



HAL
open science

Analyse de populations d'abeilles par séquençage de génomes

Alain Vignal, David Wragg, Benjamin B. Basso, Maxime Béguin, Kamila Canale-Tabet, Olivier Bouchez, Jean Pierre Bidanel, Yves Le Conte

► **To cite this version:**

Alain Vignal, David Wragg, Benjamin B. Basso, Maxime Béguin, Kamila Canale-Tabet, et al.. Analyse de populations d'abeilles par séquençage de génomes. 5. Journées de la Recherche Apicole, Feb 2017, Paris, France. hal-02791452

HAL Id: hal-02791452

<https://hal.inrae.fr/hal-02791452v1>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Analyse de populations d'abeilles par séquençage de génomes.

Alain Vignal¹, Dave Wragg¹, Benjamin Basso², Maxime Beguin², Kamila Canale-Tabet¹, Olivier Bouchez¹, Jean-Pierre Bidanel³, Yves Le Conte⁴

1 : GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, INPT, INP-ENVT, 31326 Castanet Tolosan, France

2 : Institut de l'abeille (ITSAP), UMT PrADE, 8914 Avignon, France

3 : INRA, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative (GABI), 78352 Jouy-en-Josas, France

4 : INRA, UMR 406 Abeilles et Environment, UMT PrADE, 84914 Avignon, France

En France, la sous-espèce endémique *Apis mellifera mellifera* a souvent été remplacée par des hybrides entre *A. m. caucasica*, *A. m. ligustica* et *A. m. mellifera*, ou par d'autres variétés telle que l'abeille BuckfastTM, afin d'améliorer la productivité. Le programme SeqApiPop vise à mieux connaître le génome des populations Françaises d'abeilles présentes chez les apiculteurs, par l'approche du séquençage de génomes de mâles haploïdes, à raison d'un mâle par colonie analysée.

Plusieurs centaines d'échantillons provenant de producteurs de reines et de la station de testage de l'ITSAP ont été analysés. Ils ont été complétés par des échantillons de groupes témoins correspondant à des conservatoires et des régions d'Europe ayant potentiellement contribué à la génétique française. Les résultats montrent que le séquençage de mâles permet un génotypage fiable à un coût raisonnable pour de la recherche, avec plusieurs millions de SNP (Single Nucleotide Polymorphism) détectés. Des régions chromosomiques différenciées entre des populations ont été détectées, vraisemblablement en réponse à de la sélection artificielle sur des caractères comme la production de miel ou de gelée royale, mais aussi à cause d'autres événements inconnus tels que la pression des pathogènes et d'autres variables environnementales. Des degrés variables d'« admixture » (mélanges entre génotypes) entre *A. m. mellifera* et d'autres sous-espèces ont été observés.

En plus de ses résultats propres, ce programme a permis de poser les bases de programmes de recherche sur la résistance génétique à l'acarien *Varroa destructor*.