

# ADN adaptable et coton OGM

Agnès FAYET

Brève présentation des résultats de deux recherches récentes  
en neurosciences et toxicologie

## Toxicité du coton OGM ?

Une étude publiée en juillet 2012 dans la revue *Ecotoxicology* par une équipe de chercheurs sino-franco-italienne pose la question de la toxicité du pollen de coton modifié CCRI41 sur les abeilles mellifères. Cette variété transgénique est très utilisée en Chine. Elle permet à la plante de produire deux protéines insecticides. Les abeilles sont massivement exposées au pollen de ces plantes. De juin à fin août, dans certaines régions de Chine, les abeilles n'ont guère que ce choix alimentaire. Deux études préalables ont évalué les effets létaux et sublétaux potentiels du pollen de coton CCRI41 sur de jeunes abeilles. Aucun effet n'a été remarqué sur leurs capacités d'apprentissage mais un effet antiappétant a été noté. Le but de l'étude de Peng Han et al. était de comprendre cette régression d'appétit. Pour ce faire, de jeunes abeilles ont été soumises en laboratoire à une exposition chronique au pollen incriminé. Les résultats montrent que l'effet antiappétant du pollen de coton CCRI41 sur les abeilles n'est pas lié aux effets sur leurs enzymes protéolytiques (permettant la digestion des protéines) ou sur le développement de leurs glandes hypopharyngiennes (production de gelée larvaire). D'autres facteurs, non encore étudiés, pourraient toutefois expliquer cet effet. Les résultats de l'étude sont discutés dans le cadre de l'évaluation des risques des cultures transgéniques sur les abeilles.

Références :

Peng Han, Chang-Ying Niu, Antonio Biondi, Nicolas Desneux  
« Does transgenic Cry1Ac + CpTI cotton pollen affect hypopharyngeal gland development and midgut proteolytic enzyme activity in the honey bee *Apis mellifera* L. (Hymenoptera, Apidae)? », *Ecotoxicology*, Vol. 21, 2012.

**MOTS CLÉS :**  
toxicologie, neurosciences, OGM



## Adaptation de l'ADN des ouvrières

Dans les sociétés d'abeilles mellifères, les individus jouent un rôle précis au sein de la ruche mais ce rôle peut évoluer. Les butineuses peuvent ainsi revenir au stade de nourrices au besoin. Pour la première fois, des chercheurs de la Johns Hopkins University School of Medicine (USA) ont prouvé que ces adaptations sociales seraient aussi des adaptations de l'ADN des insectes. Chaque rôle dans la ruche est associé à un motif de méthylation. Pour comprendre de quoi il s'agit, il faut rappeler que l'ADN est constitué de quatre bases différentes qui représentent les quatre lettres du code génétique : A (adénine), C (cytosine), G (guanine), T (thymine). Le méthyle (un petit groupe chimique) s'ajoute parfois à une base, pour assurer une information supplémentaire. L'environnement et l'expérience de chaque organisme peuvent influencer l'expression des gènes en conduisant à cette méthy-

lation. C'est le mécanisme de régulation épigénétique des gènes. Pour tester la réversibilité des adaptations génétiques, toutes les nourrices de deux ruches ont été prélevées en l'absence des butineuses. Au retour des butineuses, les chercheurs ont constaté que la moitié d'entre elles se sont transformées en nourrices pour remplacer les absentes. Leur épigénome a été analysé et les méthylation recherchées. Les nourrices reconverties ont présenté les mêmes motifs de méthylation que les jeunes ouvrières. Les comportements des ouvrières sont donc réversibles, de même que les adaptations de leur ADN.

Références :

Brian R. Herb, Florian Wolschin, Kasper D. Hansen, Martin J. Aryee, Ben Langmead, Rafael Irizarry, Gro V. Amdam et Andrew P. Feinberg « Reversible switching between epigenetic states in honeybee behavioral subcastes », *Nature Neuroscience* 15, 1371-1373 (2012)