



HAL
open science

Le séquençage de populations d'abeilles : vers la compréhension de la dynamique du génome

David Wragg, Benjamin B. Basso, Yves Le Conte, Jean Pierre Bidanel, Alain Vignal

► **To cite this version:**

David Wragg, Benjamin B. Basso, Yves Le Conte, Jean Pierre Bidanel, Alain Vignal. Le séquençage de populations d'abeilles : vers la compréhension de la dynamique du génome. 3. Journées de la Recherche Apicole, Feb 2015, Paris, France. hal-02793409

HAL Id: hal-02793409

<https://hal.inrae.fr/hal-02793409>

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.

Le séquençage de populations d'abeilles : vers la compréhension de la dynamique du génome.

Dave Wragg¹, Benjamin Basso², Yves Le Conte³, Jean-Pierre Bidanel⁴, Alain Vignal¹

1 : UMR 1388 GenPhySE INRA, Centre INRA de Toulouse, 24 Chemin de Borde-Rouge, 31326 CASTANET-TOLOSAN

2 : ITSAP-Institut de l'abeille, UMT PrADE, UR0406 Abeilles et Environnement INRA, centre INRA PACA (Avignon), Domaine Saint Paul, 84914 AVIGNON

3 : UMR 1313 GABI INRA, Domaine de Vilvert, Bat 211, 78352 Jouy en Josas

4 : UMT PrADE, UR0406 Abeilles et Environnement INRA, centre INRA PACA (Avignon), Domaine Saint Paul, 84914 AVIGNON

L'objectif du séquençage de populations d'abeilles est de connaître la réponse du génome aux pressions de sélection qui se sont exercées au cours des générations. Des gènes ou des régions chromosomiques importants pour l'adaptation à l'environnement pourront être mis en évidence, permettant d'obtenir d'une part une meilleure connaissance de mécanismes biologiques et d'autre part de fournir des marqueurs de sélection.

La séquence d'un individu de l'espèce *Apis mellifera* a été publiée en 2006, ce qui la positionne parmi les premières des espèces domestiques séquencées et a permis de comprendre quelques particularités de son génome. Plus récemment, grâce aux baisses du coût des technologies de séquençage, des premiers résultats de re-séquençage d'un total de plus de 150 ouvrières ont été publiés (Harpur et al., 2014 ; Wallberg et al., 2014), permettant maintenant de commencer à analyser les pressions de sélection subies par des gènes exprimés chez les ouvrières ou les reines. Ces premiers résultats concernent des échantillons des quatre haplotypes mitochondriaux majeurs connus au niveau mondial.

Le programme SeqApiPop vise à mieux connaître le génome des populations Françaises d'abeilles par l'approche du séquençage de génomes de drones, avec un objectif à terme d'un milliard d'individus analysés. Actuellement, une soixantaine d'individus provenant de deux populations différentes ont été séquencés. Ces résultats préliminaires permettent de positionner ces populations en regard des populations séquencées par Harpur et al. (2014), et de repérer quelques régions subissant une pression de sélection.

La poursuite du programme en augmentant le nombre de populations étudiées permettra de mieux comprendre la génétique des populations d'abeilles Françaises.

Harpur BA, Kent CF, Molodtsova D, Lebon JMD, Alqarni AS, Owayss AA, Zayed A: **Population genomics of the honey bee reveals strong signatures of positive selection on worker traits.** *Proc Natl Acad Sci USA* 2014, **111**:2614–2619.

Wallberg A, Han F, Wellhagen G, Dahle B, Kawata M, Haddad N, Simões ZLP, Allsopp MH, Kandemir I, la Rúa De P, Pirk CW, Webster MT: **A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera*.** *Nat Genet* 2014.