

Regard sur le passé grâce à l'analyse du génome des abeilles de musée

Mélanie Parejo & Jean-Daniel Charrière

Centre de recherche apicole, Agroscope, 3003 Berne

Lab. Genetics, University of the Basque Country (UPV/EHU), Leioa, Espagne

Introduction

Dans une étude du Centre de recherche apicole réalisée en collaboration avec l'Université de Bilbao, des chercheuses et chercheurs ont étudié, à l'exemple de l'abeille mellifère suisse, dans quelle mesure les changements qui ont eu lieu dans la pratique apicole et agricole ainsi que dans l'environnement ont influencé la diversité génétique au cours du siècle dernier et les traces qu'ils ont laissées dans le génome des abeilles.

Au cours du siècle dernier, l'abeille domestique a dû s'adapter à de nombreux changements environnementaux et à de nouvelles méthodes d'exploitation agricole et apicole. Il ne fait aucun doute que le plus grand défi a été l'arrivée de l'acarien varroa dans les années 1980, qui non seulement a fortement modifié la pratique apicole - désormais, un traitement annuel des colonies infestées est indispensable - mais qui a aussi fortement décimé les colonies sauvages d'abeilles mellifères dans l'ensemble de l'Europe. Le déclin de ces populations qui s'en est suivi et les pertes annuelles récurrentes et parfois élevées de colonies d'abeilles domestiques, pourraient avoir eu un impact non négligeable sur la diversité génétique des populations d'abeilles mellifères. Un tel effondrement de la population peut entraîner une perte de diversité génétique et porter préjudice au potentiel d'adaptation à long terme nécessaires pour faire face aux futurs changements de l'environnement.

L'agriculture a connu une intensification importante dans la seconde moitié du 20^e siècle, associée à des changements drastiques dans l'utilisation des terres et à l'emploi plus fréquent de produits phytosanitaires, entraînant un déclin important de la biodiversité parmi les insectes (Sánchez et al., Biological Conservation, 2019). L'apiculture s'est elle aussi intensifiée avec une utilisation accrue de produits chimiques, notamment pour lutter contre l'acarien varroa. Tant les produits utilisés dans la ruche que ceux utilisés dans l'agriculture peuvent s'accumuler au cours des années dans la cire d'abeille et avoir à long terme un impact sur la santé des colonies d'abeilles. Par ailleurs, l'apiculture a connu au cours de la même période, une professionnalisation rapide, qui s'est traduite par la croissance de l'apiculture transhumante, de l'élevage (avec une augmentation des efforts déployés en matière de sélection) ainsi que des importations de reines et de colonies provenant d'autres régions.

On peut supposer que le déclin drastique des colonies sauvages d'abeilles mellifères et l'intensification des pratiques agricole et apicole au cours des dernières décennies ont affecté la

diversité génétique et l'identité des populations d'abeilles mellifères indigènes et ont laissé des traces de sélection dans le génome. Les échantillons d'avant cette période représentent une possibilité idéale d'étudier ces changements dans le génome de l'abeille. Or, les spécimens de musée se prêtent particulièrement bien à cette étude. Grâce aux progrès techniques, il est aujourd'hui possible de prélever suffisamment de matériel génétique (ADN) pour effectuer un séquençage (détermination de la suite des acides aminés formant l'ADN) du génome des abeilles historiques.

Etude de cas en Suisse: l'abeille noire, *Apis mellifera mellifera*

Pour cette étude, nous avons examiné des abeilles conservées au Musée d'histoire naturelle de Berne et datant des années 1879 à 1959. Elles nous ont été aimablement mises à disposition par le conservateur Hannes Baur. Il s'agit de spécimens de l'abeille noire (*Apis mellifera mellifera*), car avant les années 1950, la *Carnica* et d'autres races n'étaient pas très répandues sur le versant nord des Alpes suisses. Nous avons prélevé uniquement les pattes arrière des abeilles pour en extraire l'ADN, afin de préserver la précieuse collection d'abeilles du Musée d'histoire naturelle de Berne. Nous avons réussi à prélever suffisamment de matériel sur un total de 22 abeilles pour effectuer le séquençage. Les données de séquençage des abeilles de musée ont ensuite été comparées aux données des abeilles *A. m. mellifera* de 2014, présentées dans notre étude précédente (RSA 06/2017). Notre objectif était d'étudier les différences de diversité génétique, de l'ascendance maternelle (ADN mitochondrial), d'hybridation (croisement avec d'autres races) et de signatures de sélection. Les populations historiques et contemporaines se distinguent par une exposition différente à des facteurs naturels et anthropiques: agents pathogènes prédominants, pratiques apicole et agricole (par exemple, utilisation de pesticides). Aujourd'hui, les abeilles domestiques sont fortement dépendantes de la gestion humaine, et leur composition génétique est donc influencée par la pratique apicole, le commerce et la sélection. Elles ont également été exposées aux importants changements dans l'utilisation des terres et aux récentes pratiques agricoles. Jusque dans les années 1950, dans de nombreuses régions, l'apiculture était beaucoup moins intensive et plus proche des conditions environnementales naturelles; la sélection était peu pratiquée et on recourait principalement



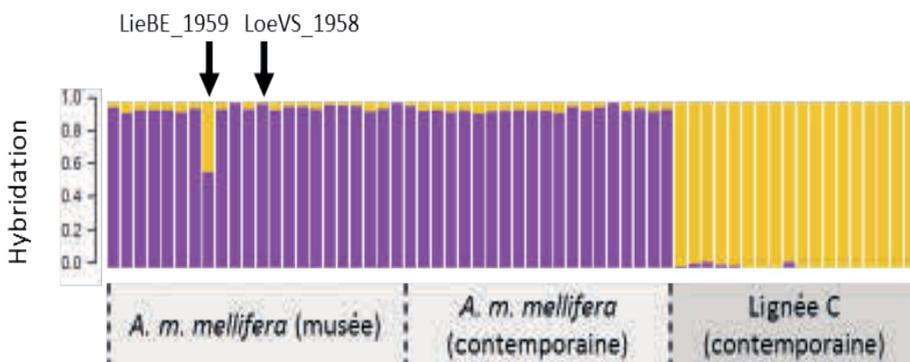
Abeilles conservées au musée.

à la reproduction par l'essaimage, en échange génétique constant avec la population sauvage d'abeilles, qui était plus importante qu'aujourd'hui.

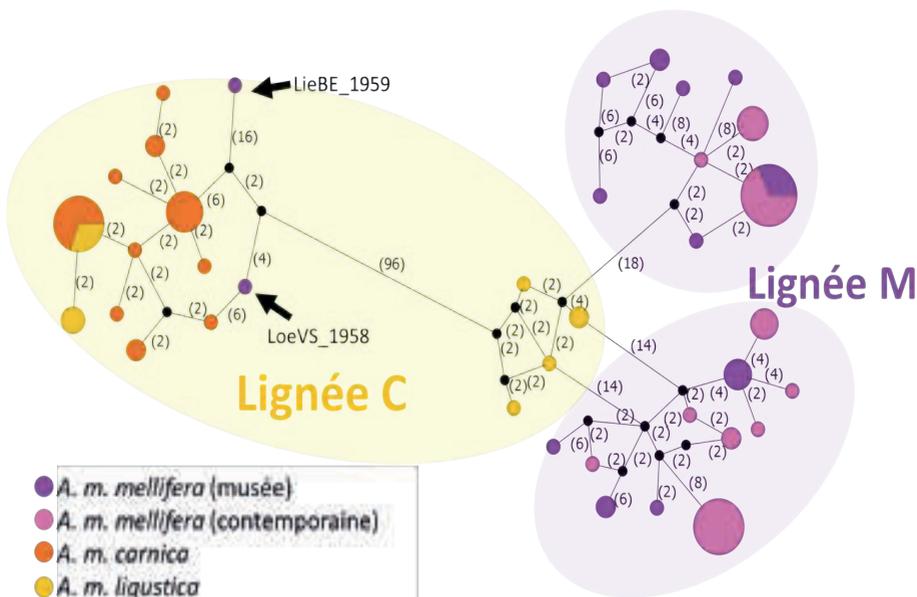
Hybridation et ascendance maternelle

En utilisant les données de séquençage des abeilles de musée et des abeilles contemporaines, la première étape a consisté à effectuer une analyse d'hybridation (voir figure 1). Résultat : toutes les abeilles de musée examinées, sauf une, sont de race pure *A. m. mellifera*. L'un des échantillons, prélevé en 1959 dans la région de Liebefeld (LieBE_1959), est un croisement avec la lignée C. L'analyse de l'ascendance maternelle (ADN mitochondrial) a montré que deux abeilles de musée présentaient une ascendance maternelle de la lignée C. L'une d'elle est l'abeille LieBE_1959, qui est déjà hybridée dans le génome du noyau cellulaire (présence de gènes d'une autre race). L'autre échantillon (LoeVS_1958) a été prélevé en 1958 dans le Lötschental, dans les Alpes valaisannes (voir flèches dans la figure 2). Le Lötschental se trouve sur la voie de communication nord-sud traditionnelle qui traverse les Alpes suisses. L'ascendance maternelle C dans l'échantillon pourrait donc venir d'Italie. Cependant, dans l'analyse d'hybridation du génome, l'échantillon LoeVS_1958 est de race pure *A. m. mellifera*, ce qui suggère que le croisement a eu lieu plusieurs générations plus tôt.

Il n'est pas surprenant que le seul échantillon hybride (LieBE_1959) provienne de Liebefeld, puisque le Centre de recherche apicole avait des programmes d'élevage et de sélection de différentes races à partir de la fin des années 1950. A cette époque, la station de recherche de Liebefeld disposait de ruchers d'essai dans lesquels des reines non indigènes ont été testées. Cependant, nous n'avons pas pu détecter d'hybridation supplémentaire chez les autres abeilles de musée, ce qui signifie que l'introduction de races non indigènes n'était pas encore très répandue et que leur influence ne représentait probablement pas une menace significative pour la structure génétique et l'intégrité des abeilles indigènes, étant donné la densité beaucoup plus élevée d'*A. m. mellifera*.



Valeurs d'hybridation basées sur l'ensemble du génome. Chaque barre représente une abeille et la couleur représente le pourcentage de rattachement génétique à la lignée M (violet) et C (jaune). Exemple : si la barre est complètement jaune, l'abeille est attribuée à 100% au groupe C. *A. m. camica* et *A. m. ligustica* sont étroitement apparentées et appartiennent toutes deux à la lignée C. *A. m. mellifera* appartient elle à la lignée M.



Ascendance maternelle basée sur l'ADN mitochondrial. Deux abeilles de musée, LieBE_1959 et LoeVS1958, ont une ascendance maternelle qui peut être associée à la lignée C. Les chiffres entre parenthèses indiquent le nombre de différences (paires de base) entre deux échantillons. Un petit rond représente un échantillon, un rond plus grand représente plusieurs échantillons.

Diversité génétique

Pour la santé et la vitalité des colonies d'abeilles, une diversité génétique élevée est importante afin que les abeilles puissent s'adapter à leur environnement. Dans notre étude, nous avons donc supposé que les spécimens de musée avaient une plus grande diversité génétique que la population contemporaine d'*A. m. mellifera*. C'est ce à quoi nous nous attendions, car avec l'arrivée de l'acarien varroa, les colonies sauvages d'abeilles mellifères ont pratiquement disparu, entraînant un déclin de la population. En outre, la sélection était encore peu développée à cette époque. L'objectif de l'élevage étant de renforcer les caractéristiques souhaitables et d'éliminer les caractéristiques indésirables, tous les efforts de sélection s'accompagnent donc inévitablement d'un déclin de la diversité génétique au sein de la population. Or, contrairement à nos attentes, nous n'avons trouvé aucun indice d'une perte marquée de diversité génétique chez les abeilles mellifères suisses et avons constaté que la diversité génétique était non seulement égale, mais même légèrement supérieure, très probablement en raison des pratiques apicoles modernes. Autrement dit, le déclin de la population n'a pas conduit à une réduction de la diversité génétique dans la population suisse actuelle d'*A. m. mellifera*; celle-ci possède toujours le potentiel génétique nécessaire pour s'adapter aux changements futurs de l'environnement. A noter cependant que nous n'avons séquencé que 22 abeilles de musée, cette affirmation repose donc sur un échantillon limité.

Signatures de sélection entre abeilles contemporaines et abeilles de musée

En comparant les données de séquençage des abeilles contemporaines avec celles des abeilles de musée, il est possible de constater des différences entre les deux populations dans certains gènes ou portions de génome. Ces différences peuvent résulter d'une pression de sélection, qu'elle soit naturelle ou induite par l'homme (élevage). Lors de cette analyse, nous avons pu identifier un grand nombre de gènes significativement différents et remplissant diverses fonctions moléculaires et biologiques importantes.

Le groupe de gènes le plus fortement représenté contient des protéines de la superfamille des immunoglobulines. Ces protéines sont capables de reconnaître d'autres cellules et d'y adhérer. Elles sont impliquées dans un grand nombre de fonctions, notamment la reconnaissance intercellulaire, la structure musculaire, les récepteurs membranaires et le système immunitaire. Il a été démontré chez d'autres insectes que les membres de cette famille de gènes sont surexprimés - c'est-à-dire synthétisés de manière accrue - pendant une infection. Il se pourrait donc que cette signature de sélection chez les abeilles suisses soit due à de nombreux nouveaux parasites et agents pathogènes. Par exemple, le varroa a introduit de nouveaux virus caractérisés par une virulence élevée. De même, le parasite intestinal *Nosema ceranae* a été introduit en Europe assez récemment. En Suisse, la loque européenne est à nouveau relativement répandue depuis plusieurs décennies. Il est donc tout à fait envisageable que les abeilles aient dû s'adapter à ces nouveaux défis et que ces adaptations soient désormais visibles dans le génome.

Un autre groupe de gènes fortement représenté, qui se différencie significativement entre abeilles contemporaines et abeilles de musée, est le groupe des gènes relatifs aux neurotransmetteurs et de ceux associés au système nerveux, dont cinq récepteurs nicotiques de l'acétylcholine (nAChR), un récepteur d'acide gamma-aminobutyrique et deux récepteurs de glutamate. Ces protéines sont la cible de plusieurs insecticides utilisés comme produits phytosanitaires ou biocides : les néonicotinoïdes se lient aux nAChRs ; les récepteurs GABA sont des cibles des composés organochlorés (par exemple l'endosulfan, la dieldrine) ainsi que du fipronil, qui cible également les récepteurs du glutamate. En Suisse, la dieldrine a été interdite en 2004 et les composés organochlorés ne sont plus utilisés, mais ont été largement employés dans l'agriculture dans les années 1950 et 1960 en raison de leur efficacité. Ils pourraient donc avoir exercé une forte pression de sélection sur les abeilles. La première génération de néonicotinoïdes a été utilisée en agriculture dans les années 1990. L'UE et la Suisse ont désormais interdit l'utilisation des trois néonicotinoïdes les plus toxiques pour les abeilles domestiques, avec quelques exceptions. En ce qui concerne les récepteurs GABA, des études ont montré que le thymol interagit également chez les insectes avec les récepteurs GABA. Lorsque du thymol est appliqué dans la ruche, les abeilles sont en contact direct avec cette substance, ce qui peut également exercer une pression de sélection.

Dans l'ensemble, nos résultats indiquent que nos abeilles ont dû s'adapter rapidement à de nouveaux défis, notamment à l'utilisation accrue de produits chimiques dans l'agriculture et l'apiculture modernes ainsi qu'à l'arrivée de nouvelles maladies et de nouveaux parasites.

Ces adaptations ont laissé des traces dans le génome de la population d'*A. m. mellifera* étudiée. Grâce au séquençage du génome, nous avons pu observer une petite parcelle de cette évolution - Comme c'est passionnant !

Cette étude a été récemment publiée dans la revue scientifique Genome, Biology and Evolution et peut être consultée à l'adresse suivante: <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa188>

Parejo M, Wragg D, Henriques D, Charrière JD, Estonba A. Digging into the genomic past of Swiss honey bees by whole-genome sequencing museum specimens (2020). Genome Biology and Evolution.

Apiculture ici et ailleurs

Des abeilles résistantes au varroa ? Une visite sur l'île de Gotland

Rainer Baudendistel, Saint-Gall (rbaudendistel@hotmail.com)

En 2019, la Schweizerische Bienen-Zeitung a publié à deux reprises des articles parlant du projet de Gotland^{1,2}. Elle mentionnait dans ces articles que sur l'île suédoise de Gotland, située en mer Baltique, plus de deux douzaines de colonies se débrouillaient sans traitement contre le varroa depuis la fin des années 1990. Ce projet a également fait l'objet de commentaires très positifs durant les journées apicoles à Donaueschingen.



L'apiculteur professionnel Åke Lyberg s'occupe des abeilles du projet depuis 1999 sur Gotland.