

Better-B newsletter

Issue nº4 – June 2026

La diversidad genética es fundamental para la resiliencia. Las colonias de abejas melíferas con una elevada variabilidad genética son más sanas y están mejor preparadas para hacer frente a los factores de estrés. La diversidad genética es también la materia prima de la evolución, ya que permite a las poblaciones de abejas melíferas adaptarse a los climas y las condiciones ambientales locales, así como desarrollar resistencia frente a los patógenos. Para comprender mejor cómo la diversidad genética fomenta la resiliencia, el proyecto Better-B ha secuenciado los genomas completos de más de mil abejas melíferas. Los resultados han permitido identificar genes que probablemente sean importantes para la adaptación a diferentes climas. También hemos utilizado la secuenciación del genoma para estudiar los cambios genéticos que se producen cuando las poblaciones de abejas melíferas sobreviven a la exposición al ácaro *Varroa* sin tratamiento, lo que pone de relieve la capacidad natural de las abejas melíferas para mantener la diversidad genética. **En última instancia, el objetivo de esta investigación es permitir a los apicultores seleccionar abejas melíferas con un bagaje genético que sea resiliente y esté bien adaptado a sus entornos locales.**

¿Cómo se han adaptado las abejas melíferas a sus entornos locales?



Resilience to climate and heat stress

La apicultura en Europa se practica en climas muy diversos, que van desde los veranos mediterráneos, calurosos y áridos, hasta los largos inviernos escandinavos, en condiciones que están cambiando rápidamente debido al cambio climático. Es fundamental garantizar que las abejas melíferas estén genéticamente adaptadas a sus condiciones climáticas locales para fomentar la resiliencia y la supervivencia de las colonias. Para descubrir los genes que son importantes para la adaptación al clima, los grupos de investigación de Matthew Webster (UU) y Alice Pinto (IPB), en colaboración con muchos otros socios del proyecto Better-B, han secuenciado los genomas de más de 1 000 abejas melíferas recogidas en toda Europa.

Historia evolutiva de las abejas melíferas

Si queremos comprender cómo se han adaptado las abejas melíferas a su entorno, debemos conocer su historia evolutiva. Las abejas melíferas llevan presentes en Europa casi un millón de años, mucho antes de que llegaran los seres humanos. Debido a las enormes fluctuaciones climáticas de las glaciaciones y a barreras geográficas como las cadenas montañosas, dos linajes evolutivos principales quedaron aislados entre sí y acumularon grandes diferencias genéticas. Se trata del linaje M —al que pertenecen la abeja negra (*Apis mellifera mellifera*) y la abeja ibérica (*A. m. iberiensis*)— y del linaje C —al que pertenecen la abeja italiana (*A. m. ligustica*) y la abeja carniola (*A. m. carnica*). El área de distribución nativa del linaje M en Europa se extiende por todo el oeste, desde Escandinavia hasta la Península Ibérica, mientras que el linaje C se limita al sureste de Europa, la península italiana y los Balcanes.

Mucho más recientemente, en los últimos 150 años, la distribución natural de las abejas melíferas en Europa se ha visto alterada por el traslado de colonias y la importación de reinas por parte de los apicultores. Esto ha supuesto principalmente la importación del linaje C a países del norte, lo que ha afectado al fondo genético de las abejas melíferas del linaje M autóctonas de esas zonas. La mezcla de linajes de abejas melíferas aumenta la diversidad

genética, pero también puede alterar las adaptaciones entre los genes y el entorno, reduciendo la resiliencia de las poblaciones locales. Mediante el estudio de los genomas de las abejas melíferas, nuestro objetivo es descubrir el efecto que tiene el transporte de las abejas en su grado de adaptación genética a sus entornos. También pretendemos identificar los genes que controlan los rasgos importantes para la adaptación al clima.

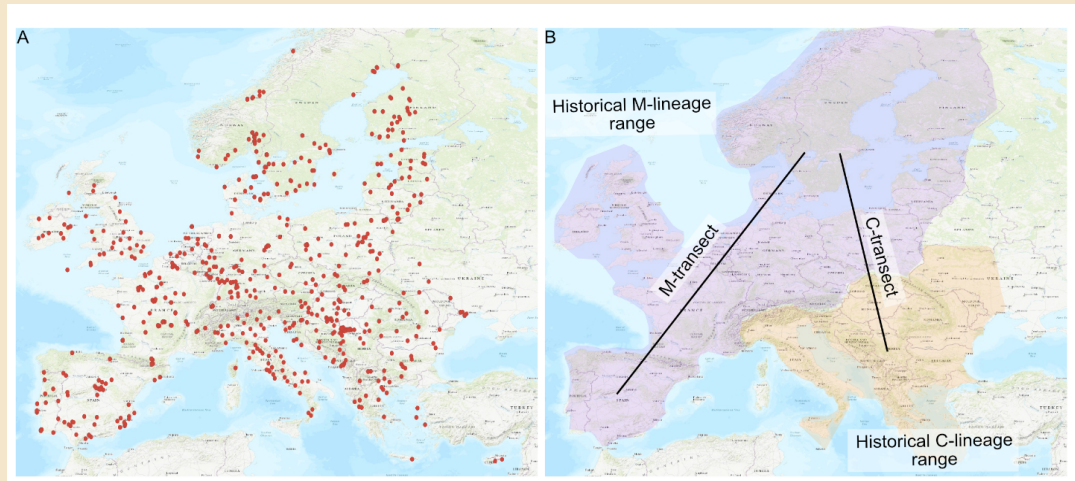


Figura 1: (A) Lugares de muestreo de más de 1 000 abejas de 33 países europeos cuyos genomas han sido secuenciados por Better-B. (B) Se ha sombreado el área de distribución histórica de las abejas de los linajes M y C, nativas de Europa. Esta distribución se ha visto alterada por el transporte de abejas del linaje C hacia el norte. Hemos comparado los genomas de las abejas a lo largo de dos transectos norte-sur para identificar los genes que controlan la adaptación al clima.

1000 genomas de abejas melíferas

El proyecto Better-B ha secuenciado los genomas de abejas obreras recogidas en toda Europa (fig. 1A). Los datos han revelado que el transporte de abejas melíferas ha tenido un efecto enorme en su composición genética. En países como Alemania, Bélgica, los Países Bajos y los de Escandinavia, más del 90 % de su patrimonio genético está compuesto actualmente por el linaje C importado. Es posible que esta importación a gran escala haya alterado la adaptación al entorno local, lo que ha dado lugar a abejas menos resistentes.

Teniendo en cuenta este origen genético mixto, comparamos poblaciones de abejas melíferas a lo largo de dos transectos norte-sur para identificar genes que pudieran explicar la adaptación al clima (fig. 1B). El transecto del linaje M compara las abejas melíferas de la Península Ibérica con las del norte de Europa, que deben recogerse de poblaciones específicas de «conservación» no afectadas por la importación de abejas del linaje C. El transecto del linaje C compara las abejas melíferas del sureste de Europa con las del norte de Europa. Al realizar estas comparaciones, podemos identificar variantes genéticas específicas cuya frecuencia difiere entre las poblaciones del norte y del sur y que pueden explicar la adaptación a los diferentes climas.

Genes for climate adaptation

Hemos utilizado una amplia gama de métodos estadísticos para identificar genes relacionados con la adaptación al clima. Estos métodos consisten en comparar los genomas de abejas que viven en diferentes latitudes. También buscamos correlaciones entre las frecuencias genéticas y las mediciones climáticas, como la temperatura y las precipitaciones. Mediante estos métodos, hemos identificado varios genes con variantes diferentes en los países del norte y del sur. Un gen especialmente interesante pertenece a la familia de la «cadena pesada de miosina», que produce proteínas que son componentes importantes del músculo. Las abejas melíferas utilizan sus grandes músculos de vuelo para regular la temperatura en la colmena, ya sea generando calor cuando hace frío o aumentando el flujo de aire hacia la colmena para enfriarla. Nuestra hipótesis es que las diferentes variantes de este gen resultan

beneficiosas dependiendo de si una colonia se encuentra en un clima cálido o frío. Al fomentar el uso de abejas con variantes en este gen que se adapten al clima, podemos aumentar la resiliencia y la supervivencia de las colonias de abejas melíferas.

¿Cómo desarrollan las abejas melíferas resistencia a varroa?



Local
adaptation
by Darwinian
selection

El ácaro Varroa es la principal causa de las pérdidas de colonias de abejas melíferas en Europa, y la mayoría de las colonias no pueden sobrevivir sin tratamiento químico. No obstante, a lo largo de las últimas dos décadas, varias poblaciones de abejas melíferas han desarrollado una resistencia natural a este parásito y pueden sobrevivir sin la intervención de los apicultores. El proyecto Better-B ha estudiado cuatro poblaciones existentes que sobreviven a la varroa y ha establecido nuevas poblaciones que no reciben tratamiento contra este parásito en nueve lugares diferentes de Europa. Mediante la secuenciación de los genomas de estas poblaciones, podemos analizar los cambios en la variación genética que se producen a medida que las poblaciones adquieren resistencia a la varroa.

Genética de las colonias que sobreviven a varroa

En la figura 2 se muestran las ubicaciones de las poblaciones que han sobrevivido a varroa. Hemos identificado cuatro poblaciones existentes en Cluj-Napoca (Rumanía), Gjerdrum (Noruega), De Hoge Veluwe (Países Bajos) y Kalmthout (Bélgica). Todas estas poblaciones han sobrevivido al ácaro durante muchos años. La población noruega se creó ya en 1999 y la neerlandesa en 2007, mientras que tanto la población belga como la rumana llevan sin recibir tratamientos desde 2019. Los socios de Better-B también pusieron en marcha nueve nuevas poblaciones al inicio del proyecto en 2023 en regiones con diferentes climas de toda Europa. Cada ubicación comenzó con una media de unas 56 colonias que se gestionaron según el enfoque de «caja negra darwiniana». Este protocolo garantiza que las poblaciones evolucionen bajo la selección natural ejercida por varroa e incluye la división anual de las colonias para prevenir la enjambrazón. De estas poblaciones, dos no sobrevivieron al primer año sin tratamiento contra varroa, lo que demuestra su efecto devastador sobre las colonias de abejas melíferas.

Estudiamos la evolución de todas las poblaciones que han sobrevivido a varroa mediante la secuenciación del genoma completo. Nos interesaban varias cuestiones principales: 1) ¿Los cuellos de botella poblacionales debidos a la selección natural provocan una disminución de la variación genética? 2) ¿Una baja variación genética aumenta el riesgo de extinción de la población a causa de varroa? 3) ¿Qué variantes genéticas están sometidas a selección porque aumentan la resistencia a la varroa?

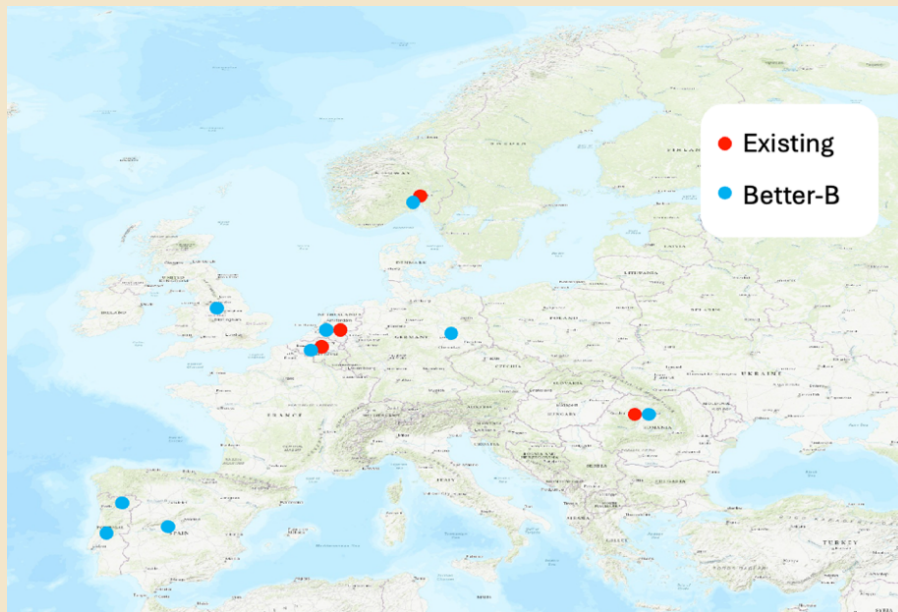


Figura 2: Ubicación de las poblaciones de abejas melíferas que han sobrevivido a varroa, estudiadas en el marco del proyecto Better-B

Altos niveles de diversidad genética en las abejas melíferas europeas

Comparamos los niveles de diversidad genética de las cuatro poblaciones existentes que han sobrevivido a varroa con los de colonias de abejas melíferas de regiones cercanas que habían sido tratadas contra el ácaro. Sorprendentemente, no se observaron diferencias sistemáticas. Esto resulta sorprendente porque las poblaciones no tratadas sufrieron reducciones sustanciales de tamaño debido a la mortalidad de las colonias, lo que cabría esperar que condujera a una menor diversidad genética. Por lo tanto, los resultados ponen de relieve la capacidad natural de las abejas melíferas para mantener la variación genética a través de procesos como el apareamiento de las reinas con múltiples zánganos.

Al comparar la diversidad genética entre todas las poblaciones, observamos que esta se correlacionaba más claramente con sus orígenes históricos: las colonias con ascendencia híbrida presentaban una mayor diversidad genética. Sin embargo, no detectamos ningún efecto de la diversidad genética sobre la supervivencia de las poblaciones de la «caja negra darwiniana», lo que sugiere que la diversidad genética en todas estas poblaciones es suficientemente elevada y que la mortalidad debida a varroa se debe a otros factores.

Las comparaciones entre las cuatro poblaciones establecidas que sobreviven a varroa y las poblaciones circundantes que reciben tratamiento contra este parásito no revelaron ningún gen específico responsable de la resistencia a la varroa. Probablemente esto se deba a que hay un gran número de genes que influyen en la resistencia a la varroa y a que las variantes genéticas sometidas a selección difieren entre poblaciones y entornos. Los experimentos de «caja negra darwiniana» realizados en el marco del proyecto Better-B generarán varias poblaciones adicionales que han sobrevivido a varroa, lo que constituirá un recurso crucial para comprender la genética de la resistencia al ácaro.

¿Qué es lo próximo?

En la siguiente fase del proyecto, modelaremos los efectos futuros del cambio climático sobre la adaptación de las abejas a su entorno. Esto nos ayudará a predecir los efectos del cambio climático sobre la resiliencia de las colonias de abejas melíferas y a establecer si determinadas regiones de Europa corren un riesgo especial de sufrir pérdidas de colonias debido al cambio climático. Al identificar variantes genéticas específicas que se adaptan a un clima

determinado, también esperamos poder asesorar a los apicultores sobre las razas de abejas melíferas mejor adaptadas a sus condiciones locales.

En el marco del proyecto Better-B, se están llevando a cabo experimentos de selección darwiniana en nueve lugares. Estas poblaciones están desarrollando resistencia a la varroa. Mediante el análisis de los cambios genéticos en las poblaciones que sobreviven o que no lo consiguen, y comparando dichos cambios entre las distintas poblaciones, esperamos descubrir los factores genéticos que favorecen la resiliencia de las colonias.

¿Quiere saber más?

Le invitamos a que se una a nuestro próximo [evento público](#), que tendrá lugar el 25 de noviembre de 2026 en Bragança (Portugal) y en línea. El evento se desarrollará tanto en inglés como en portugués (y un poco en español).

Profundizaremos en la genética de la abeja melífera y su adaptación local, aprenderemos cómo influye el paisaje en la resistencia a los pesticidas y comprenderemos el proceso de termorregulación dentro de la colmena. Te invitamos cordialmente a debatir con nosotros el concepto «Better-B» para una apicultura sostenible, basado en un enfoque de gestión de doble vía que separa la producción de la reproducción. Por la tarde, habrá una sesión práctica en la que aprenderemos cuál es la mejor manera de ayudar a la colonia de abejas a regular la temperatura en el interior de la colmena.

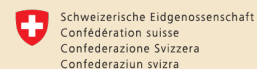
Learn more

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).



Swiss Confederation