

**INFORME DE LA CARACTERIZACIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LA ABEJA NEGRA
EN GRAN CANARIA**

**CONTRATO DE INVESTIGACIÓN PARA LA REALIZACIÓN DEL ESTUDIO DE CARACTERIZACIÓN E
IDENTIFICACIÓN DE LA ABEJA NEGRA EN GRAN CANARIA ENTRE LA ASOCIACIÓN CANARIA DE
APICULTORES ABECAN Y LA UNIVERSIDAD DE LAS PALMAS DE GRAN CANARIA**

Laboratorio BioMol_ULPGC

Departamento de Biología

Universidad de Las Palmas de Gran Canaria

01/12/2022

1. OBJETIVO DEL ESTUDIO

El objetivo de este estudio es, por una parte saber qué tipo de abejas tienen los apicultores (linajes, sublinajes y haplotipos) y por otra conocer la ascendencia de las abejas (genotipado de 9 microsatélites para establecer las estimaciones de las ascendencias).

2. MATERIAL Y PROTOCOLOS DE ANÁLISIS

El material para la realización del estudio fue aportado por ABECAN (tórax de abejas). Figura 1



Figura 1 Muestras de abejas

Tabla 1. Muestras ABECAN

PROCEDENCIA	Nº MUESTRAS
GRAN CANARIA	81
TENERIFE	9
LA GOMERA	9
EL HIERRO	1
LA PALMA	7
LANZAROTE	4
ANDALUCÍA	4
ASTURIAS	6
BALEARES	1
CANTABRIA	3
CASTILLA MANCHA	1
CASTILLA LEÓN	5
ESLOVENIA	2
EXTREMADURA	3
GALICIA	1
LA RIOJA	1
MURCIA	3
NAVARRA	6
PAIS VASCO	1
PORTUGAL	4
VALENCIA	3
TOTAL	155

Protocolo extracción ADN

La extracción de ADN de las muestras de torax de las abejas se realizó con el método de CTAB modificado (Evans et al. 2013).

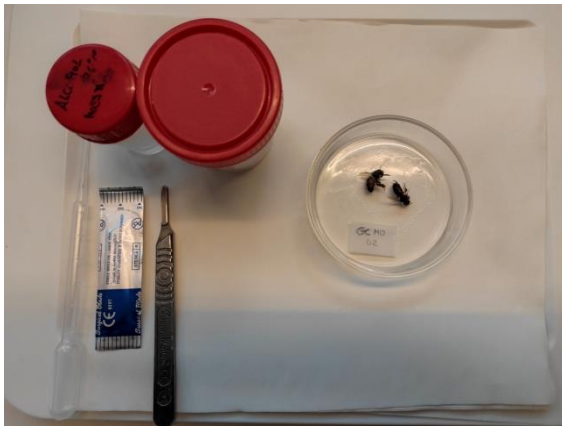
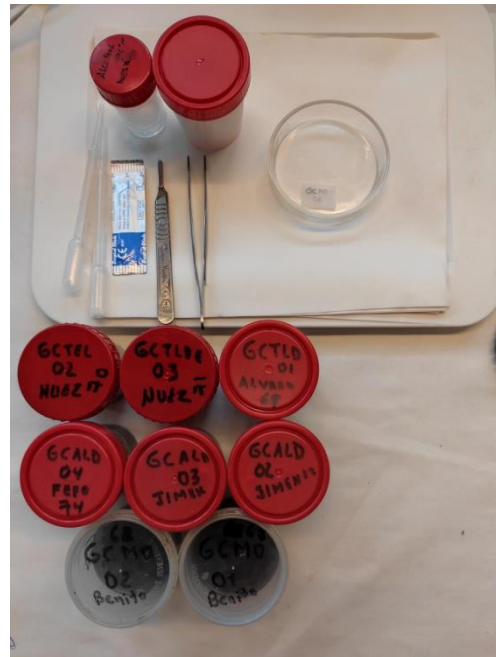


Figura 2 Muestreo para extracción del tórax



Amplificación ADN mitocondrial

Las muestras de ADN fueron amplificadas con los Primers E2_ H2 para el análisis de los linajes, sublinajes y haplotipos. Figura 3

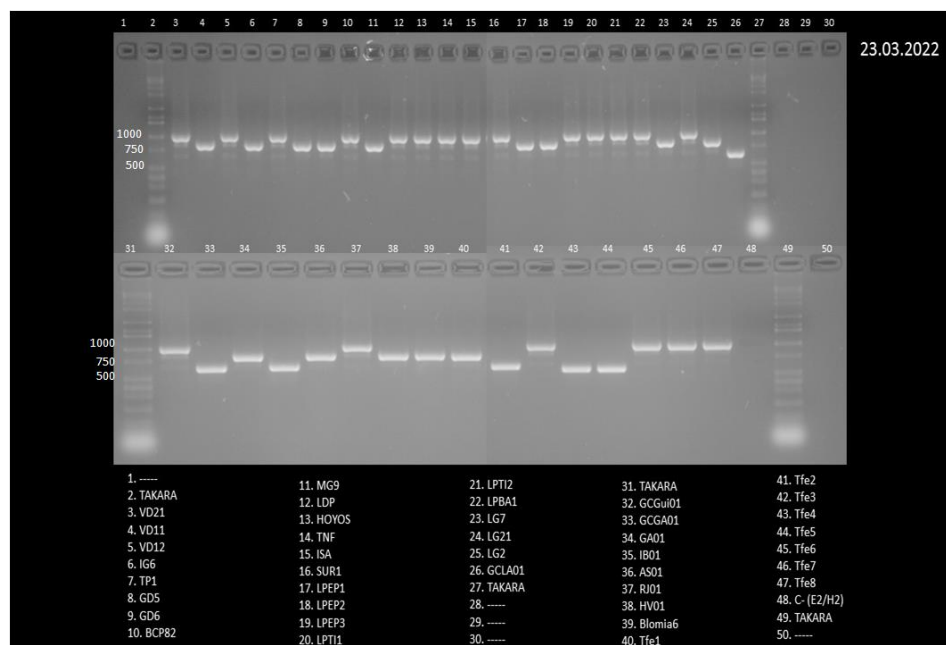


Figura 3. Gel de amplificación de ADNm de muestras de abejas

RFLP Digestión producto PCR con la enzima Dral

Se utilizó la técnica de RFLP con la enzima Dral para corroborar los haplotipos mediante el corte de la enzima en el producto de PCR. Figura 4

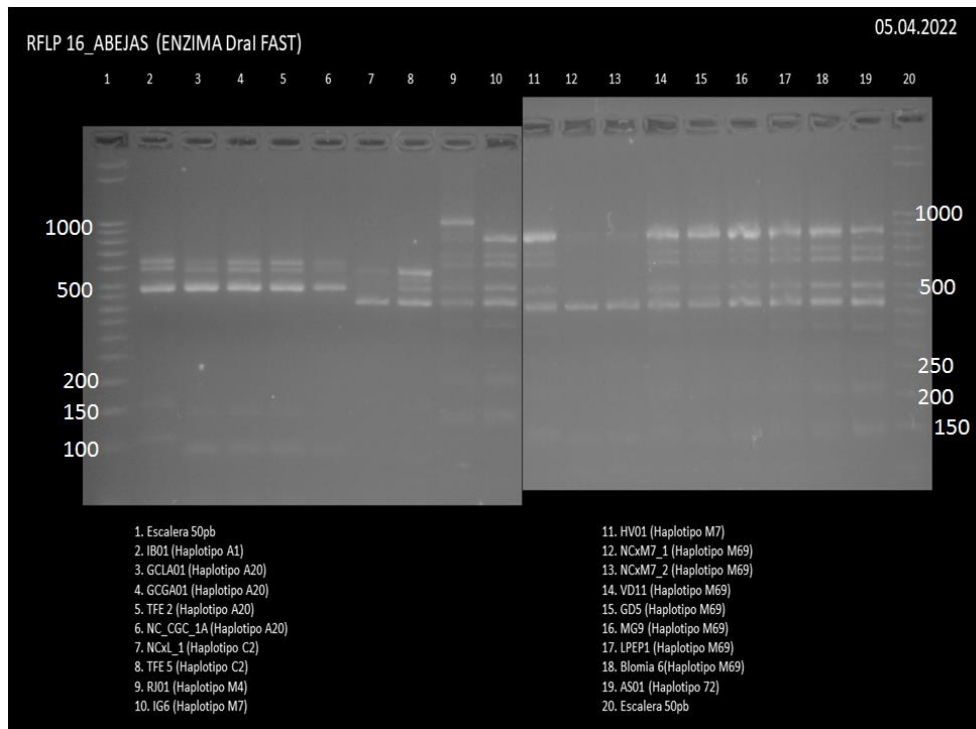


Figura 4. Gel de digestión de la enzima Dral en productos de amplificación de ADN

Amplificación con 9 microsatélites

Se amplificaron las muestras con 9 microsatélites (A7, A113, A28, Ap55, Ap43, Ap81, Ap66, A24, A88). Figura 5

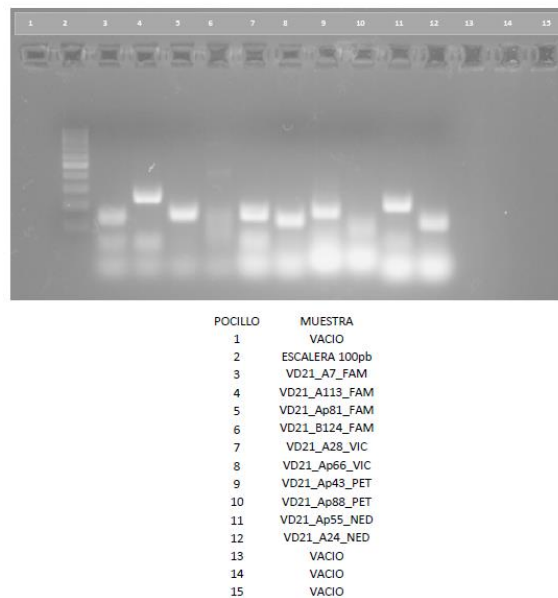


Figura 5. Gel de amplificación de microsatélites

Secuenciación ADNmt

Se realizó la reacción de secuenciación con los primers E2_ H2 a los productos de PCR de todas las muestras para su análisis en el secuenciador ABI 3500 de Applied Biosystems.



Genotipado microsatélites

Para el genotipado se realizó una reacción multiplex para su análisis en el equipo ABI 3500 de Applied Biosystems. Figura 6.

MIX1: A7F:A113F:A28V:Ap55N:Ap43P

MIX2: Ap81F:Ap66V:A24N:A88P

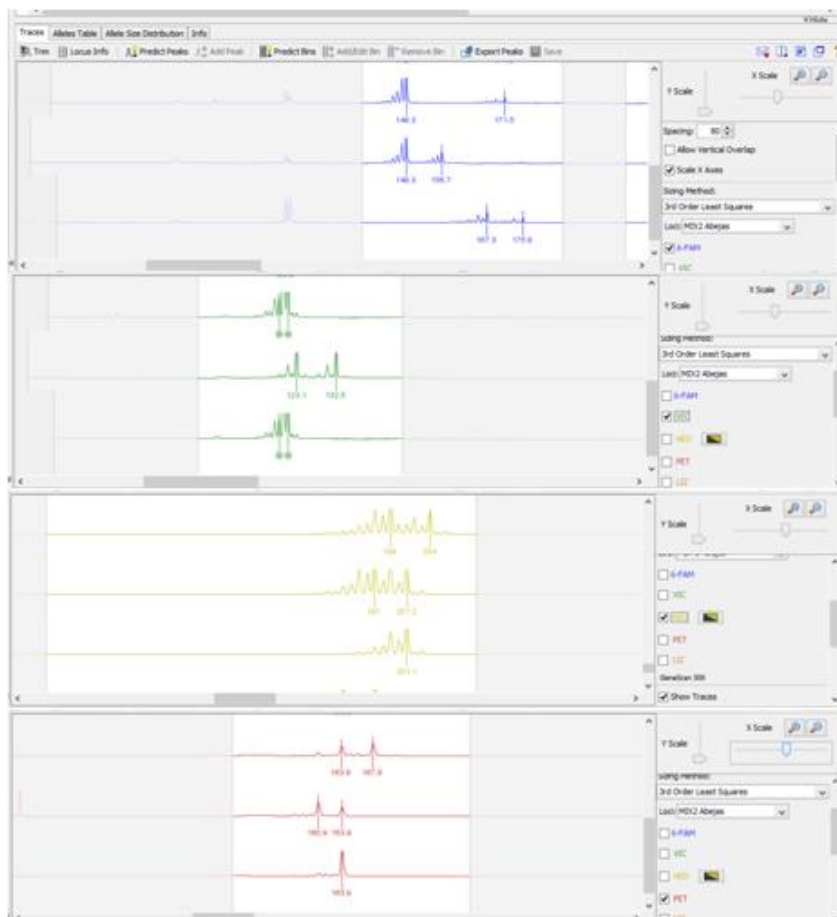
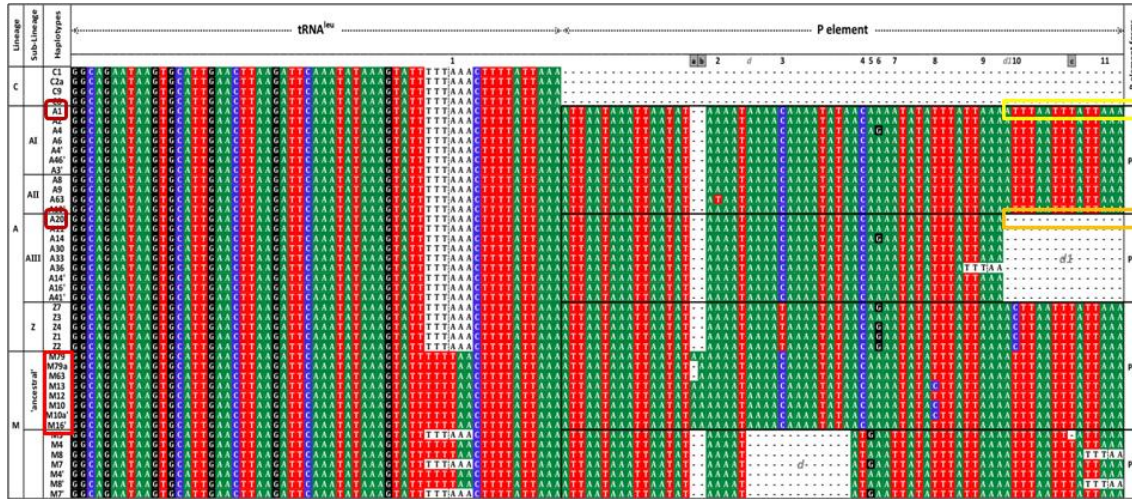


Figura 6. Amplificación de multiplex. Alelos de los microsatélites

3. RESULTADOS DEL ANÁLISIS DE SECUENCIAS Y GENOTIPADO

3.1. SECUENCIAS Y HAPLOTIPOS

Se detallan los tipos de secuencias según el elemento P (Chavez *et al.* 2017) en los diferentes Haplotipos identificados de las muestras analizadas.



- | | | | |
|-------------------------|------------------------------|------------------------|--------|
| A1: P ₀ Q | A11: P ₁ QQ | M69: PQQ | C2: Q |
| A2: P ₀ QQ | A14: P ₁ QQ | M7: PQQ | C2c: Q |
| A3': P ₀ QQQ | A14'-A15: P ₁ QQQ | M79: P ₀ QQ | C2d: Q |
| A4: P ₀ QQ | A16': P ₁ QQQ | M4: PQQ | C3: Q |
| | A20: P ₁ Q | M4': PQQQ | |
| | | M42: PQQ | |
| | | M8: PQQ | |

Figura 7. Tipos de secuencias según la configuración del elemento P y Q

Algunos ejemplos de las deleciones que presentan las secuencias de los Haplotipos A20 respecto a A1 y A11 respecto a A2.



Esas deleciones también se ven reflejadas en el corte con la enzima Dral

Haplotipos A20 – A1



Haplotipos A11 – A2

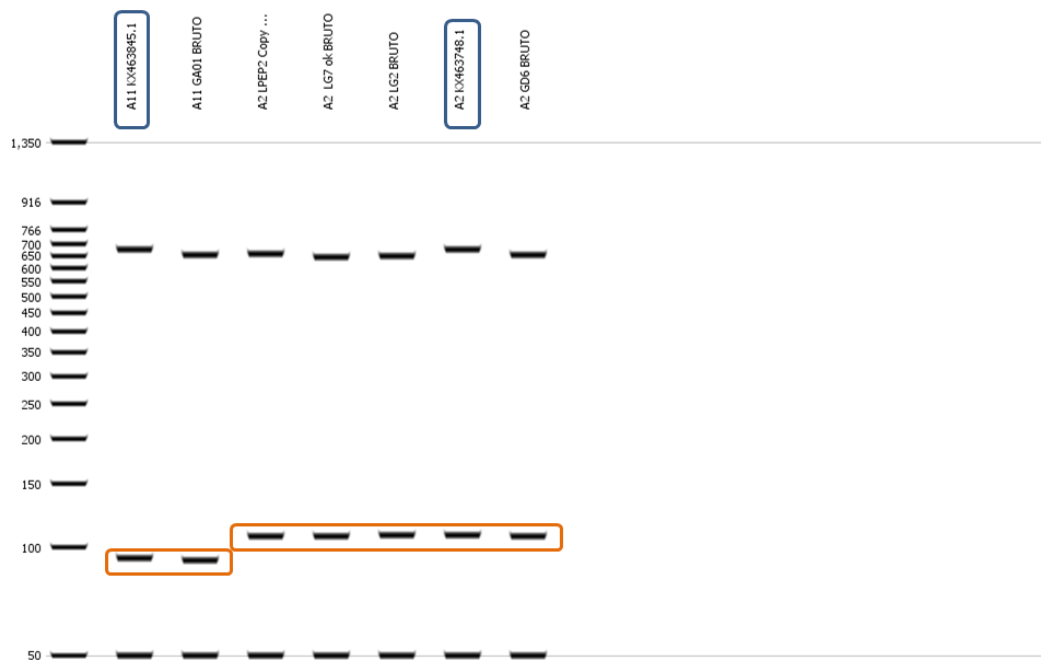


Figura 8. Ejemplos de deleciones y haplotipos (A20-A1; A11-A2)

3.2. HAPLOTIPOS, LINAJES Y SUBLINAJES

De los datos y referencias publicadas hasta la actualidad, en Canarias están presentes los siguientes linajes y sublinajes

Linaje A: linaje evolutivo africano

AIII: sublinaje atlántico del linaje evolutivo africano, es el más frecuente de la región macaronésica y fue descrito por primera vez en las abejas de las Islas Canarias (Franck et al. 2001).

All: sublinaje más abundantemente en el norte de África, presente en la península Ibérica pero con una frecuencia mucho menor (Cánovas et al. 2008; De la Rúa et al. 2013)

AI: sublinaje muy frecuente en la península Ibérica.

Linaje M: distribuido desde el centro peninsular hasta Escandinavia (N y W de Europa).

Linaje C: propio del centro y SE de Europa.

En las muestras analizadas en el presente estudio (N=155), se han detectado 3 linajes (A, M y C) y dos sublinajes correspondientes al linaje A (AI y AIII). ANEXO Excel con haplotipos

HAPLOTIPOS/ LINAJES Y SUBLINAJES	A1/AI	A2/AI	A3'/AI	A4/AI	A11/AIII	A14_14'/AIII	A16'/AIII	A20/AIII	M4	M42	M69	M7	M79	M8	C2	C3	TOTAL
TODAS LAS MUESTRAS	14	17	2	2	4	48	3	13	13	5	14	3	3	1	11	2	155

HAPLOTIPO A1:
HAPLOTIPO A2:
HAPLOTIPO A3':
HAPLOTIPO A4:
HAPLOTIPO A11
HAPLOTIPO 14
HAPLOTIPO A14'
HAPLOTIPO A16':
HAPLOTIPO A20:
HAPLOTIPO M4
HAPLOTIPO M42
HAPLOTIPO M69
HAPLOTIPO M7
HAPLOTIPO M79
HAPLOTIPO M8
HAPLOTIPO C2
HAPLOTIPO C3

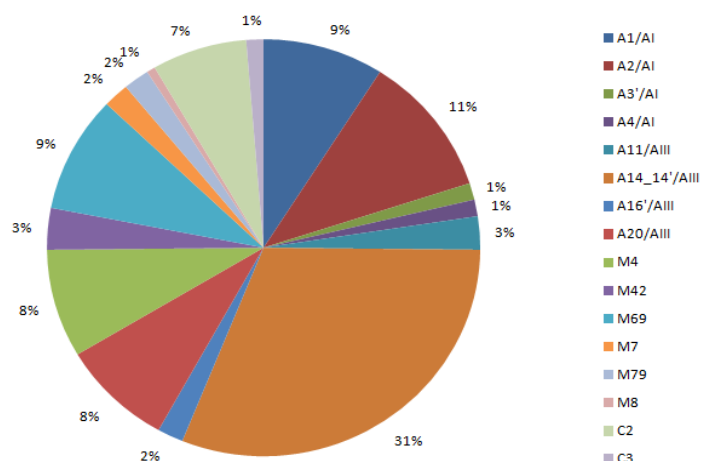


Figura 9. Linajes y haplotipos muestras totales

Si analizamos los haplotipos por procedencia de las muestras, las **muestras NO Canarias** que se corresponden con N=44, están representadas por **4 linajes** y **16 haplotipos**: A1/AI, A2/AI, A3'/AI, A4/AI, A4'/AIII, A11/AIII, A14_14'/AIII, A16'/AIII, A20/AIII, M4, M42, M69, M7, M79, M8, C2, C3

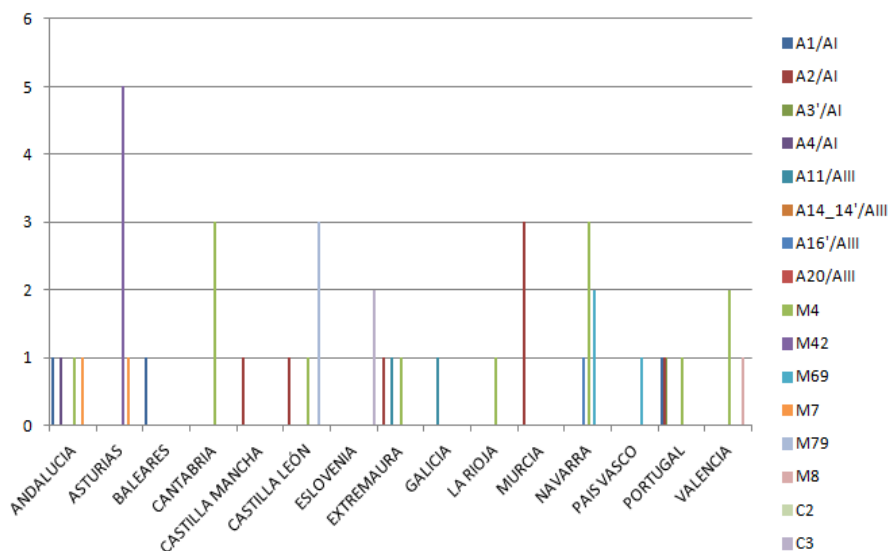


Tabla 2. Frecuencias de linajes y sublinajes de todas las muestras

	AI	AII	AIII	M	C
Eslovenia	0	0	0	0	2
Galicia	0	0	1	0	0
Asturias	0	0	0	6	0
Cantabria	0	0	0	3	0
País Vasco	0	0	0	1	0
Navarra	0	0	1	5	0
La Rioja	0	0	0	1	0
Valencia	0	0	0	3	0
Castilla	2	0	0	4	0
Andalucía	2	0	0	2	0
Extremadura	2	0	0	1	0
Portugal	3	0	0	1	0
Murcia	3	0	0	0	0
Baleares	1	0	0	0	0
Canarias					
Lanzarote	0	0	4	0	0
Gran Canaria	18	0	43	11	9
Tenerife	1	0	6	0	2
La Gomera	2	0	7	0	0
La Palma	1	0	5	1	0
El Hierro	1	0	0	0	0

Muestra	Área	Región	Haplotipo	Sublinaje
ANJA01	ANDALUCIA Jaén	Andalucía	A4	AI
ANMA01	ANDALUCIA Málaga	Andalucía	A1	AI
ANSE01	ANDNDALUCIA Sevilla	Andalucía	M4	M
AS05	ASTURIAS	Asturias	M7	M
AS03 MB	ASTURIAS	Asturias	M42a	M
AS02	ASTURIAS	Asturias	M42a	M
AS01	ASTURIAS CANGAS NARCEA	Asturias	M42	M
AS04	ASTURIAS Nava	Asturias	M42a	M
AS06	ASTURIAS Oviedo	Asturias	M42a	M
IB01	B MENORCA	Baleares	A1	AI
CA03	CANTABRIA	Cantabria	M4	M
CA02	CANTABRIA	Cantabria	M4	M
CA01	CANTABRIA	Cantabria	M4	M
CLLE01	CASTILLA L León	Castilla	A2	AI
CLLE04	CASTILLA L León	Castilla	M79	M
CLLE03	CASTILLA L León	Castilla	M79	M
CLLE02	CASTILLA L León	Castilla	M79	M
CM01	CASTILLA M Guadalajara	Castilla	A2	AI
EH	EH ROQUE LA SAL	El Hierro	A2	AI
SLV02	ESLOVENIA_SE	Eslovenia	C3	C
SLV01	ESLOVENIA SE	Eslovenia	C3	C
EXTR03	EXTR Badajoz	Extremadura	A2	AI
EXTR01	EXTR Herrera del Duque	Extremadura	M4'	M
EXTR02	EXTR Mérida	Extremadura	A2	AI
GA01	GALICIA OURENSE	Galicia	A11	AIII
MU3	MURCIA	Murcia	A2	AI
MU2	MURCIA	Murcia	A2	AI
MU1	MURCIA	Murcia	A2	AI
NAV02	NAVARRA AINTRIOA	Navarra	M69	M
NAV04	NAVARRA Espronceda	Navarra	M69	M
NAV06	NAVARRA Milagro	Navarra	M4	M
NAV03	NAVARRA OLITE	Navarra	M4	M
NAV05	NAVARRA Sagaseta	Navarra	M4	M
NAV01	NAVARRA UJUE	Navarra	A16'	AIII
PV	PAIS VASCO	Pais Vasco	M69	M
POR01FE	PORTUGAL MACEDO	Portugal	M7	M
POR04NI	PORTUGAL_N	Portugal	A1	AI
POR02MA	PORTUGAL_N	Portugal	A3'	AI
POR03A7	PORTUGAL_NO	Portugal	A2	AI
Sa	SALAMANCA	Castilla	M4	M
ApiADS3	VALENCIA	Valencia	M8	M
ApiADS2	VALENCIA	Valencia	M4	M
ApiADS1	VALENCIA	Valencia	M4	M

En las **muestras de Canarias** (N=111), se obtuvieron los mismos linajes y sublinajes, aunque con menor presencia de haplotipos del linaje M.

En estas muestras están representados **4 linajes y 11 haplotipos**: A1/AI, A2/AI, A3'/AI, A4/AI, A11/AIII, A14_14'/AIII, A16'/AIII, A20/AIII, M69, M7, C2

HAPLOTIPOS/ LINAJES Y SUBINAJES	A1/AI	A2/AI	A3'/AI	A4/AI	A11/AIII	A14_14'/AIII	A16'/AIII	A20/AIII	M4	M42	M69	M7	M79	M8	C2	C3	TOTAL CANARIAS
CANARIAS	11	10	1	1	2	48	2	13			11	1			11		111

A.m. iberiensis

Linaje A/Sublinaje AIII

Haplotipos africanos_atlánticos

A11:A14:A14':A16':A20

Linaje A/Sublinaje AI

Haplotipos africanos_PI

A1:A2:A3':A4

Linaje M

Haplotipos europa occidental_mediterraneos

A.m. carnica

Linaje C

Haplotipos europa oriental

GRAN CANARIA (N=81) n^ºh=11 (A1/AI, A2/AI, A3'/AI, A4/AI, A11/AIII, A14_14'/AIII, A16'/AIII, A20/AIII, M69, M7, C2)

TENERIFE (N=9) n^ºh=4 (A1/AI, A14_14'/AIII, A20/AIII, C2)

LA GOMERA (N=9) n^ºh=3 (A1/AI, A14_14'/AIII, A20/AIII)

EL HIERRO (N=1) n^ºh=1 (A2/AIII)

LA PALMA (N=7) n^ºh=3 (A2/AIII, A14_14'/AIII, M69)

LANZAROTE (N=4) n^ºh=1 (A14_14'/AIII)

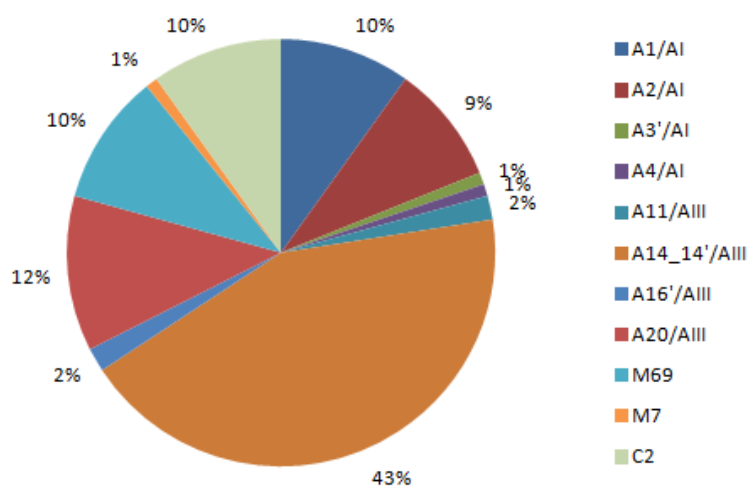


Figura 10. Porcentaje de haplotipos presentes en Canarias

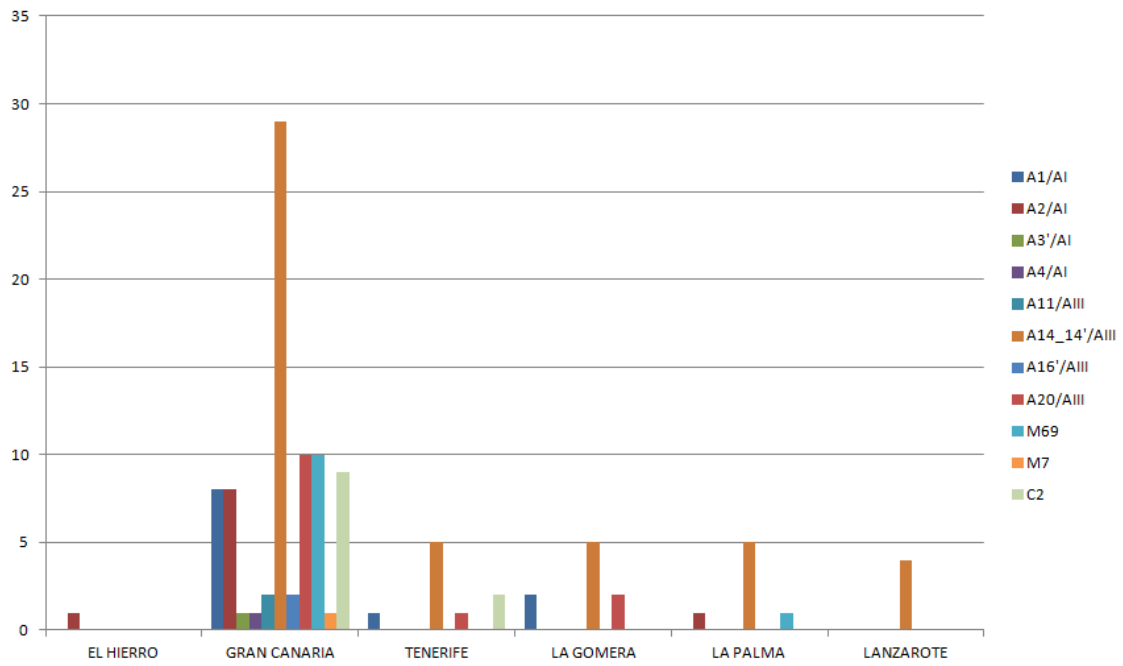


Figura 11. Número de muestras por cada haplotipo e isla

En Gran Canaria, con N=81 muestras están representados los 11 haplotipos

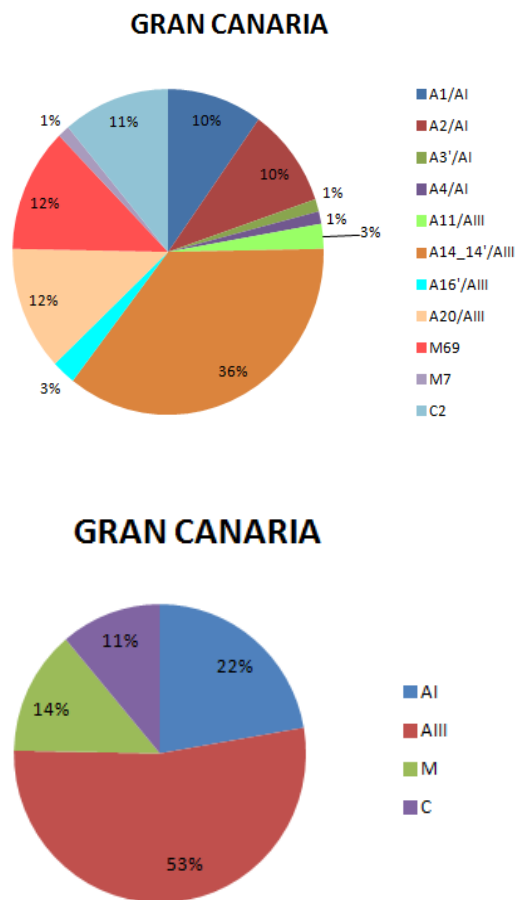


Figura 12. Porcentaje de haplotipos y linajes en Gran Canaria

En Gran Canaria, los haplotipos más frecuentes son el A14-A14' (A15), que están presentes en casi todos los municipios de la isla.

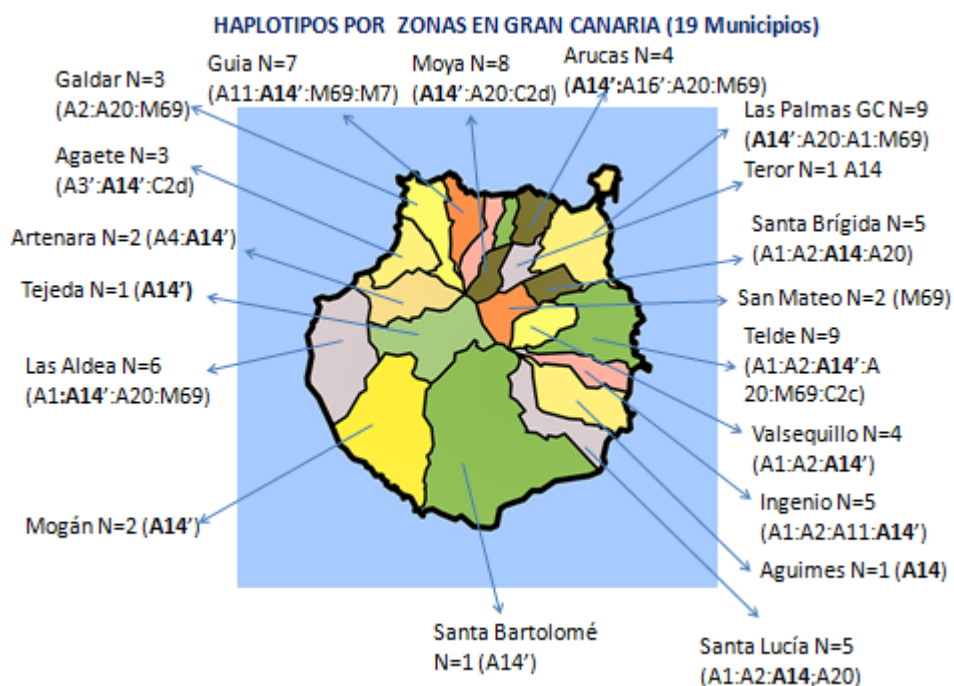


Figura 13. Número de muestras y porcentaje de haplotipos por municipio

Conclusiones para la isla de Gran Canaria:

- Se presentan 3 LINAJES: A, M y C
- Con 11 HAPLOTIPOS: 4 SUBLINAJE AI, 4 SUBLINAJE AIII; 2 LIANJE M; 1 LINAJE C
- Los haplotipos A14:A14' y A20 son los más frecuentes
- El sublinaje AIII es el más abundante, representa el 53% de las muestras. Estos haplotipos son característicos de las poblaciones de abeja negra en canarias.
- El haplotipo M7 es más común en las abejas de la península Ibérica.
- El haplotipo C2 es originario de abejas de la península Balcánica.
- Solo el 25 % de estos dos últimos tipos de haplotipos están presentes en las muestras de GC, que se corresponden con introducciones pasadas y/o recientes de abejas procedentes de Europa.

Comparativa con datos anteriores en Gran Canaria (2016 – 2022)

Si comparamos los datos anteriores del informe para Gran Canaria (Muñoz, de la Rúa 2016) Figuras 14-15 con N=53 con los datos obtenidos en el presente trabajo (ABECAN 2022) N=81, el % del linaje M ha experimentado un ligero aumento (del 11 al 14%), el % del linaje C se ha incrementado del 2 al 11%; respecto al linaje A, el sublinaje AI ha aumentado bastante respecto a los datos anteriores (del 10 al 22%), el sublinaje AII no ha aparecido en estas muestras y el sublinaje AIII ha descendido del 72 al 53% Figuras 16-17.

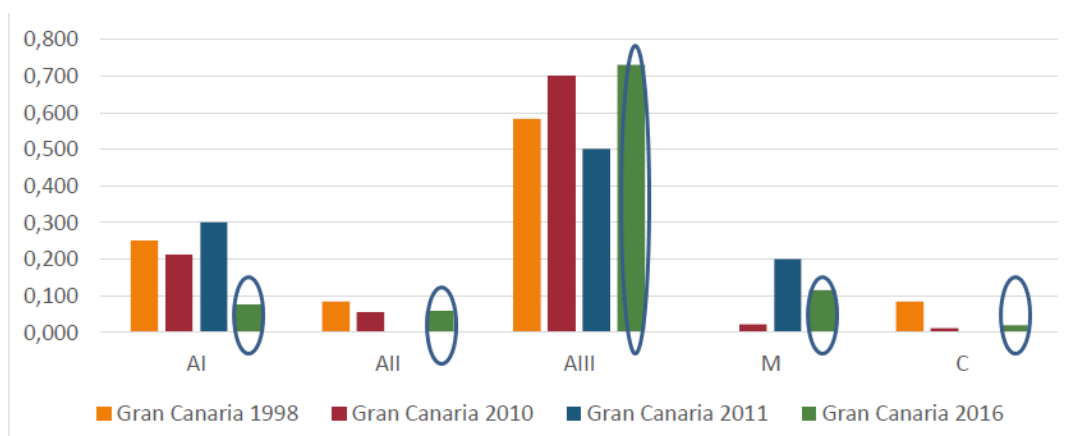


Figura 14. Datos linajes para Gran Canaria 1998-2016. Evaluación genética de Apis mellifera de Gran Canaria 2016 (Muñoz, de la Rúa 2016)

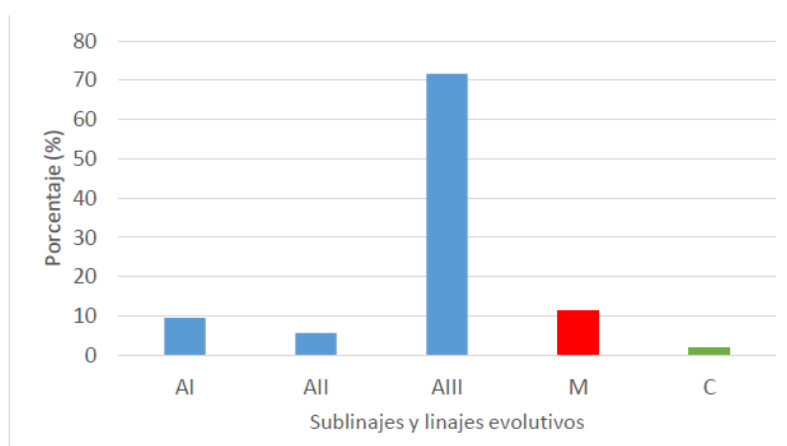


Figura 15. Datos linajes para Gran Canaria 2016. Evaluación genética de Apis mellifera de Gran Canaria 2016 (Muñoz, de la Rúa 2016)

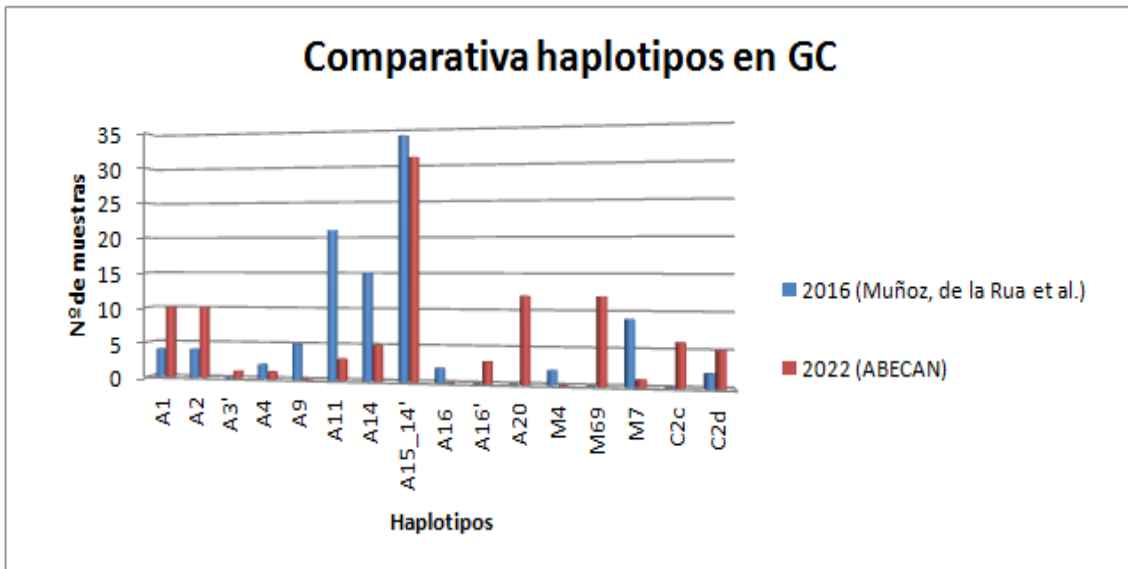


Figura 16. Comparativa haplotipos en Gran Canaria 2016-2022

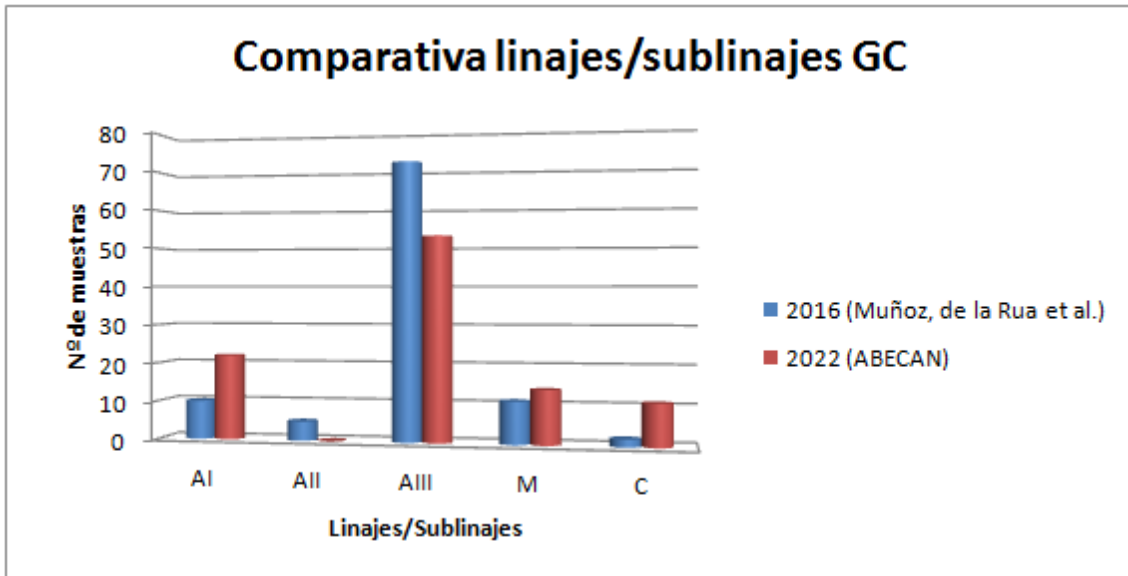


Figura 17. Comparativa linajes en Gran Canaria 2016-2022

3.3. GENOTIPOS E INFERENCIA DE ASCENDENCIAS

El análisis de las frecuencias alélicas de los microsatélites muestra una diferencia entre las poblaciones de p.e. Eslovenia con el resto de las localizaciones (Península y Canarias). Figura 18.

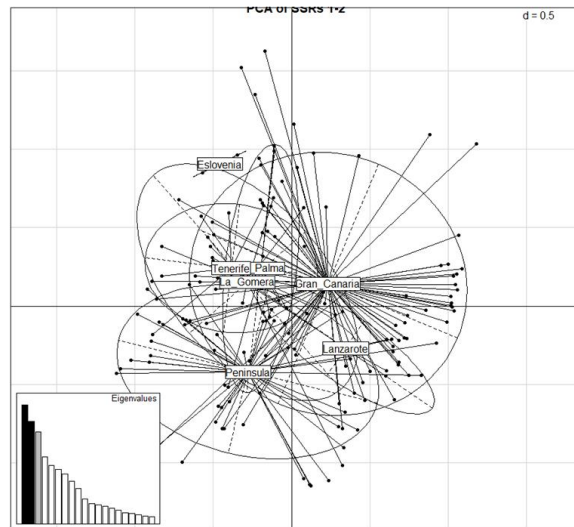


Figura 18. Gráfico de PCA (PC1vs PC2) estimado a partir del juego de microsatélites analizados, asignando la totalidad de individuos a las poblaciones de Eslovenia, Península y Canaria.

Si analizamos solo las frecuencias alélicas correspondientes a las muestras de Gran Canaria, los microsatélites que presentan mejores datos de análisis serían: A7, A113, AP81, AP66, AP55 Figura 19.

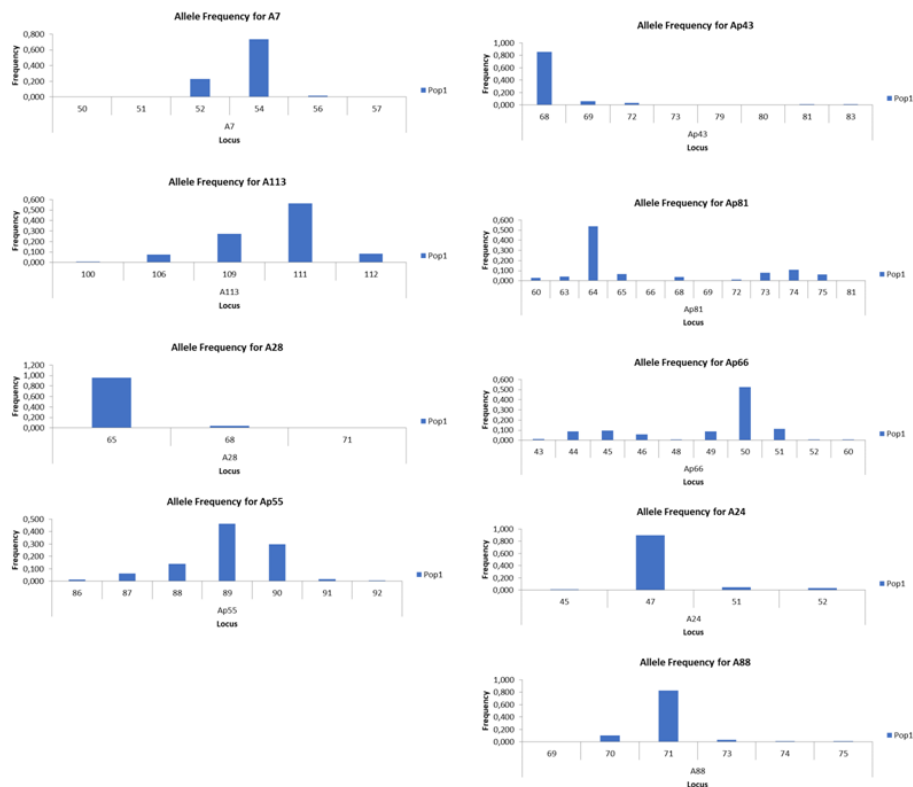


Figura 19. Frecuencias de los alelos de los microsatélites analizados

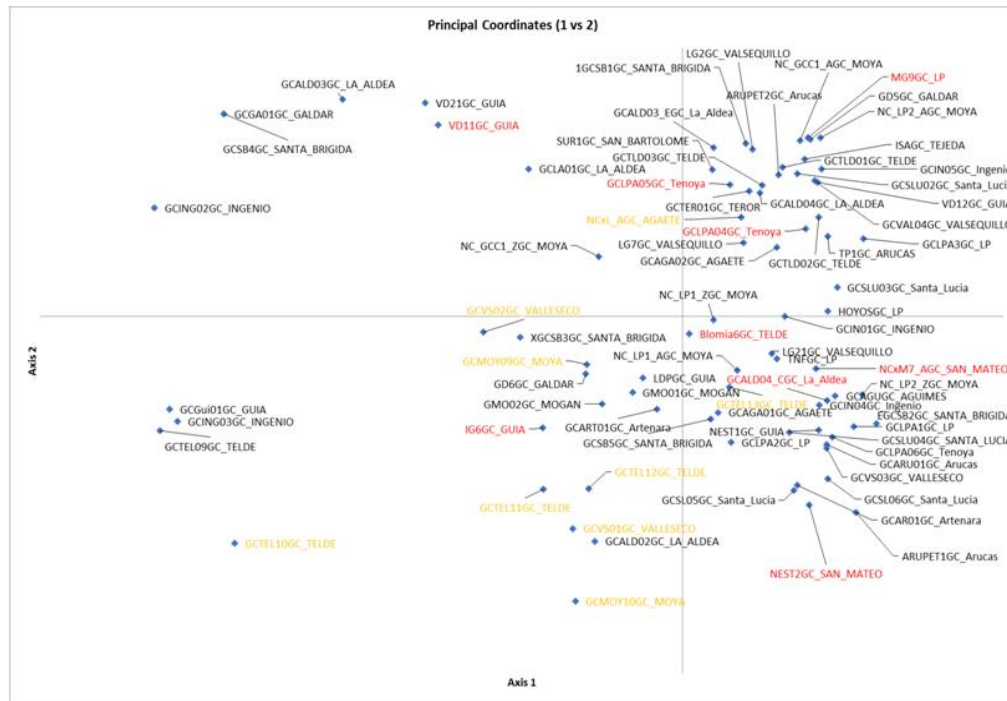


Figura 20. Gráfico de PCA (PC1vs PC2) estimado a partir del **juego de microsatélites** analizados para los individuos de Gran Canaria. En color **amarillo** se indican los individuos portadores del **linaje mitocondrial C**, mientras que en **rojo** se señalan los individuos con el **linaje M**.

El análisis de las frecuencias alélicas de los microsatélites en las muestras de Gran Canaria, determina que hay una agrupación mayoritaria de las mismas en dos cuadrantes. Solo algunas muestras quedan separadas del resto del grupo, una muestra del linaje mitocondrial C (C2c), y dos grupos del linaje mitocondrial A representados por, 3 muestras del linaje A (A14'_A15) que se quedan agrupadas y diferenciados del resto y 4 muestras del linaje A (A14'_A15; A20; A1; A2) que se quedan separadas entre si. Figura 20

Estimaciones de ascendencias

Se utilizó el Método Evanno para estudiar la Inferencia de la probabilidad de pertenencia de cada individuo a cada uno de los cuatro grupos predefinidos (K=4, Método Evanno). Se utilizó el software STRUCTURE para la representación gráfica de las frecuencias de grupos/cluster en las poblaciones. Figuras 21-22.

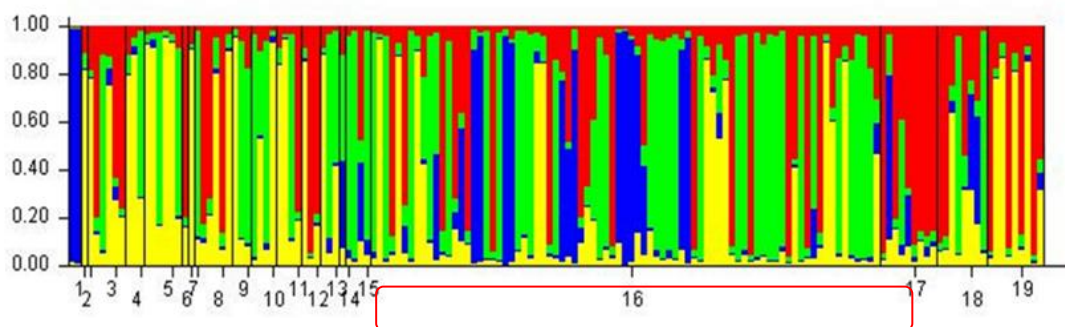


Figura 21. Los números indican la población donde fue muestreado cada individuo: 1.Eslovenia, 2.Galicia, 3.Asturias, 4.Cantabria, 5.Navarra, 6.La Rioja, 7.Pais Vasco, 8.Castilla,

9.Extremadura, 10.Portugal, 11.Andalucia, 12.Murcia, 13.Valencia, 14.Baleares, 15.Lanzarote, 16.Gran Canaria, 17.Tenerife, 18.La Gomera, 19.La Palma, 20. El Hierro

- 1 (1SLV01ESLOVE;2SLV02ESLOVE)
- 2 (3GA01GALICIA)
- 3 (4AS01ASTURIA;5AS02ASTURIA;6AS03_MBASTU;7AS04ASTURIA;8AS05ASTURIA;9AS06ASTURIA)
- 4 (10CA01CANTABR;11CA02CANTABR; 12CA03CANTABR)
- 5 (13NAV01NAVARR;14NAV02NAVARR;15NAV03NAVARR;16NAV04NAVARR;17NAV05NAVARR;18NAV06NAVARR)
- 6 (19RJ01LA_RIOJ)
- 7 (20PVPVAIS_VASC)
- 8 (21CLLE01CASTI;22CLLE02CASTI;23CLLE03CASTI;24CLLE04CASTI;25CM01CASTILL;26SaSALAMANCA)
- 9 (27EXTR01EXTR_;28EXTR02EXTR_;29 EXTR03EXTR_)
- 10 (30POR01FEPORT;31POR02MAPORT;32POR03A7PORT;33POR04NIPORT)
- 11 (34ANJA01ANDAL;35ANMA01ANDAL;36ANSE01ANDND;37HV01HUELVA_)
- 12 (38MU1MURCIA;39MU2MURCIA;40 MU3MURCIA)
- 13 (41ApiADS1VALE;42ApiADS2VALE;43ApiADS3VALE)
- 14 (44IB01B_MENOR)
- 15 (45LZ01LZ_HARI;46LZ02LZ_HARI;47LZ03LZ_HARI;48LZTE01LZ_TE)
- 16 (491GCSB1GC_SA;50ARUPET1GC_A;51ARUPET2GC_A;52Blomia6GC_T;53EGCSB2GC_SA;54GCAGA01GC_A;55GCAGA02GC_A;56 GCAGUGC_AGU;57GCALD02GC_L;58GCALD03_EGC;59GCALD03GC_L;60GCALD04_CGC;61GCALD04GC_L;62GCAR01GC_Ar;63GCA RT01GC_A;64GCARU01GC_A;65GCGA01GC_GA;66GCGui01GC_G;67GCIN01GC_IN;68GCIN04GC_In;69GCIN05GC_In;70GCING02G C_L;71GCING03GC_L;72GCLA01GC_LA;73GCLPA04GC_T;74GCLPA05GC_T;75GCLPA06GC_T;76GCLPA1GC_LP;77GCLPA2GC_LP;78GC LPA3GC_LP;79GCMOY09GC_M;80GCMOY10GC_M;81GCSB4GC_SAN;82GCSB5GC_SAN;83GCSL05GC_Sa;84GCSL06GC_Sa;85GCSLU 02GC_S;86GCSLU03GC_S;87GCSLU04GC_S;88GCTEL09GC_T;89GCTEL10GC_T;90GCTEL11GC_T;91GCTEL12GC_T;92GCTEL13GC_T;9 3GCTER01GC_T;94GCTLD01GC_T;95GCTLD02GC_T;96GCTLD03GC_T;97GCVAL04GC_V;98GCVS01GC_VA;99GCVS02GC_VA;100GCV S03GC_VA;101GD5GC_GALDA;102GD6GC_GALDA;103GMO01GC_MOG;104GMO02GC_MOG;105HOYOSGC_LP;106IG6GC_GUIA;1 07ISAGC_TEJED;108LDPGC_GUIA;109LG21GC_VALS;110LG2GC_VALSE;111LG7GC_VALSE;112MG9GC_LP;113NC_GCC1_AGC;114N C_GCC1_ZGC;115NC_LP1_AGC;116NC_LP1_ZGC;117NC_LP2_AGC;118NC_LP2_ZGC;119NCxL_AGC_AG;120NCxM7_AGC_S;121NES T1GC_GUI;122NEST2GC_SAN;123SUR1GC_SAN;124TNFGC_LP;125TP1GC_ARUCA;126VD11GC_GUIA;127VD12GC_GUIA;128VD21 GC_GUIA;129XGCSB3GC_SA)
- 17 (130TF1TFE_SANT;131Tfe2TFE_LOS;132Tfe3TFE_TEG;133Tfe4TFE_LOS;134Tfe5TFE_LA;135Tfe6TFE_EL; 136Tfe7TFE_ANA;137Tfe8TFE_GUI;138 Tfe9TFE_CAL)
- 18 (139LG02LG_Vall;140LG03LG_Agul;141LG04LG_Vall;142LG05LG_Vall;143LG06_AJ13LG;144LG06_MYM01L;145LG07_SS1LG;146L G08_SS2LG; 147LGLG_HERMIG)
- 19 (148BCP82LP_MAZ;149LPBA1LP_BRE;150LPEP1LP_EL;151LPEP2LP_EL;152LPEP3LP_EL;153LPT11LP_TIJ;154LPTI2LP_TIJ)
- 20 (155EHEH_ROQUE)

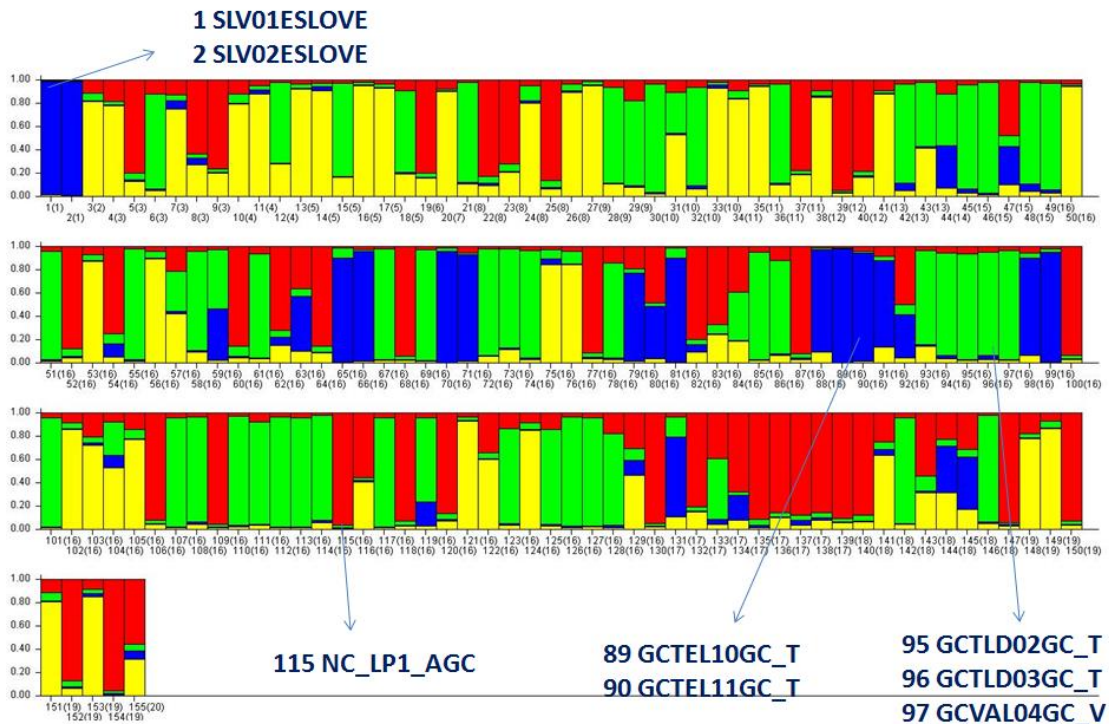


Figura 22. Estimaciones de ascendencias de todas las muestras (K=4, Método Evanno).

De los resultados obtenidos mediante este análisis podemos establecer lo siguiente:

- ✿ El análisis estimó que en la muestra analizada lo más ajustado sería reconocer la existencia de cuatro grupos.
- ✿ Cada grupo se representa por un color.
- ✿ Cada barra representa un individuo.
- ✿ El área de color de cada barra indica la probabilidad de asignar ese individuo al grupo codificado por ese color.
- ✿ Un individuo con un solo color tiene una composición genética que se asocia con la descendencia de uno solo de los grupos.
- ✿ Una barra con los cuatro colores, en la misma proporción, indica que ese individuo tiene un genotipo que puede ser asignado a los cuatro grupos con la misma probabilidad. Su ascendencia se estimaría como resultado de una mezcla de genotipos/grupos
- ✿ Las proporciones pequeñas de color que tienen las barras podría ser un artefacto del escaso número de marcadores y de la asignación de 4 grupos. Conviene centrarse en los patrones más obvios y comunes.
- ✿ P.e se le asignaría al grupo amarillo preferentemente. las del patrón amarillo y un poco de rojo. Constituyen un grupo homogéneo.

Resumen del análisis de las estimaciones de ascendencias para Gran Canaria

Las muestras señaladas en cuadrícula roja en la figura 21 se corresponden con las muestras de la isla de GC (desde la 49 a la 129) N=81.

Las muestras se pueden distribuir en 4 grupos de ascendencias: **Amarillo (A)**; **Verde (V)**; **Rojo (R)** y **Azul (Az)** y un grupo que tiene ascendencia de varios tipos **Mixto (M)**

GRUPO VERDE (V): 49-51-55-58-61-67-69-72-73-74-78-85-86-**93**-94-95-96-97-101-107-108-110-111-112-113-114-117-**119-123-125**-126-127-**128** (N=33) **Ascendencia A 1C y 3M**

GRUPO AMARILLO (A): 50-53-56-75-76-**102-103-105**-121-124 (N=10) **Ascendencia A**

GRUPO ROJO (R): 52-60-64-68-77-82-87-100-106-109-115-118-120 (N=13) **Ascendencia A y M**

GRUPO AZUL (AZ): 65-66-70-71-81-88-89-90-91-98-99 (N=11) **Ascendencia A y C**

MIX GRUPOS (M): 54-57-59-62-63-79-80-83-84-92-104-116-122-129 (N=14) **Ascendencia de varios linajes A,M y C**

R+A: 62-83-116-122-129 (N=5)

R+Az: 63-79-80-92 (N=4)

A+V: 57-104 (N=2)

Az+V: 59 (N=1)

R+V+A: 54-84 (N=2)

16(491GCSB1GC_SA;50ARUPET1GC_A;51ARUPET2GC_A;52Blomia6GC_T;53EGCSB2GC_SA;54 GCAGA01GC_A;55GCAGA02GC_A;56GCAGUGC_AGU;57GCALD02GC_L;58GCALD03_EGC;59G CALD03GC_L;60GCALD04_CGC;61GCALD04GC_L;62GCAR01GC_Ar;63GCART01GC_A;64GCAR U01GC_A;65GCGA01GC_GA;66GCGui01GC_G;67GCIN01GC_IN;68GCIN04GC_In;69GCIN05GC_In;70GCIING02GC_I;71GCIING03GC_I;72GCLA01GC_LA;73GCLPA04GC_T;74GCLPA05GC_T;75G CLPA06GC_T;76GCLPA1GC_LP;77GCLPA2GC_LP;78GCLPA3GC_LP;79GCMOY09GC_M;80GCM OY10GC_M;81GCSB4GC_SAN;82GCSB5GC_SAN;83GCSL05GC_Sa;84GCSL06GC_Sa;85GCSLU02 GC_S;86GCSLU03GC_S;87GCSLU04GC_S;88GCTEL09GC_T;89GCTEL10GC_T;90GCTEL11GC_T;9 1GCTEL12GC_T;92GCTEL13GC_T;93GCTER01GC_T;94GCTLD01GC_T;95GCTLD02GC_T;96GCTL D03GC_T;97GCVAL04GC_V;98GCVS01GC_VA;99GCVS02GC_VA;100GCVS03GC_VA;101GD5GC _GALDA;102GD6GC_GALDA;103GMO01GC_MOG;104GMO02GC_MOG;105HOYOSGC_LP;106I G6GC_GUIA;107ISAGC_TEJED;108LDPGC_GUIA;109LG21GC_VALS;110LG2GC_VALSE;111LG7G C_VALSE;112MG9GC_LP;113NC_GCC1_AGC;114NC_GCC1_ZGC;115NC_LP1_AGC;116NC_LP1_ZGC;117NC_LP2_AGC;118NC_LP2_ZGC;119NCxL_AGC_AG;120NCxM7_AGC_S;121NEST1GC_G UI;122NEST2GC_SAN;123SUR1GC_SAN;124TNFGC_LP;125TP1GC_ARUCA;126VD11GC_GUIA; 127VD12GC_GUIA;128VD21GC_GUIA;129XGCSB3GC_SA)

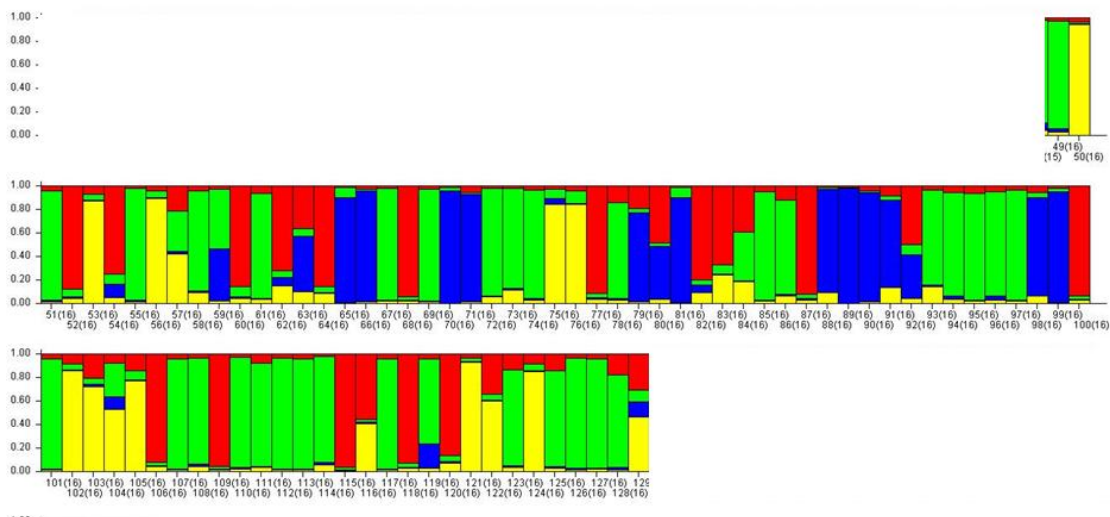


Figura 23. Asignación de muestras a los 5 grupos establecidos

El grupo más representado es el VERDE con 33 muestras y el resto de grupos están representados por un número muy parecido.

Comparativa del número de alelos/loci con datos anteriores en GC 2001 - 2022

El número de alelos encontrados para los microsatélites comunes entre los trabajos de la Rúa et al. 2001 (5 ISLAS: TFE; GC; LP; LG; H) con 8 microsatélites (B124; A113; A7; A35; A28; A24; A88; A8) y N=24 para Gran Canaria y el actual estudio ABECAN con 11 microsatélites y N=81 no detecta una variación sensible en el número de alelos para los mismos microsatélites. Con respecto al número de muestras que presentan esos alelos si que hay alguna diferencia para el A113 y el A88. Tablas 3 y 4

Teniendo en cuenta que el número de muestras estudiadas en ambos trabajos es diferente, se aprecia sin embargo que el número de muestras que tienen los alelos del loci A88 son el 100% en 2001, mientras que en 2022 representan el 76%. En el A113 ocurre al contrario, es casi el 100% en 2022 mientras que en 2001 es el 75%. Tabla 5 Figuras 24 y 25

Tabla 3. Comparativa nº alelos microsatélites

LOCI	Nº Alelos 2001	Nº alelos 2022
A7	4	3
A24	3	3
A28	2	2
A88	3	3
A113	6	5

Tabla 4. Nº muestras/alelos 2001

LOCI	Nº Alelos 2001	Nº muestras
A7	4	21/24
A24	3	23/24
A28	2	23/24
A88	3	24/24
A113	6	18/24

Tabla 5. Nº muestras/alelos 2022

LOCI	Nº alelos 2022	Nº muestras
A7	3	77/81
A24	3	75/81
A28	2	78/81
A88	3	62/81
A113	5	79/81

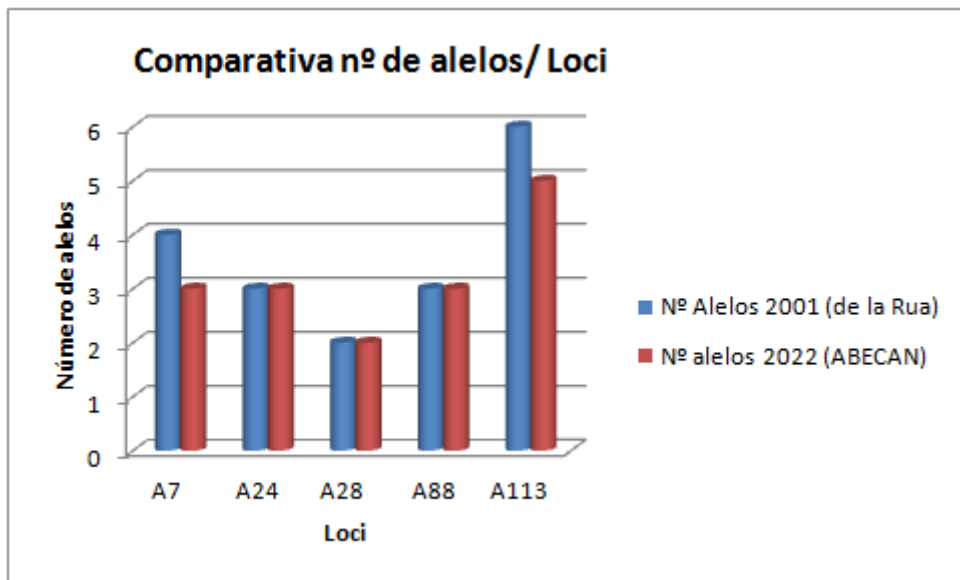


Figura 24. Comparativa nº alelos/loci 2001-2022

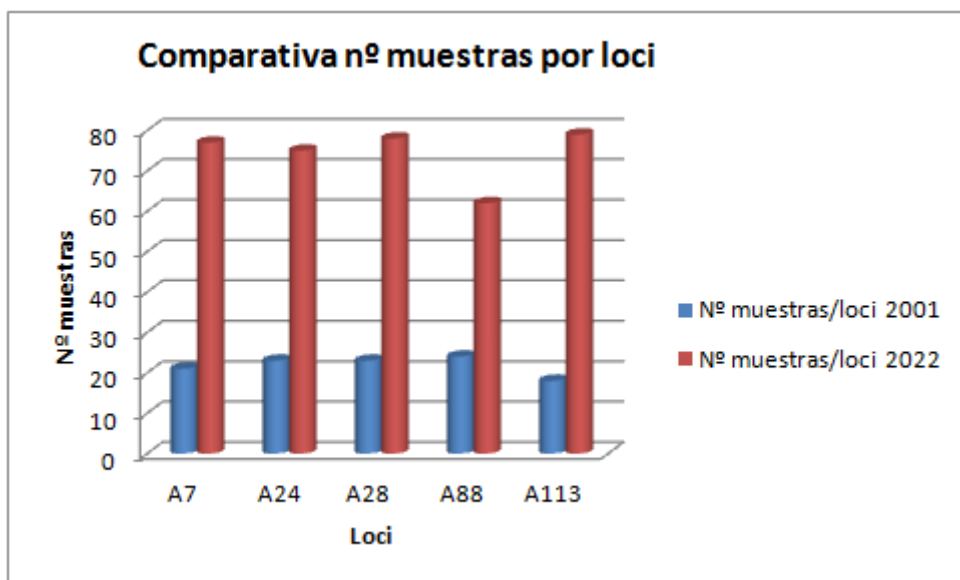


Figura 25. Comparativa nº muestras/loci 2001-2022

RESUMEN DE LAS CONCLUSIONES PARA LAS MUESTRAS DE GRAN CANARIA (N=81)

1.- HAPLOTIPOS PARA LA ISLA DE GRAN CANARIA:

- Se presentan **3 LINAJES: A, M y C**. El haplotipo **A** es el característico de las **poblaciones de abeja negra en canarias**. El haplotipo M7 es más común en las abejas de la península Ibérica. El haplotipo C2 es originario de abejas de la península Balcánica.
- El linaje **A** es el más representativo con un **75%**. El sublinaje **AIII** es el más abundante, representa el **53%** de las muestras y el sublinaje **AI** representa el **22%**.
- Hay **11 HAPLOTIPOS DIFERENTES**: EL **LINAJE MAYORITARIO ES EL A CON 8 HAPLOTIPOS**: 4 PARA EL SUBLINAJE AI Y 4 PARA EL SUBLINAJE AIII; 2 PARA EL LIANJE M; 1 PARA EL LINAJE C.
- Los haplotipos **A14:A14'** y **A20** son los más frecuentes y en las muestras que se han analizado están presentes en casi todos los municipios de la isla .
- Solo el **25 %** de las muestras presentan haplotipos de los otros linajes (**M y C**), que se corresponden con **introducciones pasadas y/o recientes** de abejas procedentes de Europa.

2.- ANÁLISIS DE LAS ESTIMACIONES DE ASCENDENCIAS PARA GRAN CANARIA

GRUPO AMARILLO (A): Ascendencia A (N=10)

GRUPO ROJO (R): Ascendencia A y M (N=13)

GRUPO AZUL (AZ):) Ascendencia A y C (N=11)

GRUPO VERDE (V):) Ascendencia A 1C y 3M (N=33)

- Estos 4 grupos se corresponden con **67** muestras del total de Gran Canaria (N=81), que suponen el **83%**, presentan ascendencia mayoritaria del linaje **A**.
- Hay un grupo denominado **MIX GRUPOS (M)**: constituido por **14 individuos** que tienen ascendencia mixta (**A-M-C**) que representarían a ejemplares con hibridaciones. Este se correspondería con un **17%** del total de las muestras.