

# III Congresso Ibérico de Apicultura



13-15 Abril 2014  
Mirandela - Portugal

Livro de resumos

Título: **III Congresso Ibérico de Apicultura**  
Editores: **Miguel Vilas-Boas, Luís Guimarães Dias, Luís Miguel Moreira**  
Fotografia: **Luís Miguel Moreira (Associação de Apicultores do Parque Natural de Montesinho)**  
Publicado por: **Instituto Politécnico de Bragança**  
Impressor: **Midoel – Publicidade & Gráfica Lda – Macedo de Cavaleiros**  
Número de cópias: **150**  
Design: **Serviços de Imagem do Instituto Politécnico de Bragança**  
Data: **Abril 2014**  
Depósito legal: **373940/14**  
ISBN: **978-972-745-165-4**  
Tópicos: **As ameaças à sanidade das colónias – dos pesticidas às doenças, parasitas e predadores**  
**A genética e o melhoramento como ferramentas para uma melhor gestão e conservação da abelha ibérica**  
**Qualidade e inovação como fatores de promoção e diversificação das produções apícolas**  
**Novas ferramentas para uma apicultura cada vez mais competitiva**

---

## Organização



---

## Promotores



---

## Parceiros



## Análisis de la introgresión en *Apis mellifera iberiensis* y *Apis mellifera mellifera* usando polimorfismos de nucleótidos simples (SNPs)

Julio C. Chávez-Galarza<sup>1,2\*</sup>, Dora Henriques<sup>1,2</sup>, J. Spencer Johnston<sup>3</sup>, José Rufino<sup>1</sup>, M. Alice Pinto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>CIMO, Centro de Investigação de Montanha, Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança, Portugal.

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

<sup>3</sup>Department of Entomology, Texas A&M University, CS, Texas 77843-2475, USA

\*jchavez@ipb.pt

Diferentes estudios basados en marcadores morfométricos, ecológicos, microsatélites y mtDNA han agrupado las subespecies de *A. mellifera* en cuatro linajes evolutivos: Africano (A), Medio Oriente (O), Este y Centro de Europa (C), Norte y Oeste de Europa (M). El linaje M está representado por las subespecies *A. m. iberiensis* y *A. m. mellifera*, cuya distribución es la Península Ibérica y desde los Pirineos hacia el Norte de Europa respectivamente. Durante las últimas décadas, la introducción masiva de subespecies del linaje C por parte de los apicultores ha ocasionado un elevado flujo génico y más aún el casi completo remplazamiento de *A. m. mellifera*, como ha sido reportado para Alemania. Por tanto, el análisis de los niveles de introgresión en programas de cría y conservación es de vital importancia para evitar la pérdida de diversidad genética y la sustitución de especies nativas. Este estudio busca identificar los niveles de introgresión de subespecies del linaje C en las subespecies pertenecientes al linaje M a través de un análisis amplio del genoma usando SNPs. Para ello se genotiparon 711 individuos de *A. m. iberiensis* y 88 de *A. m. mellifera* con 1536 SNPs. Las subespecies de linaje C *A. m. ligustica* y *A. m. carnica* se usaron como referencia. Los niveles de introgresión fueron evaluados usando un método de agrupamiento Bayesiano implementado en el software STRUCTURE. Nuestros resultados indicaron que la introgresión en *A. m. iberiensis* no es significativa, a diferencia de *A. m. mellifera* que presentó de 8% a 30% de introgresión. Considerando que muchas de las muestras de *A. m. mellifera* son provenientes de poblaciones integradas en programas de conservación en el Norte de Europa, este resultado evidencia el profundo contraste entre las dos subespecies del linaje M con respecto a su estado de conservación.