

Analyse génomique de l'abeille mellifère suisse

Auteurs : Melanie Parejo et Markus Neuditschko

**Agroscope, Centre de recherche apicole, Schwarzenburgstr. 161, 3003 Berne
Institut pour la santé des abeilles, Université de Berne**

Introduction

Dans une étude¹ conjointe d'Agroscope et de l'Université de Berne publiée récemment, des chercheuses et des chercheurs ont étudié la structure de la population et la diversité génétique de l'abeille mellifère suisse au moyen du séquençage génomique. Il a été aisé de différencier les races d'abeilles mellifères présentes en Suisse (Mellifera, Carnica et Buckfast) les unes des autres grâce aux informations génétiques (ADN) (Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), autrement dit Snips) du génome complet. Les populations suisses affichent par ailleurs une diversité génétique élevée, facteur important pour l'adaptation à un environnement en mutation.

Histoire de l'évolution des abeilles mellifères

Notre abeille mellifère a son origine très probablement en Asie, où elle est apparue simultanément à d'autres espèces d'*Apis* il y a environ six à neuf millions d'années². Puis, il y a à peu près un million d'années, partant de l'Asie, l'abeille mellifère (*Apis mellifera*) s'est répandue jusqu'en Afrique et en Europe où elle a dû s'adapter aux conditions de son nouvel environnement. Ce processus d'adaptation a généré quatre grandes lignées d'évolution : la lignée M (Europe de l'Ouest et du Nord), la lignée C (Europe de l'Est), la lignée O (proche Orient et Asie centrale) et la lignée A (Afrique)³.

L'habitat naturel de l'abeille mellifère s'étend donc de la pointe sud de l'Afrique jusqu'au sud de la Scandinavie en passant par la savane, la forêt tropicale, le désert et la Méditerranée. Compte tenu d'une telle diversité d'habitats naturels, de conditions climatiques, de flore et de faune, il n'est guère étonnant que de nombreuses sous-espèces se soient développées, toutes extrêmement bien adaptées à leur environnement grâce à des propriétés particulières. A l'heure actuelle, plus de 28 sous-espèces d'abeilles mellifères ont été décrites⁴.

En Suisse, on dénombre quatre sous-espèces ou races d'abeilles mellifères : l'abeille mellifère noire indigène (*Apis mellifera mellifera*, abrégée Mellifera), l'abeille mellifère Carnica (*Apis mellifera carnica*, abrégée Carnica), l'abeille mellifère italienne (*Apis mellifera ligustica*, abrégée Ligustica) et la Buckfast. La première de ces races, la Mellifera, appartient à la lignée M, alors que la Carnica, la Ligustica et la Buckfast à la lignée C.

La présente étude avait pour objectif de relever la structure actuelle de la population et la diversité des abeilles mellifères suisses de même que de déterminer le degré d'hybridation, autrement dit de croisement, entre les différentes races. Par la suite, de nouveaux marqueurs génétiques susceptibles d'être utilisés pour la sélection d'abeilles mellifères suisses ont été analysés.

Information génomique de 120 faux-bourçons suisses séquencés

En collaboration avec les sociétés d'apiculture, des échantillons de couvain de faux-bourçons provenant de toute la Suisse de même que de différentes races d'abeilles mellifères ont été récoltés en 2014. Grâce au décryptage du génome de l'abeille mellifère en 2006 et à la rapide évolution des technologies de séquençage de l'ADN, il est aujourd'hui possible de séquencer des génomes entiers à un prix abordable. 120 génomes de faux-bourçons suisses ont été séquencés au moyen des nouvelles technologies de séquençage. D'autres données de séquençage de 31 faux-bourçons provenant de Savoie, à proximité de la frontière suisse, nous ont été fournies par nos partenaires scientifiques français (INRA Toulouse). Ainsi, nous avons pu analyser les séries de données de 151 génomes de faux-bourçons. Après un traitement bioinformatique des données de séquençage, nous avons pu cartographier plus de 3,3 millions de marqueurs génétiques (autrement dit SNPs) sur le génome des abeilles et les utiliser pour relever la structure de la population et calculer leur diversité génétique.

Différence significative entre l'abeille mellifère de la lignée M et celle de la lignée C

L'illustration 1 présente une analyse des principaux composants dans laquelle chaque point représente une abeille séquencée. On observe une différence claire et significative entre l'abeille de la lignée C et celle de la lignée M sur le premier composant, différence qui explique en grande partie la variance (>95 %). Toutefois, d'autres structures apparaissent sur le deuxième composant, structures permettant de différencier la Carnica de la Buckfast de même que la population suisse d'abeilles Mellifera de la population savoyarde.

Sur la figure 2, la structure de population des abeilles mellifères suisses est représentée sous la forme d'un réseau. L'origine de chaque abeille est représentée par un diagramme en secteurs. Les lignes de connexion représentent le degré de parenté génétique entre les différentes abeilles ; plus la ligne est épaisse, plus le lien de parenté est étroit. Cette structure en

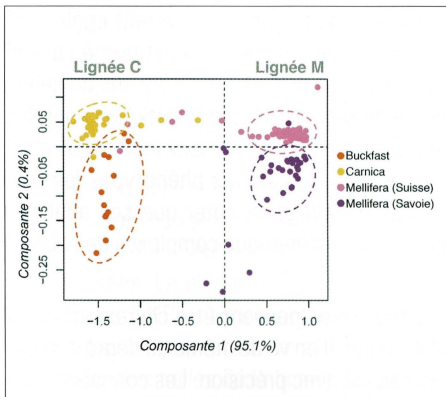


Illustration 1. L'analyse des composants principaux différencie clairement la lignée M de la lignée C.

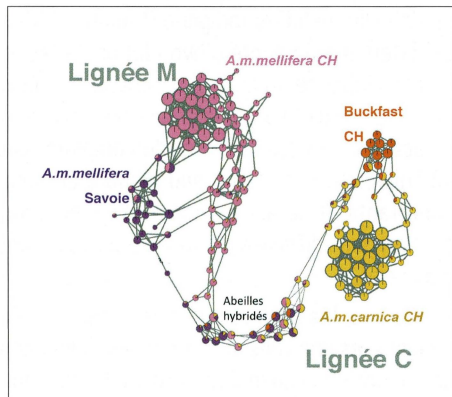


Illustration 2. L'analyse en réseau montre une structure de population détaillée et le degré d'hybridation.

réseau permet de reconnaître aisément les populations des différentes races d'abeilles. Les abeilles hybrides avec une origine mixte (différentes couleurs dans le diagramme en secteurs) se situent clairement entre les abeilles de la lignée M et celles de la lignée C. Les analyses ont par ailleurs montré que les abeilles Buckfast sont génétiquement étroitement apparentées aux abeilles Carnica. Il a également été possible de mettre en évidence une sous-structure intéressante entre l'abeille *Mellifera* provenant de France et celle venant de Suisse.

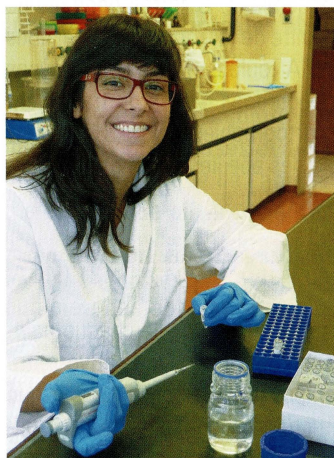


Illustration 3. Melanie Parejo analyse l'ADN des abeilles mellifères suisses.

Faible hybridation et diversité génétique élevée

Le degré d'hybridation entre l'abeille mellifère indigène (*Mellifera*) et les abeilles de la lignée C (Buckfast et Carnica) est en général faible et la plupart des échantillons ont pu être attribués sans équivoque à une race. Par ailleurs, la diversité génétique des différentes populations a été déterminée. Elle est élevée pour toutes les sous-espèces analysées et est comparable à celle relevée dans d'autres études déjà publiées portant sur la diversité des lignées M et C. Il est réjouissant de constater qu'en Suisse, on ne trouve aucune trace de consanguinité. La diversité génétique la plus élevée a été relevée dans la population de Buckfast. Vu que celle-ci est issue d'un croisement entre différentes races, ce résultat était à prévoir.

Marqueurs génétiques pour une application dans l'élevage de race

Nous avons également pu démontrer qu'il était possible, avec une sélection de seulement 50 marqueurs génétiques (SNPs), de différencier les abeilles de la lignée C (Carnica et Buckfast) de l'abeille mellifère indigène (*Mellifera*). Ces marqueurs génétiques permettent également de déterminer le degré d'hybridation de façon très précise et pourraient constituer à l'avenir en conséquence un outil bon marché et précis, susceptible d'être utilisé à des fins de sélection. Plus tard, il sera également possible de développer des marqueurs génétiques pour des objectifs d'élevage ciblés et de compléter ceux-ci. Il sera cependant nécessaire à cet effet de collecter encore un grand nombre de données très précises sur les phénotypes les plus importants et de les introduire dans les programmes d'élevage. A noter que ces analyses sont rendues difficiles par la biologie de l'accouplement et la génétique complexes de l'abeille mellifère.

En résumé, les différentes sous-espèces d'abeilles mellifères peuvent être clairement différenciées les unes des autres par le séquençage génomique. Il en va de même du degré d'hybridation entre la lignée C et la lignée M qui peut être calculé avec précision. Les connaissances issues de cette étude et les données générées de plus de 3 millions de SNPs par abeille forment la base pour de futures études génétiques du Centre de recherche apicole. Il est réjouis-

sant de constater que toutes les populations présentent une diversité génétique élevée. Le maintien de celle-ci est important, car elle permettra aux abeilles de s'adapter aux modifications futures de leur environnement et de résister aux nouvelles maladies et parasites.

Remerciements

Nous saisissons l'occasion pour remercier encore une fois tous les apiculteurs et apicultrices qui ont participé à cette étude en nous envoyant des échantillons. Nos remerciements vont également aux nombreuses associations d'élevages SAR, VSMB, SCIV, BIVS et CETA (Savoie). Par ailleurs, nous remercions l'Office fédéral de l'agriculture et la fondation Sur-la-Croix pour leur soutien financier.

Bibliographie

1. 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. doi: 10.3389/fevo.2016.00140
2. Han, F., Wallberg, A., and Webster, M.T. (2012). From where did the Western honeybee (*Apis mellifera*) originate? *Ecology and Evolution* 2, 1949-1957.
3. Ruttner, F. (1988). *Biogeography and taxonomy of honeybees*. Berlin : Springer Verlag.
4. Meixner, M.D., Pinto, M.A., Bouga, M., Kryger, P., Ivanova, E., and Fuchs, S. (2013). Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of *Apis mellifera*. *Journal of Apicultural Research* 52.

Analyse SNP

On entend par génome l'ensemble des informations génétiques d'un organisme. Celles-ci sont codées au moyen des bases A, T, G et C (lettres du code génétique) et se trouvent dans l'ADN de chaque cellule. Le génome de l'abeille mellifère se compose de 247 millions de paires de bases. En comparaison, le génome humain se compose quant à lui de 3 milliards de paires de bases. Dans une population, les variantes génétiques provenant des différences au niveau des paires de bases sont appelées des SNPs (anglais: Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs); prononcé « Snips »). Les SNPs caractérisent une variation dans une paire de bases (AG → AA) et décrivent ainsi le plus petit écart dans le code génétique. Nous avons pu ainsi localiser au moyen d'un séquençage complet de 151 faux-bourçons au total 3,3 millions de SNPs dans le génome. Ces SNPs caractérisent la variation génétique entre les abeilles mellifères analysées. La plupart des SNPs se trouvent dans toutes les populations. Cependant, certains SNPs s'expriment davantage ou uniquement dans une population donnée. Nous avons identifié de tels SNPs, spécifiques d'une population, entre les abeilles de la lignée M et celles de la lignée C. Ils peuvent désormais être utilisés comme marqueurs génétiques pour déterminer l'origine d'une abeille ou d'une colonie.