

Better-B newsletter

Edição nº4 – Junho 2026

A diversidade genética é crucial para a resiliência. As colónias de abelhas com elevada variação genética são mais saudáveis e mais capazes de lidar com fatores de stress. A diversidade genética é também a matéria-prima da evolução, permitindo que as populações de abelhas se adaptem aos climas e condições ambientais locais e desenvolvam resistência aos agentes patogénicos. Para melhor compreender como a diversidade genética promove a resiliência, o projeto Better-B sequenciou o genoma completo de mais de mil abelhas. Os resultados identificaram genes provavelmente importantes para a adaptação a diferentes climas. Utilizamos também a sequenciação genómica para estudar as alterações genéticas que ocorrem quando as populações de abelhas sobrevivem à exposição ao ácaro Varroa sem tratamento, destacando a capacidade natural das abelhas para manter a diversidade genética. Em última análise, o objetivo desta investigação é permitir aos apicultores selecionar abelhas com características genéticas resilientes e bem adaptadas aos seus ambientes locais.

Como se adaptam as abelhas aos seus ambientes locais?



Resilience to climate and heat stress

A apicultura na Europa é praticada em diversos climas, desde os verões quentes e áridos do Mediterrâneo até aos longos invernos escandinavos, em condições que estão a alterar-se rapidamente devido às alterações climáticas. É crucial garantir que as abelhas estão geneticamente adaptadas às suas condições climáticas locais para promover a resiliência e a sobrevivência das colónias. Para descobrir os genes importantes para a adaptação ao clima, os grupos de investigação de Matthew Webster (UU) e Alice Pinto (IPB), em colaboração com muitos outros parceiros do projecto Better-B, sequenciaram os genomas de mais de 1000 abelhas recolhidas em toda a Europa.

A história evolutiva das abelhas

Se queremos compreender como as abelhas se adaptaram ao seu meio, precisamos de conhecer a sua história evolutiva. As abelhas estão presentes na Europa há quase um milhão de anos, muito antes da chegada dos humanos. Devido às enormes flutuações climáticas das eras glaciares e às barreiras geográficas, como as cadeias montanhosas, duas grandes linhagens evolutivas ficaram isoladas e acumularam grandes diferenças genéticas. Estas linhagens são designadas por linhagem M, à qual pertencem a abelha escura (*Apis mellifera mellifera*) e a abelha ibérica (*A. m. iberiensis*), e linhagem C, à qual pertencem a abelha italiana (*A. m. ligustica*) e a abelha cárnica (*A. m. carnica*). A área de distribuição nativa da linhagem M na Europa estende-se por todo o oeste, desde a Escandinávia até à Península Ibérica, enquanto a linhagem C se restringe ao sudeste da Europa, à península italiana e aos Balcãs.

Mais recentemente, nos últimos 150 anos, a distribuição natural das abelhas na Europa foi perturbada pela movimentação de colónias e pela importação de rainhas por apicultores. Isto envolveu principalmente a importação de linhagens C para os países do norte, o que afetou a composição genética das abelhas da linhagem M nativas destas regiões. A mistura de linhagens de abelhas aumenta a diversidade genética, mas também pode perturbar as adaptações entre genes e ambiente, reduzindo a resiliência das populações locais. Ao estudar os genomas das abelhas, procurámos desvendar o efeito do transporte das abelhas no quão bem estas estão geneticamente

adaptadas aos seus ambientes. Pretendemos também identificar genes que controlam características importantes para a adaptação ao clima.

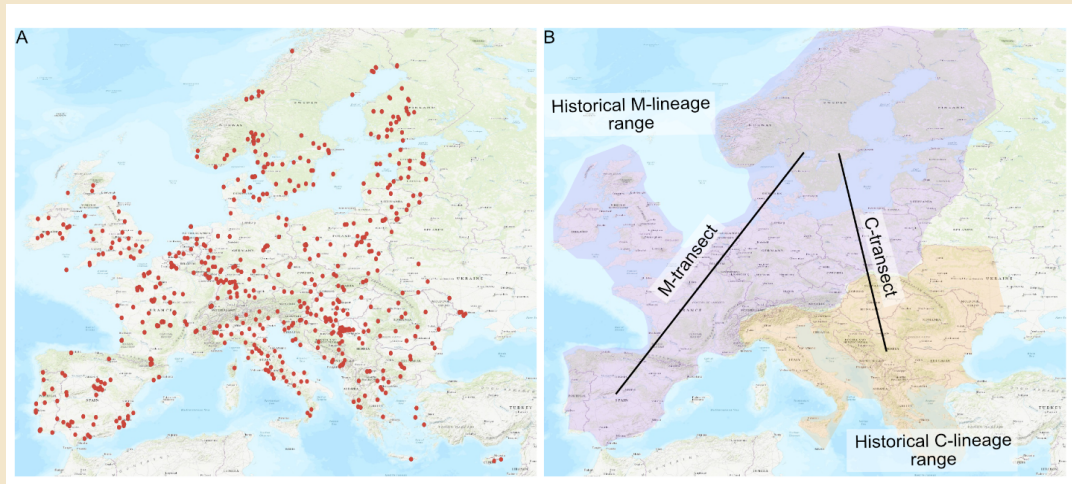


Figura 1: (A) Locais de amostragem de mais de 1000 abelhas de 33 países europeus cujos genomas foram sequenciados pela plataforma Better-B. (B) A área de distribuição histórica das abelhas das linhagens M e C, nativas da Europa, está representada a sombreado. Esta distribuição foi interrompida pelo transporte de abelhas da estirpe C para norte. Comparámos os genomas das abelhas ao longo de dois transectos norte-sul para encontrar genes que controlam a adaptação ao clima.

1000 genomas de abelhas

O projeto Better-B sequenciou genomas de abelhas operárias recolhidas em toda a Europa (Fig. 1A). Estes dados revelaram que o transporte de abelhas teve um efeito significativo na sua composição genética. Países como a Alemanha, Bélgica, e Holanda, assim como os países da Escandinávia, têm agora comumente >90% da sua base genética composta pela linhagem C importada. É possível que esta importação em grande escala tenha interrompido a adaptação ao meio local, resultando em abelhas menos resilientes.

Tendo em conta esta base genética mista, comparámos populações de abelhas ao longo de dois transectos norte-sul para identificar genes que pudessem explicar a adaptação ao clima (Fig. 1B). O transecto da estirpe M compara as abelhas da Península Ibérica com as do norte da Europa, que devem ser recolhidas de populações específicas de "conservação" não afetadas pela importação de abelhas da estirpe C. O transecto da estirpe C compara as abelhas do sudeste da Europa com as do norte da Europa. Ao fazer estas comparações, podemos identificar variantes genéticas específicas que diferem em frequência entre as populações do norte e do sul e que podem explicar a adaptação a diferentes climas.

Genes para adaptação climática

Utilizamos uma vasta gama de métodos estatísticos para identificar genes de adaptação climática. Isto envolve a comparação de genomas de abelhas que vivem em diferentes latitudes. Procurámos também identificar correlações entre a frequência dos genes e as medidas climáticas, como a temperatura e a precipitação. Utilizando estes métodos, identificámos diversos genes com variantes diferentes em países do norte e do sul. Um gene particularmente interessante pertence à família da "cadeia pesada de miosina", que produz proteínas importantes na composição dos músculos. As abelhas utilizam os seus grandes músculos de voo para regular a temperatura na colmeia, seja gerando calor em climas frios ou aumentando o fluxo de ar para arrefecer. A nossa hipótese é que diferentes variantes deste gene sejam ou não benéficas, dependendo se a colónia se encontra num clima quente ou frio. Ao promover a utilização de abelhas com variantes genéticas neste gene que correspondam ao clima, podemos aumentar a resiliência e a sobrevivência das colónias de abelhas.

Como é que as abelhas desenvolvem resistência contra a *Varroa*?



Local adaptation by Darwinian selection

O ácaro *Varroa* é a principal causa de perdas de colónias de abelhas na Europa; a maioria das colónias não sobrevive sem tratamento químico. No entanto, nas últimas duas décadas, várias populações de abelhas desenvolveram resistência natural a este parasita e conseguem sobreviver sem a intervenção dos apicultores. O projecto Better-B investigou quatro populações existentes que sobreviveram à *Varroa* e estabeleceu novas populações que não recebem tratamento contra a *Varroa* em nove locais diferentes na Europa. Ao sequenciar os genomas destas populações, podemos analisar variações genéticas que ocorrem à medida que as populações adquirem resistência contra a *Varroa*.

A genética das populações que sobrevivem à *Varroa*

A localização das populações sobreviventes à *Varroa* é apresentada na Figura 2. Identificámos quatro populações existentes em Cluj-Napoca (Roménia), Gjerdrum (Noruega), De Hoge Veluwe (Holanda), e Kalmthout (Bélgica). Todas estas populações sobreviveram à *Varroa* durante muitos anos. A população norueguesa foi iniciada em 1999 e a holandesa em 2007, enquanto as populações belga e romena estão livres de tratamento desde 2019. Os parceiros do Better-B também iniciaram nove novas populações no início do projeto, em 2023, em regiões com diferentes climas por toda a Europa. Cada local começou com uma média de aproximadamente 56 colónias que foram geridas de acordo com a abordagem da "caixa negra Darwiniana". Este protocolo garante que as populações evoluem sob seleção natural pela *Varroa* e inclui a divisão anual das colónias para prevenção do enxameamento. Destas populações, duas não sobreviveram ao primeiro ano sem tratamento contra *Varroa*, demonstrando o seu efeito devastador nas colónias de abelhas.

Estudámos a evolução de todas as populações sobreviventes à *Varroa* utilizando a sequenciação do seu genoma completo. Estávamos interessados em algumas questões principais: 1) Os estrangulamentos populacionais devido à seleção natural causam uma diminuição da variação genética? 2) A baixa variação genética aumenta o risco de extinção da população devido à *Varroa*? 3) Que variantes genéticas são selecionadas por aumentarem a resistência à *Varroa*?

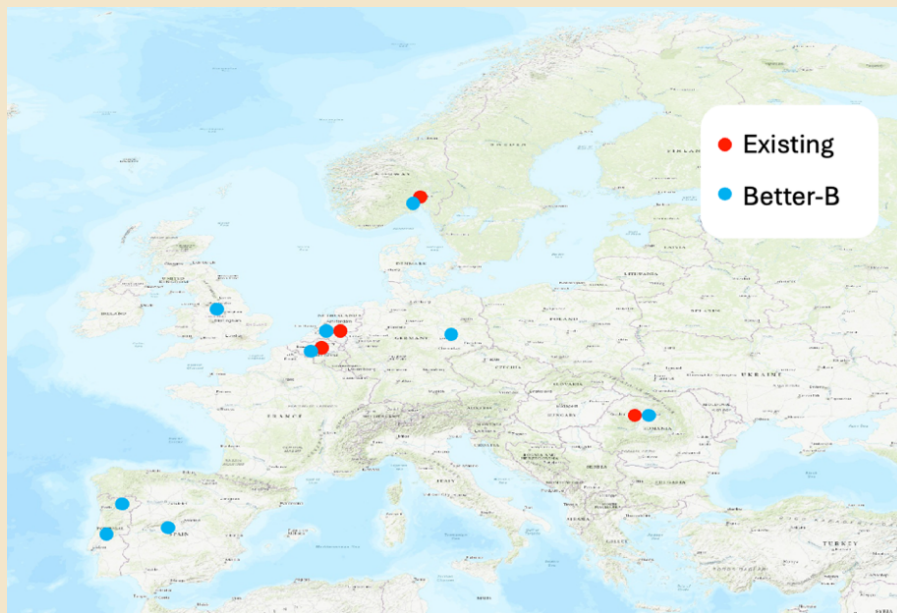


Figura 2: Localizações de populações de abelhas melíferas sobreviventes à *Varroa* que estão a ser estudadas no Better-B.

Altos níveis de diversidade genética nas abelhas europeias

Comparámos os níveis de diversidade genética nas quatro populações existentes que sobreviveram à *Varroa* com colónias de abelhas nas regiões próximas que foram tratadas contra a *Varroa*. Surpreendentemente, não houve diferenças consistentes. Isto é surpreendente porque as populações não tratadas sofreram reduções substanciais de tamanho devido à mortalidade das colónias, o que poderá levar a uma redução da diversidade genética. Os resultados enfatizam, portanto, a capacidade natural das abelhas de manter a variação genética através de processos como o acasalamento de rainhas com múltiplos zangões.

Ao compararmos a diversidade genética entre todas as populações, verificámos que esta se correlacionava mais fortemente com as suas origens: as colónias com ancestralidade híbrida eram mais geneticamente diversas. No entanto, não identificámos qualquer efeito da diversidade genética na sobrevivência das populações da "caixa negra Darwiniana", sugerindo que a diversidade genética em todas estas populações é suficientemente elevada e que a mortalidade devido à *Varroa* se deve a outros factores.

As comparações das quatro populações estabelecidas que sobreviveram à *Varroa* com as populações vizinhas que são tratadas contra a *Varroa* não revelaram quaisquer genes específicos responsáveis pela resistência à *Varroa*. Isto deve-se provavelmente ao facto de um grande número de genes ser importante para a resistência à *Varroa*, e de as variantes genéticas diferirem entre populações e ambientes. As experiências de "caixa negra Darwiniana" realizadas no âmbito do projeto Better-B irão gerar diversas populações adicionais sobreviventes à *Varroa*, o que será um recurso crucial para a compreensão da genética da resistência a este ácaro.

O que se segue?

Na próxima fase do projeto, iremos modelar os efeitos de futuras alterações climáticas na forma como as abelhas se adaptam ao seu ambiente. Isto ajudar-nos-á a prever os efeitos das alterações climáticas na resiliência das colónias de abelhas e a determinar se certas regiões da Europa estão particularmente em risco de perda de colónias devido

às alterações climáticas. Ao identificar variantes genéticas específicas que correspondem a um determinado clima, esperamos também orientar os apicultores sobre as linhagens de abelhas mais adaptadas às suas condições locais.

Estão em curso experiências de seleção Darwiniana em nove locais. Estas populações estão a desenvolver resistência à *Varroa*. Ao analisar as alterações genéticas nas populações que sobrevivem ou não, e ao compará-las entre populações, esperamos descobrir factores genéticos que promovam a resiliência das colónias.

Quer saber mais?

Participe no nosso próximo [evento público](#), que se realizará no dia 25 de novembro de 2026 em Bragança, Portugal, e online. O evento será realizado em inglês e português (e um pouco de espanhol).

Exploraremos a genética da abelha melífera e a adaptação local, aprenderemos como a paisagem afeta a resistência aos pesticidas, e compreenderemos a termorregulação dentro da colmeia. Convidamo-lo a discutir connosco o conceito Better-B para uma apicultura sustentável através de uma abordagem de gestão em duas frentes, separando a produção e a reprodução. À tarde, haverá uma sessão prática onde aprenderemos a melhor forma de ajudar as colónia de abelhas a regular a temperatura no interior da colmeia.

Learn more

www.better-b.eu

Follow us on LinkedIn

[Better-B Project](#)

This work was supported by the Better-B project, which has received funding from the European Union, the Swiss State Secretariat for Education, Research and Innovation (SERI) and UK Research and Innovation (UKRI) under the UK government's Horizon Europe funding guarantee (grant number 10068544).



UK Research
and Innovation



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Swiss Confederation