



**Projekte des SFF 7:
Tiergenetik und Tierzucht für eine standortangepasste Nutztier-
haltung einsetzen**

***Projets du CSR 7:
Génétique et sélection animales pour une détention et une
production d'animaux de rente adaptées aux conditions du site***

18.07.11.02.01 Zucht von Equiden in der Schweiz

18.07.17.05.04 Génétique et sélection d'un abeille résistante aux agent pathogènes



AP 2018-2021

18.07.11.02.01

Kurzbegriff/Projektkronym (max. 20 Zeichen)

Pferdezucht

Nr. Bereich.

11 Tiere und tierische Produkte

Nr. Gruppe

11.2 Pferdezucht und -haltung

Projektleitung/Stellvertretung

Ruedi von Niederhäusern / Iris Bachmann

Projektdauer

Projektstart

Projektende

4 Jahre

2018

2021

Projekt

Total Arbeitstage ohne Drittmittel	11014
Beitrag zu SFF	07
Beitrag zu weitem SFF	06

Bedürfniserhebung: Beitrag zu Anliegen Nr.	19.1, 19.2, 19.5, 19.6, 19.8, 19.9, 19.10, 19.25, 19.26, 19.31, 19.34, 19.35, 19.36, 19.37, 19.38, 19.40, 19.44, 19.45, 23.101, 23.102, 23.110, 23.111, 23.112, 23.113
Projekt enthält Arbeiten mit Drittmitteln	<input checked="" type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein
Projekt enthält Beitrag zu Biolandbau	<input checked="" type="checkbox"/> ja <input type="checkbox"/> nein

Titel Originalsprache

Zucht von Equiden in der Schweiz

Zucht von Equiden

Breeding of equids in Switzerland

Breeding, genetics, Franches-Montagnes horse breed, animal genetic resources

Ausgangslage und Problemstellung

Die Freiburgerpferde (FM) stehen, als einzige Pferderasse schweizerischer Herkunft, stark im Fokus der Aktivitäten des Schweizer Nationalgenetüts von Agroscope (SNG). Der Bestand an Zuchthengsten sichert die dezentrale Verteilung der Genetik in der gesamten Schweiz. Zusätzlich dienen die Hengste als Werbeträger für die Bekanntmachung der Rasse an ausgewählten Anlässen im In- und Ausland. Die in der Leistungsperiode 14-17 erarbeiteten Grundlagenpapiere "Strategie zur Erhaltung des Freiburgerpferde" (2015) sowie "Marketingstrategie FM 2025" (2017) zeigen dass die Hauptprobleme der Marke FM hauptsächlich im Bereich der Vermarktung liegen.

Mit Forschung im Bereich des Populationsmanagements leistet das SNG einen entscheidenden Beitrag zur Lösung der aktuellen sowie zukünftigen Fragestellungen zur langfristigen Erhaltung des Freiburgerpferdes. Der Freiburger eignet sich, dank der hervorragenden Datengrundlage (Herdebuch, Leistungsdaten), als Modellpopulation. Damit lassen sich Instrumente entwickeln, die generell im Bereich des Managements tiergenetischer Ressourcen von Bedeutung sind. Insbesondere im Bereich Analyse der genetischen Diversität, Populationsmanagement, Aufdeckung des genetischen Hintergrundes phänotypischer Variation und genomischer Selektion haben die Mitarbeitenden der Forschungsgruppe Pferde zucht & -haltung in den letzten Jahren geforscht und publiziert. Diese Bereiche gilt es zu vertiefen und weiterzuentwickeln.

Aufgrund fehlender Strukturen für die Verbreitung des Wissens rund um das Pferd im landwirtschaftlichen Wissenssystem Schweiz deckt das SNG dieses für die Pferdebranche wichtige Bedürfnis ab. Der Wissenstransfer mittels Publikationen für die Praxis, Beratung sowie Lehre für den Bereich der Pferde zucht ist integraler Bestandteil dieser Projektskizze.

Ziele und Forschungsfragen

Ziele im Bereich "Schaufenster FM":

- Auf Basis der in der LP 14-17 erarbeiteten Grundlagenpapiere "Strategie zur Erhaltung des Freiburgerpferdes" (2015) sowie "Marketingstrategie FM 2025" (2017) stufenweise Anpassung (18-21) des aktuellen Dienstleistungskatalogs des SNG für die Branche in diesem Bereich (Vitrine FM). Ziel: Steigerung Bekannt- und Beliebtheit der Marke FM (franches-montagnes) und somit deutliche Steigerung der durchschnittlichen Verkaufserlöse für 3-jährige Freiburgerpferde am Markt.
- Ausbau Monitoring Pferdemarkt Schweiz

Ziele im Bereich Hengsthaltung FM:

- Der Bestand an qualitativ hochstehenden Zuchthengsten bildet die Grundlage für eine Schweiz weite Versorgung mit genetischem Material. Das SNG deckt mit seinem Bestand an Zuchthengsten die gesamte Breite der genetischen Diversität ab.

Ziele im Bereich Genetik:

- Auffinden von kausativen Varianten zu den in der (Pferde-) Zucht wirtschaftlich relevanten Merkmalen und Empfehlung der Implementierung in die Zuchtprogramme.
- Erhalt der genetischen Diversität beim Freiburgerpferd
- Verbesserung von aktuell angewendeten Methoden in der Nutztiergenetik (Imputierung von SNP-Genotypen)
- Prüfen der Anwendbarkeit der bei den Pferden erarbeiteten Methoden auf/in anderen Nutztierpopulationen.

Allgemeines Ziel:

- Wir (SNG) sind die von der Branche anerkannten Spezialisten im Bereich Pferdezucht und bringen das Thema mittels Wissenstransfer (Beratung, Praxispublikationen und Lehre) in die Praxis.

Forschungsfragen im Bereich Vitrine FM:

- Aufbau Monitoring Pferdemarkt Schweiz, inkl. präziseren Datenerhebung Importe (eidg. Zollverwaltung)

Forschungsfragen Genetik:

- Erarbeitung neuer Methoden zur präziseren Phänotypisierung in den Bereichen Morphologie und Gängen sowie der Persönlichkeit der Pferde.
- Auffinden der für Morphologie, Gänge und Persönlichkeit verantwortlichen Gene / Genregionen mittels Genom-Analysen
- Entwicklung neuer Methoden für die Erfassung der genetischen Diversität in Populationen

Konkreter Beitrag zum SFF Nr. 7 (in wenigen Sätzen den konkreten Beitrag und die neuen Erkenntnisse zum SFF beschreiben, dies mit einem klaren inhaltlichen Bezug zu den Forschungsfragen im SFF)

- Verbesserung der Phänotypisierung für die züchterischen Massnahmen beim Pferd
- Entwicklung neuer Zuchtmethoden
- Erhaltung der genetischen Diversität in der Freibergerrasse
- Auffinden der Gene / Genregionen welche das Verhalten beeinflussen

Beitrag zu maximal 3 weiteren SFF (in wenigen Sätzen den konkreten Beitrag zu den Forschungsfragen im SFF beschreiben)

zu SFF Nr. 6: Phänotypisierung der Verhaltensmerkmale

zu SFF Nr. 12: Projekt „Marktanalyse“, die Auswirkung der Aufhebung des Exportbeitrags für Freiburger Pferde

Hauptnutzen für Biolandbau (falls Beitrag, in wenigen Sätzen den konkreten Beitrag beschreiben)

Die Pferdezucht und -haltung gilt per se als extensive Produktionsform, die durch Agroscope erarbeiteten Methoden im Bereich der Genetik können von der Produktionsform (konventionel, Bio, etc.) unabhängig eingesetzt werden.

Material und Methoden (grob skizziert)

Marketing FM:

Die mittel- bis langfristige Sicherung der Zuchtbestände der Freiburgerpferde wird in Zukunft stark mit der erfolgreichen Positionierung der Marke FM im Pferdemarkt Schweiz korrelieren (Schmidlin *et al.* 2015). Das SNG unterstützt die Branchenorganisationen FM beim Aufbau von effizienten Methoden im Bereich Marketing (Ackermann *et al.* 2017). Vertiefte Kenntnisse des Marktes sind die unabdingbare Grundlage zur erfolgreichen Bewirtschaftung desselben, die heute bestehenden Lücken werden mittels Aufbau eines Monitoringsystems unter Berücksichtigung sämtlicher (noch auszubauender) Datenquellen geschlossen. Die Bewirtschaftung des in Zukunft einheitlichen Markenbildes (Kommunikation, Bildsprache, etc.) sowie der Aufbau von nationalen (Internet, Social Media) und regionalen (Anlässe) Verkaufsplattformen sind wichtige Bausteine des künftigen Erfolges der Marke FM (Ackermann *et al.* 2017).

Hengsthaltung:

Der Sicherung der genetischen Diversität in der praktischen Pferdezucht FM wird in der Zuchtarbeit des SNG höchste Priorität eingeräumt. Das SNG erwirbt zu diesem Zweck gezielt ausgewählte Zuchthengste und stellt diese den regionalen Zuchtorganisationen zu Reproduktionszwecken zur Verfügung. Die Erstellung, Lagerung und zur Verfügungstellung von Kryokonserven sind komplementär wichtige Bestandteile des Projekts. Die aktive Bewirtschaftung der Züchterschaft mittels Beratung und Praxispublikationen zum Thema helfen die Resultate aus der Forschung (Neuditschko *et al.* 2017) in die Praxis zutragen und somit die genetische Diversität auf lange Sicht zu sichern.

Genetik:

Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs, DNA-Marker) bilden die Grundlage für aktuelle Forschungsfragen aus der Zucht und Genetik. Aktuell verfügt das SNG über einen Datensatz von mehr als 3'000 genotypisierten Pferden. Anhand dieser Datengrundlage sollen neue Erkenntnisse bzw. die genetischen Grundlagen zur Fellfarbe, Verhalten, Morphologie, Diversität und Genotypen Imputation generiert bzw. aufgedeckt werden. Die genetische Grundlage phänotypischer Merkmale wie die Fellfarbe, Verhalten und Morphologie werden mittels genom-weiten Assoziationsanalysen (GWAS) untersucht. Um eine mögliche Assoziation weiter einschränken zu können werden die signifikant assoziierte Regionen in weiterer Folge auf homozygote Bereiche untersucht. Bisherige GWAS Studien beim Freiburger haben sich vor allem auf Merkmale (Zuchtwerte) aus dem Zuchtprogramm des Schweizer Freibergerverbands beschränkt. Auf Basis dieser Datengrundlage konnten nur für einige wenige Merkmale (z.B. Stockmass) signifikante Assoziationen gefunden werden (Signer-Hasler *et al.* 2012, Frischknecht *et al.* 2016). Anhand bild-gestützter Merkmale (Druml *et al.* 2015) soll die Erfassung und damit auch die genetischen Analysen von Zuchtmerkmalen verbessert werden. Anfang dieses Jahres wurden bereits die standardisierten Fotos von 214 Freiburgerhengste aufbereitet und ausgewertet (aktuelles PhD Projekt Anik Gmel).

Basierend auf den oben aufgeführten Datensatz kann der Effekt bereits bekannter kausalen Mutationen untersucht werden. In diesem Zusammenhang konnten wir in einer aktuellen Studie (zurzeit "under review" in Animal Genetics) zeigen, dass die kausale Mutation welche mit der Fellfarbe "Splashed White" assoziiert ist auch beim Haflinger und Lipizzaner auftritt, bis jetzt ist man davon ausgegangen, dass diese Mutation ausschliesslich beim Amerikanischen Quarter Horse segregiert (Hauswirth *et al.* 2012). Mittels Selektion-Signatur Analysen (Vergleich von Genomen unterschiedlicher Pferderassen) sollen weitere rassenspezifische Genom Regionen untersucht werden.

Um den Erhalt der genetischen Diversität des Freibergers langfristig zu gewährleisten, werden genom-basierte Methoden untersucht, z.B.: Berechnung von Runs of Homozygosity (Purfield *et al.* 2012) und die Identifikation von einflussreichen Zuchttieren (Neuditschko *et al.* 2017). Auf Basis dieser Ergebnisse soll ein genom-basiertes Monitoring Tool entwickelt werden um aktuelle Trends (Inzucht, Verwandtschaft einflussreicher Zuchttiere, etc.) in der aktuellen Zuchtpopulation zu erkennen. Zusätzlich soll die Anwendbarkeit dieses Tools für weitere gefährdete tiergenetische Ressourcen in der Schweiz überprüft werden.

Die Genotyp Imputation steht aktuell im Fokus der modernen Tierzucht/Genetik (Gonen *et al.* 2017), da durch dieses Verfahren kostengünstig informative Genotypeninformation generiert werden kann und die Re-Sequenzierung von zusätzlichen Tieren noch immer mit einem hohen Kostenaufwand verbunden ist. In einer aktuellen Studie konnten wir erste wichtige Punkte für die Re-Sequenzierung von informativen Tieren ausarbeiten (Neuditschko *et al.* 2017). In einer weiteren Studie soll nun der Effekt auf die Genauigkeit der Genotypen Imputation ausgearbeitet werden.

Literatur (neueste Kenntnisse, wenige eigene und fremde wissenschaftliche und praxisorientierte Publikation)

- Ackermann C., von Niederhäusern R., 2017, Concept Marketing FM 2025, Agroscope, Haras national suisse Avenches : publication à venir
- Ackermann C., von Niederhäusern R., 2017, Mon cheval de rêve : Analyse du comportement du consommateur et des éléments déclencheurs dans le processus décisionnel d'acquisition d'un équidé en Suisse, Agroscope, Haras national suisse Avenches : publication à venir
- Ackermann C., Rieder S., von Niederhäusern R., 2017. La filière équine suisse : les chiffres clefs - Bilan 2016. Agroscope, Haras national suisse Avenches : publication à venir
- Druml T., Dobretberger M., and Brem G. The use of novel phenotyping methods for validation of equine conformation scoring results. *Animal* (2015) 9(06):1-10
- Europäisches Parlament, 2017: Verantwortliche Haltung und Pflege von Equiden. Entschliessung des Europäischen Parlaments vom 14. März 2017 zu der verantwortlichen Haltung und Pflege von Equiden (2016/2078(INI)), P8_TA-PROV(2017)0065.
- Frischknecht M., Neuditschko M., Jagannathan V., et al. Imputation of sequence level genotypes in the Franches-Montagnes horse breed. *Genetic Selection Evolution* (2014) 46:63
- Frischknecht M., Signer-Hasler H., Leeb T., et al. Genome-wide association studies based on sequence-derived genotypes reveal new QTL associated with conformation and performance traits in the Franches Montagnes Horse breed. *Animal Genetics* (2016) 47(2)

- Gonen S., Ros-Freixedes R., Battagin M., et al. A method for the allocation of sequencing resources in genotyped livestock populations. Genetic Selection evolution (2017) 49:47
- Hauswirth R., Hasse B., Blatter M., et al. Mutations in MITF and PAX3 cause "splashed white" and other white spotting phenotypes in horses. PLOS Genetics (2012) 8 e1002653
- Neuditschko M., Raadsma HW., Khatkar MS., et al. Identification of key contributors in complex population structures. PLOS ONE (2017) 12(5): e0177638
- Pellet, G. 2017: Betriebszweig Pferdezucht – was kostet es wirklich? Eine Vollkostenrechnung für das Schweizer Nationalgestüt von Agroscope. FHS St.Gallen.
- Purfield DC., Berry DP., McParland S., et al. Runs of homozygosity and population history in cattle. BMC Genetics (2012) 13:70
- Schaefer RJ., Schubert M., Bailey E., et al. Developing a 670k genotyping array to tag ~2M SNPs across 24 horse breeds. BMC Genomics (2017) 18:565
- Signer-Hasler H., Flury C., Haase B., et al. A genome-wide association study reveals loci influencing height and other conformation traits in horses. PLOS ONE (2012) 7(5): e37282

Teaser und Kurzzusammenfassung des Projektes für Kommunikation/Internet
 (Teasertext: max. 400 Zeichen; Kurzzusammenfassung: max. 800 Zeichen inkl. Leerzeichen)

Im Fachgebiet der Tiergenetik und -zucht unterstützt Agroscope die langfristige Erhaltung der genetischen Diversität sowie des Bestandes an Zuchttieren der Freibergerrasse nachhaltig. Die am Modell Pferd erarbeiteten Methoden im Bereich der Populationsgenetik können für andere Spezies angewendet werden.

Das Freibergerpferd ist die einzige heute noch existierende Pferderasse der Schweiz. Mit seinen Aktivitäten leistet Agroscope einen entscheidenden Beitrag zur langfristigen Sicherung der genetischen Diversität sowie der Bestände an Zuchttieren. Mittels den oben angeführten Forschungsprojekten identifizieren wir die genetischen Ursachen für wirtschaftlich wichtige Merkmale in der Pferdezucht (Verhalten, Morphologie und Fellfarbe) und entwickeln neue Methoden für eine optimierte Anpaarungsplanung auf genom-basierten Informationen. Um die Marktrelevanz und –akzeptanz des Freibergerpferdes in der Schweiz zu stärken, unterstützen wir die Akteure der Branche mit gezielten Projekten und Aktionen in den Bereichen Markt und Vermarktung.

Genehmigung des Projektes

Datum: 25.08.2017	Visum FGL:	RvN
Datum: 31.10.2017	Visum FBL / KBL:	slwa
Datum: 31.10.2017	Visum V SFF:	hehd



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Département fédéral de l'économie,
de la formation et de la recherche DEFR
Agroscope

Programme d'activité

N° de projet

PA 2018-2021

18.07.17.05.04

Désignation abrégée/acronyme du projet (max. 20 caractères)

Bienengenetik

N° Domaine

17

Systèmes de production Animaux et santé animale

N° Groupe

17.5

Bienen

Chef-fe de projet/suppléant-e

Benjamin Dainat / Vincent Dietemann

Durée du projet

Début du projet

Fin du projet

4 ans

2018

2021

Projet

Total des jours de travail sans fonds tiers	580
Contribution au CSR	7
Contribution à d'autres CSR	6

Enquête sur les besoins: contribution à la demande n°	7.31; 7.8; 7.9; 7.10
Le projet contient des travaux financés par des fonds tiers	<input checked="" type="checkbox"/> oui <input type="checkbox"/> non
Le projet contient une contribution à l'agriculture biologique	<input checked="" type="checkbox"/> oui <input type="checkbox"/> non

Titre dans la langue originale

Génétique et sélection de l'abeille

Génétique et sélection d'un abeille résistante aux agent pathogènes

Genetic and selection of a locally adapted bee and resistant to pathogens

honey bee, selection, breeding, genetic marker, resistance, varroa

Situation initiale et problématique

L'abeille est soumise à la pression de plusieurs maladie et parasites ce qui précarise sa survie. Les pertes importantes de ces dernières décennies peuvent en partie leur être attribuées. La lutte contre ces facteurs stressant est devenue un impératif pour conserver la santé de l'abeille mellifère européenne. Une alternative durable aux traitements serait de disposer d'une abeille naturellement résistante à ces menaces. Dans le cas du parasite Varroa, l'hôte originel, Apis cerana, réussi à cohabiter avec son parasite. En Europe et également en Suisse, il existe quelques colonies d'abeilles européennes capables de survivre à une infestation de Varroa. Ces cas de résistance sont importants pour mieux comprendre les mécanismes permettant à certaines colonies d'abeilles de survivre à Varroa.

Depuis quelques années déjà, certains groupements d'éleveurs de races d'abeilles ont introduit un critère de sélection dans leur programme qui tient compte de l'augmentation de l'infestation par Varroa dans les colonies au cours de la saison apicole. La mesure de ce critère est relativement aléatoire et laborieuse et la composante génétique de ce critère est peu connue.

La loque européenne est une maladie rependue dans certaines régions de Suisse et qui nécessite la destruction des colonies. Des travaux préliminaires réalisés à Agroscope dans le cadre d'une thèse, laisse supposer que la résistance à cette maladie a une composante génétique ouvrant la porte à la possibilité d'une sélection génétique.

Objectifs et questions de recherche
<ul style="list-style-type: none"> - Disposer d'une abeille résistante à Varroa et peu sensible à la loque européenne - Développer des critères de sélection fiables et applicable dans la pratique sur le terrain (héritabilité, corrélation génétique connue) - Déterminer des marqueurs génétiques devant faciliter la sélection d'une abeille résistante à Varroa et à la loque européenne - Conseiller les organisations d'élevage actives en Suisse

Contribution concrète au CSR n° 7 (décrire en quelques phrases la contribution concrète et les nouvelles connaissances relatives au CSR, en précisant clairement le lien thématique avec les questions de recherche formulées dans le CSR)
<p>Pour faire face aux différentes menaces qui affaiblissent l'abeille, notamment des agents pathogènes et des parasites, il est important de trouver une parade sous la forme d'une abeilles tolérante ou résistante adaptée aux conditions suisses. Nous voulons utiliser de nouveaux tests phénotypiques facilement quantifiables dans le terrain et les combiner avec des données génétiques.</p> <p>Nos allons travailler principalement avec l'abeille indigène (<i>Apis mellifera mellifera</i>) afin de favoriser la conservation et le développement des ressources génétiques de cette abeille.</p>
Contribution à max 3 autres CSR (décrire en quelques phrases la contribution concrète relative aux questions de recherche formulées dans le CSR)
<p>au CSR n° 6 : Amélioration de la santé de l'abeille par la sélection d'une abeille naturellement résistante aux maladies. Recours réduit à des produits vétérinaires.</p>

Utilité principale pour l'agriculture biologique (dans le cas d'une contribution, la décrire concrètement en quelques phrases)
<p>Abandon de l'usage de produits sanitaires pour lutter contre les maladies grâce à la sélection d'une abeille naturellement résistante aux maladies</p>

Matériel et méthodes (description sommaire)
<p>1st hypothesis : There is a variability of Varroa infestation level in <i>A. mellifera</i>, at the colony and apiary level, which is of genetic origin</p> <p>For the first part of the project, 15 to 20 colonies of Swiss <i>Apis mellifera mellifera</i> tested in 2016 by the Mellifera Association will be used as experimental material. These colonies had either low or high <i>V. destructor</i> infestation levels in 2016, so a variability seems to exist at the colony level.</p> <p>A performance testing will be performed, with several measures, including colony development, Varroa infestation and hygienic behaviour (removal of pin-killed pupae).</p> <p>Combining <i>V. destructor</i> population measures and measures of hygienic behaviour will help to understand if <i>A. mellifera</i> colonies with low <i>V. destructor</i> parasitism levels use hygienic behaviour as an active resistance strategy against this parasitic mite.</p> <p>2nd hypothesis : Susceptibility of brood of <i>A. mellifera</i> can be assessed in field conditions and identified as a new phenotype linked with low <i>V. destructor</i> infestation levels</p> <p>In the related Asian honey bee species <i>Apis cerana</i>, the ability of brood to die when infested by <i>V. destructor</i> (susceptibility to an external stress) has been identified (PAGE et al., 2016). Because infested pupae die before reproduction of <i>V. destructor</i>, it is suggested that such mechanisms of 'social apoptosis' could limit the amount of mites successfully performing reproduction, limiting the parasitic pressure. The presence or absence of similar mechanisms needs to be investigated in <i>Apis mellifera</i>, here by taking the example of the <i>A. m. mellifera</i> population. Susceptibility will be measured experimentally by applying stress factors to developing brood, and data will then be compared with the infestation levels to look for correlations. Selecting potential stress factors is currently the aim of a master thesis at Agroscope. The first studies to set the testing protocol will be performed on the experimental colonies of <i>A. m. mellifera</i>, then more colonies will be evaluated in beekeeper's apiaries, if susceptibility of brood seems to be a good predictive marker for infestation levels after the preliminary experiment.</p> <p>This test will ideally provide information on new putative resistance mechanisms towards Varroa destructor as well as practical colony evaluation application for the beekeeping sector.</p> <p>3rd hypothesis : Colonies showing low <i>V. destructor</i> infestation can be identified by marker-associated genomic analyses with a view to breeding resistant bees</p> <p>The genome of colonies identified as being potentially resistant to <i>V. destructor</i> in the 2 previous steps (low infestation combined associated with low mite reproduction or brood susceptibility) will be investigated by whole genome analysis in order to look for genetic markers associated with resistance against <i>V. destructor</i>. Measures will then be done at a larger scale (N=200) in the field within the Swiss <i>A. m. mellifera</i> population, and drones from the <i>A. m. mellifera</i> colonies will be used as material for the genome analysis. For this purpose phenotypic criteria (<i>V. destructor</i> popu-</p>

lation, brood susceptibility...) will also be measured on the colony. Because the proof of a genetic origin of resistant phenotypes is necessary to breed for resistance, the identified markers could then be used in breeding programs in the frame of future projects.

Bibliographie (toutes dernières connaissances / ne citer que quelques publications propres et étrangères scientifiques et axées sur la pratique)

- Büchler R., Berg, S. and Leconte Y. (2010) Breeding for resistance to Varroa destructor in Europe. *Apidologie*, 41, 393 – 408
- De la Rúa P, Jaffé R, Dall'Olio R, Munoz I, Serrano J (2009) Biodiversity, conservation and current threats to European honeybees. *Apidologie*, 40, 263–284.
- Le Conte, Y., Ellis, M. and Ritter, W. (2010) Varroa mites and honey bee health: can Varroa explain part of the colony losses? *Apidologie* 41: 353–363.
- Locke, B. Natural Varroa mite-surviving *Apis mellifera* honeybee populations. *Apidologie* (2016) 47: 467
- Page P, Lin Z, Buawangpong N, Zheng H, Hu F, Neumann P, Chantawannakul P, Dietemann V. (2016) Social apoptosis in honey bee superorganisms. *Sci Rep.* Jun 6; 6:27210.
- Parejo M, Wragg D, Gauthier L, Vignal A, Neumann P and Neuditschko M (2016) Using Whole-Genome Sequence Information to Foster Conservation Efforts for the European Dark Honey Bee, *Apis mellifera mellifera*. *Front. Ecol. Evol.* 4:140.
- Rosenkranz P, Aumeier P, Ziegelmann B. (2010) Biology and control of Varroa destructor. *J Invertebr Pathol*

**Teaser et résumé succinct du projet pour la communication/Internet
(Teaser: max. 400 caractères; résumé succinct: max. 800 caractères, espaces inclus)**

L'abeille est soumise à l'action de nombreux parasite et agents pathogènes qui altèrent sa santé et ses chances de survie. La recherche d'abeilles naturellement résistantes à ces menaces parmi les abeilles indigènes bien adaptées aux conditions locales serait la façon la plus durable de résoudre ces problèmes sanitaires. Des critères de sélection pertinents doivent être développés et testés.

L'abeille mellifère est périodiquement soumise à d'anciennes maladies mais également à de nouveaux parasites provenant d'autres régions du monde. La lutte entreprise par les apiculteurs est lourde à mettre en place et malgré cela des pertes de colonies parfois importantes et récurrentes sont enregistrées. Est-il possible par un travail de sélection de trouver une abeille qui pourrait d'elle-même faire face à ces menaces? Cette résistance est-elle transmissible d'une génération à une autre et a-t-elle des conséquences négatives sur d'autres caractéristiques souhaitées? Sur quel critère peut-on sélectionner simplement une résistance? Dans ce projet, nous cherchons à répondre à ces questions en partant sur une population d'abeilles indigènes (*Apis mellifera mellifera*) adaptées aux conditions de la Suisse.

Approbation du projet

Date: 4.09.2017	Visa R GR: crjd
Date: 31.10.2017	Visa R DR / R DC: hehd
Date: 31.10.2017	Visa R CSR: hehd