



# 9º CONGRESSO FLORESTAL NACIONAL

SUSTENTABILIDADE DA FLORESTA PORTUGUESA  
VALORIZAR, UM DESAFIO COLETIVO



## LIVRO DE RESUMOS

Editado por Maria Alice Pinto, Maria Emília Silva, João Carlos Azevedo, Miguel Sequeira, Nuno Ribeiro, Paulo Fernandes, Paulo Mateus, Susana Dias

Outubro de 2022, Funchal

ID: 121

## Composição genética materna das abelhas da Madeira: comparação com as populações dos arquipélagos dos Açores e das Canárias e de Portugal continental

**Dora Henriques, Ana R. Lopes, Helena Ferreira, M. Alice Pinto**

Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Sta. Apolónia, 5300-253 Bragança; dorasmh@ipb.pt

A *Apis mellifera iberiensis* é uma das 31 subespécies de abelha melífera e tem como distribuição, tal como o nome indica, a Península Ibérica. Esta subespécie tem sido amplamente estudada na Península Ibérica devido aos seus padrões de diversidade complexos. Apesar de também ter sido introduzida em alguns arquipélagos da Macaronésia (Açores, Canárias e Madeira), estas populações insulares, em especial as da Madeira, têm sido alvo de menos estudos. Um dos marcadores moleculares que tem sido amplamente usado para estudar as diferentes populações de *A. m. iberiensis* é o ADN mitocondrial, mais especificamente a região intergénica tRNA<sup>leu</sup>-COX2. Assim, com o uso dessa região, o objetivo deste trabalho foi estudar a composição genética da população da Madeira e compara-la com as populações dos Açores, Canárias e da Península Ibérica. Para tal, um total de 51 colónias foram amostradas e as amostras sujeitas a extração de ADN, seguido de uma Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Posteriormente, o produto da PCR foi tratado com a enzima de restrição *DraI* que ao cortar o ADN em locais específicos cria fragmentos com tamanhos diferentes, permitindo diferenciar as variantes genéticas (haplótipo). Cada haplótipo pode pertencer a cinco linhagens distintas: A (Africana), M (Europeia Ocidental), C (Europeia Oriental), O (Médio Oriente) e Y (Etiópia), sendo as duas primeiras nativas da Península Ibérica. Na linhagem Africana ainda é possível distinguir entre as sub-linhagens A<sub>I</sub>, A<sub>II</sub>, A<sub>III</sub> e Z. No conjunto das 51 colónias amostradas foram detetados sete haplótipos, todos pertencentes à linhagem A. Tal como nas ilhas das Canárias, o haplótipo Africano mais comum na Madeira é o A14' (41%) enquanto nos Açores é o A14, ambos da sub-linhagem A<sub>III</sub>. Outra diferença entre os dois arquipélagos portugueses é que o segundo haplótipo mais frequente na Madeira é o A1 (33%), sub-linhagem A<sub>I</sub>, enquanto nos Açores este haplótipo é raro. Além disso, não foram detetados haplótipos da linhagem C (que é característica do Leste da Europa e Itália), à semelhança da Península Ibérica onde esta linhagem é praticamente inexistente, sugerindo que a importação de rainhas exóticas para a Madeira tem tido pouca expressão. Pelo contrário, a frequência de colónias da linhagem C é elevada em 3 ilhas dos Açores, nomeadamente: Pico (89%), Faial (75%) e Graciosa (62%). Nas Canárias também foi detetada, mas com uma frequência mais baixa, com Tenerife a ter a maior prevalência da linhagem C (39%). A presença e abundância da sub-linhagem A<sub>III</sub> na Madeira, Açores e Canárias sugere que as populações destes arquipélagos têm uma origem comum e provavelmente no norte de Portugal continental, onde esta sub-linhagem é mais frequente sendo muito rara no resto da Península Ibérica. Verificou-se ainda que as populações geneticamente mais próximas da população da Madeira são as de La Gomera e Santa Maria. Estes resultados sugerem que, havendo necessidade de se introduzir enxames no arquipélago da Madeira a origem deveria ser La Gomera ou preferencialmente Santa Maria pois, juntamente com São Miguel, Terceira, São Jorge, Graciosa e Corvo, esta ilha foi recentemente reconhecida pela Comissão Europeia como sendo indemne de varrose. Assim, este estudo para além de revelar a composição genética das colónias da Madeira também realça a importância do uso do conhecimento científico aliado ao desenvolvimento apícola das regiões.

COMPETE 2020 – POCI e FCT através do projeto "BeeHappy"- POCI-01-0145-FEDER-029871. Os autores agradecem ainda à FCT pelo apoio financeiro ao CIMO (UIDB/00690/2020) através de fundos nacionais FCT/MCTES.