

III Congresso Ibérico de Apicultura



13-15 Abril 2014
Mirandela - Portugal

Livro de resumos

Comparação dos níveis de introgressão da linhagem C na abelha negra (*Apis mellifera mellifera*) estimados usando microsátélites e SNPs seleccionados pelo critério de proximidade

Helena Ferreira^{1*}, Dora Henriques², Laura Jara³, Julio Chávez-Galarza², Pilar de la Rúa³, Maria Alice Pinto²

¹Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro (UTAD), Quinta de Prados, 5000-801 Vila Real, Portugal

²Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal

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

*helenamf@live.com.pt

Na Europa estão presentes duas linhagens de *Apis mellifera*: linhagem C na parte central e oriental e M na ocidental. A linhagem C agrupa cerca de 10 subespécies, entre as quais se encontram as duas mais utilizadas pela apicultura à escala mundial: a *A. m. ligustica* e a *A. m. carnica*. A linhagem M agrupa apenas duas subespécies: a *A. m. mellifera*, a norte dos Pirenéus, e a *A. m. iberiensis*, na Península Ibérica. Durante as últimas décadas a actividade humana tem alterado a distribuição na Europa, sobretudo através da introdução em grande escala de rainhas de *A. m. ligustica* e *A. m. carnica* na área nativa da *A. m. mellifera*.

Para evitar o desaparecimento de *A. m. mellifera*, diversos programas de conservação têm sido aplicados, sendo que o cálculo da taxa de introgressão usando marcadores moleculares é uma ferramenta crucial de gestão das populações de conservação. A maioria dos estudos tem utilizado como marcadores moleculares os microsátélites e o mtDNA. No entanto, os SNPs apresentam vantagens em relação aos microsátélites, tais como: uma boa cobertura do genoma, dados de maior qualidade, e facilidade de automatização usando tecnologias de alta capacidade. Diversos estudos mostram que os microsátélites têm um maior poder discriminatório, sendo necessários 100 SNPs para se ter a mesma informação de 10-20 microsátélites. No presente estudo compararam-se as taxas de introgressão estimadas usando os 12 microsátélites com as estimadas usando dois conjuntos de SNPs (um de 60 e outro de 120). Uma vez que dispúnhamos de um conjunto inicial de cerca de 1436 SNPs, neste trabalho escolhemos os 60 e os 120 SNPs que se encontravam mais próximos (em pares de bases) dos microsátélites. Quando comparamos as taxas de introgressão obtidas nas várias simulações verificámos que 8 dos 77 indivíduos analisados apresentam diferenças superiores a 20%. Neste trabalho irão ser apresentados e discutidos os resultados obtidos.