



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *APIS MELLIFERA IBERIENSIS* (HYMENOPTERA: APIDAE) NA REGIÃO NORTE DE PORTUGAL

Autores:

Larissa Silva Souza (Rua Leopoldo Cezarano, 144. Ap. 04 Prédio Centro Cruz das Almas/BA 44380000 larissa2706souza@gmail.com), Maria Alice da Silva Pinto, Inês Moura, Paula Cristina dos Santos Baptista, Carlos Alfredo Lopes de Carvalho

A abelha melífera, *Apis mellifera* L., distribuiu-se naturalmente na África, Médio Oriente e Europa. A adaptação à diversidade de condições ecológicas climáticas propiciou a evolução de mais de 24 subespécies. Estudos moleculares e morfológicos possibilitou agrupá-las em 4 linhagens evolutivas (A, M, C, O). As linhagens A e O incluem as subespécies que ocorrem em África e no Médio Oriente, respectivamente, as linhagens C e M incluem as subespécies europeias. Na Península Ibérica ocorre as linhagens A e M. Estas abelhas são atualmente consideradas a ser uma subespécie particular, *Apis mellifera iberiensis*, originada após uma hibridação natural entre linhagens A e M. Neste estudo pretendeu-se analisar a diversidade genética da abelha *Apis mellifera iberiensis* (Hymenoptera: Apidae) na região Norte de Portugal baseando-se na análise do DNA Mitochondrial. O trabalho foi desenvolvido em apiários da região Norte de Portugal, durante o período de fevereiro a julho de 2010. Foram coletadas abelhas de 67 apiários dos distritos de Bragança, Porto, Viana do Castelo e Vila Real. A análise do DNA mitocondrial foi feita através da amplificação por PCR da região do DNA mitocondrial situada entre o RNA de transferência da leucina e a subunidade II da citocromo oxidase, seguida de digestão com a enzima de restrição Dra I. O comprimento do produto PCR foi determinado em gel de agarose a 1,0%. O restante produto PCR foi digerido com a enzima Dra I e o comprimento dos fragmentos foi determinado em gel de agarose Wide Range/Standard 3:1 a 3,5%. Os dados foram analisados através de métodos standard utilizando-se o software GenAlEx6.1. Os resultados mostraram que existe uma grande variabilidade genética na região Norte de Portugal. A maioria das colónias, é predominantemente de origem Africana (linhagem A). Porém, encontraram-se haplótipos da linhagem M, sendo o haplótipo A16 o mais frequente. No distrito de Bragança encontrou-se a maior diversidade genética.