

Better-B newsletter

Lettre n°4 – Juin 2026

La diversité génétique est essentielle pour la résilience. Les colonies d'abeilles mellifères qui présentent une grande variation génétique sont en meilleure santé et plus fortes pour faire face aux facteurs de stress. La diversité génétique constitue également la matière première de l'évolution, permettant aux populations d'abeilles mellifères de s'adapter aux climats et aux conditions environnementales locales, et de développer une résistance aux agents pathogènes. Afin de mieux comprendre comment la diversité génétique favorise la résilience, le projet Better-B a séquencé le génome complet de plus d'un millier d'abeilles mellifères. Les résultats ont permis d'identifier des gènes qui jouent probablement un rôle important dans l'adaptation à différents climats. Nous avons également eu recours au séquençage du génome pour étudier les modifications génétiques qui surviennent lorsque des populations d'abeilles mellifères survivent à une exposition au *Varroa* sans traitement, mettant ainsi en évidence la capacité naturelle des abeilles mellifères à préserver leur diversité génétique. **À terme, l'objectif de cette recherche est de permettre aux apiculteurs de sélectionner des abeilles mellifères dotées d'un patrimoine génétique résilient et bien adapté à leur environnement local.**

Comment les abeilles mellifères s'adaptent-elles à leur environnement local ?



**Resilience
to climate
and heat
stress**

En Europe, l'apiculture est pratiquée dans des climats variés, allant des étés méditerranéens chauds et arides aux longs hivers scandinaves dans des conditions qui évoluent rapidement en raison du changement climatique. Il est essentiel de veiller à ce que les abeilles mellifères soient génétiquement adaptées aux conditions climatiques locales afin de favoriser leur résilience et la survie des colonies. Afin d'identifier les gènes jouant un rôle important dans l'adaptation au climat, les groupes de recherche de Matthew Webster (UU) et d'Alice Pinto (IPB), en collaboration avec de nombreux autres partenaires du projet Better-B, ont séquencé les génomes de plus de 1 000 abeilles mellifères prélevées dans toute l'Europe.

L'histoire de l'évolution des abeilles mellifères

Si nous voulons comprendre comment les abeilles mellifères se sont adaptées à leur environnement, nous devons connaître leur histoire évolutive. Les abeilles mellifères sont présentes en Europe depuis près d'un million d'années, bien avant l'arrivée des humains. En raison des fluctuations climatiques massives liées aux périodes glaciaires et des barrières géographiques telles que les chaînes de montagnes, deux lignées évolutives majeures se sont isolées l'une de l'autre et ont accumulé d'importantes différences génétiques. On distingue la lignée M – à laquelle appartiennent l'abeille noire (*Apis mellifera mellifera*) et l'abeille ibérique (*A. m. iberiensis*) – et la lignée C – à laquelle appartiennent l'abeille italienne (*A. m. ligustica*) et l'abeille carniolienne (*A. m. carnica*). L'aire de répartition naturelle de la lignée M en Europe s'étend à l'ouest, de la Scandinavie à la péninsule ibérique, tandis que celle de la lignée C se limite au sud-est de l'Europe, à la péninsule italienne et aux Balkans.

Much more recently, in the last 150 years, the natural distribution of honeybees in Europe has been disrupted by movement of colonies and importation of queens by beekeepers. This has mainly involved importation of C-lineage to countries in the north, which has affected the genetic background of M-lineage honeybees native to those areas. The mixture of honeybee lineages increases genetic diversity, but can also disrupt adaptations between genes and environment, reducing resilience of local populations.

Plus récemment, au cours des 150 dernières années, la répartition naturelle des abeilles mellifères en Europe a été perturbée par les déplacements de colonies et l'importation de reines par les apiculteurs. Cela a principalement concerné l'importation de la lignée C vers les pays du nord, ce qui a affecté le patrimoine génétique des abeilles mellifères de la lignée M, originaires de ces régions. Le mélange des lignées d'abeilles mellifères accroît la diversité génétique, mais peut également perturber les adaptations entre les gènes et l'environnement, réduisant ainsi la résilience des populations locales. Etudier les génomes des abeilles mellifères nous permet de mettre en évidence l'impact du transport des abeilles sur leur capacité d'adaptation génétique à leur environnement. Nous souhaitons également identifier les gènes qui contrôlent les caractères qui sont importants pour l'adaptation au climat.

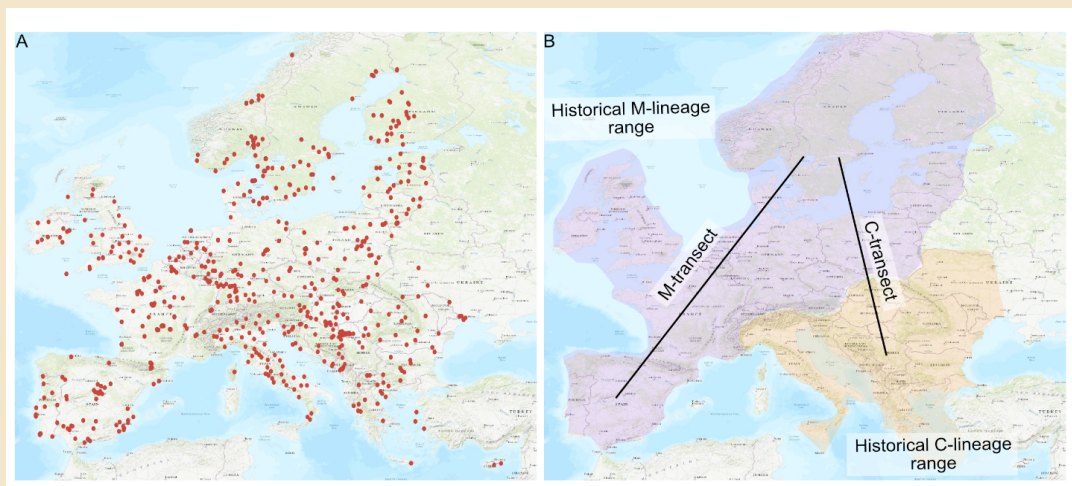


Figure 1: (A) Lieux de prélèvements de plus de 1 000 abeilles provenant de 33 pays européens, dont les génomes ont été séquencés par Better-B. (B) L'aire de répartition historique des abeilles des lignées M et C, originaires d'Europe, est indiquée en gris. Cette répartition a été perturbée par le transport d'abeilles de la lignée C vers le nord. Nous avons comparé les génomes d'abeilles le long de deux transects nord-sud afin d'identifier les gènes qui régissent l'adaptation au climat.

1 000 génomes d'abeilles mellifères

Le projet Better-B a séquencé les génomes d'abeilles ouvrières prélevées dans toute l'Europe (fig. 1A). Ces données ont révélé que le transport des abeilles mellifères a eu un impact considérable sur leur composition génétique. Dans des pays tels que l'Allemagne, la Belgique, les Pays-Bas et les pays scandinaves, le patrimoine génétique est désormais constitué à plus de 90 % de la lignée C importée. Il est possible que ces importations à grande échelle aient perturbé l'adaptation à l'environnement local, rendant les abeilles moins résistantes.

En tenant compte de ce patrimoine génétique hétérogène, nous avons comparé des populations d'abeilles mellifères le long de deux transects nord-sud afin d'identifier les gènes susceptibles d'expliquer l'adaptation au climat (fig. 1B). Le transect de la lignée M compare les abeilles mellifères de la péninsule ibérique à celles du nord de l'Europe, qui doivent provenir de populations spécifiques « de conservation » non affectées par l'importation d'abeilles de la lignée C. Le transect de la lignée C compare les abeilles mellifères du sud-est de l'Europe à celles du nord de l'Europe. Ces comparaisons permettent d'identifier des variantes génétiques spécifiques dont la fréquence diffère entre les populations du nord et celles du sud, et qui peuvent expliquer leur adaptation à des climats différents.

Les gènes liés à l'adaptation au climat

Nous avons utilisé un large éventail de méthodes statistiques pour identifier les gènes liés à l'adaptation au climat. Ces méthodes consistent notamment à comparer les génomes d'abeilles vivant à différentes latitudes. Nous recherchons également des corrélations entre les fréquences génétiques et les données climatiques telles que la température et les précipitations. Grâce à ces méthodes, nous avons identifié plusieurs gènes présentant des variantes différentes dans les pays du Nord et du Sud. Un gène particulièrement intéressant appartient à la famille des « chaînes lourdes de myosine », qui produit des protéines constituant des composants essentiels des muscles. Les abeilles mellifères utilisent leurs grands muscles de vol pour réguler la température dans la ruche, soit en générant de la chaleur par temps froid, soit en augmentant le flux d'air à l'intérieur de la ruche pour la rafraîchir. Nous émettons l'hypothèse que différentes variantes de ce gène sont avantageuses selon que la colonie se trouve dans un climat chaud ou froid. En favorisant le choix d'abeilles présentant des variantes génétiques de ce gène adaptées au climat, nous pouvons renforcer la résilience et améliorer les chances de survie des colonies d'abeilles mellifères.

Comment les abeilles mellifères développent-elles une résistance au *Varroa* ?



The *Varroa* mite is the main cause of honeybee colony losses in Europe, and most colonies cannot survive without chemical treatment. Nevertheless, over the last two decades, several honeybee populations have evolved natural resistance to this parasite and can survive without intervention by beekeepers. The Better-B project has investigated four existing *Varroa*-surviving populations and established new populations that are not treated for *Varroa* in nine different locations across Europe.

Le *Varroa* est la principale cause de mortalité des colonies d'abeilles mellifères en Europe et la plupart des colonies ne peuvent survivre sans traitement chimique. Néanmoins, au cours des deux dernières décennies, plusieurs populations d'abeilles mellifères ont développé une résistance naturelle à ce parasite et peuvent survivre sans l'intervention des apiculteurs. Le projet Better-B a étudié quatre populations existantes capables de survivre au *Varroa* et a établi de nouvelles populations non traitées contre le *Varroa* dans neuf sites différents à travers l'Europe. Ainsi, en séquençant les génomes de ces populations, nous pouvons analyser les modifications génétiques qui se produisent à mesure que les populations acquièrent une résistance au *Varroa*.

La génétique des colonies résistantes au *Varroa*

Les populations ayant survécu au *Varroa* sont indiquées sur la figure 2. Nous avons identifié quatre populations existantes à Cluj-Napoca (Roumanie), Gjerdrum (Norvège), De Hoge Veluwe (Pays-Bas) et Kalmthout (Belgique). Ces populations ont survécu au *Varroa* pendant de nombreuses années. La population norvégienne a été créée dès 1999 et la population néerlandaise en 2007, tandis que les populations belge et roumaine sont exemptes de traitements depuis 2019. Les partenaires du projet Better-B ont également créé neuf nouvelles populations au début du projet, en 2023, dans des régions aux climats variés à travers toute l'Europe. Chaque site a démarré avec une moyenne d'environ 56 colonies, gérées selon l'approche dite de la « boîte noire darwinienne ». Ce protocole garantit que les populations évoluent sous l'effet de la sélection naturelle exercée par le *varroa* et prévoit un fractionnement annuel des colonies afin de prévenir l'essaimage.

Nous avons étudié l'évolution de toutes les populations ayant survécu au *Varroa* à l'aide du séquençage complet de leur génome. Nous nous sommes intéressés aux questions suivantes : 1) La sélection naturelle entraîne-t-elle une réduction de la variation génétique ? 2) Une faible variation génétique augmente-t-elle le risque d'extinction des

populations due au *Varroa* ? 3) Quelles variations génétiques doivent être sélectionnées parce qu'elles augmentent la résistance au *Varroa* ?

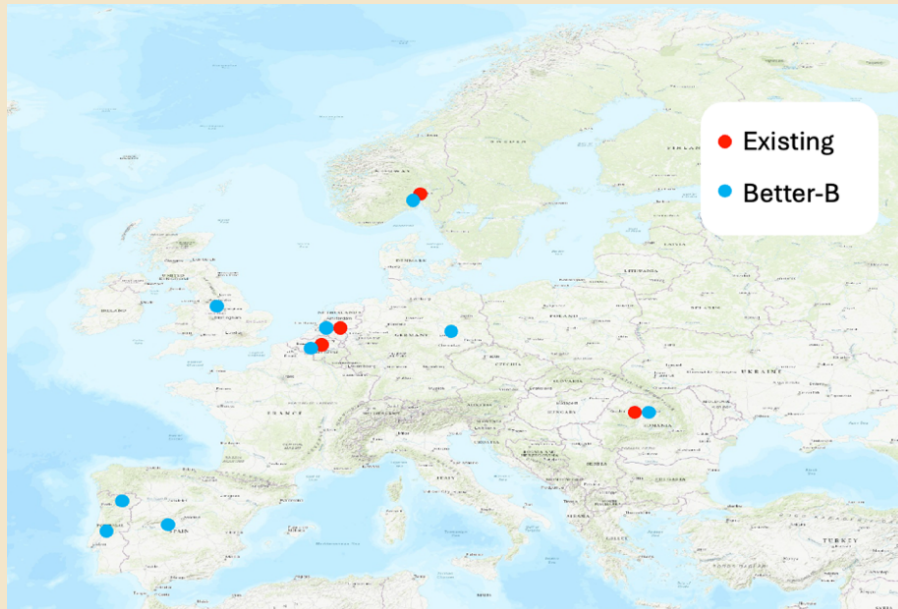


Figure 2. Localisation des populations d'abeilles mellifères résistantes au *Varroa* étudiées dans le cadre du projet Better-B

Une grande diversité génétique chez les abeilles mellifères européennes

Nous avons comparé les niveaux de diversité génétique des quatre populations existantes ayant survécu au *Varroa* à ceux de colonies d'abeilles mellifères situées dans des régions voisines et ayant été traitées contre le *Varroa*. Étonnamment, aucune différence significative n'a été observée. Ce résultat est surprenant, car les populations non traitées ont subi une réduction considérable de leur taille en raison de la mortalité des colonies, ce qui aurait pu entraîner une diminution de la diversité génétique. Ces résultats soulignent donc la capacité naturelle des abeilles mellifères à préserver la diversité génétique grâce à des processus tels que l'accouplement des reines avec plusieurs faux-bourçons.

En comparant la diversité génétique de toutes les populations, nous avons constaté qu'elle était étroitement liée à leurs origines historiques : les colonies issues d'un métissage présentaient une plus grande diversité génétique. Cependant, nous n'avons pas mis en évidence d'effet de la diversité génétique sur la survie des populations dites de la « boîte noire darwinienne », ce qui suggère que la diversité génétique de toutes ces populations est suffisamment élevée et que la mortalité due au *Varroa* est imputable à d'autres facteurs.

Les comparaisons entre les quatre populations résistantes au *Varroa* qui existaient auparavant et les populations environnantes traitées contre ce parasite n'ont pas permis d'identifier de gènes spécifiques responsables de la résistance au *Varroa*. Cela s'explique probablement par le fait qu'un grand nombre de gènes jouent un rôle important dans la résistance au *Varroa* et que les variantes génétiques soumises à la sélection diffèrent selon les populations et les environnements. Les expériences dites de la « boîte noire darwinienne » menées dans le cadre du projet Better-B permettront de générer plusieurs populations supplémentaires capables de survivre à *Varroa*, ce qui constituera une ressource essentielle pour comprendre la génétique de la résistance à cet acarien.

Et après?

Au cours des prochaines étapes du projet, nous modéliserons les effets du changement climatique sur la façon dont les abeilles s'adaptent à leur environnement. Cela nous aidera à prévoir les conséquences du changement climatique sur la résilience des colonies d'abeilles mellifères et à déterminer si certaines régions d'Europe sont particulièrement exposées au risque de perte de colonies en raison de l'évolution du climat. En identifiant des variantes génétiques spécifiques adaptées à un climat donné, nous espérons également conseiller les apiculteurs sur les souches d'abeilles mellifères les mieux adaptées à leurs conditions locales.

Dans le cadre du projet Better-B, des expériences de sélection darwinienne sont actuellement menées dans neuf lieux. Ces populations développent une résistance au *Varroa*. En analysant les modifications génétiques observées chez les populations qui survivent ou non, et en comparant les populations les unes aux autres, nous espérons mettre en évidence les facteurs génétiques qui favorisent la résilience des colonies.

Envie d'en savoir plus?

Nous vous invitons à nous rejoindre au prochain événement ouvert au public qui se tiendra le 25 novembre 2026 à Bragança, au Portugal, et en ligne. L'événement se déroulera en anglais et en portugais (mêlé à un peu d'espagnol). Nous approfondirons nos connaissances sur la génétique de l'abeille mellifère et son adaptation locale. Nous découvrirons comment le paysage influe sur la résistance aux pesticides et comprendrons mieux la thermorégulation au sein de la ruche. Nous vous invitons chaleureusement à échanger avec nous sur le concept « Better-B » d'apiculture durable, qui repose sur une approche de gestion à deux volets séparant la production et la reproduction. L'après-midi, une session pratique nous permettra d'apprendre comment aider au mieux la colonie d'abeilles à réguler la température à l'intérieur de la ruche.

Learn more

www.better-b.eu

Follow us on LinkedIn

[Better-B Project](#)

This work was supported by the Better-B project, which has received funding from the European Union, the Swiss State Secretariat for Education, Research and Innovation (SERI) and UK Research and Innovation (UKRI) under the UK government's Horizon Europe funding guarantee (grant number 10068544).



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Swiss Confederation