

**COMUNICACIONES**



# **II Congreso Ibérico de Apicultura**

18, 19 y 20 de octubre 2012. Guadalajara (España)

Coordinadores de la edición: José Luis Herguedas de Miguel  
Jesús Llorente Martínez  
Fotografía de la portada: Jesús Llorente Martínez

Impresión y maquetación:  
Aventura gráfica, S.L.  
C/ Lepanto, 12-14 - nave 1  
19004 Guadalajara

Impreso en España - Printed in Spain

Depósito legal: GU-206/2012

# UN ESCANEEO EXPLORATIVO DEL GENOMA DE LA ABEJA IBÉRICA PARA DETECTAR LOCI CANDIDATOS A SELECTION

Chávez-Galarza J<sup>1,2</sup>, Henriques D<sup>1</sup>, Muñoz I<sup>3</sup>, De la Rúa P<sup>3</sup>, Azevedo J<sup>1</sup>, Patton JC<sup>4</sup>, Johnston JS<sup>5</sup>, Pinto MA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Investigação em Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Sta. Apolónia, Apartado 1172, 5301-855 Bragança, Portugal, jchavez@ipb.pt

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

<sup>3</sup>Área de Biología Animal, Dpto. de Zoología y Antropología Física, Universidad de Murcia, Campus de Espinardo, 30100 Murcia, España

<sup>4</sup>Dept. of Forestry and Natural Resources, Purdue University, 715 W State St., West Lafayette, Indiana 4797-2061, USA

<sup>5</sup>Dept. of Entomology, Texas A&M University, College Station, Texas 77843-2475, USA

Estudios explorativos del genoma se ha convertido en un abordaje popular para detectar selección permitiendo un análisis de la adaptación local y especiación a nivel molecular en poblaciones. La abeja ibérica (*Apis mellifera iberiensis*) ha sido estudiada con una variedad de marcadores genéticos como alozimas, DNA mitocondrial y microsatélites, pero estos han revelado complejos patrones y procesos que aún deben ser analizados minuciosamente. En los últimos años, las nuevas tecnologías han facilitado el uso de polimorfismos de nucleótidos simples (SNPs), siendo el marcador genético de elección para muchos genetistas. Con el secuenciamiento de genomas de varias especies, estos marcadores pueden ser producidos en altos números y permitir examinar tanto la variación neutral y regiones con señal de selección en el genoma. En este estudio, un total de 711 A. m. *iberiensis* fueron colectados en la Península Ibérica y 1536 SNPs fueron genotipados usando la técnica de Illumina GoldenGate Assay. El conjunto de datos de SNPs fue analizado para detectar selección usando cinco métodos: a) Coalescencia – FDIIST y Arlequín b) Bayesiano – BAYESCAN y BAYESFST, y c) Análisis espacial – MatSAM. Usando estos diferentes abordajes fueron detectados 17 loci con mayor señal de selección. La posición en el genoma y funciones de posibles de genes, dados en los recursos genómicos para la abeja de la miel, sugiere que estos loci detectados son fuertes candidatos para selección.