. Haffray



INRAE



Avec
la contribution
financière du compte
d'affectation spéciale
développement
agricole et rural
CASDAR



6^{ème} Journées Techniques Inter-Filières SYSAAF – 11 et 12 octobre, Rennes

Contexte



- **CASDAR Abeille : BLUP abeille**

- Connaissance sur le BLUP abeille grâce à l'expertise d'INRAE
- Création de projets pilotes pour adapter les schémas de sélection à l'utilisation du BLUP avec l'appui ITSAP et INRAE
 - Rencontre avec la filière
 - Connaissance sur le schéma de sélection actuel, traitement de données
 - Proposition d'adaptation du schéma de sélection
 - Estimation des EBVs et choix des reproducteurs



Contexte



- **L'abeille ligérienne** : groupe de 5 apiculteurs appuyé par APINOV
- **APINOV** : Entreprise de services
 - Formation à l'insémination et la sélection, vente de semences pour l'IA et de reines, proposition de système de suivi d'évaluation environnementale

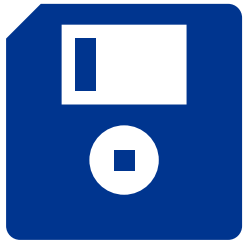


Contexte



- **L'abeille ligérienne** : groupe de 5 apiculteurs appuyé par APINOV
- **APINOV** : Entreprise de services
 - Formation à l'insémination et la sélection, vente de semences pour l'IA et de reines, proposition de système de suivi d'évaluation environnementale

Données de 2016 à 2022 :



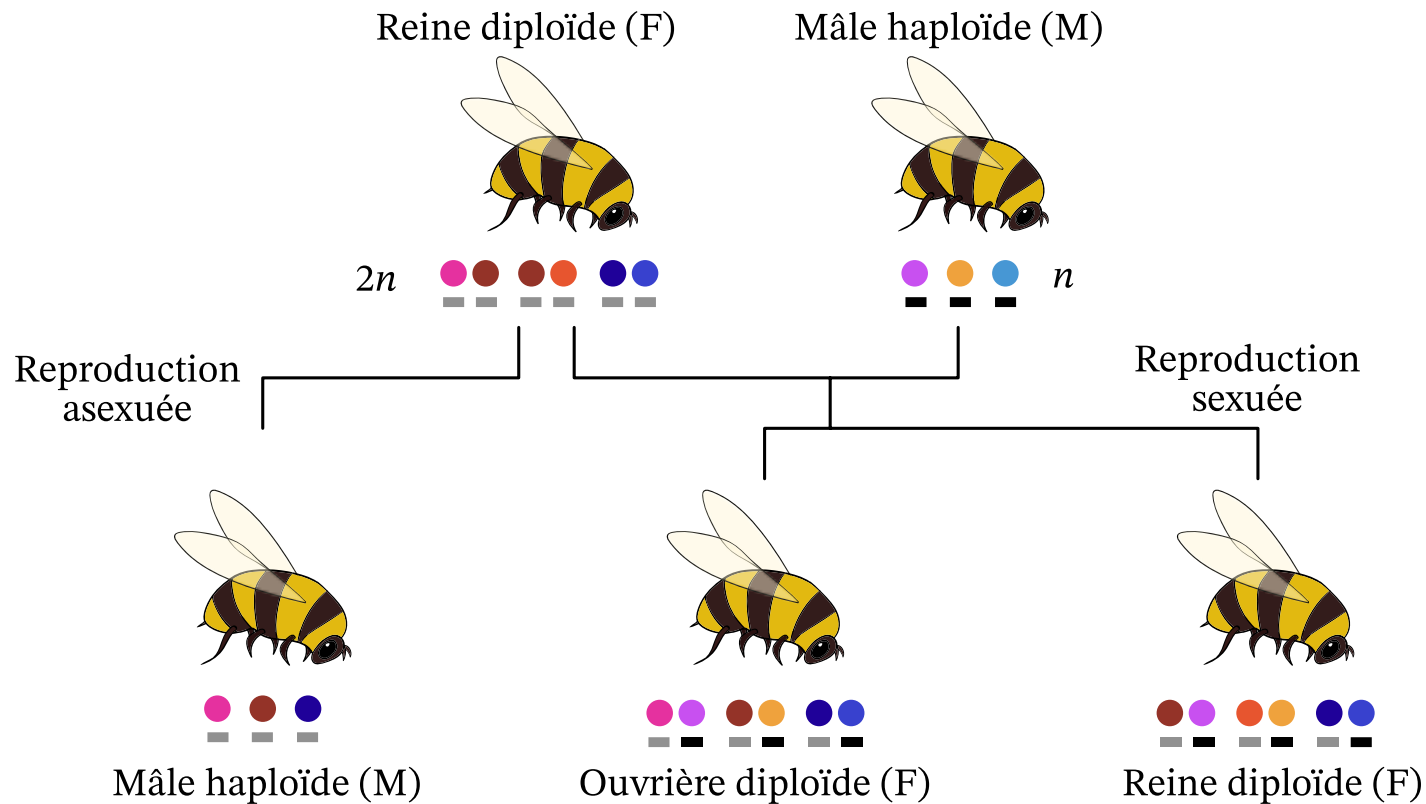
- 756 individus dans le pedigree
- 2 à 4 apiculteurs par année
- 1 à 9 sites de testage par apiculteur
- ≈ 100 à 302 ruches par année
- 707 performances sur le poids du miel (**caractère d'intérêt**)
- D'autres performances disponibles : douceur, essaimage ...





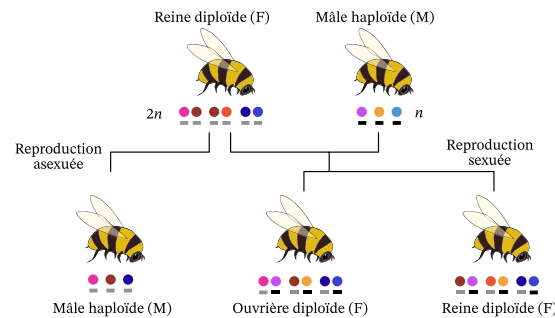
Rappel spécificité de l'abeille (rapide) :

➤ Espèces Haplo-diploïdes (matrice de parenté différente)



Rappel spécificité de l'abeille (rapide) :

➤ Espèces Haplo-diploïdes (matrice de parenté différente)



➤ Fécondation (impact sur le pedigree)

- Une seule fécondation par reine dans sa vie (stock spermathèque)
- Une reine peut être fécondée par plusieurs mâles
- Fécondation :
 - naturelle (inconnue),
 - dirigée (« semi-contrôlée » sur une île par exemple)
 - IA (un ou plusieurs mâles)

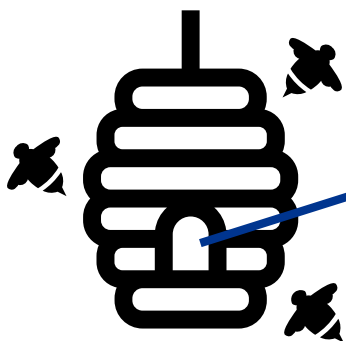


Rappel spécificité de l'abeille (rapide) :

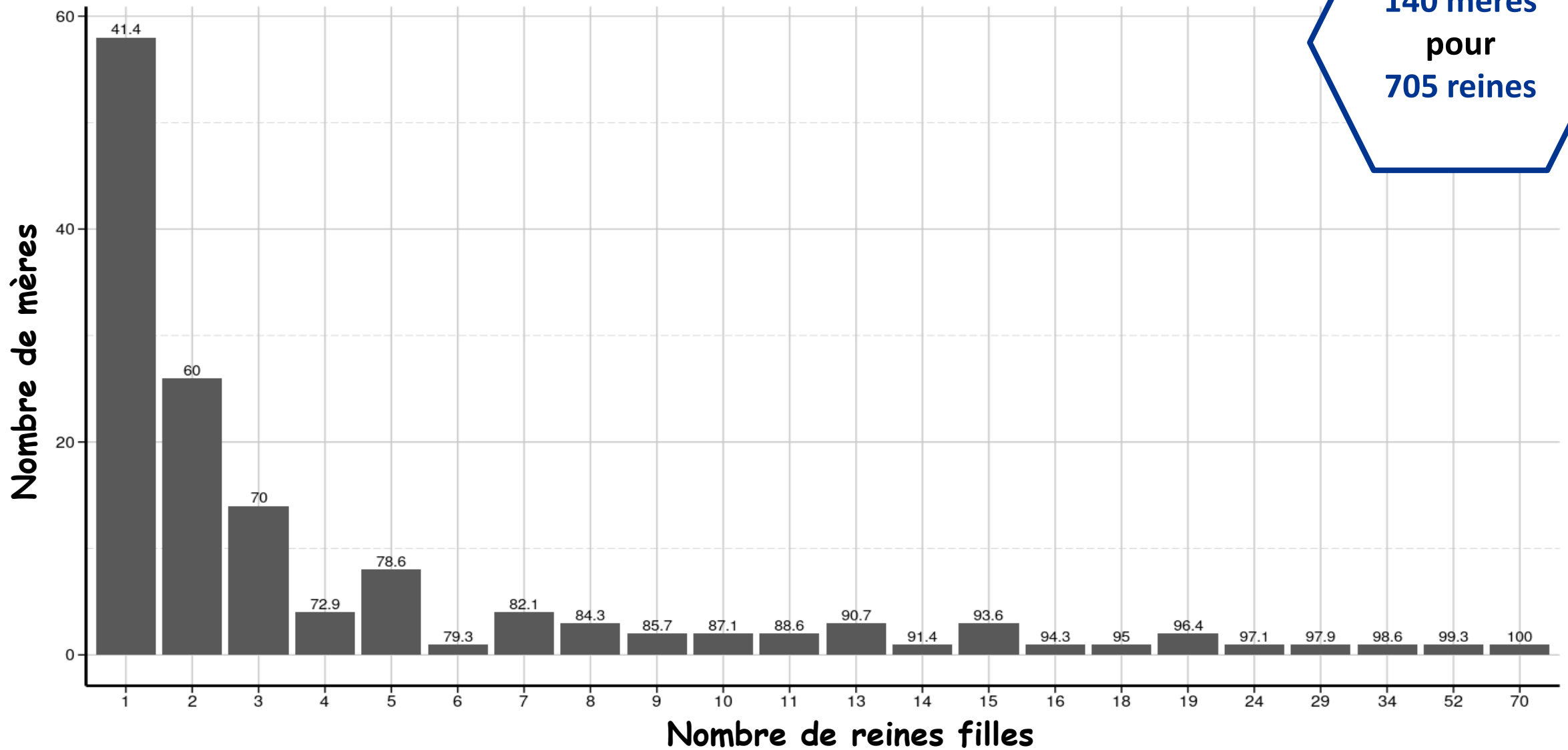
➤ Environnement multiple !

mere_id	B-NG-1-001-2018	B-CBP-1-001-2018	B-NG-2-001-2018	B-CBP-2-001-2018	B-NG-3-001-2018	B-CBP-3-001-2018	B-NG-4-001-2018	B-CBP-4-001-2018	B-NG-5-001-2018	B-CBP-5-001-2018	B-NG-6-001-2018	B-CBP-6-001-2018	B-NG-7-001-2018	B-CBP-7-001-2018	B-NG-8-001-2018	B-CBP-8-001-2018	B-NG-9-001-2018	B-CBP-9-001-2018	B-NG-10-001-2018	B-CBP-10-001-2018	B-NG-11-001-2018	B-CBP-11-001-2018	B-NG-12-001-2018	B-CBP-12-001-2018	B-NG-13-001-2018	B-CBP-13-001-2018	B-NG-14-001-2018	B-CBP-14-001-2018	B-NG-15-001-2018	B-CBP-15-001-2018	B-NG-16-001-2018	B-CBP-16-001-2018	B-NG-17-001-2018	B-CBP-17-001-2018	B-NG-18-001-2018	B-CBP-18-001-2018	B-NG-19-001-2018	B-CBP-19-001-2018	Total		
2022_1_CBP	10	NA	4	3	3	NA	NA	NA	NA	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	24	
2022_1_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	1	NA	1	4	2	NA	1	NA	NA	2	3	NA	1	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	17
2022_2_CBP	NA	NA	3	4	2	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	NA	1	NA	13		
2022_2_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	8	5	3	NA	NA	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	19	
2022_2_TEF	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	12	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	3	NA	NA	NA	NA	NA	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	17		
2022_3_CBP	NA	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1		
2022_3_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	6	14	NA	NA	NA	3	NA	6	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	29			
2022_3_TEF	NA	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	2	NA	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	8			
2022_4_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	3	4	NA	NA	NA	1	9	6	2	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	26			
2022_4_TEF	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	17	3	NA	16	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	36				
2022_5_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	9	1	NA	NA	NA	8	NA	1	NA	NA	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	21				
2022_5_TEF	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	NA	10	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	12					
2022_6_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	4	1	1	NA	1	4	1	2	1	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	20				
2022_7_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	13	1	1	NA	NA	NA	8	NA	NA	NA	NA	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	24				
2022_8_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	8	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	1	NA	1	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	10					
2022_9_NG	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	2	5	NA	NA	NA	2	2	3	NA	NA	NA	NA	NA	2	3	3	NA	NA	NA	NA	1	NA	2	NA	25							
Total	10	4	8	7	5	2	1	13	1	13	70	15	5	1	5	15	34	10	2	9	1	1	1	1	1	2	3	4	19	7	10	16	2	1	1	2	1	302			

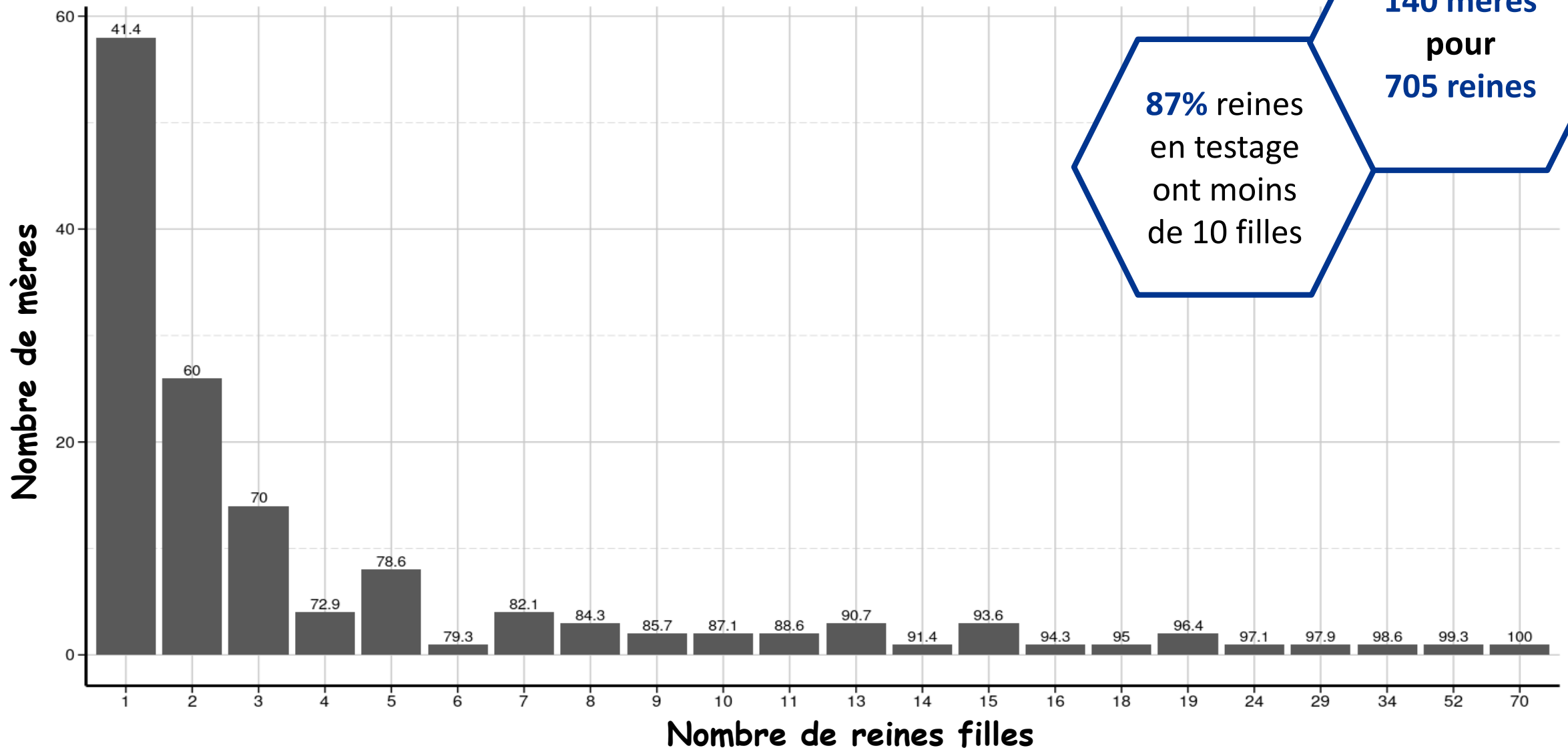
➤ Un phénotype pour « plusieurs individus »



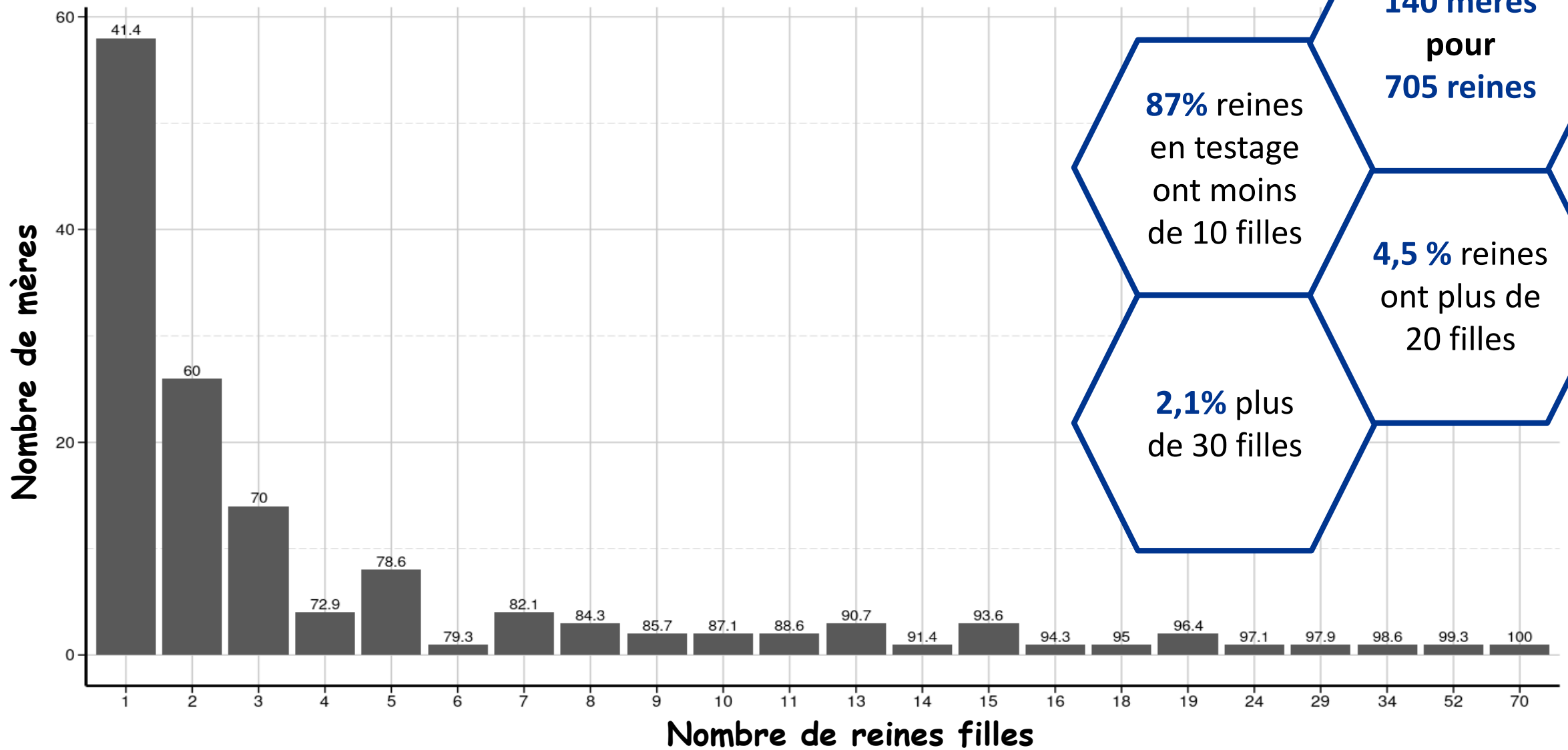
Nombre de reines filles par mère



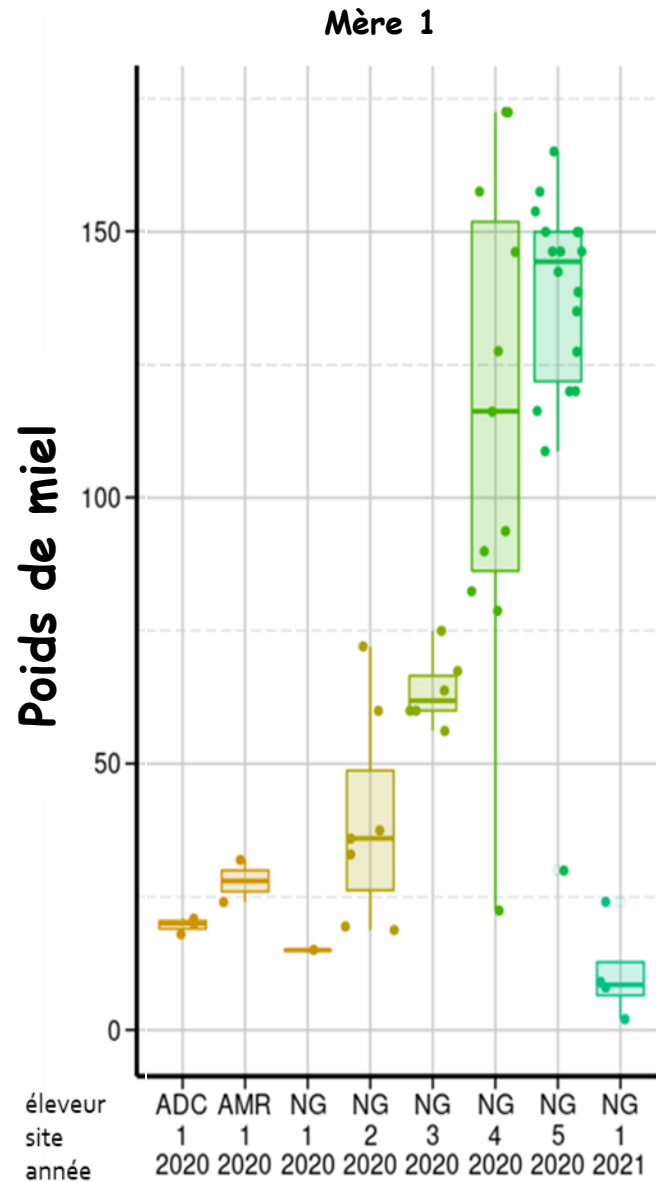
Nombre de reines filles par mère



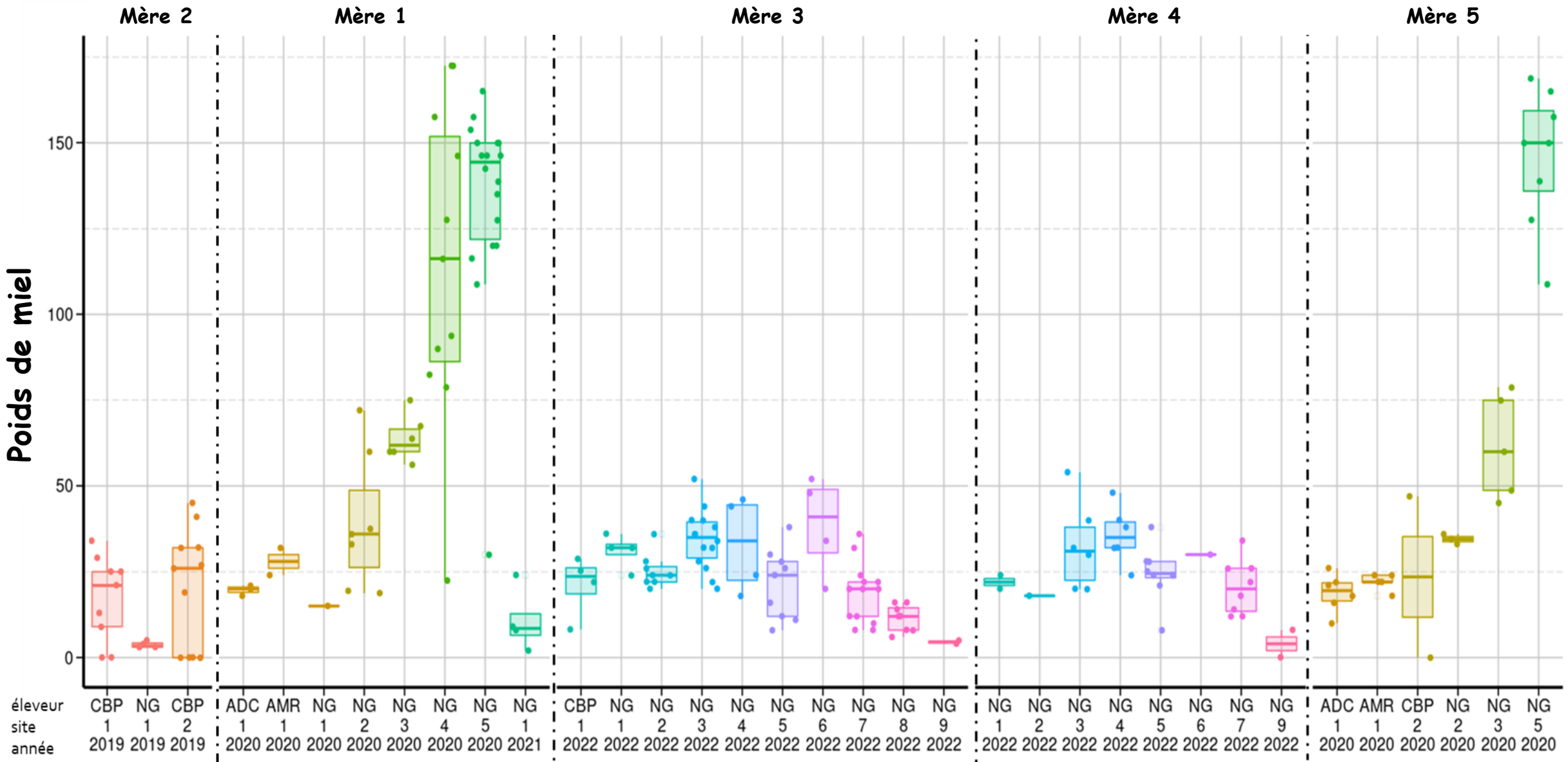
Nombre de reines filles par mère



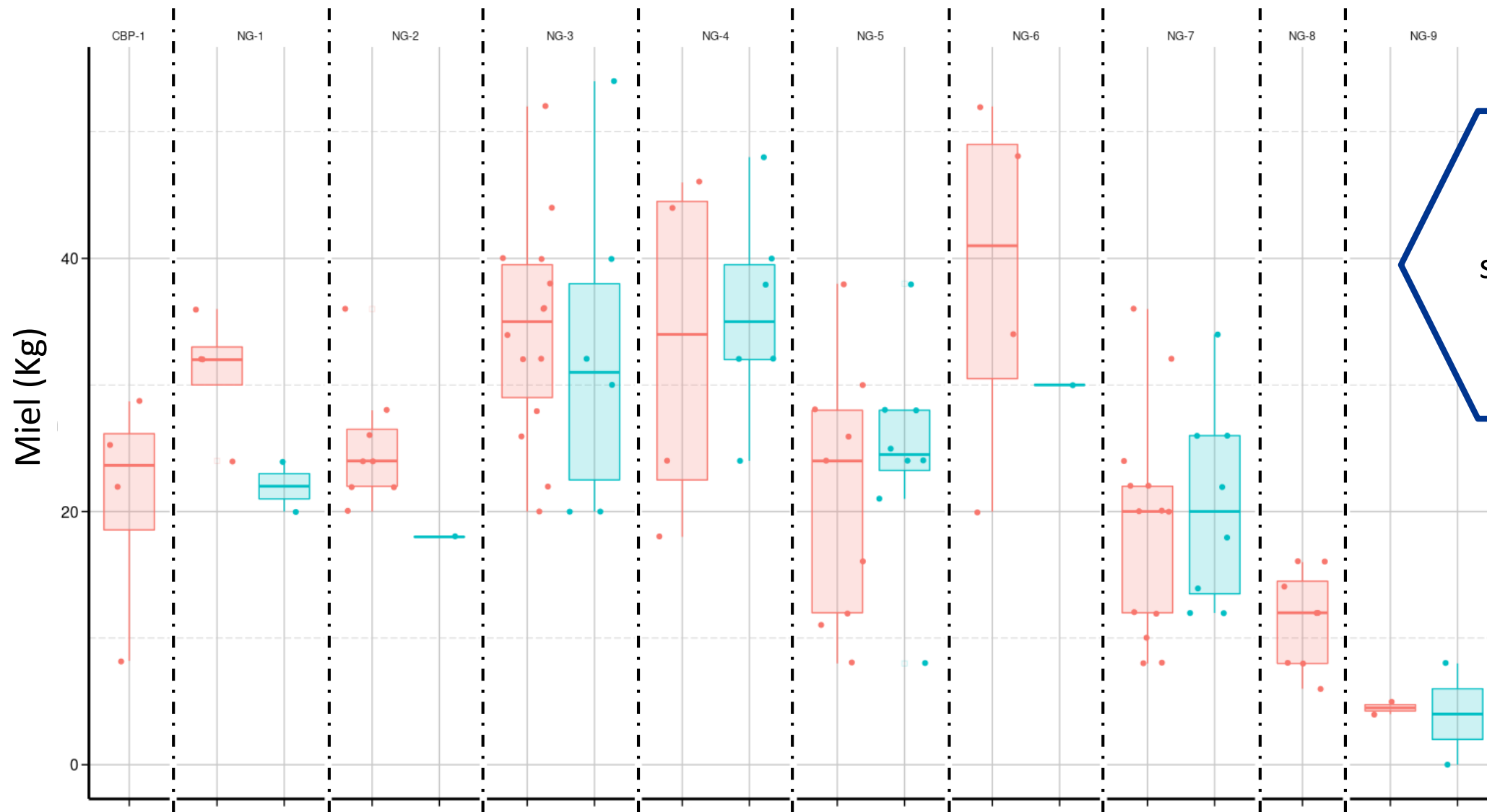
Variabilité entre les reines d'une même mère pour la production de miel



Variabilité entre les reines d'une même mère pour la production de miel



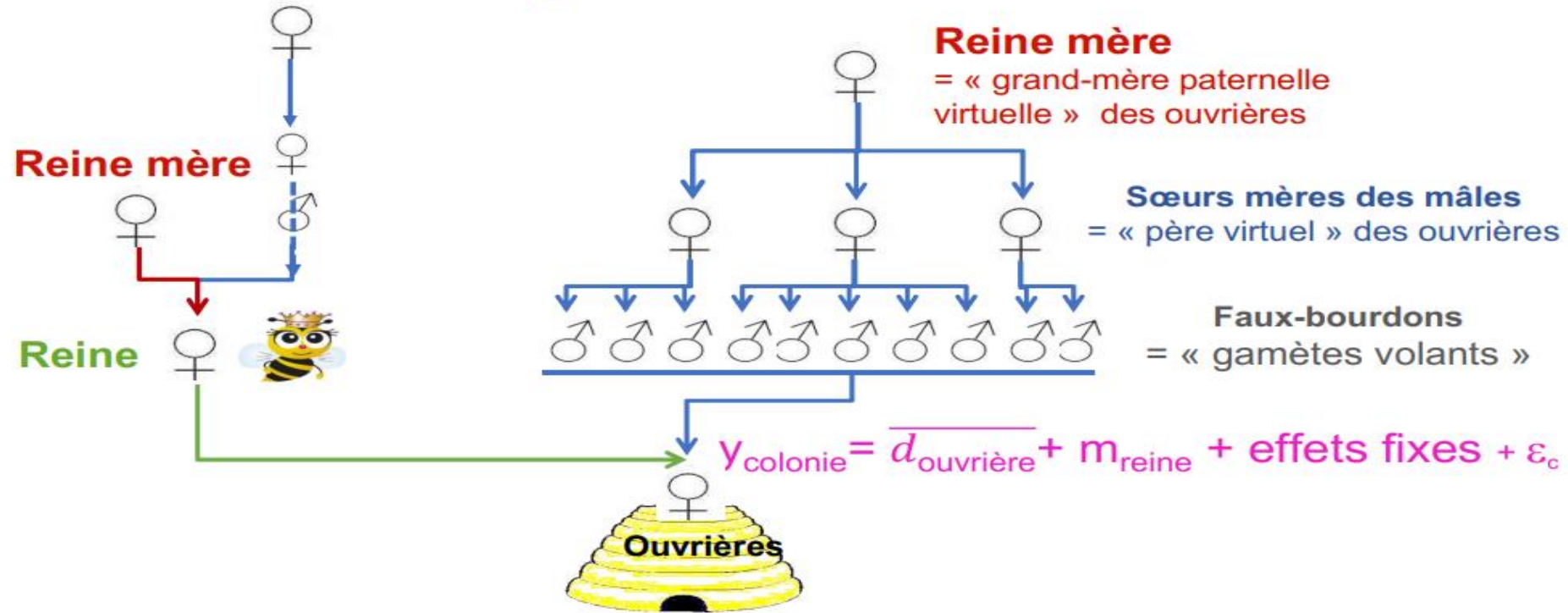
Comparaison des performances des reines de deux mères en fonction du site de testage



Importance
d'avoir une
structuration
de données
adaptée



❖ Modèle Animal avec la performance associée à une ouvrière



$$h^2_{\text{dir}} = V_d / V_p \text{ et } h^2_{\text{mat}} = V_m / V_p \text{ avec } V_p = \Phi_{\text{ww}} V_d + V_m + \text{Cov}_{\text{dm}} + V_e$$

$$\text{BB: } \Phi_{\text{ww}} = \frac{DS + 2S + D}{3DS + D + S}$$

D: nombre de drones fécondant une reine (~5 à 15)
S: nombre de sœurs dans le groupe « pseudo-sire » (~1 à 10)

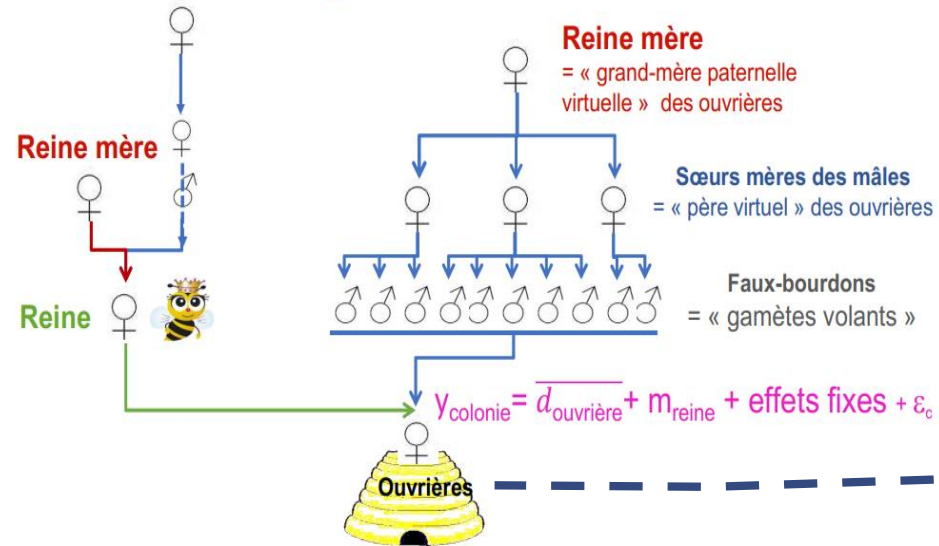
⇒ deux valeurs génétiques (d, m) prédites pour les ouvrières et reines



INRAE



❖ Modèle Animal avec la performance associée à une ouvrière



$$h^2_{dir} = V_d/V_p \text{ et } h^2_{mat} = V_m/V_p \text{ avec } V_p = \Phi_{ww} V_d + V_m + Cov_{dm} + V_e$$

$$BB: \Phi_{ww} = \frac{DS+2S+D}{3DS+D+S}$$

D: nombre de drones fécondant une reine (~5 à 15)
S: nombre de sœurs dans le groupe « pseudo-sire » (~1 à 10)

⇒ deux valeurs génétiques (d, m) prédites pour les ouvrières et reines

- Reine de la colonie 1 :

$$a_{reine} = \frac{1}{2} a_{mère} + \frac{1}{2} a_{père\ virtuel} + \varphi$$

- Groupe ouvrière* de la colonie 1:

$$a_{ouvrière\ moyenne\ i} = \frac{1}{2} a_{reine} + \frac{1}{2} a_{père\ virtuel} + \varphi$$

· Méthode de Brascamp et Bijma (2014) (BB)



Evaluation BLUP

- Scripts de Pim Brascamp pour obtenir la matrice de parenté et son inverse
- Programme AIRELMf90 de la suite BLUPf90 pour estimer l'héritabilité (composantes de la variance) selon 3 modèles :
 - Modèle colonie : performance de la colonie expliquée par les deux effets génétiques distingués
 - Modèle « Worker » = performance de la colonie expliquée principalement par l'effet moyen des ouvrières
 - Modèle « Queen » = performance de la colonie expliquée principalement par l'effet de la reine

❖ **Modèle Animal avec la performance de la colonie attribuée à la reine (QM) ou à l'ouvrière moyenne (WM)**

$$y_{\text{colonie}} = \overline{a_{\text{ouvrière}}} + \text{effets fixes} + e_o \quad (\text{Worker Model})$$

$$\text{avec } \overline{a_{\text{ouvrière}}} = \overline{d_{\text{ouvrière}}} + (0.5/\Phi_{\text{ww}}) m_{\text{ouvrière}}$$

$$y_{\text{colonie}} = u_{\text{reine}} + \text{effets fixes} + e_r \quad (\text{Queen Model})$$

$$\text{avec } u_{\text{reine}} = m_{\text{reine}} + 0.5 d_{\text{reine}}$$

⇒ une seule valeur génétique de synthèse calculée sous ces modèles, combinant des effets génétiques directs et maternels du modèle complet



INRAE

F. Phocas, Document à vocation de formation 'évaluation génétique Bee-Blup' : Théorie et modèles BLUP – Abeille

p. 46

©Phocas Florence



Résultats des composantes de la variance

- Variance totale : 1200 (normalement)

Composantes	Modèle Worker
Variance phénotypique	395
Variance génétique	176
Variance résiduelle	218
h^2 direct	0,45 (0,19)
h^2 maternel	-
Cor entre effets direct et maternel	-



Résultats des composantes de la variance

- Variance totale : 1200 (normalement)

Composantes	Modèle Worker	Modèle Queen
Variance phénotypique	395	278
Variance génétique	176	54
Variance résiduelle	218	224
h^2 direct	0,45 (0,19)	0,19 (0,11)
h^2 maternel	-	-
Cor entre effets direct et maternel	-	-











Résultats des composantes de la variance

- Variance total : 1200 (normalement)

Composantes	Modèle Worker	Modèle Queen
Variance phénotypique	395	278
Variance génétique	176	54
Variance résiduelle	218	224
h^2 direct	0,45 (0,19)	0,19 (0,11)
h^2 maternel	-	-
Cor entre effets direct et maternel	-	-

Corrélation entre les EBVs fonction du modèle et de l'individu

EBVs		Modèle Worker		Modèle Queen	
					
Modèle Worker			0,98		
					
Modèle Queen					
					











Résultats des composantes de la variance

- Variance total : 1200 (normalement)

Composantes	Modèle Worker	Modèle Queen
Variance phénotypique	395	278
Variance génétique	176	54
Variance résiduelle	218	224
h^2 direct	0,45 (0,19)	0,19 (0,11)
h^2 maternel	-	-
Cor entre effets direct et maternel	-	-

Corrélation entre les EBVs fonction du modèle et de l'individu

EBVs		Modèle Worker		Modèle Queen	
					
Modèle Worker			0,98	0,95	0,93
				0,96	0,96
Modèle Queen					0,98
					



Résultats des composantes de la variance

- Variance total : 1200 (normalement)

Composantes	Modèle Worker	Modèle Queen	Modèle Colonie
Variance phénotypique	395	278	366
Variance génétique	176	54,18	131 (ouvrière) 23 (reine)
Variance résiduelle	218	224	215
h^2 direct	0,45 (0,19)	0,19 (0,11)	0,36 (0,53)
h^2 maternel	-	-	0,06 (0,28)
Cor entre effets direct et maternel	-	-	-0,09 (1,6)





Conclusion :

- ❑ Le monde des abeilles est complexe !
- ❑ Mise en pratique de la formation BLUP effectué à INRAE en 2022
- ❑ Travail sur un premier jeu de données abeilles
- ❑ Manque de puissance dans le jeu de données
 - Réflexion sur l'amélioration du schéma de sélection
- ❑ Première indexation abeille effectué au SYSAAF