

## **Padrões e processos de variação (neutral e adaptativa) na zona de hibridação da abelha (*Apis mellifera iberiensis*) da Península Ibérica: uma abordagem de genética de populações integrando genómica populacional e genética da paisagem**

Projecto  
Maria Alice Pinto  
(responsável pelo projecto)  
[apinto@ipb.pt](mailto:apinto@ipb.pt)

Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança

As zonas híbridas (ZH) têm sido descritas como laboratórios naturais para estudos evolutivos. Neste sentido, a Ibéria pode ser considerada como um dos laboratórios de topo da Europa e a abelha ibérica (AI) como o organismo modelo de topo. Este projeto reúne delineamento cuidadoso, amostragem metódica, avaliação da variação do mtDNA, informação nuclear haploide, e avaliação da variação nuclear ao nível do genoma através da utilização de SNPs validados após sequenciação do genoma completo da AI. O projeto é uma sucessão de análises moleculares de elevado throughput comparando informação mitocondrial e nuclear genómica num contexto espacial e temporal. A sucessão de análises está desenhada de forma a dissecar dos dados as várias forças evolutivas, algumas devidas à ação do Homem e outras devidas à seleção, dispersão e acaso, as quais forjaram a variação temporal e espacial que hoje observamos na AI.

As ZH são moldadas por forças evolutivas que atuam em todo o genoma e em regiões específicas. A separação dos efeitos globais dos específicos é fundamental porque conduz não só a inferências mais robustas da história demográfica como também à identificação da variação adaptativa. A análise desta temática é facilitada pela integração da genómica populacional (PG) e genética da paisagem (LG). Concretamente, a utilização das ferramentas da PG na análise de scans genómicos auxilia 1) o destringir da importância relativa dos processos evolutivos que determinam a estrutura espacial através da comparação das distribuições dos marcadores neutrais e marcadores sob seleção, 2) a potencial

deteção da variação adaptativa através da concentração da amostragem ao longo de gradientes, e 3) a identificação de potenciais causas e consequências da variação adaptativa através da determinação das variáveis geográficas e ambientais correlacionadas com a variação genética espacial. O poder desta metodologia é ainda maior em organismos modelo porque os recursos genómicos permitem explorar mais profundamente a base molecular da adaptação.

A AI é um modelo desafiador e ao mesmo tempo poderoso para se examinar os mecanismos evolutivos que sustentam as ZH. Estudos prévios sugerem que a Ibéria serviu como refúgio durante as últimas glaciações e como zona de contacto secundário entre duas linhagens divergentes de abelhas. Estes eventos históricos, associados a processos contemporâneos relacionados com a atividade apícola, deram lugar a um padrão de variação genética de elevada complexidade, o qual não foi ainda destringido. Com a recente publicação do genoma da abelha e desenvolvimento de marcadores SNP, ferramentas poderosas estão agora disponíveis para dissecar a importância relativa das forças neutrais e adaptativas que moldam a zona híbrida da AI. O poder proporcionado por estas ferramentas é potenciado nas abelhas porque as dificuldades da análise genética que requerem dados phased são ultrapassadas pela utilização dos machos haploides.

Este estudo pretende promover uma metodologia integrada à história evolutiva da ZI da AI pela análise de scans genómicos num contexto de LG e pelo

desenvolvimento de múltiplas genealogias nucleares. A combinação poderosa de ferramentas e de metodologias de ponta promete revolucionar o atual conhecimento da ZI da AI. Este projeto compreende 4 partes: 1) Coleção de resolução fina de AI através da amostragem de 3 gradientes latitudinais na Ibéria, 2) Scans genómicos empregando 1536 SNPs, 3) Análise empregando ferramentas da PG, da LG e os recursos genómicos para identificar, representar espacialmente e interpretar os padrões de variação neutral e adaptativos, e para explorar a base molecular da variação adaptativa, e 4) Desenvolvimento de múltiplas genealogias nucleares para 5 loci sob seleção, proporcionando a resolução temporal necessária para inferir a idade relativa e as relações históricas dos alelos e ao mesmo tempo permitirá testar modelos históricos mais sofisticados.

No final deste projeto, esperamos 1) fazer inferência robusta da história demográfica da AI, 2) compreender o papel relativo das forças neutras e da seleção na diversidade da AI, 3) compreender a base

molecular da adaptação local da AI. Por um lado, as metodologias aqui empregues constituirão uma novidade para os estudos das abelhas. Por outro lado, a análise das abelhas portuguesas irá proporcionar os primeiros dados genéticos para Portugal continental. Assim, estamos certos que iremos proporcionar conhecimento único relativamente à dinâmica evolutiva da ZI da AI, e possivelmente de outros organismos.

Este projeto, financiado pela Fundação para a Ciência e Tecnologia (PTDC/BIA-BEC/099640/2008), encontra-se em execução a qual é da responsabilidade de uma equipa internacional que integra investigadores de dois centros de investigação portugueses, o Centro de Investigação de Montanha do Instituto Politécnico de Bragança e o Centro de Biologia Molecular e Ambiental da Universidade do Minho, uma universidade espanhola, a Universidade de Murcia, e duas universidades americanas, Texas A&M University e Purdue University.

**Projecto:** PTDC/BIA-BEC/099640/2008