



# Le génome de l'abeille est séquencé

Renaud LAVEND'HOMME

Renaud.Lavendhomme@med.kuleuven.be

C'est dans l'édition du 26 octobre 2006 de la prestigieuse revue *Nature* que le consortium de laboratoires collaborant au séquençage du génome de l'abeille a annoncé cette nouvelle, l'abeille étant du coup le cinquième insecte et surtout le premier hyménoptère à avoir été séquencé. La séquence d'ADN a été analysée à partir des mâles produits par une seule reine obtenue aux ruchers Bee Weaver au Texas et, depuis le début du projet, il a fallu pas moins de 14 millions de lectures morceau par morceau pour reconstituer les 236 millions de paires de base formant la séquence quasi complète du génome de l'abeille (16 chromosomes).

« Avoir ce génome (\*voir glossaire p.32) en détail est une étape fondamentale pour comprendre le fonctionnement de ce royaume animal » a dit Francis Collin, qui a financé pour partie le travail de séquençage. Il est responsable du National Human Genome Research Institute du Maryland. Et en effet, la publication du génome de l'abeille a depuis inspiré des dizaines de nouvelles découvertes suivies de publications dans des revues scientifiques.

Les 10.157 gènes déjà identifiés contiennent des indices pour la compréhension de la physiologie et l'évolution de l'abeille mais aussi pour d'autres insectes ou même des animaux vertébrés. C'est en exploitant les données du séquençage qu'une équipe de chercheurs allemands de l'université de Cologne suggère que la branche évolutive des hyménoptères a quitté plus tôt que précédemment évoqué la lignée des insectes holométaboles (insectes qui présentent au moins une

métamorphose complète) et que donc la branche contenant les abeilles et guêpes précède celle du scarabée rouge de la farine (Fig. 1) (publication dans *Genome Research*, novembre 2006).

Une autre nouveauté intéressante pour la phylogénie de l'abeille, c'est que le séquençage a permis d'identifier de nouveaux marqueurs de l'ADN génomique de l'abeille. Pas moins de 1.136 de ces nouveaux marqueurs (appelés SNP pour single nucleotide polymorphism) ont été validés et ont été utilisés pour typer 328 échantillons d'abeille provenant de 10 sous-espèces d'abeille. Ce typage génétique a révélé 4 groupes de sous-espèces analogues avec les 4 lignées évolutives M, C, O et A définies par Ruttner (par analyse morphométrique) et compatibles avec l'analyse de l'ADN mitochondrial de Garnery. De manière surprenante, la lignée évolutive M (abeille de l'Europe de l'Ouest et du Nord) est génétiquement plus proche de l'abeille africaine que de l'abeille de l'Europe de l'Est (*carnica*,

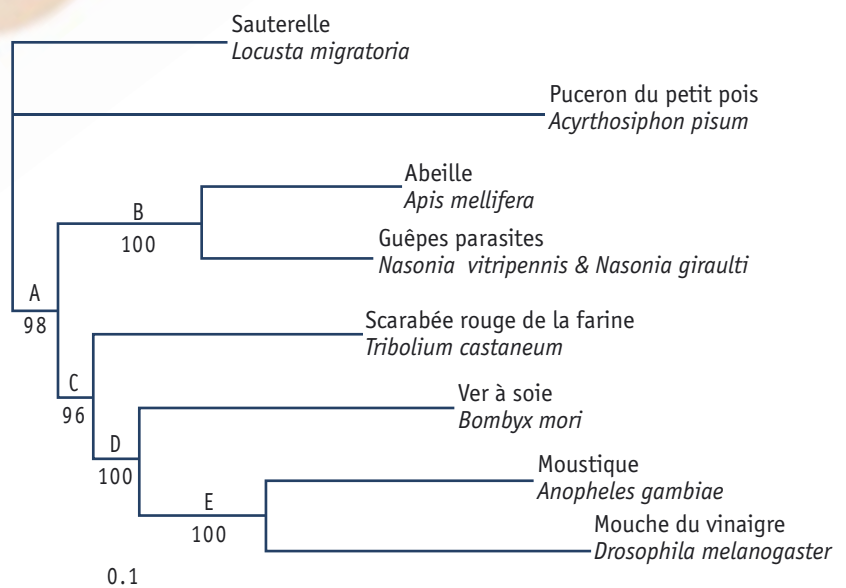


Fig. 1 Phylogénie des insectes holométaboles telle qu'analysée par l'équipe de l'université de Cologne (*Genome Research*, Vol. 16, issue 11, Nov. 2006). (*Nature*, Vol. 443, Nov. 2006)



*ligustica*, *macedonica*), pourtant géographiquement plus proche. Les résultats de cette analyse indiquent une origine africaine d'*Apis mellifera*, avec au moins deux migrations séparées vers l'Eurasie (Fig. 2) : une première migration via la péninsule Ibérique, qui s'est étendue à l'Europe de l'Ouest et du Nord et une - ou plusieurs - migrations vers l'Asie, l'Europe de l'Est et le sud des Alpes. Cette analyse historique de la migration des populations d'abeilles à travers les âges et plus récemment (africanisation de l'abeille européenne dans le nouveau monde) a par ailleurs fait l'objet d'une publication à part dans l'édition du 27 octobre de la revue Science.

Mais les plus grandes avancées sont attendues dans la compréhension du comportement social du point de vue génétique. En effet, la ruche est organisée autour d'une reine et les ouvrières, durant leur vie, transitent par différentes tâches, depuis le travail de soin donné aux larves jusqu'au travail de butinage en passant par le gardiennage, et tout cela avec un cerveau de seulement 1 million de neurones. Grâce au travail de séquençage, et en utilisant des techniques bien particulières, les chercheurs sont maintenant capables de déterminer quels gènes, parmi 5.500 étudiés, sont actifs chez la jeune abeille et lesquels sont affectés par l'hormone juvénile, un médiateur clé dans la maturation du comportement de l'abeille. Cette dernière étude est parue récemment dans l'édition du 31 octobre de la revue PNAS, renommée s'il en est. D'autres chercheurs ont publié dans l'édition du 27 octobre de Science la découverte *in silico*\*, et toujours grâce au travail de séquençage, de pas moins de 100 nouveaux neuropeptides, dont on connaît le rôle dans la modulation du comportement.

Le consortium a déjà pu comparer le contenu du génome avec celui de deux autres insectes dont le génome a été séquencé et qui ne sont pas des insectes sociaux (la mouche drosophile et le moustique). Les abeilles ont, de loin, plus de gènes impliqués dans le codage pour les récepteurs olfactifs, mettant en évidence l'énorme rôle de ce sens dans la détection des phéromones, la reconnaissance des autres membres de la colonie, ou le repérage de ressources florales. Par contre, il semble que le style de vie en société ait fait dis-

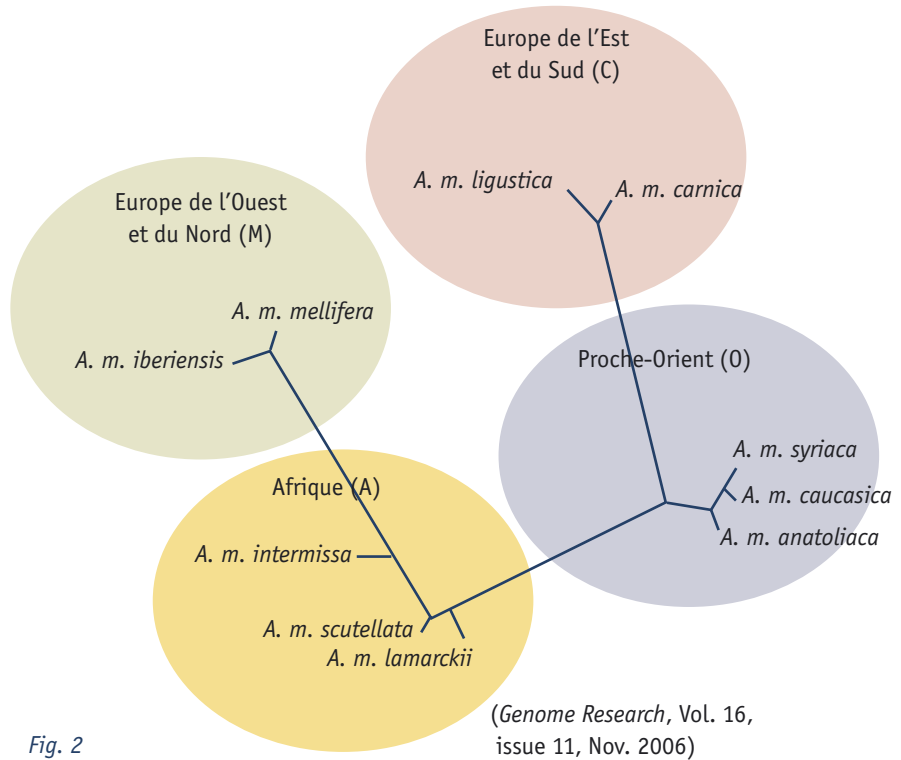


Fig. 2 Lignées évolutives analysées avec les nouveaux marqueurs SNP. Les 10 sous-espèces analysées sont regroupées en 4 groupes génétiquement proches.

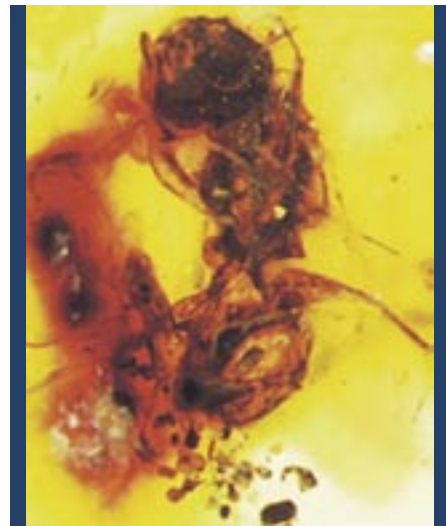
(Nature, Vol. 443, Nov. 2006)

paraître, lors de l'évolution, un certain nombre de gènes impliqués dans le goût ou la constitution de la chitine. Pour le goût, il semble que cette diminution du nombre de gènes impliqués soit explicable par le fait de la trophallaxie qui réduit la probabilité de l'ingestion d'un poison. Quant à la diminution du nombre de gènes impliqués dans la constitution de la chitine, il semble que ce soit le choix d'abriter la colonie qui est à l'origine de cette diminution. Mais toutes les autres différences ne sont pas explicables par le style de vie social de l'abeille et il semble bizarre que l'abeille, vivant dans une promiscuité favorisant les maladies, possède un plus petit nombre de gènes impliqués dans l'immunité. Une autre différence majeure est le nombre réduit de gènes codant pour les systèmes de détoxification, rendant malheureusement notre abeille particulièrement sensible aux pesticides.

On devrait s'attendre à la publication de dizaines de découvertes, basées sur l'exploitation du génome de l'abeille. Leur pertinence dépendra des questions posées par les chercheurs dans de nombreux domaines, dont beaucoup entrevoient d'ailleurs un lien avec la santé humaine.

Infos complémentaires : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/bee/portal.html>

(Genome Research, Vol. 16, issue 11, Nov. 2006)



ABEILLE FOSSILE

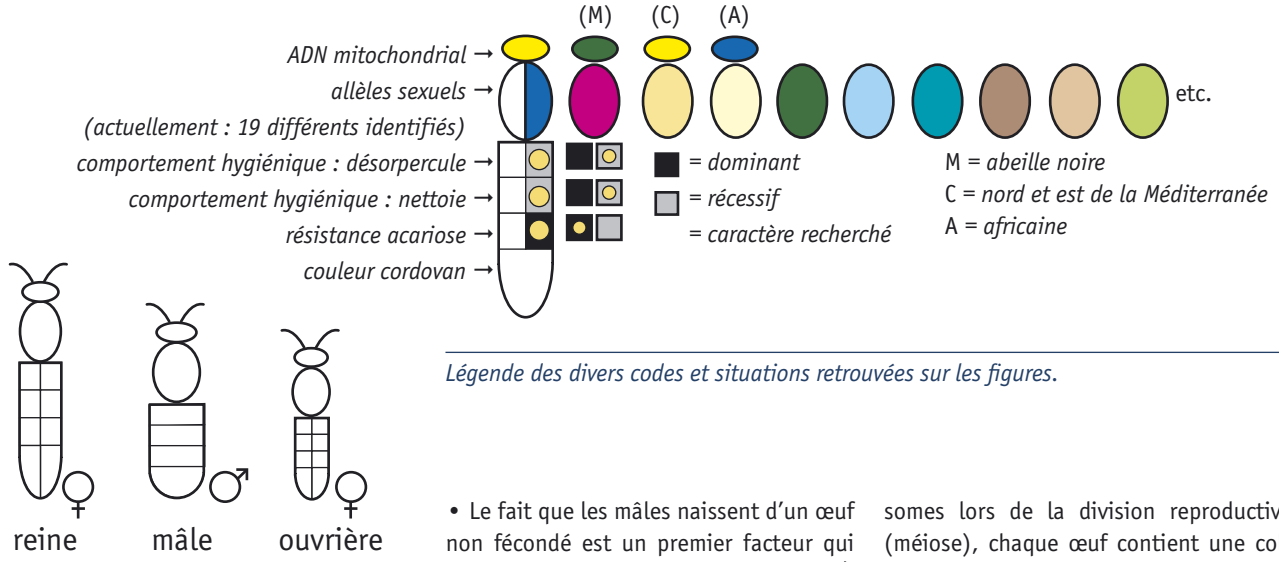
Coïncidence ? En parallèle avec le décodage complet du génome de l'abeille, des scientifiques viennent d'identifier *Melittosphex burmensis*, le plus vieux fossile d'abeille connu à ce jour (une centaine de millions d'années). Voici ce qu'en dit George Poinar, professeur de zoologie de l'Oregon State University, US, qui l'a fait découvrir au monde : « C'est la plus vieille abeille connue que l'on ait été capable d'identifier. Elle présente certaines caractéristiques des guêpes. Mais cependant, c'est plus une abeille qu'une guêpe et elle nous donne une assez bonne idée du moment où ces deux types d'insectes ont vu leur évolution se séparer ». Ce fossile a été retrouvé dans de l'ambre de la vallée Hukawng dans le nord de l'état du Kachin (ancienne Birmanie).



# On ne veut plus des p'tits pois !

Pascal BOYARD - Jean-Marie VAN DYCK

## Quelques principes de la génétique de l'abeille.



Légende des divers codes et situations retrouvées sur les figures.

Une chose merveilleuse en génétique, c'est que toute la vie sur terre obéit plus ou moins aux mêmes règles. Sitôt que nous comprenons les principes de base, nous allons pouvoir comprendre comment fonctionne une importante gamme d'organismes, de la bactérie aux éléphants en passant par les plantes. Et, depuis que le génome\* de différentes plantes et animaux a commencé à être décodé, nous réalisons seulement que nous sommes tous étonnamment proches. Vous avez probablement entendu que les hommes partagent 99 % de leurs gènes avec les chimpanzés. Mais saviez-vous que nous partageons également 25 % de nos gènes avec la banane ? Toujours est-il que chaque espèce est évidemment unique et nos abeilles *Apis mellifera* ont leur propre spécificité génétique. C'est bien cette spécificité qui fait d'elles ce qu'elles sont.

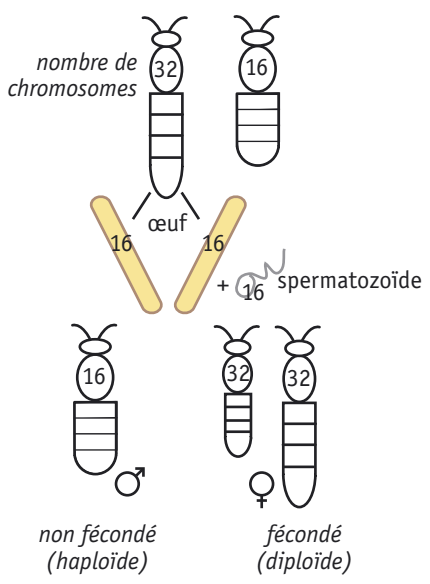
• Le fait que les mâles naissent d'un œuf non fécondé est un premier facteur qui contribue à la spécificité des abeilles. À première vue, cela ne nous semble pas choquant, mais nous allons voir ce que cela signifie réellement.

Les chromosomes\* sont des structures qui contiennent les gènes d'un organisme (environ 15.000 gènes chez les abeilles). La plupart des animaux et des plantes ont normalement un double jeu de chromosomes. Un jeu provient du père et un autre de la mère. On les nomme diploïdes\*. Chez l'Homme, il y en a 46, 23 provenant de l'ovule, de notre mère, et 23 du spermatozoïde, de notre père. Chez l'abeille, tout n'est pas pareil. Les femelles sont diploïdes, ouvrières et reines ont 32 chromosomes, 16 venant de l'œuf de la reine et 16 provenant du spermatozoïde d'un mâle. Comme les mâles proviennent d'œufs non fécondés, ils ont seulement 16 chromosomes. Les mâles sont haploïdes car ils ne possèdent qu'un seul jeu de chromosomes (Fig. 1).

somes lors de la division reproductive (méiose), chaque œuf contient une collection unique des gènes de la reine et est donc différent. Chaque mâle issu d'un de ces œufs sera donc également différent. Les mâles n'ont que 16 chromosomes et chaque spermatozoïde contient tous les gènes du mâle. Cela signifie que les spermatozoïdes d'un même mâle sont tous rigoureusement identiques, ce sont des clones. C'est différent de la majorité des autres animaux et plantes chez qui chaque spermatozoïde est généralement différent et unique, comme le sont les œufs.

Suite à une réorganisation des chromo-

Fig. 1. Schéma de la reproduction chez l'abeille montrant la répartition des chromosomes. On note qu'un œuf ne contient que la moitié des 32 chromosomes de la reine, elle ne transmet que la moitié de ses gènes à sa progéniture.



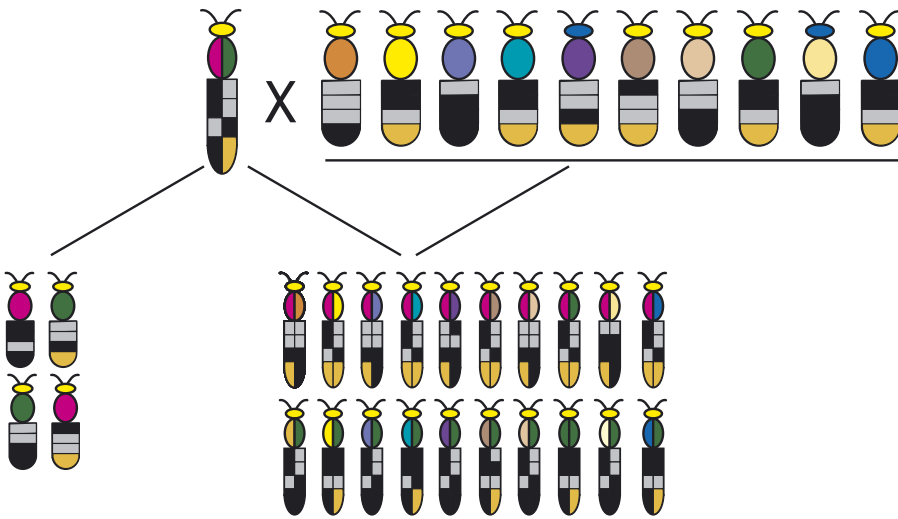


Fig. 2. On peut voir que les fécondations multiples engendrent des familles complexes. Dans cet exemple, la reine, italienne par son ADN mitochondrial (couleur de la tête) n'a été fécondée que par 10 mâles dont 8 italiens et 2 d'origine africaine (africanisée). Les différentes couleurs représentent différents gènes. On n'a représenté ici qu'une minime partie des millions de possibilités de descendance. Les exemples des figures qui suivent sont là pour vous donner une idée de la complexité engendrée. L'ADN mitochondrial des mâles africains n'apparaît dans aucune de leurs descendantes, mais les autres gènes s'y retrouvent çà et là.

• La fécondation multiple des reines apporte un second facteur spécifique qui contribue à complexifier la situation. La reine est fécondée par 10-25 mâles, au cours de 1 à 2 vols de fécondation se déroulant sur 2 à 3 jours. Le sperme de ces mâles est mélangé dans les oviductes musculieux et migre dans la spermathèque pour y être stocké. En fait, le sperme d'un seul mâle serait plus que suffisant pour remplir la spermathèque.

Les périlleux vols de fécondation qu'effectue la reine lui permettent de rassembler la grande diversité génétique nécessaire au salut de sa colonie. Ce brassage génétique confère à l'abeille sa capacité d'adaptation et de résistance aux agressions extérieures (Fig. 2). Les caractéristiques spécialisées diverses et variées des pères confèrent une plus grande efficacité à une colonie (NDTr : certains gènes des mâles sont plus spécialisés dans la collecte du pollen, d'autres dans la recherche de nouvelles sources (scout bees), d'autres dans le comportement hygiénique, la propolis, la défense, la cire, etc. C'est le brassage général qui détermine les performances et la capacité d'adaptation et, par là même, de production).

La fécondation multiple fait que la colonie est composée de différentes sous-familles. C'est très important. Chaque sous-famille correspond à un père différent. Elles ont évidemment toutes la même

mère. Comme les spermatozoïdes de chaque mâle sont génétiquement identiques, les ouvrières héritent de 50 % (moyenne de 0 à 100 %) des gènes de la reine, mais de 100 % des gènes du mâle. Les ouvrières d'une même sous-famille partagent 75 % (moyenne de 50 à 100 %) de gènes en commun et sont appelées pour cela super-sœurs.

Chez la plupart des animaux, parents et progéniture partagent seulement

50 % de gènes communs (entre parents et enfants, 50 % ; entre frères et sœurs, moyenne de 0 à 100 %) excepté les vrais jumeaux qui en ont évidemment 100 %. C'est peut-être le facteur clé qui fait que chez les abeilles et d'autres insectes sociaux, les ouvrières ont abandonné l'idée de pondre et d'élever leur propres œufs auxquels elles ne seraient reliées que par 50 % des gènes. Elles semblent avoir plus d'intérêt à aider leur mère à engendrer plus de leurs super-sœurs (altruisme) auxquelles elles sont reliées par 75 % des gènes. Il y a un principe en biologie qui dit qu'un organisme tente de transmettre un maximum de son patrimoine génétique à la génération suivante.

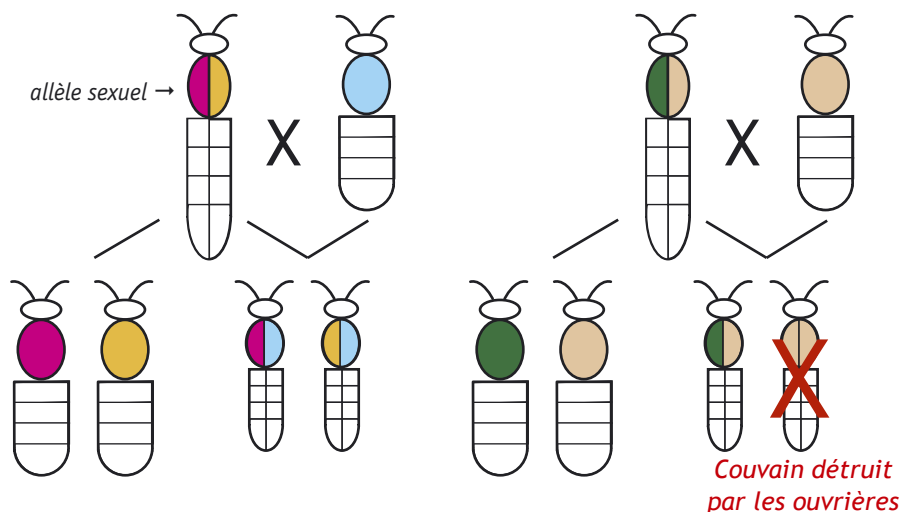
Le simple fait que les mâles naissent d'œufs non fécondés et qu'ainsi leurs spermatozoïdes sont identiques donnerait une explication biologique au comportement social des abeilles ouvrières.

#### DÉTERMINATION SEXUELLE

Nous savons tous que les femelles proviennent d'œufs fécondés et les mâles d'œufs non fécondés. D'accord ? Maintenant, introduisons un nouvel élément : les allèles\* sexuels.

Il s'avère qu'il y a un gène qui contrôle le sexe des abeilles, appelé allèle sexuel. Son mode de fonctionnement est simple. S'il y a 2 allèles sexuels « différents » présents, l'abeille se développe en femelle, soit une ouvrière soit une reine. S'il y a

Fig. 3. Représentation de la reproduction de l'abeille dans deux cas particuliers : à gauche, les allèles sexuels de la reine sont tous deux différents de celui du mâle. À droite, l'allèle sexuel du mâle est identique à l'un des deux allèles sexuels de la reine. Dans ce dernier cas, la moitié des abeilles produites sont des mâles diploïdes, détruits par les ouvrières dès leur éclosion.





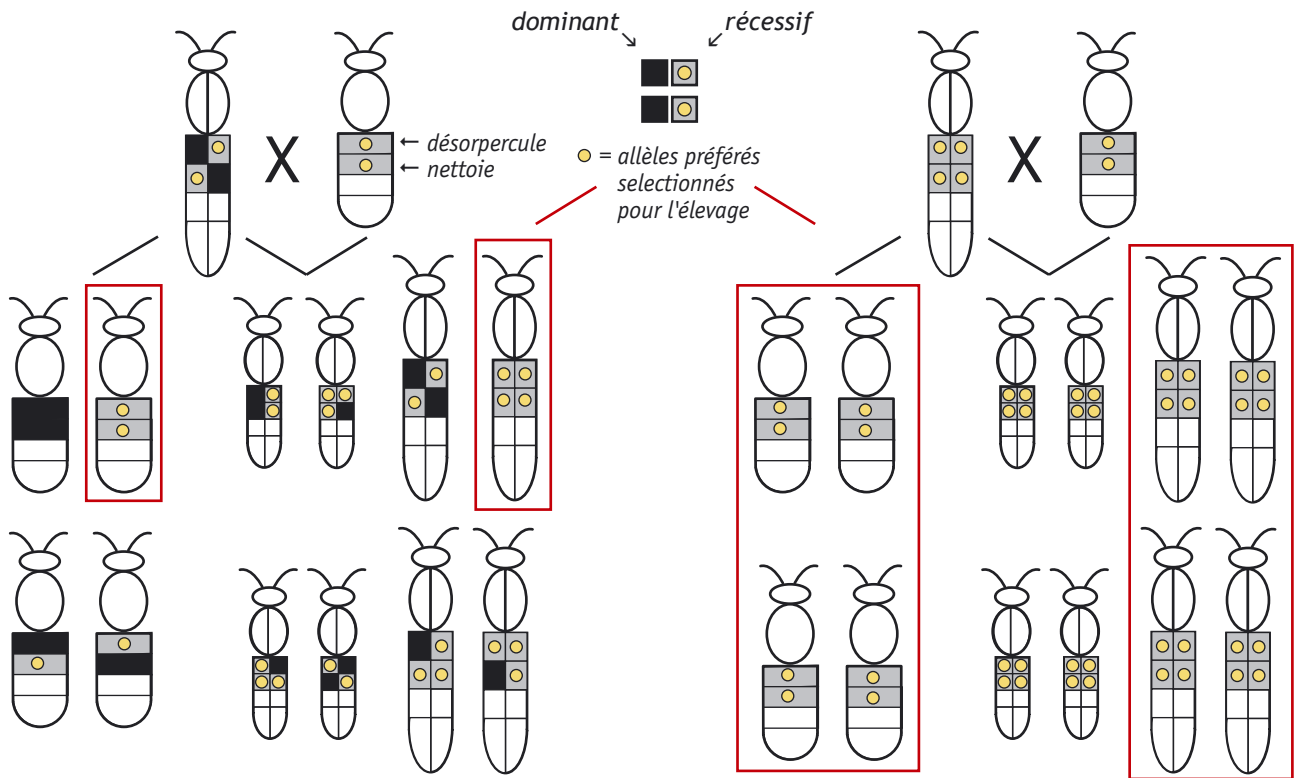


Fig. 4. Deux exemples de reproduction avec transmission du caractère hygiénique : à droite, tous les reproducteurs sont homozygotes pour les deux traits nécessaires pour que le caractère s'exprime : tous les descendants expriment le caractère. À gauche, la reine est hétérozygote pour les deux traits, sa colonie est donc très peu hygiénique malgré sa fécondation avec un mâle hygiénique. Seules quelques-unes de ses filles exprimeront le caractère dans leur colonie, à la condition d'être fécondées par des mâles présentant « aussi » ce caractère. D'où la nécessité de pouvoir contrôler l'origine des deux sexes en apiculture.

deux allèles sexuels « identiques » présents, l'abeille se développe en mâle. Il y a 2 cas où il n'y a qu'un seul type d'allèle sexuel : un œuf non fécondé, donc ne contenant qu'un seul allèle sexuel qui va normalement se développer en mâle. Le cas où l'un des maris de la mère amène le même allèle sexuel constitue une seconde possibilité. Cet œuf fécondé va cependant se développer en mâle, mais ce mâle sera anormal car il est diploïde, il contient le double set de chromosomes et ne peut pas fonctionner comme un mâle normal. Ces mâles diploïdes sont toujours détruits par les ouvrières dès leur éclosion car elles les détectent.

Dans ce cas, il y a des manques, des trous dans le couvain lorsque la larve est détruite, et c'est ce que l'on appelle du couvain en mosaïque. Les pires effets sont constatés dans le cas de consanguinité. Une reine fécondée par un seul de ses frères ne produira que 50 % de couvain viable. On sait qu'il existe 19 allèles sexuels. Il y en a probablement plus, mais c'est ce qui a été calculé pour la population que l'on a étudiée. C'est un très bon exemple de la raison pour laquelle il est si important de conserver la diversité génétique.

Plus il y a d'allèles sexuels dans une population d'abeilles, plus le couvain sera solide, plus il y aura d'abeilles dans la ruche pour récolter le nectar et faire le miel. Une analogie convaincante serait un jeu de dés. A chaque fois que vous faites un double, vous perdez. Si vous avez 20 faces à vos dés au lieu de 6, il est beaucoup moins probable que vous ayez des doubles. C'est pour cette raison qu'il est intéressant d'apporter occasionnellement du sang nouveau dans une lignée.

#### COMPORTEMENT HYGIÉNIQUE

Le comportement hygiénique est probablement la meilleure trouvaille dans le domaine des croisements d'abeilles. Il a été étudié et prouvé que ce comportement est très efficace contre le couvain plâtré, la loque américaine et le varroa. Le comportement hygiénique est contrôlé par deux gènes récessifs (Fig. 4). Le premier gène permet à l'ouvrière de détecter et de désoperculer une cellule qui contient du couvain malade. L'autre gène pousse les ouvrières à sortir la larve et s'en débarrasser. Il est possible qu'une ruche contienne un de ces gènes et pas l'autre,

dans ce cas la ruche ne sera pas hygiénique. Il est aussi possible que différentes abeilles en aient un et pas l'autre. Pour qu'un gène récessif soit exprimé chez une ouvrière, celle-ci doit être homozygote\* pour ce gène. Si on commence avec une reine homozygote pour un caractère hygiénique, fécondée par un mâle non hygiénique, la progéniture n'exprimera pas le trait hygiénique, mais sera hétérozygote et porteuse du trait. Il est important de se rappeler que lorsqu'on travaille avec des traits récessifs, ils ne seront pas exprimés dans la première génération ou F1. Mais avec de la patience et en continuant le programme de sélection, vous arriverez à exprimer ce trait dans les générations suivantes. Après quelques générations de sélection et croisement entre les colonies exprimant ce trait, il peut être fixé dans une population. À ce moment-là, toutes les abeilles seront homozygotes et elles exprimeront ce trait. Nous avons acquis ce niveau de connaissance avec l'insémination artificielle et des populations fermées (aucun apport de gène extérieur, contrôle total des pères et des mères).

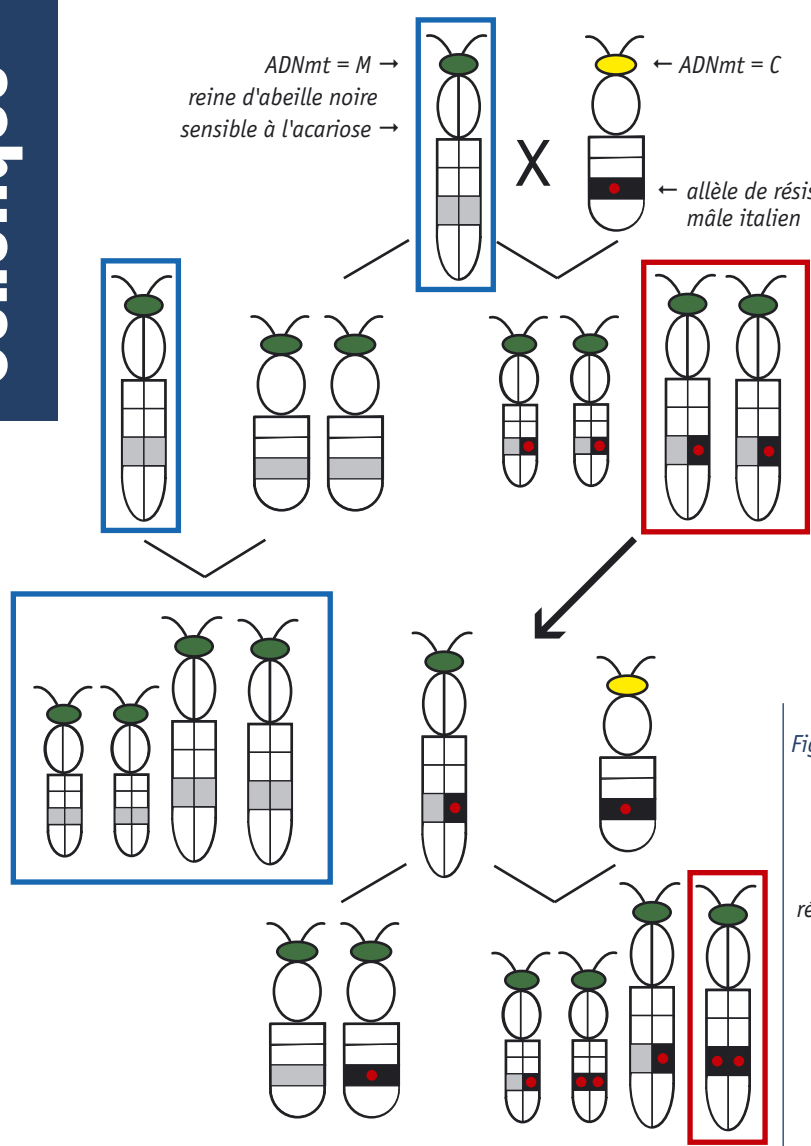


Fig. 5. Élevage mené pour sélectionner la résistance à l'acariose. On part de reines non résistantes et on les féconde avec des mâles provenant d'une colonie résistante homozygote. Toutes les colonies filles sont résistantes mais hétérozygotes. Si on les recroise de nouveau avec des mâles résistants, on obtient une partie des reines homozygotes pour cette résistance.

Sélectionnés pour l'élevage

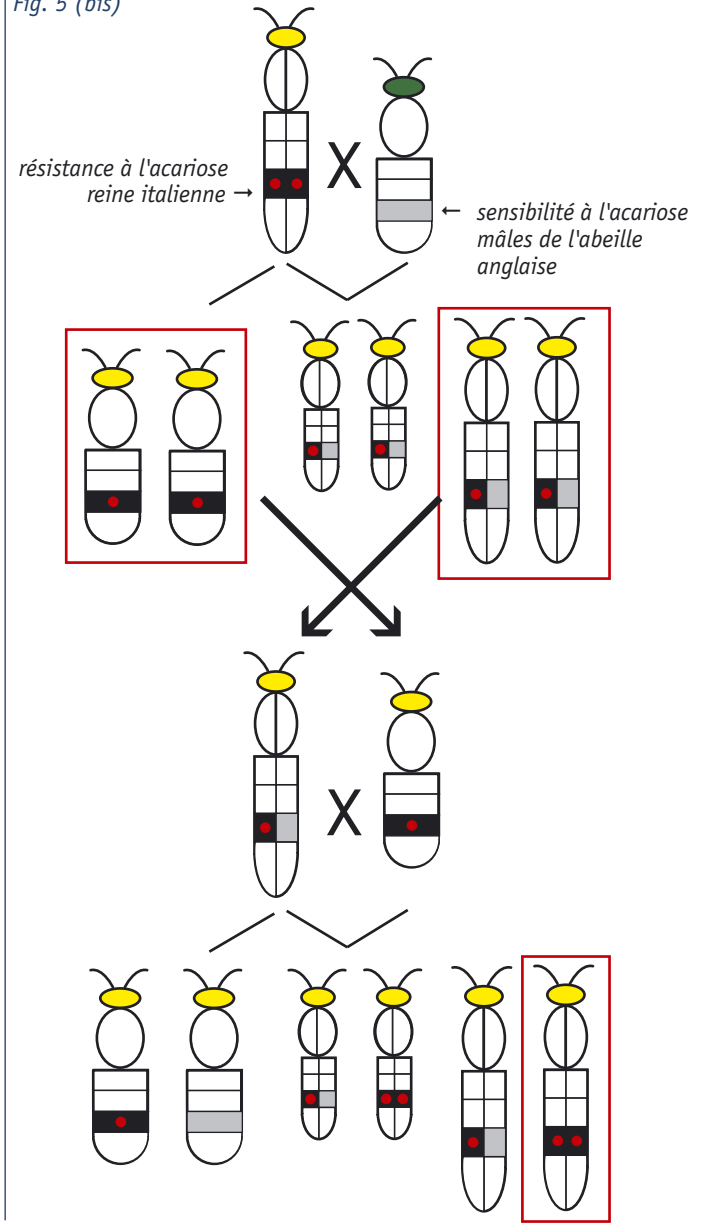
les colonies meurent au printemps

dominant

récessif

résistance

### RÉSISTANCE À L'ACARIOSE : PROCESSUS DU FRÈRE ADAM Fig. 5 (bis)

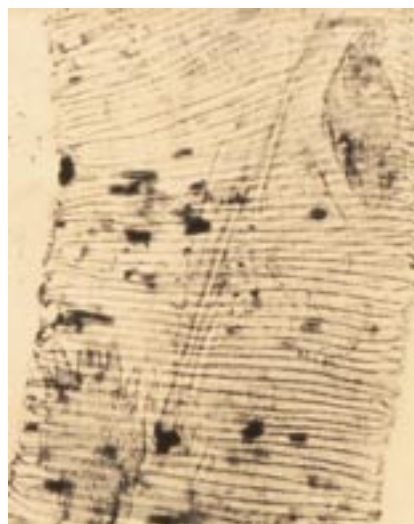




### RÉSISTANCE À L'ACARIOSE

La résistance à l'acariose (*Acarapis woodi*) a été récemment découverte par le comportement de toilette. Les abeilles utilisent leur patte centrale pour nettoyer l'ouverture de leur trachée. Il a été également trouvé que ce comportement est contrôlé par un gène dominant. On n'a pas déterminé si plus d'un gène est concerné. Dans cet exemple, nous considérons qu'un seul gène est responsable du comportement. Dans l'exemple de la Fig. 5, nous commençons avec un simple mâle qui porte le gène résistant. Au début du siècle dernier, le Frère Adam a résolu ce problème autrement et il a créé la race Buckfast en commençant avec l'inverse : une reine italienne portant le gène dominant de la résistance et des mâles noirs locaux portant le gène récessif de la sensibilité à la maladie. La solution est décrite sur la Fig. 5 (bis) ci-contre.

Les traits dominants sont plus faciles à établir dans une population car la première génération exprime ce trait. Le comportement sera exprimé également entre les abeilles qui le portent sur l'un ou sur les deux chromosomes. Il est préférable de multiplier les reines qui sont homozygotes pour ce trait. Mais il n'y a pas de moyen de distinguer les homozygotes des hétérozygotes. Pour cette raison, il est réellement plus difficile de fixer un gène dominant dans une population, par rapport à un gène récessif.



*Acarapis woodi* dans la trachée

### RÉSISTANCE AU VARROA

Le dernier caractère sur lequel nous avons travaillé est le SMR (Suppressed Mite Reproduction), suppression de la reproduction de l'acarien. Cela nous donne grand espoir de résoudre le problème du varroa, mais il est trop tôt pour dire pourquoi et comment il fonctionne. Il y a quelque chose dans l'abeille qui fait qu'un caractère diminue et même semble supprimer la reproduction normale de varroa. Des femelles varroa ne pondent plus d'œufs, d'autres pondent trop tard pour le cycle normal de maturation, et d'autres encore ne pondront qu'un seul œuf, mais un œuf de mâle. D'autres encore se retrouvent prisonnières entre le cocon et la paroi de la cellule et meurent avant de pouvoir pondre. On ne sait toujours pas si ces effets sont dus à un caractère ou à plusieurs. En outre, nous ne savons pas combien de gènes sont impliqués. Heureusement, il n'est pas nécessaire de connaître tous ces détails pour sélectionner et utiliser ce trait.

Les Drs. Harbo et Harris ont méthodiquement croisé des abeilles au point que très peu d'acariens se reproduisent normalement. En croisant ces abeilles consanguines avec des abeilles non-SMR, il ont trouvé que les effets étaient intermédiaires, dans les deux sens. Cela indique que le trait n'est contrôlé ni par un gène dominant ni par un récessif, mais c'est ce que l'on appelle un phénomène additif (voir schéma Fig. 6). Simplement, plus il y en a, plus le comportement est exprimé fortement. Avec le temps, comme de plus en plus de mâles porteront ce trait, nous essaierons de faire ressortir quel est l'optimum de SMR.

Depuis, Abdullah Ibrahim et Marla Spivak ont fait le rapprochement entre le comportement hygiénique et le caractère SMR et l'on comprend mieux leurs implications. L'explication est donnée dans l'article « SMR ou VSH ? », pages 30-31.

Suite de l'article voir page 32

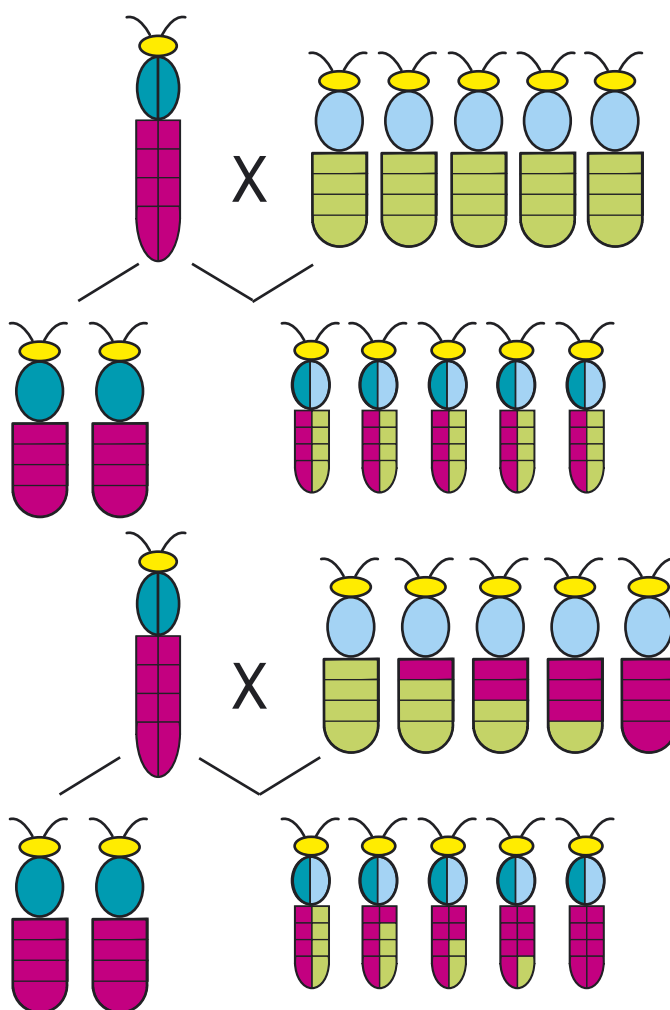


Fig. 6



# SMR ou VSH ? enfin expliquée

Voici plusieurs années, Harbo & Harris avaient sélectionné des abeilles sur base du SMR, ce comportement particulier qui limite fortement la reproduction des varroas dans les colonies.

Comment expliquer ce comportement ? Nous avons dû attendre 2006 pour qu'Ibrahim et Spivak lui apportent une explication et la publient dans *Apidologie*. Voici comment ils ont pu trouver l'explication.



Marla SPIVAK

Marla Spivak est bien connue depuis 1993 pour son travail de sélection d'abeilles hygiéniques (HYG) avec des tests de congélation de couvain à l'azote liquide (HYG est la dénomination pour hygiénique simple, c'est-à-dire des colonies qui enlèvent les nymphes malades ou mortes). Début des années 2000, Spivak reçoit des reines SMR de chez Harbo et décide de faire un test à l'azote pour vérifier le comportement d'hygiène de ces abeilles SMR - test illogique, pourrait-on dire, car un esprit cartésien n'en attendrait rien... À sa grande surprise, elle a trouvé que ces abeilles SMR nettoyaient la zone congelée avec 98 % d'efficacité. C'était vraiment bizarre car Harbo n'avait JAMAIS sélectionné sur ce caractère, il avait seulement sélectionné sur des abeilles qui réduisent le taux de reproduction des varroas (pensait-il), mais sans jamais expliquer réellement le phénomène SMR.



Adulte varroa se nourrissant de l'hémolymphe de la nymphe

Scott BAUER (K8541-13) - photo extraite de *Agricultural Research*, octobre 2005, p. 8-9

À la suite de ce test, Spivak a émis l'hypothèse que ces abeilles SMR étaient capables de détecter des nymphes infestées par des varroas femelles initiant leur oviposition (la ponte) et ensuite d'éliminer ces nymphes infestées, alors qu'elles n'éliminent pas les nymphes infestées par des varroas incapables de se reproduire (pas d'oviposition).

Voici comment Spivak a vérifié son hypothèse. Elle s'est posé 3 questions :

**Première question :** *est-ce que les abeilles SMR ou HYG enlèvent préférentiellement des nymphes infestées par des varroas en provenance de colonies SMR ou HYG ?*

Expérience :

À l'aide de sucre glace, elle décroche des varroas femelles sur des colonies SMR ou sur des colonies HYG : ce sont donc des varroas ori-SMR et des varroas ori-HYG (ori pour origine), et elle les récolte. Elle greffe ensuite 40 varroas ori-SMR et 40 varroas ori-HYG dans du couvain d'une colonie SMR et d'une colonie HYG. On a donc quatre tests.

Résultat :

Spivak observe que les colonies SMR enlèvent 80 % des nymphes infestées avec des varroas ori-HYG et 84 % des nymphes infestées avec des varroas ori-SMR. Les colonies HYG ont enlevé 61 % des nymphes infestées avec des varroas ori-HYG et 65 % des nymphes infestées avec des varroas ori-SMR.

CONCLUSION

La colonie d'origine des varroas a peu d'importance, par contre Spivak a bien démontré que les abeilles adultes SMR

enlèvent les nymphes infestées avec une plus grande efficacité que les abeilles adultes HYG !

**Deuxième question :** *les abeilles SMR enlèvent-elles préférentiellement des nymphes infestées par des varroas donnant une progéniture (varroas reproductifs) par rapport aux varroas ne donnant pas de progéniture (varroas non reproductifs) ?*

Expérience :

Pour répondre à cette question, Marla Spivak a observé les varroas sur les nymphes infestées « restantes » mais « après nettoyage » par les colonies SMR ou bien HYG. Ceci a été fait par observation sous binoculaire à un moment tel que la descendance varroa soit visible : on enlève la nymphe infestée et on fait le décompte des membres de la famille varroa présents dans la cellule (la mère fondatrice, le fils et les filles dont on constate les différents stades de développement). Spivak a ainsi pu enregistrer la fertilité (a) et le nombre de filles viables produites (b).

Résultat :

Pour les nymphes non nettoyées dans les colonies SMR, Spivak a observé 63 % de femelles varroa ayant pondu au moins un œuf (a) et, parmi celles-là, seulement 4 % ayant généré au moins une fille viable (b).

Pour les nymphes non nettoyées dans les colonies HYG, Spivak a observé 85 % de varroas ayant pondu au moins un œuf (a) et 27 % de varroas ayant généré au moins une fille viable (b). Il ne faut pas oublier que les femelles viables copulent déjà avec leur frère dans la cellule avant que la nymphe n'écloze.





CONCLUSION

Spivak a démontré que les abeilles SMR enlevaient préférentiellement des nymphes infestées par des varroas initiant l'oviposition (la ponte) plutôt que des nymphes infestées par des varroas qui ne pondent pas.

**Troisième question :** le succès reproductif des varroas est-il influencé par le fait de la seule présence des abeilles SMR ou HYG qui détectent et nettoient ou bien y a-t-il aussi un effet du couvain lui-même ?

Expérience :

Pour répondre à cette question, Spivak a procédé comme dans la seconde question en étudiant les familles de varroas dans du couvain d'origine SMR ou HYG, mis à part le fait que le couvain, dès operculation, a été laissé en incubateur et donc aucune action de nettoyage n'a été possible. De ce fait, la différence se situe exclusivement au niveau du couvain.

Résultat :

Pour les nymphes venant des colonies SMR, Spivak a observé 64 % de varroas ayant pondu au moins un œuf (a) et seulement 6 % ayant généré au moins une femelle viable (b).

Pour les nymphes venant des colonies HYG, Spivak a observé 77 % de varroas ayant pondu au moins un œuf (a) et 11 % ayant au moins une femelle viable (b).

CONCLUSION

Par cette expérience, Spivak a ainsi pu démontrer que le couvain SMR élevait significativement moins de varroas donnant au moins une femelle viable (6 %) par rapport au couvain HYG (11 %).

Tous ces essais débouchent sur une nouvelle explication. Le comportement SMR qui avait été observé n'est donc qu'une conséquence d'un comportement hygiénique et, en fait, les abeilles SMR ont la capacité de détecter, à travers l'opercule, les nymphes infestées par des varroas « reproductifs » (et pas les autres) et ensuite d'éliminer ces nymphes (donc empêchant le cycle de reproduction du varroa). Ibrahim & Spivak ont proposé une nouvelle appellation : VSH (pour « Varroa Sensitive Hygienic ») pour remplacer le terme SMR. Cependant, pour éviter toute confusion, nous avons gardé le terme SMR dans le texte.

Lorsque Harbo & Harris ont pris connaissance de la découverte d'Ibrahim & Spivak, ils ont effectué une nouvelle expérience pour vérifier de manière pratique ces nouvelles conclusions.

Voici ce qu'ils ont fait

Expérience :

Ils ont pris des cadres de couvain fermé et infesté de varroas au départ de colonies non-SMR (appelées « wild », sauvages) et les ont transférés (coupés en deux) dans des colonies SMR ou dans des colonies wild (colonies témoins).

Après 7 à 9 jours, Harbo & Harris ont mesuré ce qui suit dans les colonies SMR et wild sur les cadres infestés introduits dans les colonies SMR ou wild :

- le taux de cellules infestées par des varroas (a)
- le taux de varroas donnant au moins une fille viable (varroas reproductifs) (b)
- le taux de varroas n'ayant pondu aucun œuf (varroas non reproductifs) (c)

Résultat après 7- 9 jours :

- (a) le taux de cellules infestées des cadres introduits était de 2 % dans les colonies SMR et 9 % dans les colonies wild ;
- (b) le taux de varroas donnant au moins une fille viable dans les cadres introduits était de 20 % dans les colonies SMR et 71 % dans les colonies wild.
- (c) le taux de varroas n'ayant pondu aucun œuf dans les cadres introduits était de 1.2 % dans les colonies SMR et 1.3 % dans les colonies wild.

CONCLUSION

Cette expérience a permis de vérifier sur le terrain les dires de Spivak comme quoi les abeilles SMR éliminaient préférentiellement les nymphes infestées avec un varroa reproductif. Les taux identiques en varroas non reproductifs des cadres introduits dans les colonies SMR ou wild ont permis de démontrer que les abeilles SMR ne touchent pas aux nymphes infestées seulement par un varroa non reproductif. Ceci suggère que les abeilles SMR « sentent - détectent au travers de l'opercule » le fait qu'un varroa a démarré sa ponte.

Renaud LAVEND'HOMME



Pour démontrer la sensibilité hygiénique à Varroa par les abeilles SMR, un cadre de couvain très infesté a été découpé en 2 morceaux. Chaque moitié a été placée dans une cage avec 2.000 abeilles pendant 24 h. A gauche : les abeilles témoins ont enlevé seulement 12 nymphes et désoperculé 19 nymphes (33% des cellules non operculées étaient infestées par le varroa), alors que les abeilles SMR, à droite, ont enlevé 215 nymphes et désoperculé 178 autres nymphes (90% des cellules désoperculées étaient infestées par des varroas).

Jeffrey HARRIS (D214-1) (D214-2) - photo extraite de *Agricultural Research*, octobre 2005, p. 8-9

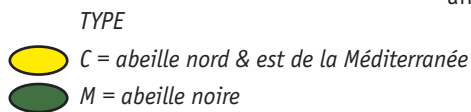


ADN MITOCHONDRIAL

Au cours de la reproduction, l'œuf est une cellule « complète ». Il contient tous les organites intracellulaires nécessaires à la vie, dont les mitochondries qui lui permettent d'utiliser l'énergie des sucres avec l'apport d'oxygène. Par contre, le spermatozoïde est en quelque sorte un « noyau » mis en mouvement par un « flagelle ». Il ne contient que de l'ADN dans sa tête. Autour du flagelle, des mitochondries alimentent de petits muscles. Au cours de la fécondation, seule la tête

pénètre dans l'œuf, le flagelle et les mitochondries sont rejetés. Dans l'embryon, on ne retrouvera donc que les mitochondries de l'œuf et donc de la mère.

Si on analyse l'ADN mitochondrial d'un organisme, on peut retrouver sa lignée maternelle car tous ont le même ADN mitochondrial que l'on écrit ADNmt. Par analyse de cet ADNmt, on a pu déterminer trois grandes familles d'abeilles : l'abeille noire (M), toutes les abeilles de la partie est de la Méditerranée (C) et les abeilles africaines (A).



Le type C concerne toutes les lignées italiennes, grecques, macédoniennes, carnica et banate.

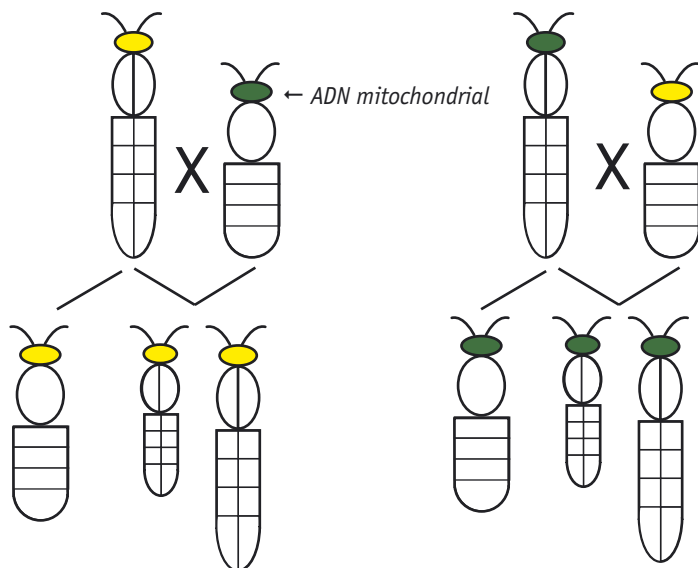


Fig. 7. L'ADN mitochondrial, du fait qu'il est transmis de la mère à tous ses fils et filles, permet de retrouver l'origine maternelle d'une lignée particulière. Cependant, il ne peut préjuger des différents croisements que cette lignée a pu subir au cours de son histoire, ces croisements ayant parfois profondément modifié son patrimoine nucléaire en laissant intact son ADNmt.

D'après « Principles of Bee Genetics » adapté d'une présentation de Tom Glenn au EAS meeting, Cornell University, août 2002  
Original : <http://members.aol.com/queenb95/principles.html>  
Adaptation en français par Pascal Boyard (F) [pascal.boyard@tiscali.fr](mailto:pascal.boyard@tiscali.fr) et Jean-Marie Van Dyck (B) [jeanmarie@pedigreeapis.org](mailto:jeanmarie@pedigreeapis.org)

GLOSSAIRE

**génome :**

C'est l'ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce. Les gènes ne constituent qu'une partie du génome. Celui-ci est constitué de molécules d'acides nucléiques : l'ADN et l'ARN. (fr.wikipedia.org)

**chromosome :**

C'est un élément microscopique très coloré sous le microscope (du grec « chroma », couleur et « soma », corps, élément). Il est constitué d'une molécule d'ADN et de protéines. On trouve les chromosomes sous la forme d'un écheveau dans le noyau des cellules eucaryotes. Quand les cellules se divisent, ils prennent la forme de bâtonnets.

**diploïde :**

Mot venant du grec : « diplous », double et « eidos », en forme de. Chez les organismes eucaryotes, une cellule diploïde contient deux jeux de chromosomes. Cela s'oppose à haploïde (un seul jeu), triploïde (trois jeux), tétraploïde (quatre jeux), etc.

**allèle :**

ce terme signifie une version particulière, une variante d'un gène au sein d'une espèce. Des allèles différents déterminent souvent des caractères héréditaires différents. Par exemple, les couleurs bleue et marron des yeux sont deux allèles différents pour le gène de la couleur de l'œil.

**homozygote :**

Homozygote signifie que l'abeille hérite du même allèle, et de sa mère, et de son père.

Hétérozygote signifie que l'abeille possède l'un des allèles et est ainsi porteuse d'un gène de ce caractère. Dans ce cas, si le caractère est récessif, il n'est pas exprimé et reste invisible.

Par contre, si le caractère est dominant, il est exprimé, mais dans ce cas, on ignore si l'on est en présence d'un individu homo- ou hétérozygote.

Un gène est fixé dans une population quand tous les individus possèdent les mêmes allèles pour ce gène.

**in silico :**

En accord avec in vivo, dans le vivant lui-même, in vitro, par l'expérience de labo, et la Silicon Valley, cela signifie « simulation par ordinateur ».