

# *Apis mellifera*, histoire d'une espèce

Caroline HARDY

**A l'heure où notre abeille mellifère est soumise à des menaces de plus en plus nombreuses et variées, pourquoi ne pas se pencher sur les origines de cette espèce, son évolution et son histoire ?**

## Origines

*Apis mellifera* appartient, comme son nom l'indique, au genre *Apis*; celui-ci existe depuis 20 à 40 millions d'années et compte 10 espèces (le nombre est discuté). Les autres espèces du genre sont toutes des abeilles eusociales. Il existe trois groupes au sein de ce genre : les abeilles « naines » (*Apis florea* et *Apis andreniformis*), les abeilles « géantes » (*Apis dorsata*, *Apis binghami* et *Apis laboriosa*) et les abeilles qui, comme l'abeille mellifère, préfèrent loger dans des cavités plutôt qu'à l'air libre (*Apis mellifera*, *Apis cerana*, *Apis koschevnikovi*, *Apis nuluensis* et *Apis nigrocincta*). Mis à part *Apis mellifera*, toutes ces espèces vivent exclusivement en Asie, tandis qu'*Apis mellifera* se retrouve naturellement en Afrique, en Europe et en Asie, et elle a été importée par l'Homme en Amérique et en Océanie. Parmi les espèces sœurs, *Apis cerana* est l'espèce la plus proche d'*Apis mellifera*, tant sur le plan morphologique que comportemental, et c'est également l'espèce que l'on retrouve le plus à l'Ouest parmi les abeilles asiatiques. C'est pourquoi, jusqu'il y a peu, on pensait qu'elle en était la plus proche sur le plan de l'évolution également. Selon cette hypothèse, les deux espèces auraient divergé depuis un ancêtre commun présent en Asie, puis *Apis mellifera* aurait colonisé l'Europe et l'Afrique. Cependant, de récentes recherches en phylogénie ont montré que, dans l'arbre des abeilles « cavitaires », *Apis mellifera* occupe une position basale (plus archaïque), tandis qu'*Apis cerana* se trouve en position plus terminale (d'apparition plus récente). Ces mêmes études ont également montré que l'espèce *Apis mellifera* serait âgée d'environ 700 000 ans, alors que la divergence entre les deux espèces daterait de 7 millions d'années. Ces deux espèces ne sont donc pas aussi proches que l'on croyait.

Au sein de l'espèce *Apis mellifera*, on compte environ 25 sous-espèces ou races (dont le nombre est également discuté). Depuis 1992, on reconnaît, sur base de critères morphologiques, quatre grandes lignées :

- la lignée M, présente en Europe occidentale et en Scandinavie (5 races)
- la lignée C, présente en Europe centrale et Europe de l'Est (5 races)
- la lignée O, présente en Asie (7 races)
- la lignée A, présente en Afrique (8 races)

Cependant, en particulier dans le cas des abeilles africanisées qui sont issues d'hybridation entre races, l'outil génétique s'avère utile pour étudier la diversité de l'espèce. Cette étude a non seulement pu confirmer l'existence de ces quatre lignées, mais a également permis d'élucider l'histoire de l'espèce. Premièrement, la comparaison des génomes des différentes races indique que l'espèce provient en réalité d'Afrique. C'est sur ce continent que la diversité est la plus grande. De plus, les deux lignées européennes M et C, alors qu'elles sont proches géographiquement, sont les plus éloignées génétiquement. Par conséquent, il y a vraisemblablement eu deux ou trois événements de migration à partir de l'Afrique : une expansion en Europe occidentale, via le détroit de Gibraltar, qui donnera la lignée M, et une ou deux expansions vers l'est, qui donneront les lignées C et O. Soit les lignées C et O ont été engendrées de manière successive à partir de l'Afrique, soit la population qui a migré s'est divisée pour donner lieu aux deux lignées.

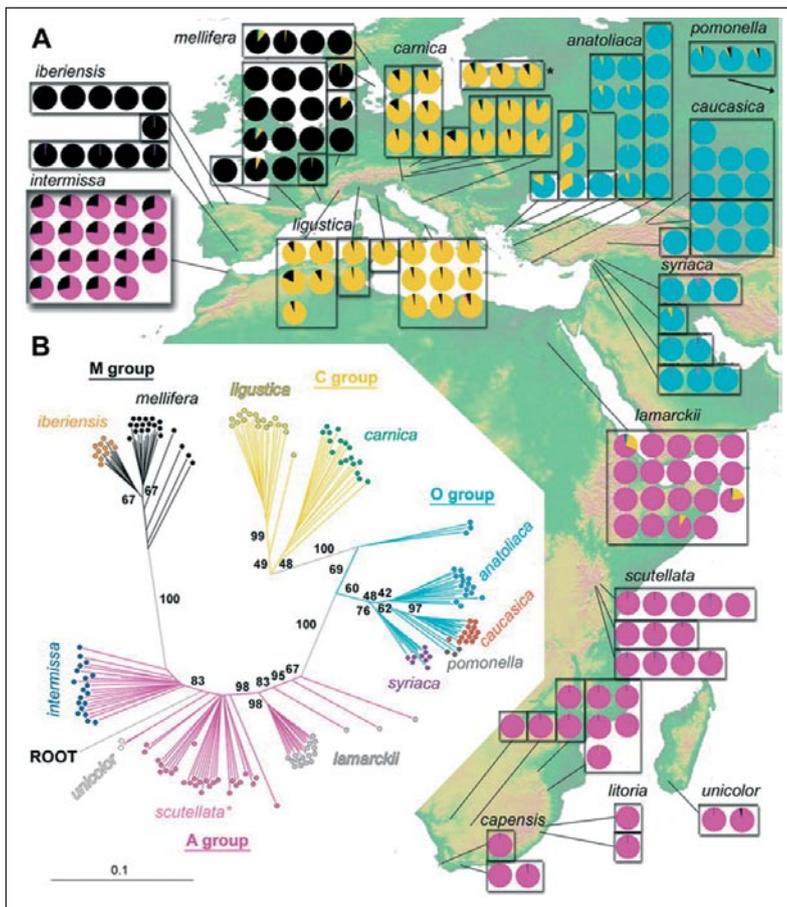
Lors de la colonisation de ces nouveaux territoires, les différentes populations de migrants ont été soumises à des environnements différents, d'une part au niveau climatique, d'autre part en étant exposées à une nouvelle panoplie de préda-

teurs, parasites et pathogènes. Dans ces nouveaux milieux, les différentes populations ont été soumises à des pressions de sélection différentes, et on observe par conséquent une adaptation de chaque population à son milieu. Cette adaptation implique un changement au niveau génétique; pour environ 10 % des gènes de l'abeille, on constate que des allèles\* différents vont être favorisés d'une région à l'autre. Cette différenciation entre populations s'est accentuée avec le temps et a engendré les races qu'on peut observer aujourd'hui.

\*Allèle : variation dans la séquence d'un gène, qui entraîne une fonction différente pour la protéine codée par le gène. Un gène peut exister ainsi sous des formes variables entre individus.

## « Domestication »

Après 700 000 ans d'évolution, *Apis mellifera* a été domestiquée par *Homo sapiens*, qui a eu une influence majeure sur sa répartition. La domestication date d'au moins 3500 ans BC, fait attesté par des peintures égyptiennes représentant des ruches. Afin d'augmenter sa productivité et de travailler dans les meilleures conditions possibles, l'Homme sélectionne depuis lors les traits les plus bénéfiques pour son rucher : résistance aux maladies, production de miel, douceur, etc. Beaucoup de races ont été utilisées en apiculture, et une nouvelle race a également été créée par divers croisements [Buckfast]. Comme à chaque génération seul un petit nombre de reines sont sélectionnées par les éleveurs pour la reproduction, cette pratique a pour effet de réduire la diversité génétique de l'espèce. C'est ce qu'on appelle la sélection artificielle (une force similaire à la sélection naturelle). Un des exemples extrêmes dans ce sens nous vient



Whitfield C., Behura S., Berlocher S., Clark A., Johnston S., Sheppard W., Smith D., Suarez A., Weaver D. and Tsutsui N. (2006)

Thrice Out of Africa: Ancient and Recent Expansions of the Honey Bee, *Apis mellifera* - Science - vol. 314 no. 5799 642-645

des Etats-Unis, où actuellement 500 producteurs seulement fournissent les reines pour l'ensemble du pays. En Europe, les éleveurs restent cependant peu nombreux et travaillent à une échelle qui n'a pas de commune mesure avec cela.

Les risques liés à la réduction de la diversité génétique portent sur l'augmentation de la consanguinité, ce qui diminue l'adaptabilité de l'espèce face à un environnement changeant. Des abeilles proches génétiquement montrent de moins bonnes performances : un risque élevé de transmission de maladies, des problèmes au niveau du maintien de l'homéostasie et des problèmes de thermorégulation. Mais en plus de cela, on peut sélectionner aujourd'hui des abeilles qui ne seraient plus capables de vivre sans l'aide de l'apiculteur. En effet, le traitement systématique dans le cadre de la varroase ne permet pas le développement de mécanismes de résistance au parasite.

La vente de races commerciales hors de leur aire de répartition naturelle induit un remplacement des races indigènes, qui peut résulter en l'extinction de races non exploitées. Les échanges internationaux

impliquent aussi une dispersion facilitée pour une myriade de parasites et pathogènes.

## Amérique

En Amérique, des abeilles européennes ont été importées par les colons à partir du 17<sup>e</sup> siècle; un petit nombre d'individus ont été apportés et la diversité génétique est donc globalement réduite sur ce continent. Au moins 9 sous-espèces ont ainsi été amenées, provenant essentiellement de la lignée C (Europe de l'Est), ainsi que quelques races des lignées M et O (Europe occidentale et Asie). En Amérique du Sud, les apiculteurs ont introduit en 1956 une sous-espèce originaire d'Afrique, *Apis mellifera scutellata*, mieux adaptée au climat tropical de ces régions. Cette sous-espèce s'est hybridée aux abeilles déjà présentes sur place, ce qui a donné lieu à la triste-ment célèbre abeille « africanisée », dont le comportement est hautement agressif. En examinant le génome de ces abeilles « africanisées », on a pu constater qu'environ 75 % de l'ADN de ces abeilles provient d'*Apis mellifera scutellata*, tandis que

## Tendances géographiques et temporelles de la diversification

(A) Affectation des probabilités de l'analyse de la structure des individus de l'Ancien Monde. A. m. pomonella (N = 3) recueillies par le Kirghizistan. Trois A. m. carnica (indiqué par un astérisque) ont été fournies par un établissement de recherche.

(B) Arbre de proximité basé sur le partage des distances alléliques.

« ROOT » représente un seul génotype dérivé composé de 289 SNPs avec un génotype homozygote commun de A. cerana (N = 7) et A. dorsata (N = 4) (32).

Les branches sont de couleur pour correspondre aux quatre groupes (A). Le groupe étiqueté scutellata\* inclut également A. m. litoria (N = 2) et A. m. capensis (N = 3)

les 25 % restants sont des allèles issus principalement de la lignée M. Les allèles des lignées C et O ont à peu près disparu de ces populations, alors que les allèles C étaient majoritaires avant l'africanisation. L'avantage apporté par la rétention des allèles originaires de la lignée M n'est pas encore clair à ce jour.

## Conclusion

Après des milliers d'années d'évolution, qui ont vu s'étendre et se diversifier l'abeille mellifère, l'espèce a étendu son aire de répartition sur trois continents : l'Afrique, l'Europe et l'Asie. Avec l'aide de l'Homme, elle a colonisé récemment les Amériques et l'Océanie, occupant ainsi la totalité du globe. Malheureusement à l'heure actuelle, face aux menaces qui pèsent sur elle, il est nécessaire de pouvoir compter sur le patrimoine génétique d'un maximum de sous-espèces. Dans ce cadre, les conservatoires deviennent indispensables. L'Homme est largement responsable de l'avenir de l'abeille et il détient maintenant les connaissances nécessaires pour comprendre ses erreurs du passé et les rectifier. Préserver la diversité de l'espèce est essentiel pour sa survie, et ultimement, pour la nôtre également.

### MOTS CLÉS :

génétique, biologie, abeille, race

### RÉSUMÉ :

grâce au séquençage de l'ADN de l'abeille en 2006, nos connaissances se sont affinées. Elles nous permettront d'agir plus efficacement pour préserver la diversité de l'espèce.