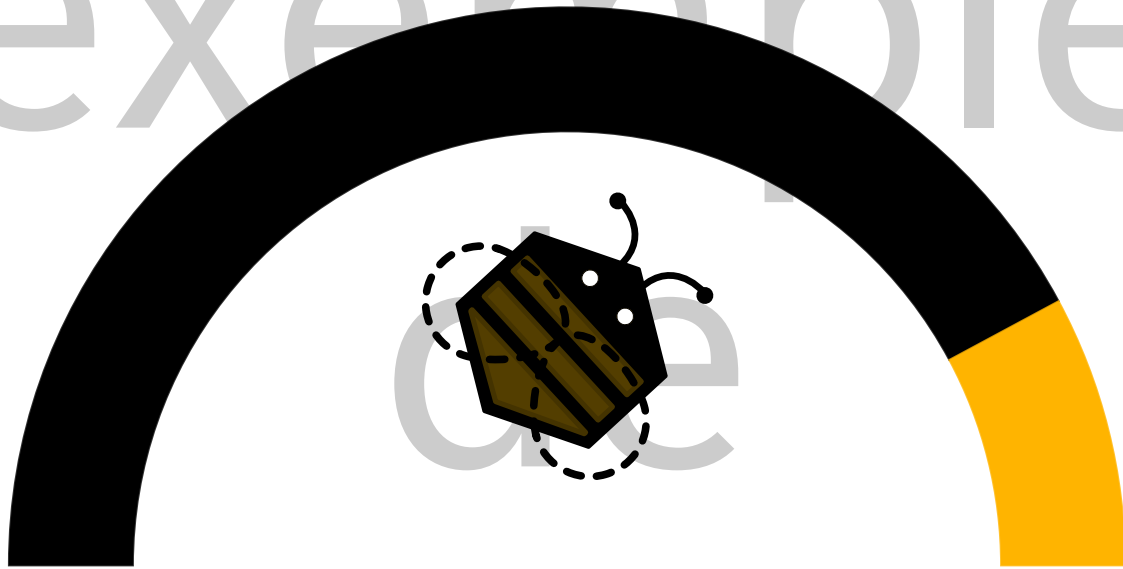
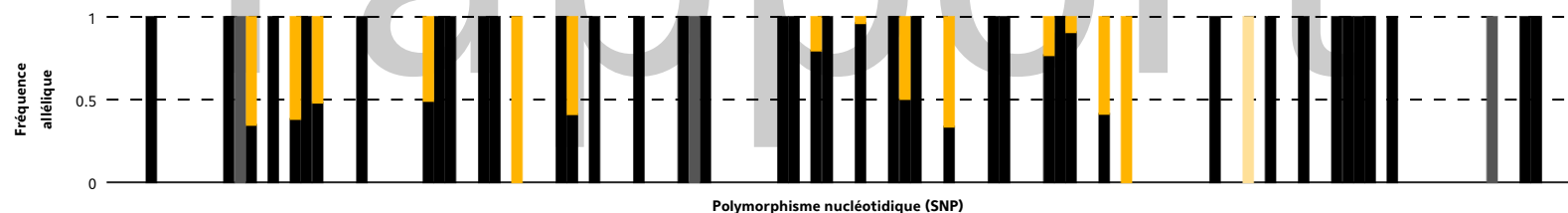


ID de l'échantillon	Date	Localisation
0	2025-01-01	50.0,-0.0



■ Lignée M: 84.3% ■ Lignée C: 15.7%



Analyse de l'hybridation des lignées M/C

Ce test analyse un certain nombre de variations dans l'ADN de l'abeille, connues sous le nom de SNPs (Single-Nucleotide Polymorphisms ou, en français, polymorphismes nucléotidiques). Il a été démontré que ces SNPs permettent de différencier les deux principales lignées d'abeilles mellifères présentes en Europe du Nord: **M** - *mellifera*, et **C** - *carnica/ligustica*.

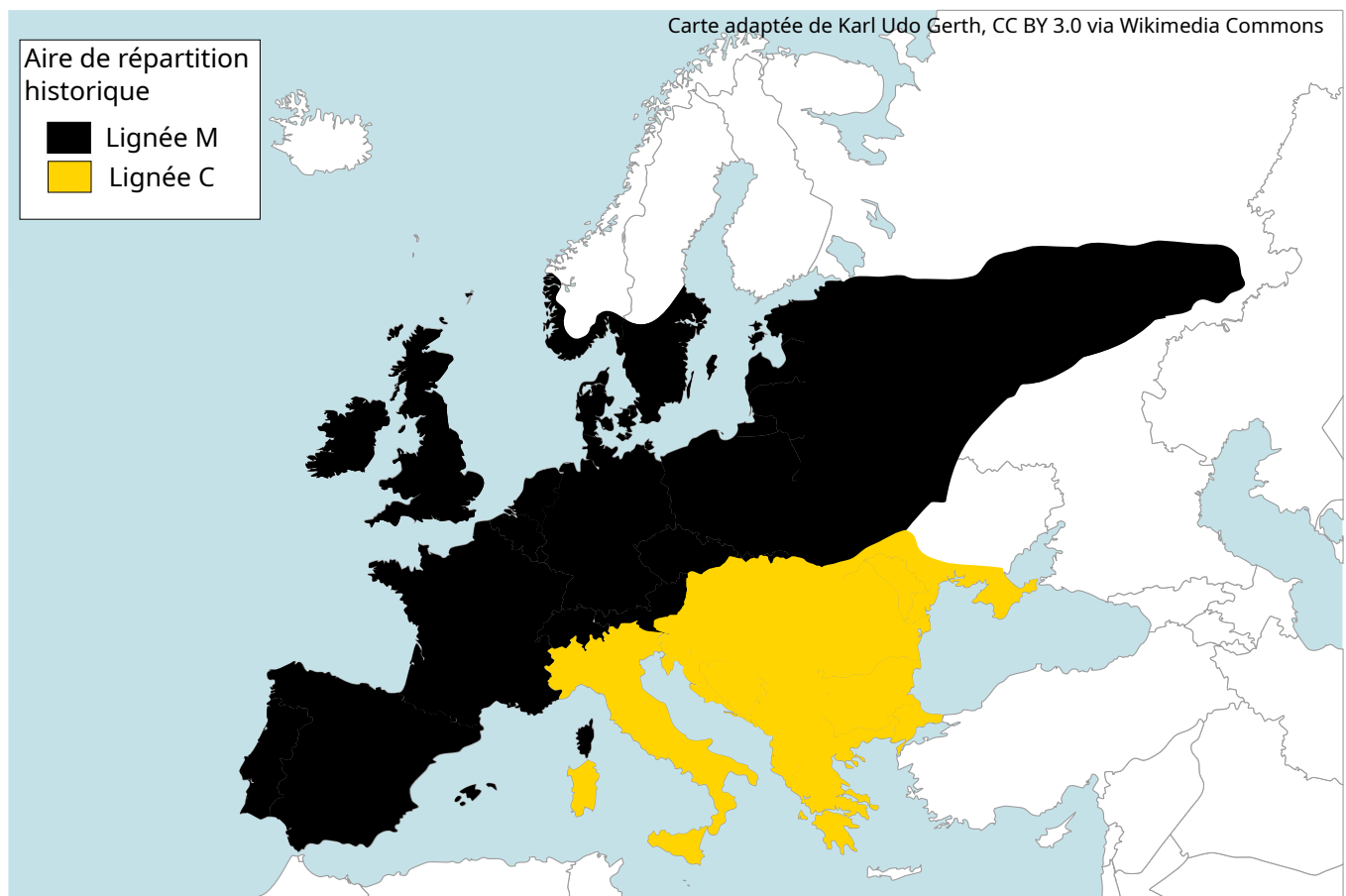
Le résultat global des fréquences alléliques mesurées sur l'ensemble du test est fourni sous forme d'une « estimation globale d'ascendance », représentée dans la figure principale. À titre de référence, le graphique à barres empilées ci-avant montre les fréquences des allèles de la lignée M (noir) et C (jaune) pour chaque SNP qui a dépassé un seuil de fiabilité. Les SNPs dont les fréquences alléliques ne dépassent pas ce seuil sont considérés comme peu fiables (colorés en gris et en jaune clair sur le graphique), et ne sont pas pris en compte dans l'estimation globale d'ascendance. L'axe des ordonnées va de 0 (100 % lignée C) à 1 (100 % lignée M), ce qui donne une indication des niveaux d'hybridation dans des régions spécifiques du génome. Lorsqu'une barre est vide, cela signifie que le SNP correspondant n'a pas pu être détecté pour l'échantillon ou a été exclu du test.

Lignées de l'abeille mellifère

L'abeille mellifère occidentale - *Apis mellifera* - est originaire d'Afrique, d'Europe et d'Asie occidentale. Elle se subdivise en cinq lignées évolutives principales :

- **A** : sous-espèces d'Afrique centrale et australe.
- **C** : sous-espèces de l'est et du sud des Alpes.
- **M** : sous-espèces d'Europe du Nord et de l'Ouest.
- **O** : sous-espèces d'Asie occidentale.
- **Y** : sous-espèces d'Éthiopie.

En Europe, les lignées M et C dominent. Les autres lignées sont rares et généralement introduites par les apiculteurs.



Carte illustrant les aires de répartition naturelles estimées des lignées M et C avant les interventions humaines.

Adapté de : *A revision of subspecies structure of western honey bee Apis mellifera*. Ilyasov et al. 2020.

Contexte et conservation

Au cours du siècle dernier, les pratiques de sélection et d'échange de souches par les apiculteurs ont fortement contribué à l'hybridation entre lignées. Ainsi, aujourd'hui, de nombreuses colonies sont issues ou exposées à des abeilles d'ascendance mixte. Néanmoins, dans certaines zones reculées, un faible niveau d'hybridation peut encore être observé, en raison de l'isolement géographique, d'une activité apicole réduite ou d'un effort volontaire de conservation d'une lignée particulière – comme l'abeille noire à Ouessant (France) ou à Colonsay (Écosse). L'étendue de l'hybridation en Europe est encore mal documentée et, grâce à ce test, vos abeilles contribuent à améliorer les connaissances dans ce domaine.