

Representação espacial da diversidade genética materna da abelha (*Apis mellifera*) no Arquipélago dos Açores.

Dora Henriques¹, Julio Chávez-Galarza^{1,2}, Irene Muñoz³, Pilar de la Rúa³, Maria Alice Pinto¹

¹Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, Apartado 1172, Bragança 3201-855, Portugal.

²Centro de Biologia Molecular e Ambiental (CBMA), Universidade do Minho, Campus de Gualtar, Braga 4710-057, Portugal.

³Área de Biología Animal Departamento de Zoología y Antropología Física, Universidad de Murcia, Campus de Espinardo, Murcia 30010, España.



Introdução

A abelha melífera (*Apis mellifera* L.) tem como distribuição natural África, Europa e Médio Oriente, sendo que a sua adaptação aos diversos climas levou ao desenvolvimento de 4 linhas evolutivas (Ruttner 1988): a Africana (A), a do Médio Oriente (O), a Europeia Oriental (C) e a Europeia Ocidental (M) (Fig.1).

Numerosos estudos sobre a variação genética materna da abelha mostram a ocorrência de duas linhagens divergentes (linhagens A e M) na Península Ibérica, fruto de uma hibridação natural (referências). No entanto, são escassos os estudos sobre a composição genética materna no Arquipélago dos Açores (De la Rúa et al. 2006). Para colmatar esta lacuna, nesta comunicação o padrão de variação materna é representado espacialmente no arquipélago dos Açores, no que constitui a mais recente e completa caracterização da diversidade materna. Este estudo permitiu uma avaliação da influência dos processos antropogénicos, como a introdução de rainhas exóticas, na composição da população dos Açores.



Fig.1

Metodologia

Um total de 170 obreiras (uma por colónia e por apiário) foram amostradas em 170 apiários em 8 das 9 ilhas (na ilha do Corvo não existem apicultores) e o haplótipo identificado usando o teste *Dral*. Este teste consiste na amplificação da região intergénica tRNA^{leu}-Cox2, usando os primers E2 e H2 e a reacção PCR descrita por Garnery et al. (1993), seguida de digestão com a enzima de restrição *Dral*. Esta metodologia é muito utilizada pois devido ao tamanho da região e ao número de zonas de cortes, esta apresenta um elevado poder discriminante das linhagens evolutivas e permite também distinguir a diversidade existente dentro dessas linhagens evolutivas. O tamanho da região intergénica depende tanto da forma do elemento P como do número de repetições do elemento Q. A linhagem C é caracterizada pela ausência do elemento P. Por sua vez, a linhagem M é caracterizada por uma deleção de 15 pb no elemento P. Nas linhagens Africanas o elemento P pode ter 2 formas distintas: o P₀ (sublinhagens A_I e A_{II}) e o P₁ (sublinhagem A_{III}). O P₀ difere do P₁ por uma deleção de 15 pb. A distinção entre as linhagens A_I e A_{II} é dada pelo número de zonas de corte da *Dral* no primeiro elemento Q, sendo que a A_I contém duas zonas de corte e a A_{II} um. Depois de identificados os haplótipos foi representado espacialmente o padrão de variação materna tendo em conta linhagens e sublinhagens. As estatísticas sumárias foram calculadas usando o software GeneAlec 6.41 (Peakall e Smouse 2006).

Resultados e Discussão

No arquipélago dos Açores foram identificados 12 haplótipos, sendo que 2 são novos. Dos 170 indivíduos amostrados, 120 pertencem à linhagem A, 49 à linhagem C e 1 à linhagem M (Fig. 2).

A ilha que contém maior diversidade genética é a de São Miguel (0.762), seguida da ilha de Santa Maria (0.578). As ilhas que apresentam menor diversidade são o Pico (0.238) e a Terceira (0.241) (Fig. 3). Este padrão também é observável na distribuição espacial da diversidade genética haplotípica (Fig. 4 B).

A representação espacial da diversidade genética mostra que as ilhas são bastante heterogéneas, sendo que em algumas há uma predominância da linhagem C (Pico, Graciosa, São Miguel), enquanto outras apresentam principalmente haplótipos pertencentes à linhagem A (Flores) (Fig. 4).

A sub-linhagem Africana mais comum é a A_{III} e o haplótipo predominante é o A14 (Fig.4). Na Península Ibérica as linhagens que predominam são a Africana (A) e a da Europa Ocidental (M). A linhagem da Europa Oriental (C) apenas está presente em proporções muito baixas (referências). Estes resultados mostram que ao contrário do que acontece na Península Ibérica, no Arquipélago dos Açores tem havido uma introdução significativa das rainhas exóticas da linhagem C.



Fig. 2



Fig. 3

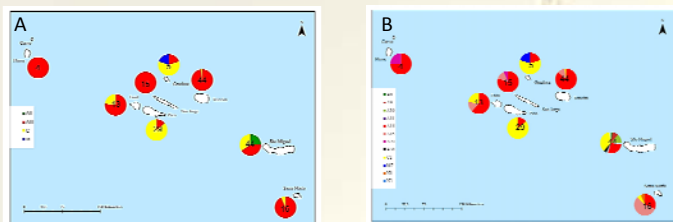


Fig.4

BIBLIOGRAFIA

- Ruttner F. (1988) Biogeography and taxonomy of honey bees Springer, Berlin;
- Garnery, L., M. Solignac, G. Celebrano and J. M. Cornuet (1993) A simple test using restricted PCR-amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera* L. *Experientia* 49: 1016-1021;
- Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288-295.

Agradecimentos

Queremos agradecer à D^{ra} Paula Vieira da Direcção de Serviços de Veterinária dos Açores e ao Eng^o António Marques, da FRUTERCOOP pelo fornecimento das amostras aqui estudadas. Julio Chávez Galarza é financiado pela Fundação para a Ciência e Tecnologia através do bolsa SPIN/RD/168682/2010. Irene Muñoz (PPU programa) é financiado pelo ministério de educação espanhol. Esta investigação foi financiada pela Fundação para a Ciência e Tecnologia e COMPETE/EU através do projecto PTDC/BIA-BEC/099640/2008.