



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*,

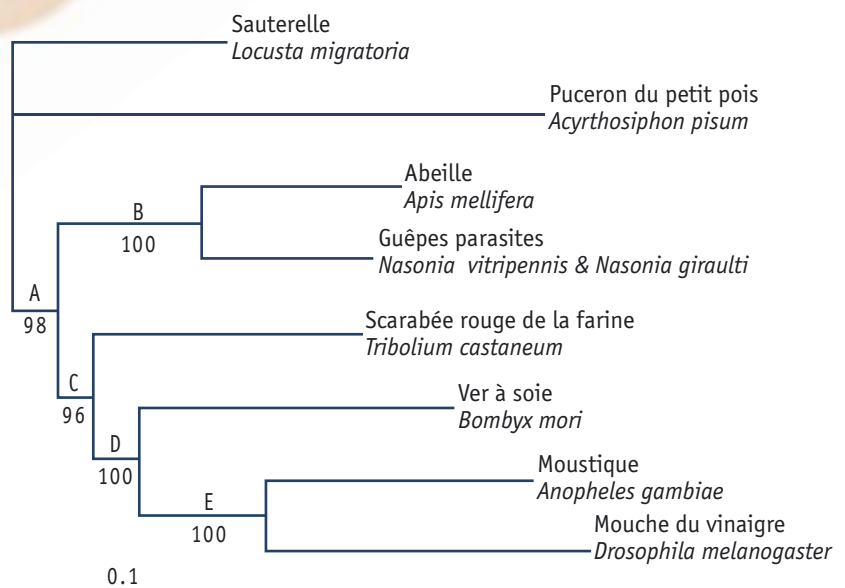


Fig. 1 Phylogénie des insectes holométaboles telle qu'analysée par l'équipe de l'université de Cologne (*Genome Research*, Vol. 16, issue 11, Nov. 2006). (*Nature*, Vol. 443, Nov. 2006)



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-

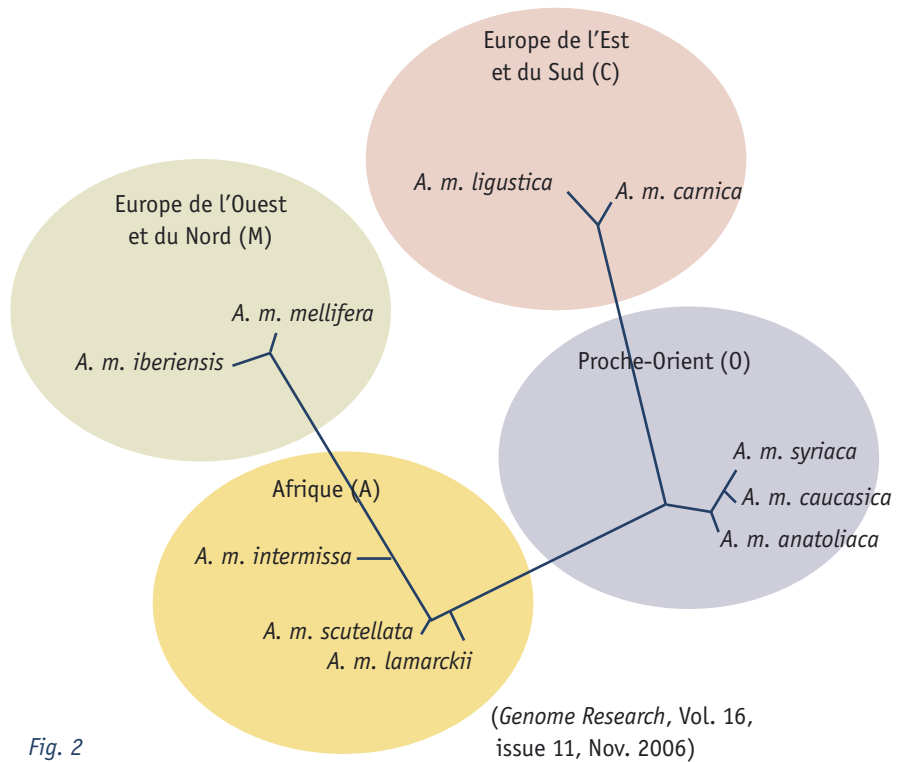


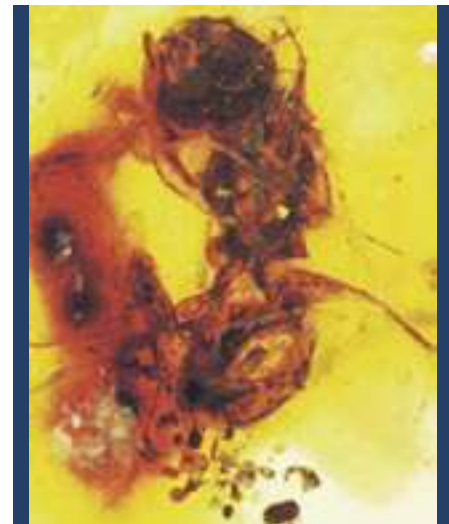
Fig. 2 Lignées évolutives analysées avec les nouveaux marqueurs SNP. Les 10 sous-espèces analysées sont regroupées en 4 groupes génétiquement proches.

(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>



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).