

O APICULTOR[®]



REVISTA DE APICULTURA

ISSN - 0873-2981 • ANO 28 N.º 103 - Jan./ Mar. 19 - € 7,00 (iva incl.) Periodicidade Trimestral

- Propriedades Terapêuticas do Mel Nacional
- Desenvolvimento de ferramenta molecular
- Coexistências
- A menina que tinha medo de Abelhas

PORTUGUESE
BEEKEEPING
MAGAZINE

ÍNDICE

3

Propriedades Terapêuticas do Mel Nacional e seus Derivados

13

Desenvolvimento de ferramenta molecular

17

INSIGNIA

21

Coexistências (4)

25

A menina que tinha medo de abelhas

29

ARMA4VESPA

31

APISCIBUS

33

Consultório Apícola

35

Notícias

38

Feiras, Simpósios e Conferências

39

Mel na Culinária

Bem vindos a 2019!

Com o início de uma nova jornada, o Apicultor dá as boas vindas a 2019 com novas parcerias.

Em primeiro a Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa dá-nos a conhecer as Propriedades Terapêuticas do Mel Nacional.

O Instituto Politécnico de Bragança apresenta uma ferramenta molecular para estimar a introgressão genética na abelha Ibérica e ainda o projecto INSIGNIA e contamos mais uma vez com a participação das Coexistências.

Nesta edição temos uma estreia, damos a conhecer “a menina que tinha medo de abelhas”.

AFNAP contribui com 2 projectos ARMA4VESPA, ainda a Vespa velutina a assombrar o nosso território e o APISCIBUS.

O Consultório Apícola continua a dar resposta às dúvidas apícolas e não deixem de tomar conhecimento dos próximos eventos onde se discute o que de melhor e pior acontece na vida das abelhas.

Até breve!

Publicação Trimestral n.º 103 (Janeiro / Março) 2019

PROPRIETÁRIO: EDICAIS, Lda. • Sede Redação e de Edição: Lg. Fontainhas, Lt.1-B, 2.º Dt.º-2750-623 CASCAIS • Cont. 504.344.374 • Tel. 214 835 286. e-mail: oapicultor@oapicultor.com • www.oapicultor.com • Director: A.França Gouveia • Coordenadores: Carlos Paixão, Patrícia Ferreira da Cunha • Editores: A.França Gouveia • Colaboraram neste Número: Ivy Santos, Célia Faustino e Lídia Pinheiro (Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa); Dora Henriques e Maria Alice Pinto (Centro de investigação de Montanha, Instituto Politécnico de Bragança); M. Alice Pinto, Joana Amaral, Hans Baveco, David Biron, Robert Brodschneider, Valters Brusbardis, Norman Carreck, Leonidas Charistos, Mary-Frances Coffey, Amadeo Fernandez-Alba, Giovanni Formato, Dirk C. de Graaf, Kristina Gratzner, Alison Gray, Fani Hatjina, Konstantinos M. Kasiotis, Ole Kilpinen, M.J. Martínez-Bueno, Marco Pietropaoli, Andreia Quaresma, Ivo Roessink, José Rufino, Flemming Vejsnaes, Jozef van der Steen (<https://www.insignia-bee.eu>); Valdemiro Pereira; Inês Dias; FNAP; Hifarmax. • Publicidade: A.Pissarra Tel.: 214 835 286 • Grafismo: Paixão Design • Impressão Gráfica: MX3 Artes Gráficas, Lda. Parque. Ind. Alto Bela Vista, Pav. 50 2735-340 CACÉM • Reg. Publicação N.º 116913 • Reg. Empresa Jornalística n.º 217690 • Depósito Legal N.º 84876/94 • ISSN - 0873-2981 Tiragem: 2.500 exemplares

Os conceitos em artigos ou outros escritos assinados, são da responsabilidade dos seus autores e podem não reflectir a opinião da revista. É permitida a reprodução dos trabalhos publicados, desde que citada a fonte e informada a revista.

ESTATUTO EDITORIAL

A REVISTA O APICULTOR define-se como publicação periódica informativa independente e pluralista relacionada com a temática da Apicultura.
A REVISTA O APICULTOR, para além da responsabilidade de informar, pretende ser um auxiliar de consulta no dia-a-dia dos Apicultores e Associados.
A REVISTA O APICULTOR é independente de qualquer tipo de poder, económico ou político, ou de qualquer grupo de pressão.
A REVISTA O APICULTOR rege-se pelo escrupuloso cumprimento das normas éticas e deontológicas que regulamentam o jornalismo.

Desenvolvimento de uma ferramenta molecular para estimar a introgressão genética na abelha Ibérica, *Apis mellifera iberiensis*



Dora Henriques & Maria Alice Pinto
Centro de investigação de Montanha (CIMO),
Instituto Politécnico de Bragança (IPB)
Campus de Santa Apolónia, 5300-253 Bragança
Emails: dorasmh@gmail.com e apinto@ipb.pt

A abelha melífera, *Apis mellifera* L., tem sofrido várias ameaças ao longo do tempo, uma das quais está ligada à disseminação de linhagens comerciais exóticas. Ainda que o contacto entre diferentes populações tenha ocorrido naturalmente ao longo da história evolutiva da abelha (por exemplo, na Península Itálica entre *Apis mellifera carnica* e *Apis mellifera ligustica* ou entre *A. m. ligustica* e *Apis mellifera mellifera*), atualmente, e devido à globalização, a circulação a larga escala de rainhas e de colónias tem vindo a intensificar-se promovendo o fluxo génico entre subespécies naturalmente separadas pela geografia. Para além de facilitar a introdução e disseminação de novos agentes patogénicos, a circulação internacional de linhagens comerciais em larga escala pode levar à rutura de complexos de genes coadaptados nas populações endémicas e a uma redução da diversidade genética, cruciais para a sustentabilidade da espécie.

A diversidade genética constitui a matéria-prima sobre a qual a seleção (natural ou artificial) atua e por isso deve ser protegida, principalmente no contexto em que vivemos de profundas e rápidas alterações ambientais (e.g. climáticas, destruição de habitat, uso intensivo de pesticidas, e novos agentes patogénicos). A perda de diversidade genética pode ainda conduzir à consanguinidade e à redução do valor adaptativo das colónias, podendo traduzir-se num decréscimo da produtividade e da resistência aos parasitas e agentes patogénicos.

A área de distribuição natural da abelha melífera abrange África, Europa, Médio Oriente e noroeste da Ásia onde se encontram descritas 31 subespécies (Figura 1). Destas, 10 são endémicas da Europa e

estão agrupadas em duas linhagens: a da Europa ocidental (linhagem M), que agrupa a abelha ibérica (*Apis mellifera iberiensis*) e a abelha negra (*A. m. mellifera*) e a da Europa oriental (linhagem C), que inclui as duas subespécies mais utilizadas na apicultura mundial, a abelha italiana (*A. m. ligustica*) e a abelha carniola (*A. m. carnica*).



Figura 1- Mapa com a distribuição geográfica das 31 subespécies de abelha melífera. As cores representam a distribuição das subespécies pelas linhagens evolutivas: A-Africana (vermelho), M- Europa ocidental (azul), C- Europa oriental (laranja), O-Médio Oriente (verde). As subespécies com informação escassa e que não estão incluídas em nenhuma das linhagens estão representadas a preto.



www.macmel.pt
Loja online
Tenha sempre à mão o que necessita
Entregas em 24 H
Macedo de Cavaleiros

Alimentos:
Apifonda
Beecomplet

Troque a sua cera por cera Macmel



Venda de cera laminada
Recebemos cera por derreter

Informe-se connosco: 917152132 / 917886014

Desenvolvimento de ferramenta molecular

A abelha ibérica, tal como o nome indica, é a subespécie nativa da Península Ibérica e, apesar da sua área de distribuição ser relativamente reduzida, encerra uma grande complexidade e diversidade genética que merecem ser protegidas (Miguel et al. 2007; Cánovas et al. 2008; Pinto et al. 2012; Pinto et al. 2013; Chávez-Galarza et al. 2015, 2017). Se os apicultores Portugueses e Espanhóis começarem a importar rainhas exóticas em larga escala, o património genético ibérico, que foi moldado pelas forças evolutivas ao longo de milhares, estará ameaçado. A importação massiva de rainhas (sobretudo da linhagem C, mas também de *Apis mellifera caucasica* e Buckfast) que tem sido levado a cabo durante décadas pelos apicultores de outros países da Europa Ocidental tem levado à poluição genética de muitas populações e até mesmo ao desaparecimento da subespécie *A. m. mellifera* em algumas áreas geográficas (Jensen et al. 2005; Pinto et al. 2014; Soland-Reckeweg et al. 2009).

Estudos de translocação recíproca sugerem que as colónias de abelhas locais têm maior longevidade (Büchler et al. 2014) e menores cargas de agentes patogénicos (Francis et al. 2014). O reconhecimento da importância da proteção da diversidade genética endémica para a sustentabilidade a longo prazo da abelha melífera tem conduzido à criação de diversos centros de conservação em diferentes países da Europa.

Em contraste com os apicultores do norte da Europa, os apicultores da Península Ibérica têm preferido a abelha nativa, *A. m. iberiensis*, tanto na apicultura tradicional como profissional em detrimento das linhagens comerciais. No entanto, no contexto atual de globalização do comércio mundial e de facilidade de circulação de rainhas, principalmente dentro do espaço da União Europeia, esta tendência poderá mudar. Assim, a monitorização da integridade genética das populações ibéricas, e principalmente das colónias que são usadas pelos criadores de rainhas de abelha ibérica, é cada vez mais importante, requerendo o uso de ferramentas que permitam estimar o grau de poluição genética de forma rigorosa e eficiente. Respondendo a esta necessidade, recentemente desenvolvemos uma ferramenta molecular que pode ser utilizada em prol da preservação da abelha ibérica.

A ferramenta desenvolvida é baseada num marcador molecular do ADN nuclear, ou seja em variação genética que é transmitida à descendência por ambos os progenitores (rainha e zangão). Este marcador é designado por SNP (“single nucleotide polymorphism”, traduzido para Português por polimorfismo de nucleótido simples). Um SNP é uma variação na cadeia de ADN que afeta apenas um nucleótido. O ADN é composto por quatro nucleótidos: adenina (A), timina (T), citosina (C) e guanina (G). Um SNP forma-se quando, durante

o processo de replicação do ADN, um nucleótido é substituído por outro (Figura 2). Este tipo de variação é muito comum no genoma dos organismos e permite distinguir as diferentes populações de uma espécie.

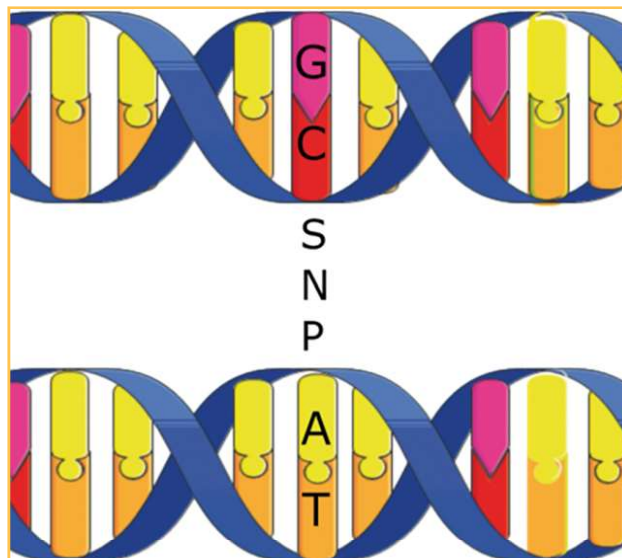


Figura 2- Representação de um SNP (polimorfismo de nucleótido simples). Aqui a guanina (G) e a sua base complementar citosina (C) foram substituídas por uma adenina (A) e a sua base complementar timina (T).

Para desenvolver esta ferramenta, utilizámos a informação extraída de 176 genomas completos de abelha melífera (117 *A. m. iberiensis*, 28 *A. m. carnica* e 31 *A. m. ligustica*), tendo obtido 2 366 382 SNPs. Partindo deste conjunto massivo de SNPs, selecionámos apenas aqueles que permitiam distinguir inequivocamente a abelha ibérica das subespécies da linhagem C. Depois de aplicarmos diferentes filtros associados à qualidade do marcador, construímos quatro painéis contendo um total de 153 SNPs altamente informativos.

Usando populações simuladas, testamos o desempenho dos painéis (isoladamente e em conjuntos de dois, três e quatro) de SNPs na estimativa da introgressão (ou poluição) genética da linhagem C na abelha ibérica, por comparação com os 2 366 382 de SNPs identificados nos genomas completos. Os nossos dados mostram que os quatro painéis de SNPs funcionam razoavelmente bem quando usados isoladamente. Porém, a melhor relação custo-benefício é alcançada quando se utilizam os dois melhores painéis, os quais incluem um total de 78 SNPs.

As estimativas da introgressão genética obtidas com os 78 SNPs são altamente concordantes com as dos genomas completos ($r^2=0.988$). Usar 78 SNPs em vez de 2 366 382 SNPs significa um custo menor de genotipagem (sequenciar um genoma completo de

Desenvolvimento de ferramenta molecular

um indivíduo custa cerca de 200€ enquanto genotipar com os dois painéis de SNPs custa cerca de 11€ por indivíduo, quando genotipados 192 indivíduos) e uma maior rapidez na análise de dados. O desenvolvimento dos painéis de SNPs está descrito detalhadamente no artigo científico publicado recentemente na revista “Evolutionary Applications” (Henriques et al. 2018).

Os dois painéis de 78 SNPs foram aplicados em amostras colhidas em populações dos Açores, região onde houve introdução de abelhas exóticas em larga escala nos anos 80 do século passado. Os genótipos foram analisados usando o programa ADMIXTURE (Alexander et al. 2009), o qual nos permitiu calcular a taxa de introgressão genética nas abelhas provenientes das diferentes ilhas (Figura 3). Para a análise mais precisa utilizámos duas populações de referência, uma da abelha ibérica (representada a azul) e a outra da linhagem C (representada a laranja na Figura 3). A taxa de introgressão da linhagem C em cada abelha das diferentes ilhas é dada pela proporção da cor laranja registada no eixo dos Ys da Figura 3.

Podemos verificar que os indivíduos de Santa Maria não apresentam sinais de introgressão da linhagem C (todos completamente, ou quase completamente, azuis). Nas ilhas Graciosa, São Jorge e Pico, os indivíduos já mostram níveis de introgressão variáveis. Os indivíduos que apresentam menor taxa de introgressão são os de São Jorge (média de 12%; valores individuais variam entre 6% e 16%), seguidos dos do Pico (média de 25%; valores individuais variam entre 17% e 36%). Os indivíduos da Graciosa são os que apresentam maior introgressão, com valores variam entre 37% e 49% (média de 41%).

Neste artigo apresentámos e aplicámos uma ferramenta molecular baseada em SNPs, a qual permite monitorizar a integridade genética das populações de abelha ibérica. A monitorização frequente das populações da Península Ibérica é fundamental à preservação da abelha ibérica, contribuindo assim para a salvaguarda de um legado único que foi moldado por milhares de anos de evolução.

Agradecimentos

Este trabalho só foi possível devido à colaboração de inúmeras pessoas, a quem se agradece profundamente. A todos os veterinários e técnicos da Direção Regional da Agricultura e Desenvolvimento Rural dos Açores que contribuíram com as amostras que possibilitaram a aplicação dos painéis de SNPs, nomeadamente à Paula Vieira, Frank Aguiar, Nuno Salvador, Janyne Sousa, Ivan Castro, Célia Mesquita, Ana Jorge, José Dias, Paulo, Rico, Pedro Leal, Vagner Paulos, Luis Xavier, Luís Silva, Martins Silva, Carlos Gouveia, Ana Carina Coimbra, João Ramos, João Arruda, Edgardo Melo e João Luís, e a Moniz da Ponte. À Melanie Parejo pela ajuda na análise de dados e ao Júlio Chavéz-Galarza por facultar o mapa com a distribuição das subespécies. Ao João Costa, do Instituto Gulbenkian de Ciência, pelo desenho dos painéis de SNPs e genotipagem das amostras dos Açores. Ao José Rufino por facultar os recursos computacionais. Ao John C. Patton, Phillip San Miguel, Paul Parker, Rick Westerman, Alain Vignal, David Wragg, Andreas Wallberg, Matthew T. Webster pela colaboração na obtenção dos genomas completos. Àqueles que por lapso não constem nesta lista, as nossas desculpas e um sincero agradecimento. Dora Henriques foi financiada pela bolsa de doutoramento da Fundação para a Ciência e Tecnologia (SFRH/BD/84195/2012) e é atualmente contratada pelo IPB no âmbito do projeto BeeHappy (POCI-01-0145-FEDER-029871). Este trabalho foi financiado por Fundos FEDER através do Programa Operacional Competitividade e Internacionalização - COMPETE 2020 e por Fundos Nacionais através da FCT - Fundação para a Ciência e a Tecnologia no âmbito dos projetos BeeHappy (POCI-01-0145-FEDER-029871) e BeeHope (2013-2014 BiodivERSA/FACCE-JPI).

Referências bibliográficas

- Alexander, D. H., Novembre, J., Lange, K. (2009) Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals *Genome research* 19 9:1655-64.
- Büchler, R., Costa, C., Hatjina, F., Andonov, S., Meixner, M. D. et al. (2014) The influence of genetic

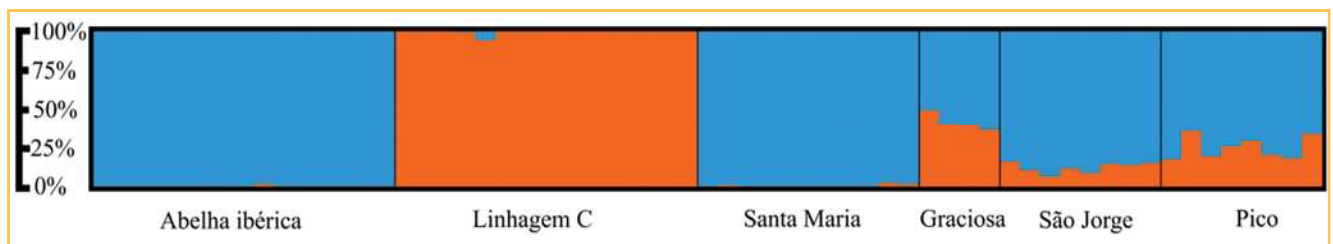


Figura 3- Aplicação dos 78 SNPs em populações dos Açores. O grau de introgressão ou poluição genética de cada indivíduo é lido no eixo dos Ys. Cada um dos 61 indivíduos é representado pela barra vertical (a azul e/ou laranja) e as seis populações estão separadas pela linha vertical preta. As populações de referência estão representadas a azul (abelha ibérica) e laranja (linhagem C, *A. m. ligustica* e *A. m. carnica*).

Desenvolvimento de ferramenta molecular

origin and its interaction with environmental effects on the survival of *Apis mellifera* L. colonies in Europe *Journal of Apicultural Research* 53:205-214.

Cánovas, F., De la Rúa, P., Serrano, J., Galián, J. (2008) Geographical patterns of mitochondrial DNA variation in *Apis mellifera iberiensis* (Hymenoptera: Apidae) *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 46:24-30.

Chávez-Galarza, J., Garnery, L., Henriques, D., Neves, C. J., Loucif-Ayad, W., Jonhston, J. S., Pinto, M. A. (2017) Mitochondrial DNA variation of *Apis mellifera iberiensis*: further insights from a large-scale study using sequence data of the tRNA_{Leu-cox2} intergenic region *Apidologie* 48:533-544.

Chávez-Galarza, J., Henriques, D., Johnston, J. S., Carneiro, M., Rufino, J., Patton, J. C., Pinto, M. A. (2015) Revisiting the Iberian honey bee (*Apis mellifera iberiensis*) contact zone: maternal and genome-wide nuclear variations provide support for secondary contact from historical refugia *Molecular Ecology* 24:2973-2992.

Francis, R. M., Amiri, E., Meixner, M. D., Kryger, P., Gajda, A. et al. (2014) Effect of genotype and environment on parasite and pathogen levels in one apiary-A case study *Journal of Apicultural Research* 53:230-232.

Henriques, D., Parejo, M., Vignal, A., Wragg, D., Wallberg, A., Webster, M. T., Pinto, M. A. (2018) Developing reduced SNP assays from whole-genome sequence data to estimate introgression in an organism with complex genetic patterns, the Iberian honeybee (*Apis mellifera iberiensis*) *Evolutionary Applications* 11:1270-1282.

Jensen, A. B., Palmer, K. A., Boomsma, J. J., Pedersen, B. V. (2005) Varying degrees of *Apis mellifera ligustica* introgression in protected populations of the black honeybee, *Apis mellifera mellifera*, in northwest Europe *Molecular Ecology* 14:93-106.

Miguel, I., Iriondo, M., Garnery, L., Sheppard, W. S., Estonba, A. (2007) Gene flow within the M evolutionary lineage of *Apis mellifera*: role of the Pyrenees, isolation by distance and post-glacial recolonization routes in the western Europe *Apidologie* 38:141-155.

Pinto, M. A., Henriques, D., Chávez-Galarza, J., Kryger, P., Garnery, L. et al. (2014) Genetic integrity of the Dark European honey bee (*Apis mellifera mellifera*) from protected populations: a genome-wide assessment using SNPs and mtDNA sequence data *Journal of Apicultural Research* 53:269-278.

Pinto, M. A., Henriques, D., Neto, M., Guedes, H., Muñoz, I., Azevedo, J. C., De la Rúa, P. (2013) Maternal diversity patterns of Ibero-Atlantic populations reveal further complexity of Iberian honeybees *Apidologie* 44:430-439.

Pinto, M. A., Muñoz, I., Chávez-Galarza, J., De la Rúa, P. (2012) The Atlantic side of the Iberian Peninsula: a hot-spot of novel African honey bee maternal diversity *Apidologie* 43:663-673.

Soland-Reckeweg, G., Heckel, G., Neumann, P., Fluri, P., Excoffier, L. (2009) Gene flow in admixed populations and implications for the conservation of the Western honeybee, *Apis mellifera* *Journal of Insect Conservation* 13:317.

Adoce com **NATUREZA**
consoma **MEL**

 **JGS**
BEEKEEPING



FÁBRICA
DE **COLMEIAS**

T: 253 663 150 | GERAL@JGSOUSA.PT | WWW.JGSOUSA.PT

M: LUGAR DE PARADA, PEDRAÇA 4860-285 CABECEIRAS DE BASTO

F: [HTTPS://WWW.FACEBOOK.COM/JOSE.GUILHERME.SOUSA](https://www.facebook.com/jose.guilherme.sousa)