

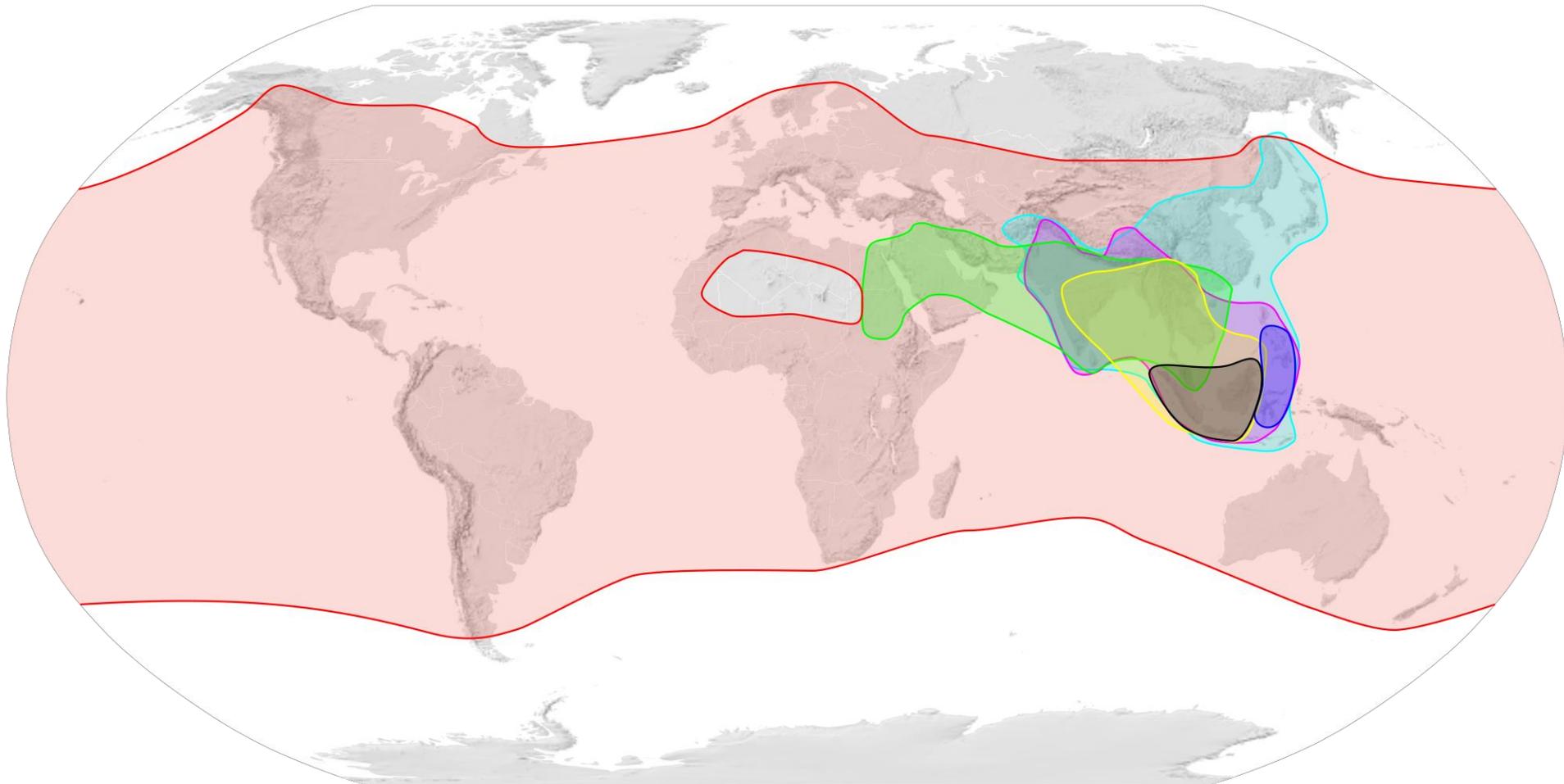
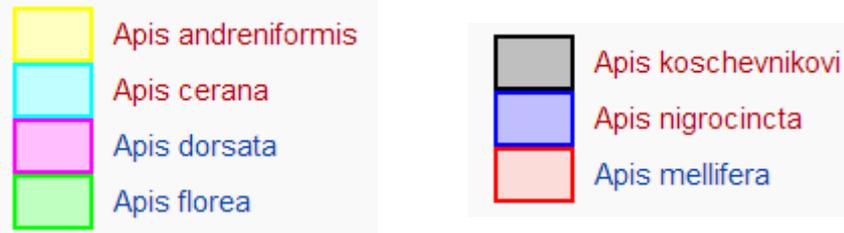
III CONGRESSO IBÉRICO DE APICULTURA

IDENTIFICANDO GENES QUE FAVORECEN LA ADAPTACIÓN LOCAL EN *Apis mellifera iberiensis*

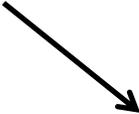
Julio Chávez-Galarza, Dora Henriques, J. Spencer Johnston,
J. Rufino, M. Alice Pinto



Distribución natural de *Apis mellifera*

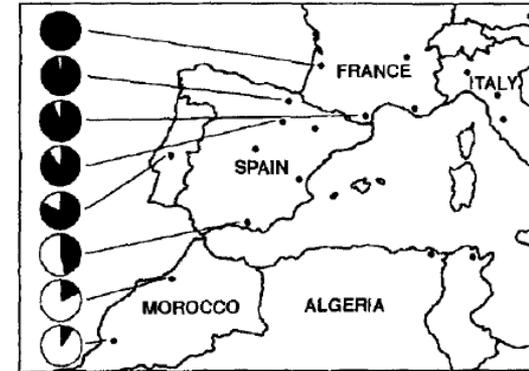


Distribución natural de *Apis mellifera*

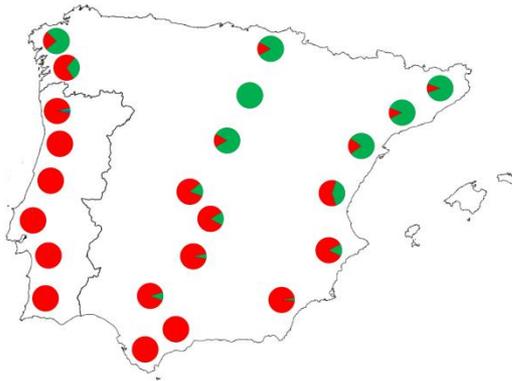


Hipótesis para el origen del linaje Europeo Occidental (M)

- Morfología (Ruttner 1988), Alozymas (Cornuet y Garnery 1991, Nielsen *et al.* 1994). Origen africano e intergradación primaria



Nielsen *et al.* 1994



Chávez-Galarza *et al.* unpublished

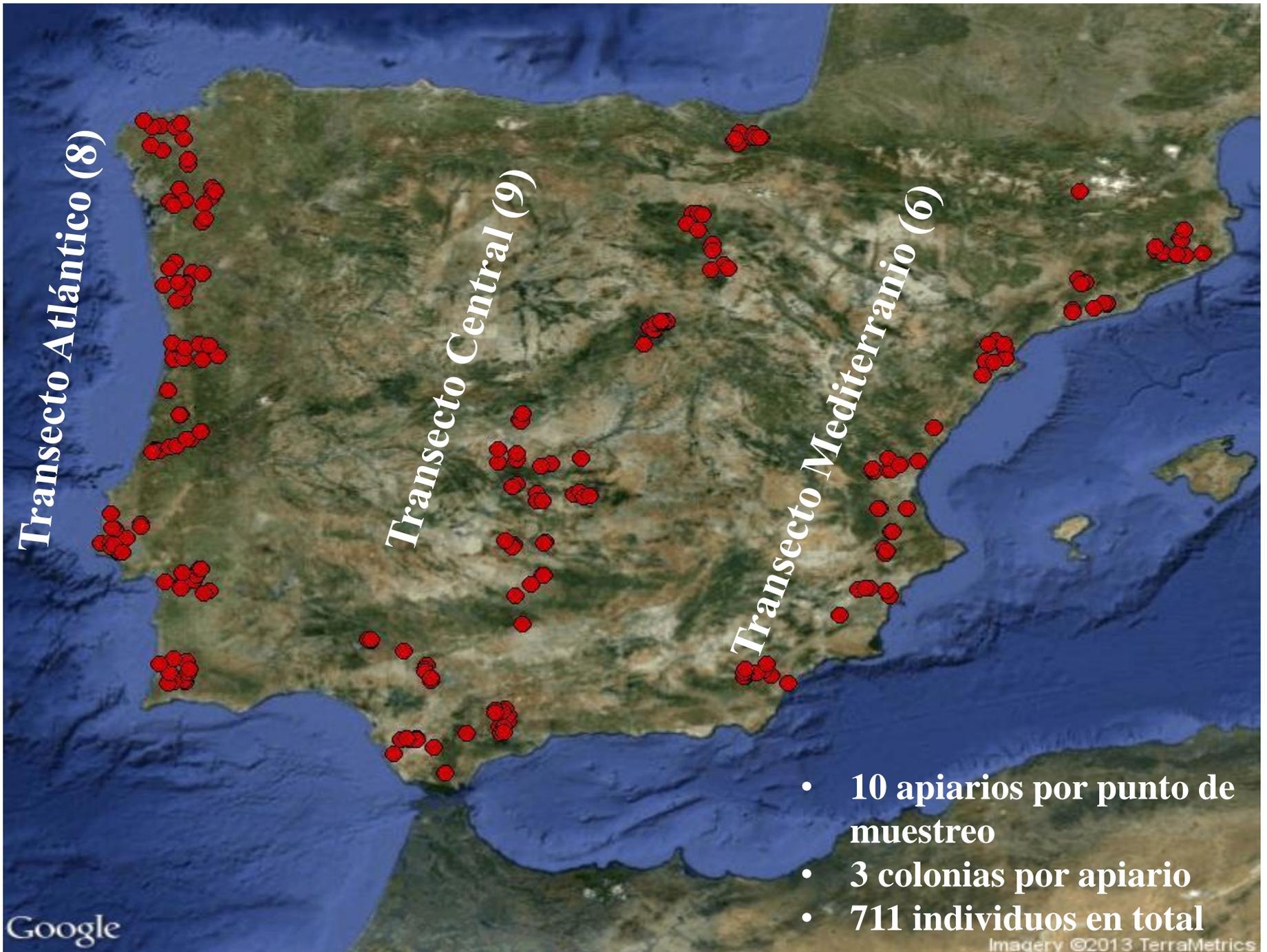
- MtDNA (Garnery *et al.* 1992) Contacto secundario de dos linajes altamente divergente (Africano A and Europeo del oeste M).

Microsatélites no soportan ninguna de las dos hipótesis anteriores (Franck *et al.* 1998).

SELECCIÓN

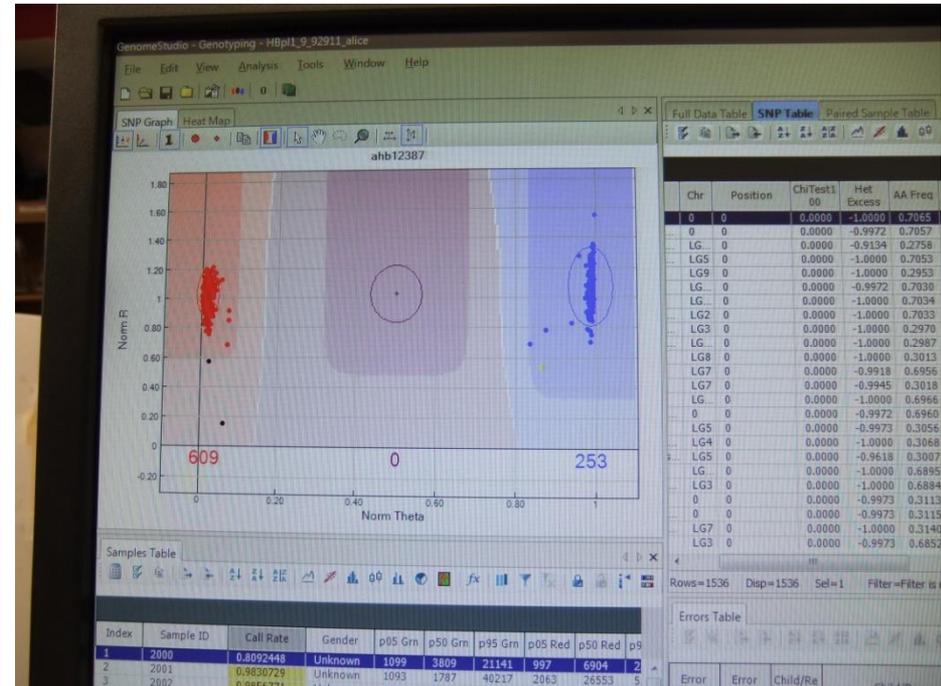
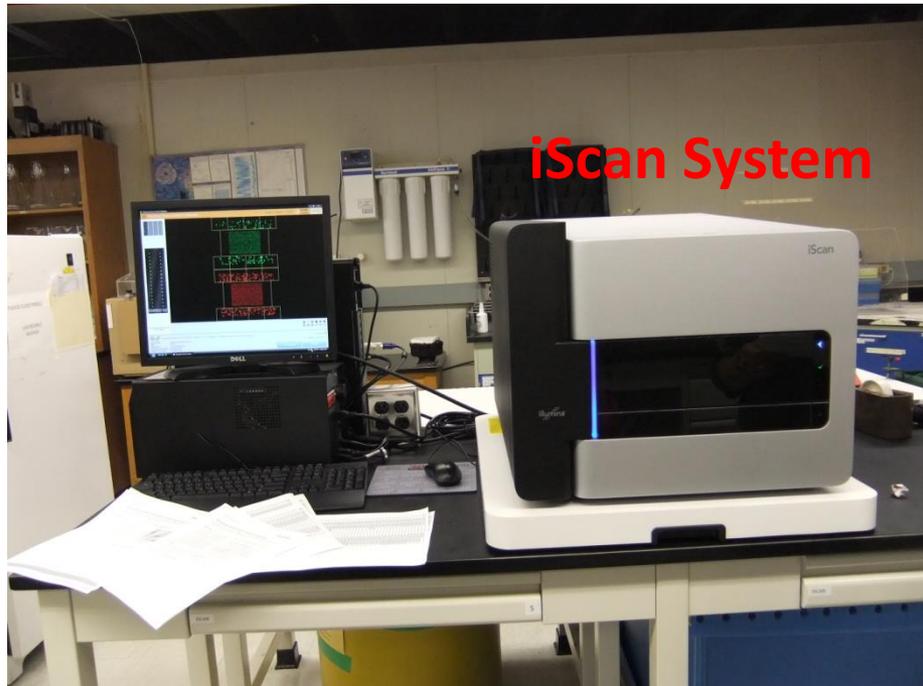
OBJETIVO

- Identificar genes o regiones genómicas que favorecen la adaptación local en *Apis mellifera iberiensis*.



- 10 apiarios por punto de muestreo
- 3 colonias por apiario
- 711 individuos en total

Genotipaje de los SNPs



- Genotipaje de 1536 SNPs loci para 711 muestras usando Illumina GoldenGate® Assay
- Caracterización de los genotipos fue llevado a cabo usando Illumina GenomeStudio software
- Todos los SNPs fueron manualmente verificados y editados.
- 383 SNPs fueron polimórficos (MAF >2%)

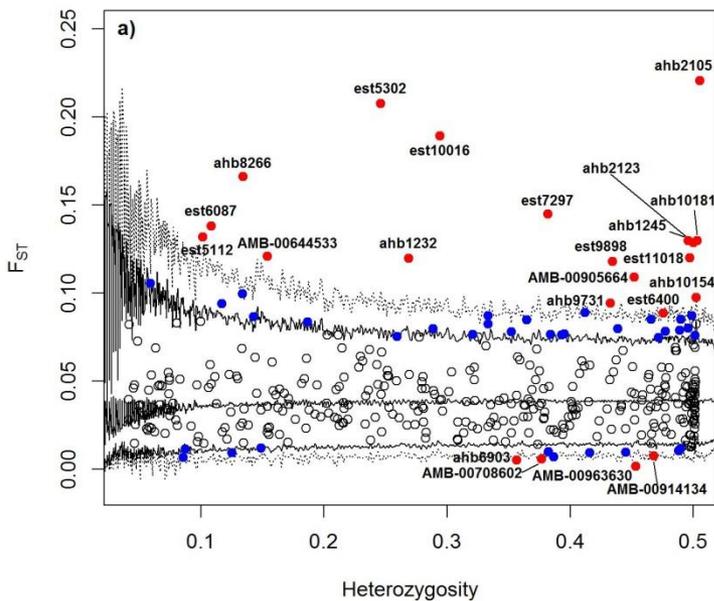
Selección

- Lositan (Antão *et al.* 2008)
- Arlequin (Excoffier *et al.* 2009)
- BayesFST (Beaumont y Balding 2004)
- BayeScan (Foll and Gaggiotti 2008)
- MatSAM (Joost *et al.* 2007) (Latitud, Longitud, Altitud, Cubierta y uso del suelo, Precipitación, Temperatura mínima, Temperatura máxima, Humedad relativa, Cubierta del cielo, Insolación, Radiación).

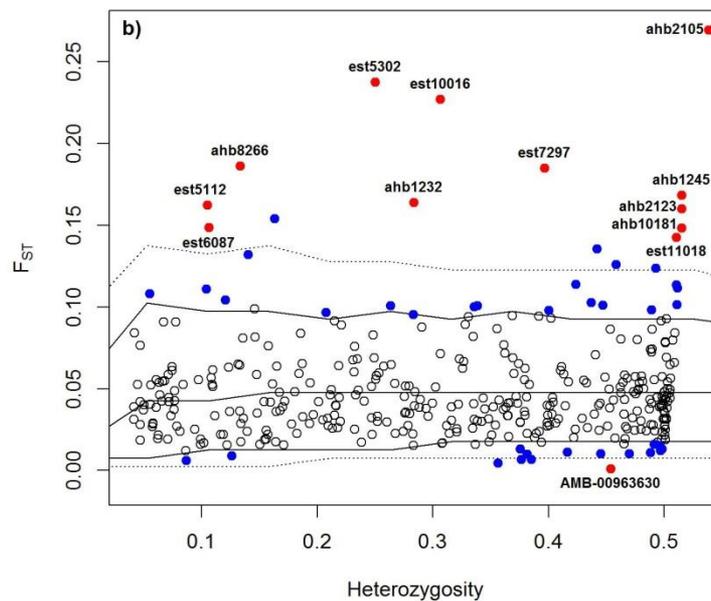
Identificación de genes

- NCBI
- BEEBASE
- FLYBASE

LOSITAN (57)



ARLEQUIN (50)

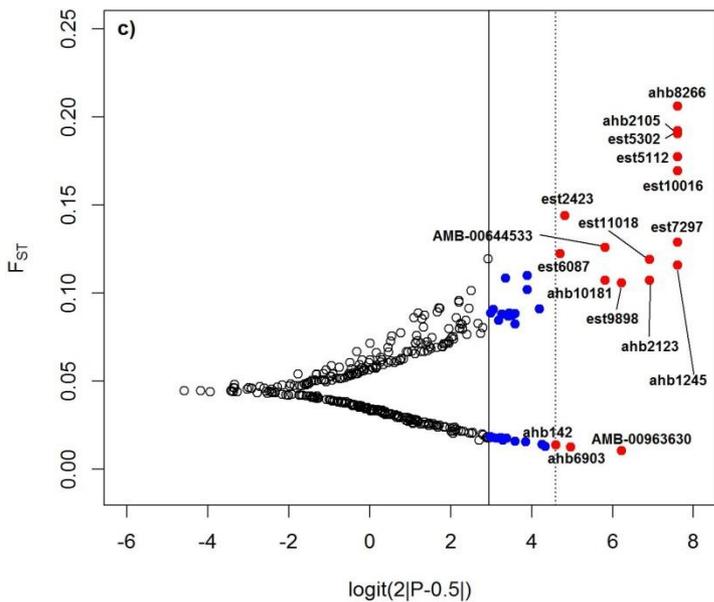


● IC ≥ 99 %

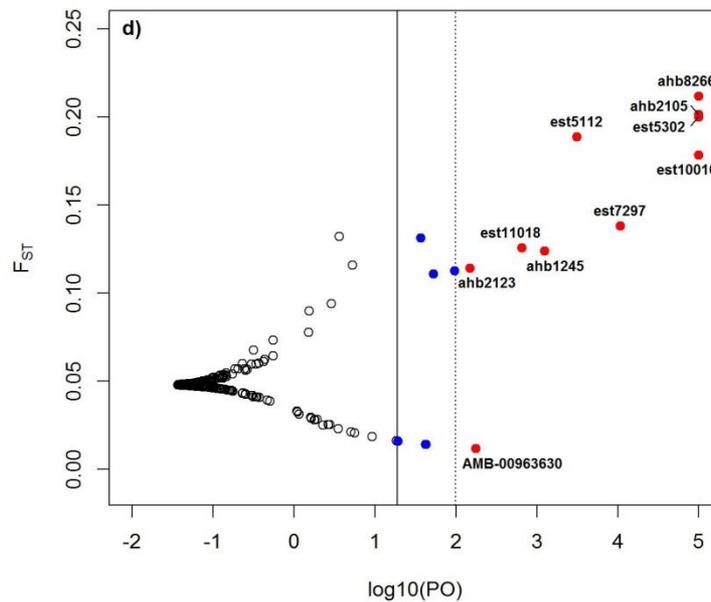
● IC ≥ 95 %

○ IC < 95%

BAYESFST (41)

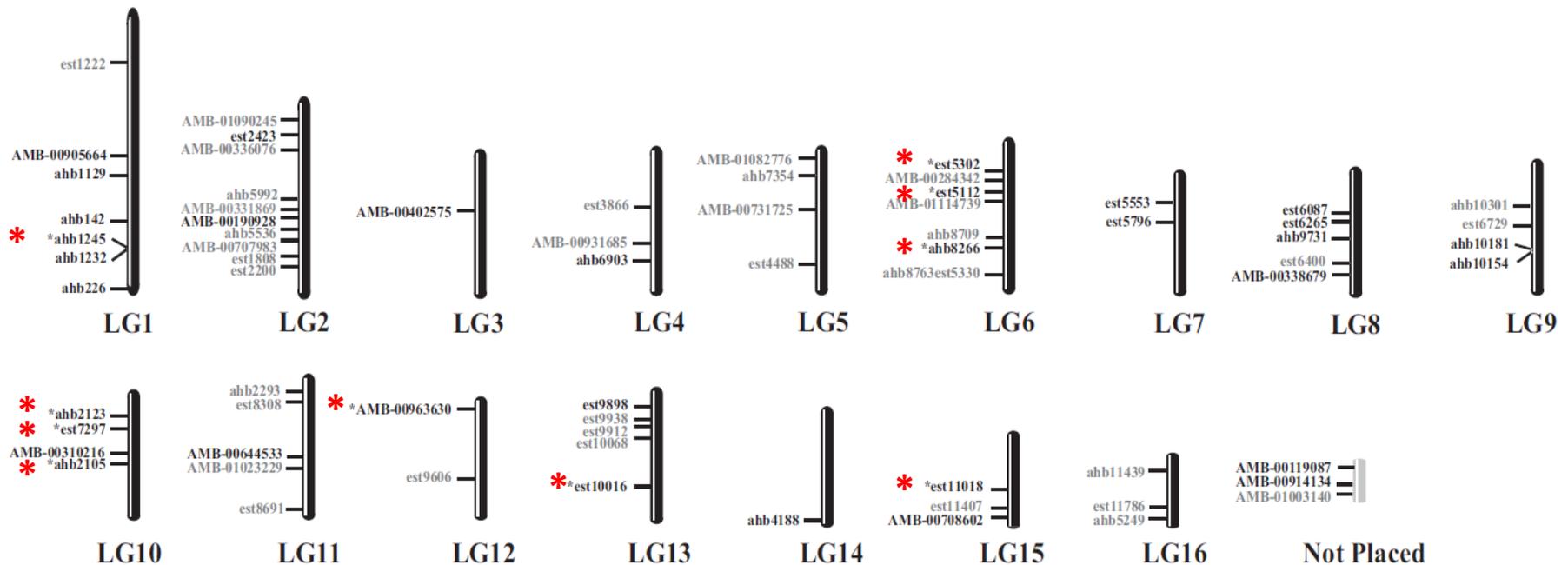


BAYESCAN (17)



Mapa físico del genoma de *Apis mellifera*

- 69 SNPs fueron identificados por los métodos basados en F_{st} . Solo 17 SNP fueron exclusivamente identificados por 4 métodos, de los cuales 10 presentaron los mayores valores de significancia ($P < 0.001$ y $PP > 0.99$).
- 33 loci fueron detectados, 28 coincidieron con uno o más métodos antes mencionados y 5 fueron exclusivos detectados por MatSAM.



Selección direccional

Código SNP	Gen	Función	Ubicación SNP	Variable
ahb1245	Gst-mic2 - microsomal glutathione S-transferase 2	Metabolismo	Intron	Long, Prec, Tmin, Ins
est5302	UDP-glucosyltransferase (UDP-glucosyltransferase 35b, Ugt35b) §	Metabolismo	Exon	Lat, Prec, Tmean, Tmax, Cld
est5112	Vha16 - Vacuolar H ⁺ ATP synthase 16 kDa proteolipid subunit (Vacuolar H ⁺ ATPase subunit 16-1, Vha16-1) §	Transporte	3'-UTR	-
ahb8266	Teneurin 3 – like isoform 1 (Tenascin major, Ten-m) §	Estructural	Intron	Lat, Prec, Tmean, Tmax, Cld, Ins
ahb10181	Hypothetical protein LOC726750/Hydrocephalus- inducing protein-like	No caract./ Structural	Entre 2 genes	-
ahb2123	Choline transporter-like protein 1-like	Transporte	3'-UTR	Long, Lat, Prec, Ins
est7297	15-hydroxyprostaglandin dehydrogenase [NAD ⁺]-like (Photoreceptor dehydrogenase, Pdh) §	Metabolismo	Intron	Long, Lat, Prec, Ins
ahb2105	Hypothetical protein LOC100577401	Regulación	Exon	Long, Prec, Rh
AMB-00644533	bs-Serum response factor homolog (blistered, bs) §	Regulación	Intron	Long, Prec, Ins
est9898	GTP-binding protein CG1354 isoform 1	Señalización	Exon	Lat, Prec, Tmean, Tmax, Ins
est10016	Cytochrome P450-CYP6AS7 (Cyp6a14) §	Metabolismo	Exon	Lat, Prec, Tmean, Tmax, Cld, Rad
est11018	NimC2-nimrod C2 (nimrod C2, nimC2) §	Inmunidad	3'-UTR	-

Selección balanceadora

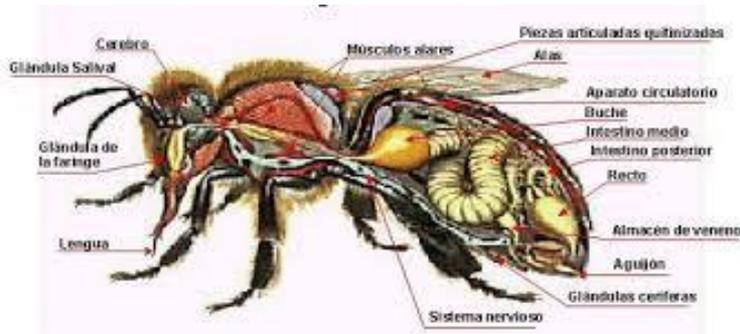
Código SNP	Gene	Función	Ubicación SNP	Variable
ahb142	Sema 1-Semaphorin 1A (Sema-1a) [§]	Estructural	Intron	-
ahb6903	Dscam-Down syndrome cell adhesion molecule (Down syndrome cell adhesion molecule, Dscam) [§]	Inmunidad	Intron	-
AMB-00963630	Hypothetical protein LOC100576488/Collagen alpha-2(IX) chain-like	No caract./estructural	Entre 2 genes	-
AMB-00708602	Cubilin-like	Señalización	Intron	-
AMB-00914134	Protein lin10-like (X11Lβ) [§]	Señalización	Entre 2 genes	-

Detoxificación

*UDP-glycosyltransferases (Bull and Whitten 1972, Wang et al. 1999)

Olfato

Detoxificación de xenobióticos

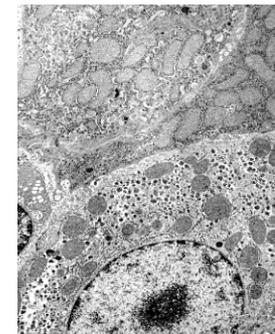


*Proteina CYP6AS7 (Scott and Wen 2001, Mao *et al.* 2011)

Detoxificación de xenobióticos

*Glutación-S-transferasa 2 microsomal (Yu 2002, Claudianos *et al.* 2006)

Metaboliza productos de Citocromo P450

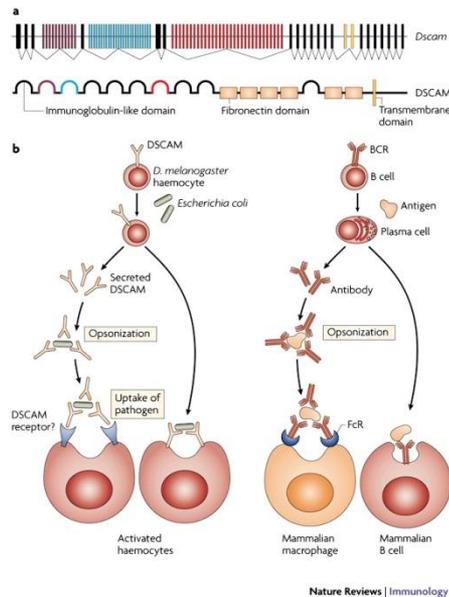
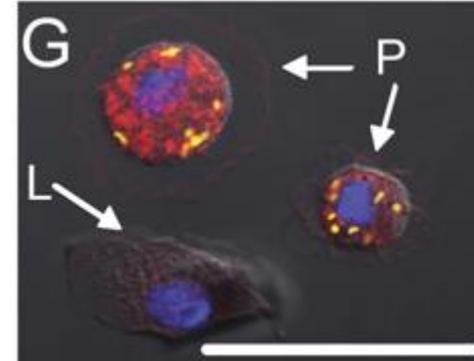


Inmunidad

*Nimrod C2 (Kurucz *et al.* 2002, Sackton *et al.* 2007, Somogyi *et al.* 2008)

Inmunidad celular

Eliminación de células apoptóticas



*Dscam-Down syndrome cell-adhesion molecule (Watson *et al.* 2005)

Desarrollo neuronal

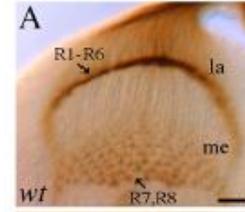
Fagocitosis

Visión

*Semaphorina-1a (Cafferty *et al.* 2006)

Formación de sinapsis

Orientación del axón en el sistema visual

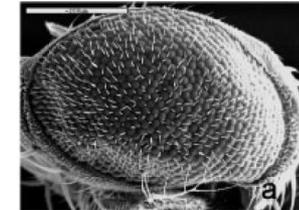
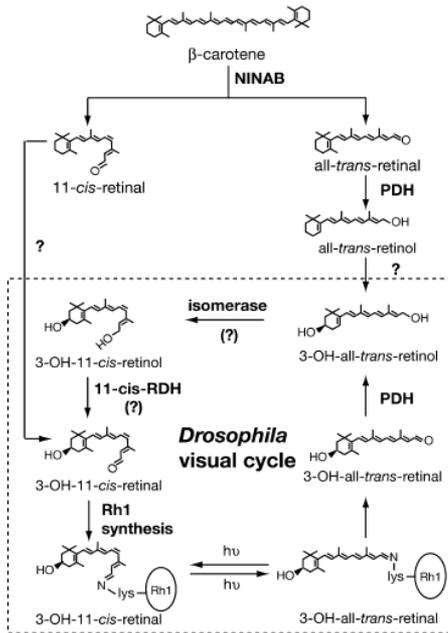


*Retinol dehidrogenasa 11-like isoform 1 (Belyaeva *et al.* 2009; Wang *et al.* 2010)

Formación del cromoforo

*Photoreceptor dehidrogenasa-Pdh (Wang *et al.* 2010)

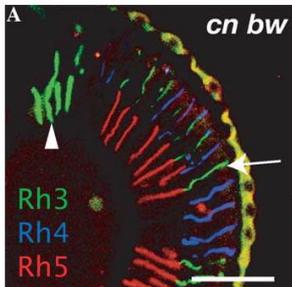
Regenera el cromoforo



*Teneurin-3-like isoform 1 (Kinel-Tahan *et al.* 2007)

Desarrollo neural

Componentes del sistema de la visión



*Blue opsin (Earl and Britt 2006)

Formación de la rodopsina (espectro azul)

Conclusiones

- En total, 74 loci muestran señales de selección.
- 17 loci (12 direccional y 5 balanceadora) fueron detectados por los 4 métodos basados en F_{st} . 9 de los 17 SNPs presentaron asociaciones a variables ambientales sugiriendo su rol importante en la adaptación local.
- Los loci detectados bajo selección muestran una diversa colección de funciones abarcando desde estructural, señalización, regulación, transporte, metabolismo e inmunidad.

Conclusiones

- La selección estaría actuando sobre alelos favorables que permite una más eficiente percepción de la luz (visión), tolerancia a xenobióticos o alterando el comportamiento del insecto (detoxificación), y generando una respuesta inmune más efectiva frente a novos patógenos (inmunidad).

Agradecimientos



A los 220 apicultores y técnicos de la Asociación de Apicultores. Un agradecimiento especial a Antonio Pajuelo.



Miguel Vaz Pinto



Inês Moura



Margarida Neto



Colette Abbey