



9. Contribution à l'étude des relations abeilles-colzas transgéniques

O Bailez, Al Picard-Nizou, V Kerguelen, P Douault, R Marilleau, M Blight, L Jouanin, M Renard, Mhp Delègue

► To cite this version:

O Bailez, Al Picard-Nizou, V Kerguelen, P Douault, R Marilleau, et al.. 9. Contribution à l'étude des relations abeilles-colzas transgéniques. *Apidologie*, 1993, 24 (4), pp.457-459. hal-00891095

HAL Id: hal-00891095

<https://hal.science/hal-00891095>

Submitted on 11 May 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.

Drome und Plateau de Valencole gesammelt.

Die Ergebnisse an den experimentellen wie an den kommerziell gewonnenen Honigen zeigen einen so niedrigen Prozentsatz an Lavendel/Lavandin-Pollen, daß man sie nach den bisherigen Kriterien der I.C.B.B. (1978), die nur Honige mit mehr als 20% als unifloral anerkennen, nicht als reinen Sortenhonig einstufen könnte. Die absoluten Pollenzahlen von Lavendel/Lavandin sind sehr niedrig. Die Daten von den experimentell gewonnenen Honigen legen als einzige Grenze 50 Pollenkörner für 10 g Honig nahe. Die Werte der kommerziellen Honige liegen zwischen 50-250 Körner/10 g Honig; nur drei Honige zeigten Werte, die nahe an 500 Pollenkörner herankamen.

Die taxonomische Reichhaltigkeit des Pollenspektrums ist sehr groß. In der Gesamtheit der Proben haben wir 224 Pollentypen gefunden. Der mediterrane Charakter manifestiert sich in 39 Taxa, die gewöhnlich als kennzeichnend für diese Region angeführt werden. Eine Unterscheidung der beiden Regionen nach dem Pollenbild erscheint schwierig. Sie hatten 29 Taxa in mehr als 80% der Proben gemeinsam. Die gemeinsamen Formen entsprechen den charakteristischen Typen dieser Flora: *Diplotaxis*, *Quercus ilex-coccifera*-Typ, *Eucalyptus*, *Viburnum tinus*, *Onobrychis*, *Trifolium repens*-Typ. Rein mediterran sind *Erica arborea*-Typ, *Laurus*, *Cytinus*, *Cercis*, *Psoralea*, *Cistus monspeliensis*, *C. salviifolius*, *C. laurifolius*, *Myrtus*, *Olea*, *Carthamus*, *Carlina*, *Centaurea scabiosa*, *Catananche*, *Smilax*, *Aphyllantes*. Wenn man jedoch die selteneren Taxa heranzieht, scheinen die Alpen der Haute Provence durch Dipsaceen (*Scabiosa* und *Knautia*) und Campanulaceen (*Campanula* sp., *Campanula trachelium* V-typ, *Jasione*) charakterisiert zu sein. Außerdem wurden Pollenformen gefunden, die für Frankreich neu sind: *Amorpha*, *Aphyllantes*, *Campa-*

nula trachelium-Typ, *Catananche*, *Coronilla scorpioides*, *Cytinus*, und *Diospyros*.

9. Contribution à l'étude des relations abeilles-colzas transgéniques.

O Bailez¹, AL Picard-Nizou¹, V Kerguelen¹, P Douault¹, R Marilleau¹, M Blight², L Jouanin³, M Renard⁴, MHP Delègue¹ (¹ INRA-CNRS (URA 1190), laboratoire de neurobiologie comparée des Invertébrés, BP 23, 91440 Bures-sur-Yvette, France; ² Rothamsted Experimental Station, Department Insecticides and Fungicides, Harpenden Herts, AL5 2JQ, Grande-Bretagne; ³ INRA, laboratoire de Biologie cellulaire, centre de Versailles, route de Saint-Cyr, 78026 Versailles Cedex; ⁴ INRA, station d'Amélioration des plantes, BP 29, 35650 Le Rheu, France)

Les recherches en matière de sélection du colza se sont orientées récemment vers la création de variétés transgéniques présentant des qualités agronomiques améliorées (résistances aux insectes, aux maladies, augmentation des teneurs en substances de réserve). Face à ces manipulations génétiques, le problème de l'impact de nouvelles plantes sur l'environnement se pose. Le colza étant une plante hautement attractive pour les insectes pollinisateurs, il est en particulier nécessaire d'évaluer l'effet de plantes transformées, conduisant à l'introduction de certains métabolites dans la plante, ou à d'éventuelles modifications de la qualité des sécrétions de la plante (nectar, pollen, arôme), sur l'activité d'insectes pollinisateurs. Dans ce travail, nous avons recherché l'effet de colzas ayant subi une transformation en vue de leur conférer une résistance à un antibiotique (gène marqueur) (génotype PG20), ou exprimant une protéine de réserve, dans le tourteau (génotype RBN), en référence au génotype non transformé (Brutor). Nous avons d'une part étudié le processus d'exploitation de la

plante, par l'observation du comportement de butinage d'une colonie d'abeilles en cage de vol, sur plantes entières. Sur la base de comptage de visites et d'observation vidéo, nous avons dégagé certains descripteurs de la séquence de butinage. Une préférence, en nombre de visites, pour Brutor par rapport à PG20, apparaît. Cependant, aucune différence significative entre génotypes témoins et transgéniques, sur les autres critères relevés (nombre de fleurs visitées, temps de visite, nombre d'essais de prélèvement de nectar) n'a été notée. Parallèlement, des analyses de nectar ont été réalisées pour les différents génotypes, montrant une sécrétion plus abondante chez les génotypes transgéniques, et une concentration en fructose supérieure chez RBN, par rapport au témoin. Il apparaît donc que, pour les génotypes étudiés, la transformation génétique n'induit pas d'effet négatif sur l'activité de butinage des abeilles et la sécrétion nectarifère.

D'autre part, nous avons étudié un processus d'apprentissage individuel, grâce à une réponse conditionnée d'extension du proboscis. Dans cette étude, les abeilles ont subi : i) un conditionnement à un mélange de 6 constituants volatils identifiés dans l'arôme de colza, suivi de tests aux produits présentés individuellement; ii) un conditionnement aux constituants individuels, suivi d'un test avec le mélange; iii) un conditionnement aux produits individuels, suivi de tests avec ces mêmes produits. Nos résultats montrent l'existence: i) d'un seuil de conditionnement en dessous duquel un conditionnement efficace ne peut être obtenu; ii) de capacités de reconnaissance quantitative (*ie* concentrations reconnues en deçà et au-delà de la concentration apprise); iii) d'une hiérarchie parmi les produits testés. Ces données conduisent à une meilleure compréhension des mécanismes de discrimination olfactive de l'abeille, en réponse à des signaux volatils émis par le colza.

Contribution to the study of honey bee – transgenic oilseed rape interactions

Transgenic oilseed rape varieties, with improved agronomic qualities (insect resistance, disease resistance, increased amounts of reserve substances) have recently been developed. Plant biotechnology leads us to consider the impact of new crops on the environment. Because oilseed rape is highly attractive to pollinating insects, it is necessary to evaluate the effect of genetically modified plants with new metabolites or modified plant secretions (nectar, pollen, aromas) on insect foraging activity. In this study, oilseed rape expressing antibiotic resistance (marker gene) (genotype PG20), or a reserve protein in oilcake (genotype RBN), and a control (genotype Brutor) were studied.

We investigated honey-bee foraging activity on plants with free flying bees in a flight room. From visit countings and from video recordings, we have defined foraging sequence parameters. A preference in term of number of visits was shown on Brutor compared to PG20. However, no significant difference between control and transgenic plants appeared with regard to the other behavioral parameters (number of flowers visited, visit duration, number of nectar collection trials). In parallel, nectar analyses were conducted on the genotypes; they showed a more abundant secretion in transgenic plants and a higher fructose concentration in RBN compared to the control. Thus, for the studied genotypes, no negative effect on foraging activity and nectar secretion was found in the transgenic plants.

We also studied learning ability using the olfactory conditioned proboscis extension as a bioassay. Bees were individually subjected to: i) conditioning to a mixture of 6 components identified among oilseed rape volatiles, and testing to the individual components; ii) conditioning to individual

components and testing to a mixture of them; iii) conditioning to the individual components and testing to each of them. We found: i) a conditioning threshold below which an appropriate conditioning could not be obtained; ii) quantitative recognition abilities (ie responses to concentrations below and above the conditioning concentration); iii) a hierarchy among the tested components. These data lead to a better understanding of olfactory discrimination mechanisms involved in oilseed rape volatiles recognition by the honeybee.

Beitrag zur Kenntnis der Wechselwirkungen zwischen Honigbienen und transgenischem Raps

In letzter Zeit wurden transgenische Rapsvarietäten von gesteigerter Qualität für die Landwirtschaft (Resistenz gegen Insekten und Krankheiten, erhöhter Gehalt an Reservestoffen usw.) entwickelt. Pflanzen-Biotechnologie ermöglicht die Berücksichtigung des Einflusses neuer Nutzpflanzen auf die Umwelt. Da der Raps für bestäubende Insekten hoch attraktiv ist, erscheint es notwendig, den Effekt von genetisch veränderten Pflanzen mit neuen Metaboliten und veränderten Produkten (Nektar, Pollen, Aroma) auf deren Sammelaktivität zu untersuchen. In dieser Studie wurden Rapssorten mit dem marker-Gen für antibiotische Resistenz (Genotyp PG20) oder einem Reserveprotein im Ölkuchen (Genotyp RBN) und ein Kontrollstamm (Genotyp Brutor) untersucht. Wir prüften die Sammelaktivität an Pflanzen mit frei fliegenden Bienen im Flugraum. Aus Zählungen der Blütenbesuche und Videoaufnahmen bestimmten wir die Parameter der Sammelsequenz. Es konnte eine Bevorzugung in

der Zahl der Besuche für Brutor im Vergleich zu PG20 nachgewiesen werden. Dagegen bestand kein signifikanter Unterschied zwischen der Kontrolle und anderen transgenischen Pflanzen hinsichtlich anderer Verhaltensparameter (Zahl der besuchten Blüten, Besuchsdauer, Anzahl der Versuche zum Nektarsammeln). Gleichzeitig wurden Nektaranalysen an den Genotypen durchgeführt; dabei ergab sich bei den transgenischen Pflanzen eine höhere Nektarsekretion und bei RBN eine höhere Fruktosekonzentration als bei der Kontrolle. Es wurde also bei den untersuchten Genotypen der transgenischen Pflanzen kein negativer Effekt auf die Sammelaktivität oder die Nektarsekretion gefunden.

Die Lernfähigkeit der Bienen wurde mittels des olfaktorisch konditionierten Rüsselstreckreflexes untersucht. Bienen wurden individuell folgenden Versuchen unterzogen: 1. – Konditionierung auf eine Mischung von 6 Komponenten, die im Rapsduft identifiziert werden konnten, und Prüfung auf die einzelnen Komponenten; 2. – Konditionierung auf einzelne Komponenten und Prüfung auf die Mischung; 3. – Konditionierung auf die einzelnen Komponenten und Prüfung auf jede einzelne von ihnen. Wir fanden eine Konditionierungsschwelle, unterhalb welcher eine richtige Konditionierung nicht erzielt werden kann. Ferner zeigten sich quantitative Erkennungsfähigkeiten (dh Antworten auf Konzentrationen, die unter und über derjenigen bei der Konditionierung lagen). Schließlich ergab sich eine Hierarchie bei den geprüften Komponenten. Diese Daten führen zu einem besseren Verständnis der olfaktorischen Unterscheidungsmechanismen bei der Erkennung der Duftstoffe des Rapses durch die Honigbienen.