

Analyse de la biodiversité de l'abeille en France : l'origine maternelle des colonies (1ère partie)

Agnès RORTAIS - Gérard ARNOLD - Lionel ARNERY
Laboratoire Populations, Génétique,
Evolution, CNRS, Gif-sur-Yvette
Michel BAYLAC
Muséum National d'Histoire Naturelle Paris

*L'abeille domestique *Apis mellifera* occupe une aire géographique très vaste (Afrique Europe et Moyen-Orient) et montre une importante variabilité morphologique et génétique.*



Cette espèce s'est différenciée en 4 lignées évolutives principales : la lignée M (à l'ouest de l'Europe : de l'Espagne à la Scandinavie), la lignée C (au centre et au nord de l'Europe) la lignée A (en Afrique) et la lignée O (en Turquie et dans le Caucase). Chacune de ces lignées s'est diversifiée en plusieurs races géographiques (ou sous-espèces). Toutes les races sont interfécondes entre elles mais deux races appartenant à une même lignée sont génétiquement plus proches que deux races appartenant à des lignées différentes. Au total 26 races ont été décrites jusqu'à présent sur la base de caractères morphologiques génétiques écologiques et comportementaux.

La race d'abeille originellement implantée en France est *A. m. mellifera* (ou « abeille noire »). Elle appartient à la lignée M qui ne comporte comme autre race que la race *iberica* (ou *iberiensis*) présente seulement en Espagne. Il a été montré que les populations de la lignée M présentent une variabilité génétique inférieure à celle des populations des autres lignées ce qui rend particulièrement crucial sa conservation.

De par ses frontières la France est entourée de manière naturelle par plusieurs races d'abeilles qui peuvent donc échanger des gènes avec l'abeille noire dans les régions limitrophes. Outre la race *iberica* on trouve la race *ligustica* en Italie et la race *carnica* en Allemagne ces deux races appartiennent à une autre lignée évolutive la lignée C. Il est à noter que l'abeille noire était la race d'origine en Allemagne mais qu'elle a été pratiquement totalement éradiquée il y a plusieurs dizaines d'années au profit de la race *carnica*. Des abeilles de la souche synthétique Buckfast sont également présentes en grand nombre en Suisse et au Luxembourg. Cette souche résulte de croisements entre plusieurs races avec une forte prédominance de races appartenant à la lignée C.

L'abeille noire présente en France s'est elle-même différenciée au cours des millénaires en populations locales adaptées à des conditions écologiques et climatiques particulières caractéristiques de certaines régions. Ces différenciations sont de deux types selon qu'elles sont génétiquement déterminées ou pas. Si elles sont génétiquement déterminées les abeilles constituent alors un écotype et lorsqu'on déplace des colonies de cet écotype dans une autre région elles conservent leurs particularités. Actuellement le seul exemple d'écotype pour lequel la preuve d'une adaptation ait été montrée scientifiquement est présent dans les Landes de Gascogne (écotype landais).

Il a été décrit il y a quarantaine d'années par Louveaux et Albisetti. D'autres écotypes sont probablement présents en France dans certaines régions, et les travaux que nous menons actuellement, en collaboration étroite avec les apiculteurs, devraient permettre de les identifier. Si les adaptations ne sont pas génétiquement déterminées les différenciations locales peuvent correspondre à une simple plasticité sans support héritable : les colonies sont capables de s'accommoder à un nouvel environnement lorsqu'elles sont déplacées.

La biodiversité de l'abeille noire est menacée en France comme dans d'autres pays par deux facteurs : la diminution de la taille des populations d'abeilles et leur homogénéisation génétique. La diminution des populations d'abeilles est une conséquence des mortalités de colonies qui sont dues à des causes diverses telles que des maladies et des parasitoses ainsi qu'à l'usage inadapté de pesticides en agriculture. Des mortalités trop importantes dans les populations risquent d'appauvrir le réservoir génétique de l'abeille noire et de fragiliser ses capacités d'adaptation.

L'homogénéisation des populations est liée à certaines pratiques apicoles en particulier aux importations de reines et aux transhumances des colonies qui ont tendance à accélérer de manière artificielle les flux de gènes entre des populations fortement différenciées distantes de plusieurs centaines ou milliers de kilomètres.

Ces pratiques ont donc tendance à s'opposer aux forces qu'exerce la sélection naturelle qui tendent plutôt à différencier les populations. A l'inverse des animaux

domestiques maintenus en captivité (tels que les bovins par exemple) dont les éleveurs contrôlent généralement la reproduction chez l'abeille les individus sexués (reines et mâles) se reproduisent en liberté avec des partenaires sexuels d'origine génétique diverse sans contrôle des apiculteurs.

La présence de colonies de races importées dans une région entraîne donc la dissémination de mâles qui vont féconder des reines vierges de race noire. Par ailleurs les essaimages de ces colonies importées vont également contribuer à disséminer des colonies filles de mêmes races dans la région.

L'utilisation par les apiculteurs d'autres races que l'abeille noire n'est évidemment pas en soi un problème à condition bien entendu qu'elle ne conduise pas à la disparition irréversible des populations locales d'abeilles.

C'est en particulier pour éviter d'en arriver à ce stade que nous avons proposé un programme de recherche qui a trois objectifs principaux :

- caractériser la diversité naturelle du cheptel apicole français et en établir le bilan.
- établir les bases scientifiques indispensables à la création de conservatoires génétiques d'abeilles en particulier en choisissant les colonies à conserver ainsi que leur suivi.
- mettre au point un système expert de morphométrie géométrique basé sur l'analyse des ailes des abeilles dans le but de déterminer facilement leur origine génétique.

L'identification des abeilles (détermination des lignées races écotypes ...) est réalisée au moyen de trois types d'approche : les approches moléculaires les approches morphométriques et les approches éco-éthologiques.

Dans cet article nous allons décrire les méthodes utilisées et les résultats obtenus à ce jour pour la réalisation du 1er objectif : établir le bilan de la biodiversité de l'abeille en France. Dans les articles suivants nous ferons le point sur les deux autres objectifs.

Méthodes

Cette étude est basée principalement sur l'utilisation d'un marqueur moléculaire l'ADN mitochondrial (ADNmt) des abeilles. Cette molécule d'ADN est contenue dans chaque cellule des abeilles dans des petits organites participant au métabolisme cellulaire : les mitochondries. Contrairement à l'ADN nucléaire (trouvé dans le noyau de chaque cellule) la transmission de l'ADNmt est uniquement maternelle. De ce fait le type mitochondrial sera transmis de reine à reine au cours des générations successives et l'ensemble des ouvrières et des mâles nés de ces reines comportera la même molécule. Ce type de transmission fait donc de cette molécule un marqueur de colonie.

Tout comme l'ADN constituant les chromosomes l'ADN mitochondrial accumule au cours du temps des mutations générant des variations de la molécule. En

fonction de l'ancienneté des mutations la molécule va présenter deux types de variations :

- des variations importantes (car anciennes) qui sont caractéristiques des grandes lignées évolutives et qui vont nous permettre de caractériser l'origine maternelle de la colonie étudiée. Le type mitochondrial sera alors d'origine M A C ou O (les lignées C et O ne sont pas différenciées avec le test employé).
Ce test est donc particulièrement efficace pour caractériser les colonies importées (ou colonies descendantes des colonies importées) provenant des lignées C O et A.
- des mutations mineures (plus récentes) qui vont différencier des types mitochondriaux à l'intérieur des lignées évolutives. Chacun de ces variants observés porte le nom d'haplotype. Par exemple les haplotypes M4 M7 et M8 portent tous les mêmes variations anciennes qui les font appartenir à la lignée évolutive M mais sont différenciés par des variations plus récentes. Ces numéros affectés à la lignée permettent de déterminer le niveau de variation de la population et de manière plus fine d'observer la différenciation des populations à l'intérieur de chacune des lignées évolutives. La différenciation observée à l'intérieur de chaque lignée devrait nous permettre en théorie d'évaluer l'impact des transhumances sur la différenciation des populations dans la lignée M.

Ainsi l'utilisation de l'ADNmt doit nous permettre de tirer deux types de conclusions :

- *sur le taux d'introggression maternelle de l'abeille noire*
Dans une population d'abeilles donnée (rucher département région pays) le niveau général d'introggression maternelle de la population représente le pourcentage d'abeilles provenant de chacune des 4 lignées évolutives. Un rucher sera par exemple 60 % M 39 % C et O et 1 % A. Le même raisonnement est appliqué pour chaque département chaque région et à l'échelon d'un pays.
- *sur des différenciations régionales de l'abeille noire en France*
La population française d'abeilles noires est-elle homogène ou existe-t-il des structurations locales des populations ?

Résultats

Ce programme de recherche a débuté le 1er septembre 2003 et se terminera le 31 août 2006. De nombreux résultats ont déjà été obtenus mais quelques régions françaises n'ont pas encore été analysées. Les résultats définitifs seront publiés à la fin du contrat sous la forme de publications scientifiques dans des revues internationales et d'articles dans des journaux apicoles. Par ailleurs ces résultats seront également accessibles d'ici quelques mois sur le site internet du laboratoire.

Pour être publiés dans une revue scientifique internationale les résultats doivent être totalement originaux c'est-à-dire n'avoir jamais été publiés au préalable dans aucun journal. C'est pourquoi l'ensemble des résultats acquis jusqu'à présent ne seront pas présentés dans cet article.



1 Taux d'introggression maternelle de l'abeille noire

- Situation générale en France
Les résultats portant sur l'analyse de 1800 abeilles montrent que les colonies ayant une origine maternelle appartenant à la race mellifera (abeille noire) restent très prédominantes en France et représentent environ 85 % des abeilles échantillonnées à ce jour. La lignée A est très peu représentée en France et l'origine de ces abeilles n'est pas forcément due à des importations mais à la présence d'abeilles venant naturellement d'Espagne où cette lignée est présente. A l'inverse la lignée mitochondriale C (représentant les lignées C et O en morphométrie) est bien représentée surtout en raison des importations de reines - qui ont eu lieu depuis des dizaines d'années - en particulier de races ligustica caucasica et carnica, et de la lignée synthétique Buckfast.
- Variations régionales
En France les niveaux d'introggression maternelle de l'abeille noire sont très variables : ils sont faibles dans certaines régions où l'abeille noire est encore très majoritaire et très élevés dans d'autres régions où l'abeille noire est devenue rare.
A titre d'illustration la figure 1 présente les résultats obtenus dans un département l'Orne (61) où l'échantillonnage a été bien réalisé sur l'ensemble du département. Les points rouges représentent la race mellifera alors que les points bleus représentent des abeilles de la lignée C. Le niveau d'introggression dans ce département est faible : 6 %.

2 Différencions régionales de l'abeille noire en France

Notre étude a permis de mettre en évidence de très nombreux haplotypes chez l'abeille noire une soixantaine à ce jour. Parmi ceux-ci une trentaine n'avaient jamais été décrits auparavant et sont actuellement en cours de séquençage. La fréquence de ces haplotypes est très variable mais l'un d'entre eux (M4) est très majoritaire en France et représente environ les 3/4 des haplotypes. Sa distribution est présentée dans la figure 2. Elle évolue clairement selon un gradient sud-nord

Conclusion

S'il n'est probablement pas pensable de conserver des colonies de toutes les populations régionales d'abeilles il est absolument indispensable d'envisager la conservation des populations les mieux adaptées à leur environnement local. C'est ce qui est en cours de réalisation par des associations apicoles dans plusieurs régions françaises auxquelles nous apportons notre appui scientifique pour le choix des colonies à conserver. Nous présenterons dans un prochain article notre contribution à ce travail. Les méthodes d'analyses moléculaires qui permettent de caractériser l'origine génétique des colonies sont d'une très grande précision mais relativement lourdes à utiliser et d'un coût élevé. Ces inconvénients ne les mettent donc généralement pas à la portée des associations apicoles de façon routinière. C'est pourquoi une méthode fiable d'analyse morphométrique des ailes des abeilles est en cours de mise au point. Elle sera également présentée dans un prochain article.

Ce programme de recherche est financé par les crédits européens d'aide à l'apiculture avec le soutien de la filière apicole française réunie au sein du comité de pilotage du ministère de l'agriculture (Direction des Politiques Economique et Internationale) et de l'ONIFLHOR. Il n'aurait pu être mené à bien sans l'aide des nombreux apiculteurs et associations qui ont assuré l'échantillonnage des abeilles selon nos indications préalables et que nous tenons à remercier ici.

Nous remercions également Tharavy Douc, Delphine François, Marlène Lamothe et Hélène Legout qui collaborent efficacement avec nous dans la réalisation de ce projet.

Dernière minute :

La 7e Conférence Internationale de l'Association pour la protection de l'abeille noire (SICAMM) se tiendra à Versailles du 18 au 22 septembre 2006. Elle sera organisée par l'Université de Versailles - Saint Quentin en Yvelines le CNRS et l'ANERCEA. Pour tout renseignement contacter le secrétariat du comité d'organisation : arnold@pge.cnrs-gif.fr