
Informe técnico CIAS: Morfometría Geométrica de alas

Responsable Técnico: Lic. Leonardo Pablo Porrini leoporrini@gmail.com

Objetivo

Caracterización a nivel de subespecie mediante el análisis de los patrones de variación de venas en alas de individuos de *Apis mellifera* colectadas en el Tercer Encuentro de Criadores de material vivo seleccionado 07/03/2020

- Establecimiento: "**Reinas del litoral**"
- Ubicación: San salvador, Entre Ríos

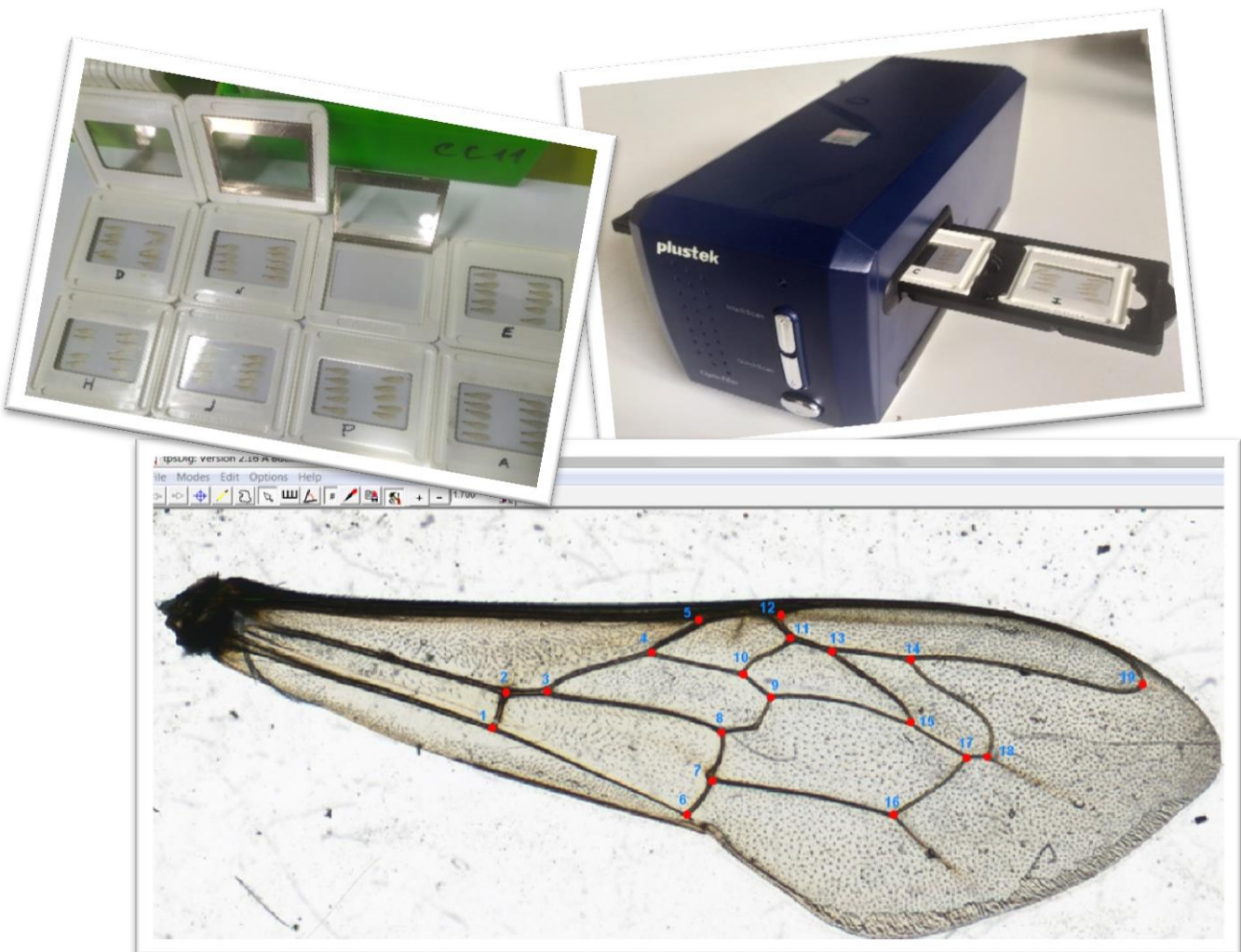
Marco teórico

Un objetivo principal en Biología es entender el origen, la naturaleza y las causas de cambio en los patrones de variación. El análisis cuantitativo de la variación fenotípica y sus relaciones con la ambiental, genética y aleatoria (o de origen desconocido) ayuda enormemente a alcanzar tal objetivo. Un sinnúmero de factores biológicos y no-biológicos subyacen a tal variabilidad interactuando de un modo complejo para modelar los individuos, las poblaciones y especies. Cuantificar y analizar la variación morfológica que resulta de tales interacciones es el principal objetivo de la morfometría. A su vez, esto puede complementarse fácilmente con otras variables de origen genético, climático, geográfico, etc. Los métodos morfométricos proveen al investigador de un conjunto de técnicas analíticas muy poderosas para cuantificar la variación morfológica y examinar los componentes genético y ambiental. Por lo tanto, la morfometría geométrica de la venación del ala es particularmente adecuada para rastrear las relaciones filogenéticas entre las subespecies y variantes genéticas de abejas.



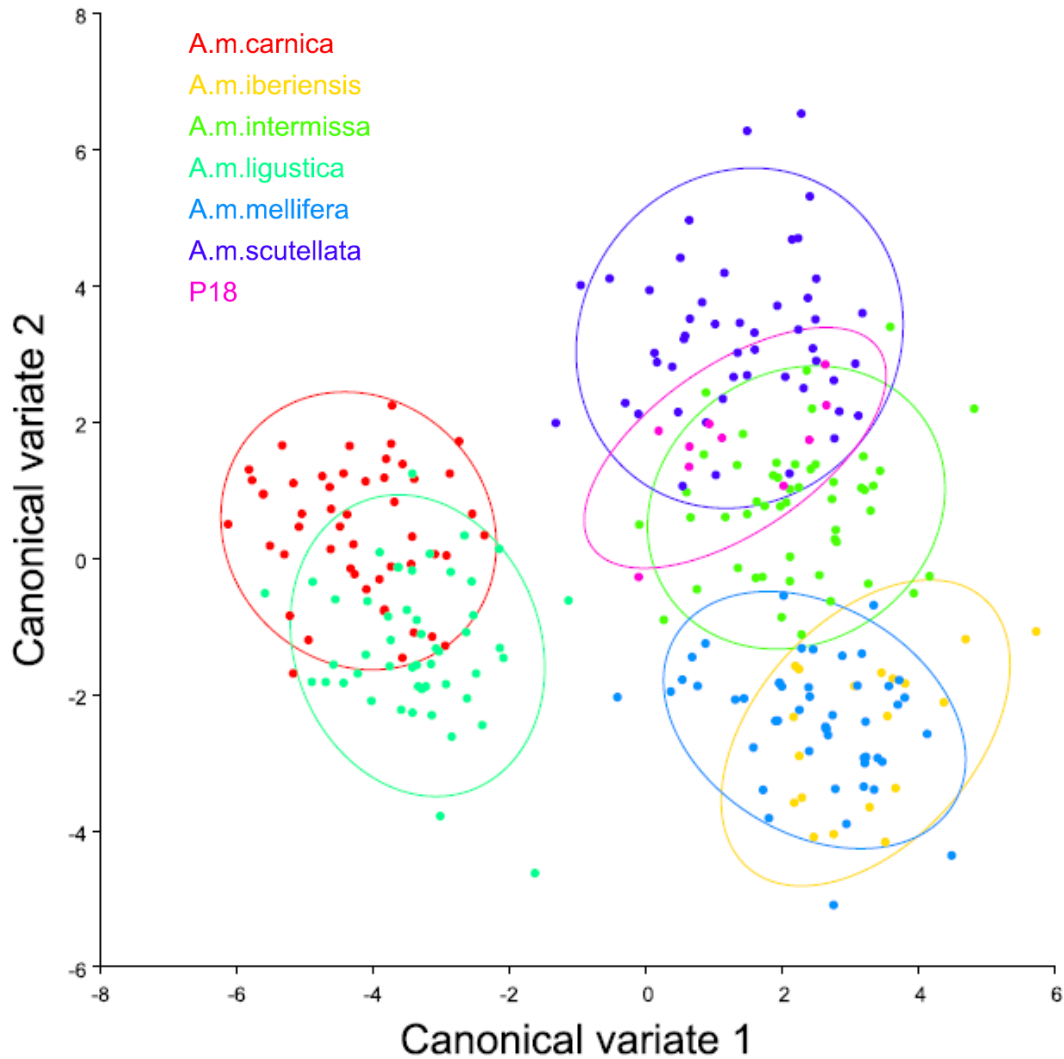
Metodología

Se analizaron muestras de alas de 10 individuos por colmena mediante técnicas de Morfometría Geométrica (utilizando software TPSdig, MORPHOJ). Se compararon los patrones de venación alar de 5 colmenas en relación a seis subespecies de *Apis mellifera* (*A.m. carnica*; *A.m. linguistica*; *A.m. iberiensis*; *A.m. mellifera*; *A.m. intermissa*; *A.m. scutellata*). Se realizó un Análisis de Componentes Principales (PCA) y un Análisis de Variables Canónicas (CVA). Para cada muestra se obtuvo como resultado un gráfico de dispersión donde se indica con distintos colores (rojo, naranja, verde, turquesa, celeste, violeta) cada subespecie pura, y en color magenta la colmena analizada. En la tabla que se encuentra debajo se indican las distancias genéticas a cada subespecie y se resaltan las dos más bajas. **Importante!**: Las distancias genéticas (Dist. Mahalanobis) menores indican un morfotipo similar, mientras que las distancias genéticas mayores muestran variación en la forma, y por lo tanto menor similitud con determinada subespecie.



Resultados Caracterización de subespecies *Apis mellifera* 07/03/2020

1. Muestra: P18

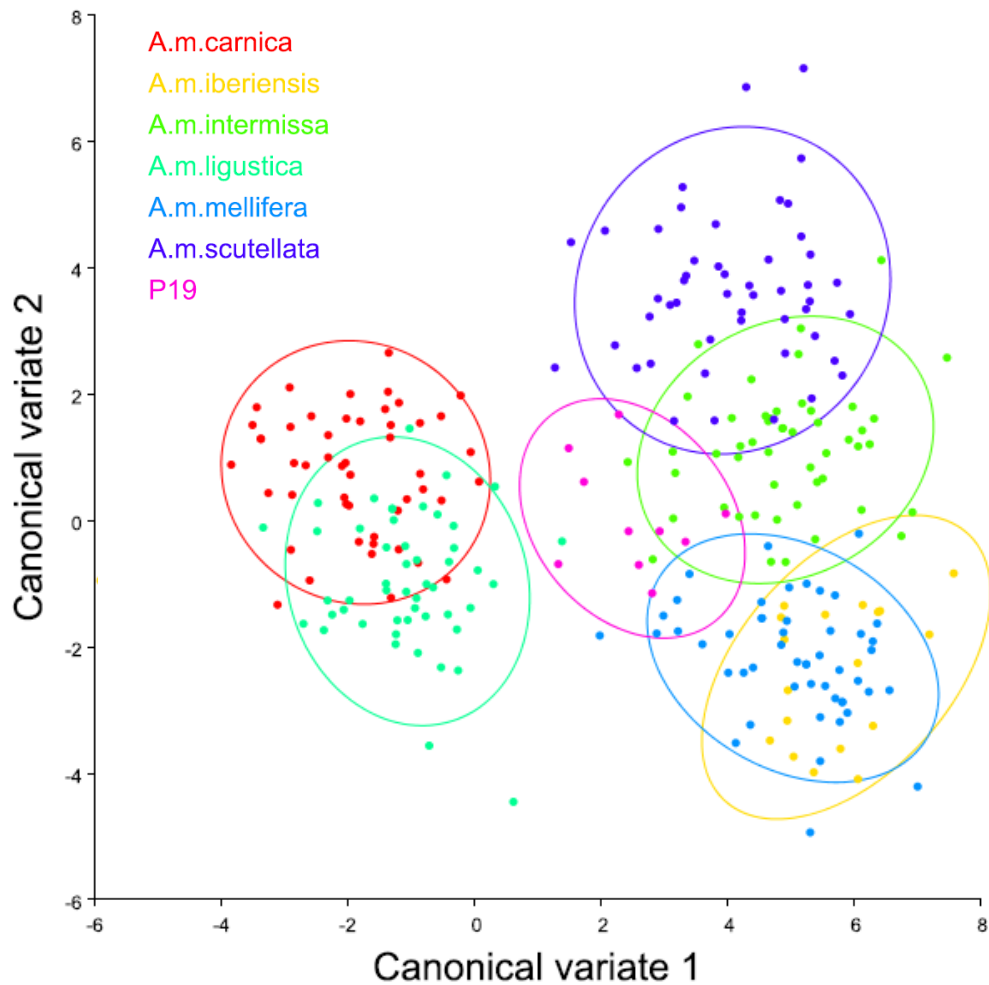


	Dist. Mahalanobis
<i>A.m. cárnica</i>	7,0985
<i>A.m.iberiensis</i>	7,1532
<i>A.m.intermissa</i>	5,0920
<i>A.m.ligustica</i>	7,3015
<i>A.m.mellifera</i>	6,0305
<i>A.m.scutellata</i>	5,1896

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

1. *Apis mellifera intermissa*
2. *Apis mellifera scutellata*

2. Muestra: P19

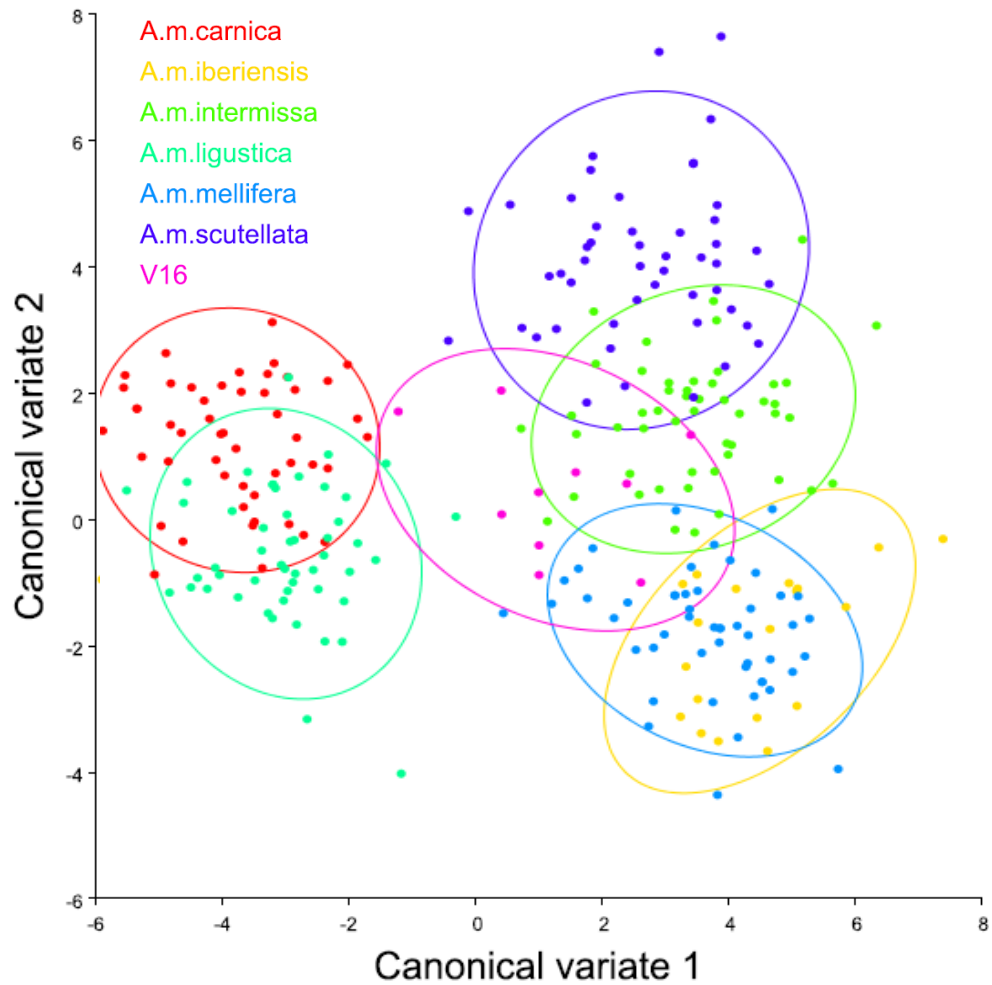


	Dist. Mahalanobis
<i>A. m.cárnica</i>	6,0000
<i>A.m.iberiensis</i>	6,3421
<i>A.m.intermissa</i>	5,6169
<i>A.m.liguistica</i>	6,0946
<i>A.m.mellifera</i>	5,6032
<i>A.m.scutellata</i>	5,8749

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

3. *Apis mellifera mellifera*
4. *Apis mellifera intermissa*

3. Muestra: V16

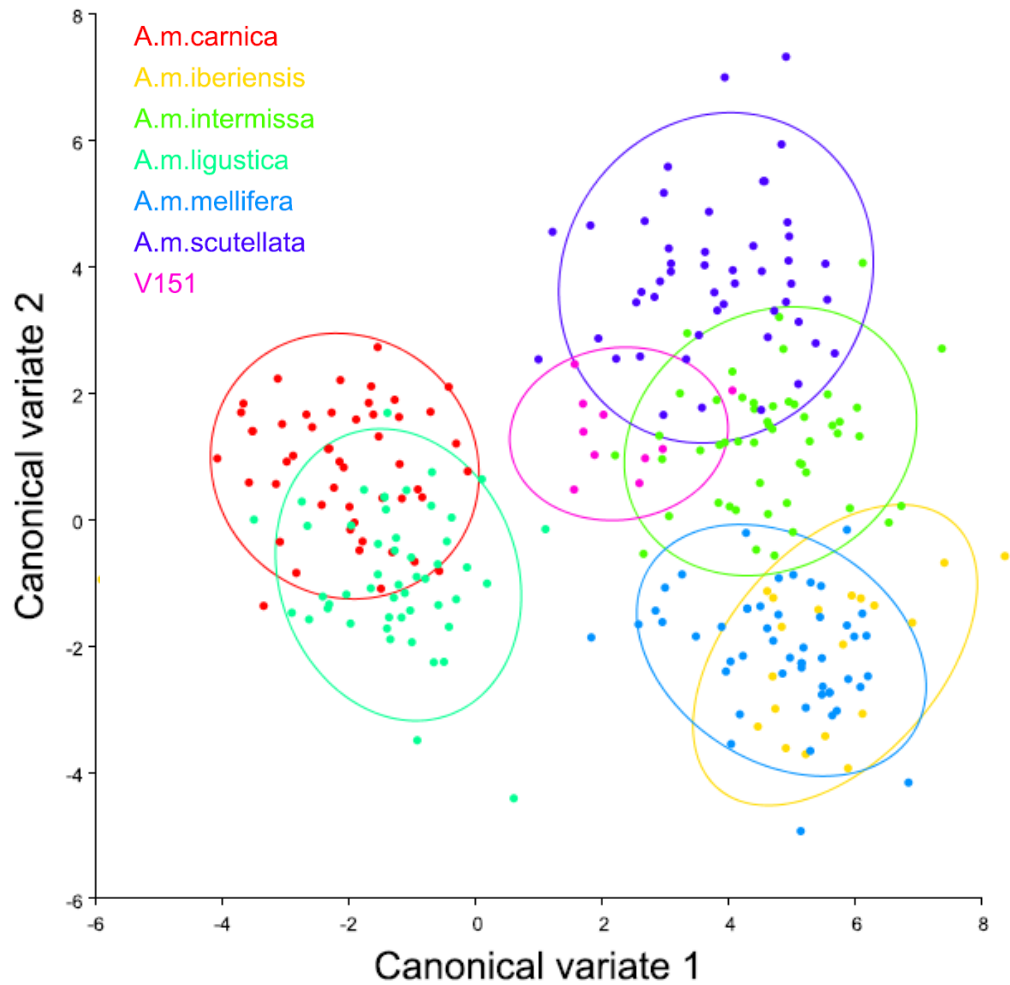


	Dist. Mahalanobis
<i>A. m.cárnica</i>	6,7567
<i>A.m.iberiensis</i>	6,5780
<i>A.m.intermissa</i>	5,8576
<i>A.m.liguistica</i>	6,8850
<i>A.m.mellifera</i>	6,4286
<i>A.m.scutellata</i>	6,6486

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

5. *Apis mellifera intermissa*
6. *Apis mellifera mellifera*

4. Muestra: V151

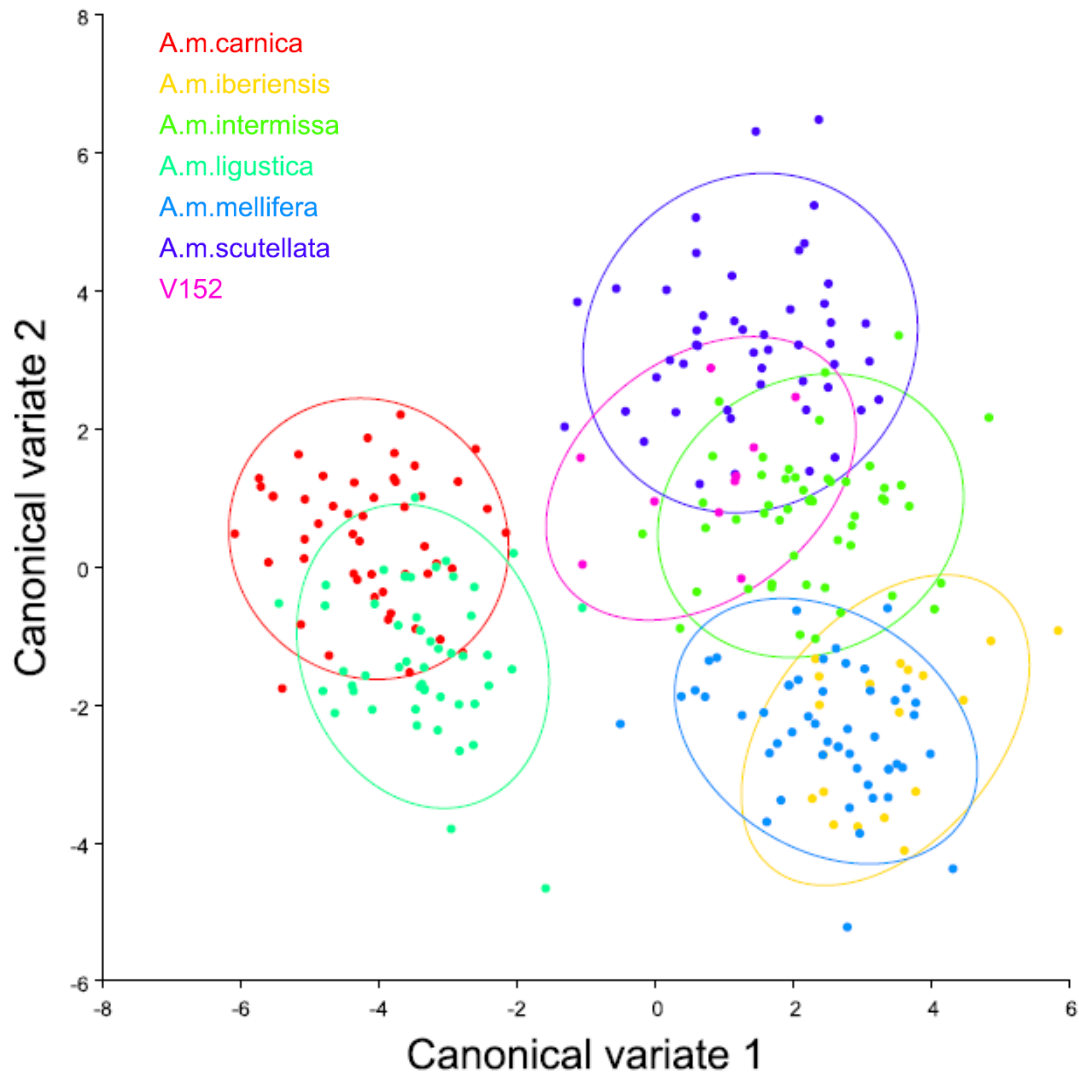


	Dist. Mahalanobis
<i>A. m.cárnica</i>	5,1430
<i>A.m.iberiensis</i>	6,1367
<i>A.m.intermissa</i>	4,4138
<i>A.m.liguistica</i>	5,4294
<i>A.m.mellifera</i>	5,2324
<i>A.m.scutellata</i>	4,3440

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

7. *Apis mellífera scutellata*
8. *Apis mellífera intermissa*

5. Muestra: V152

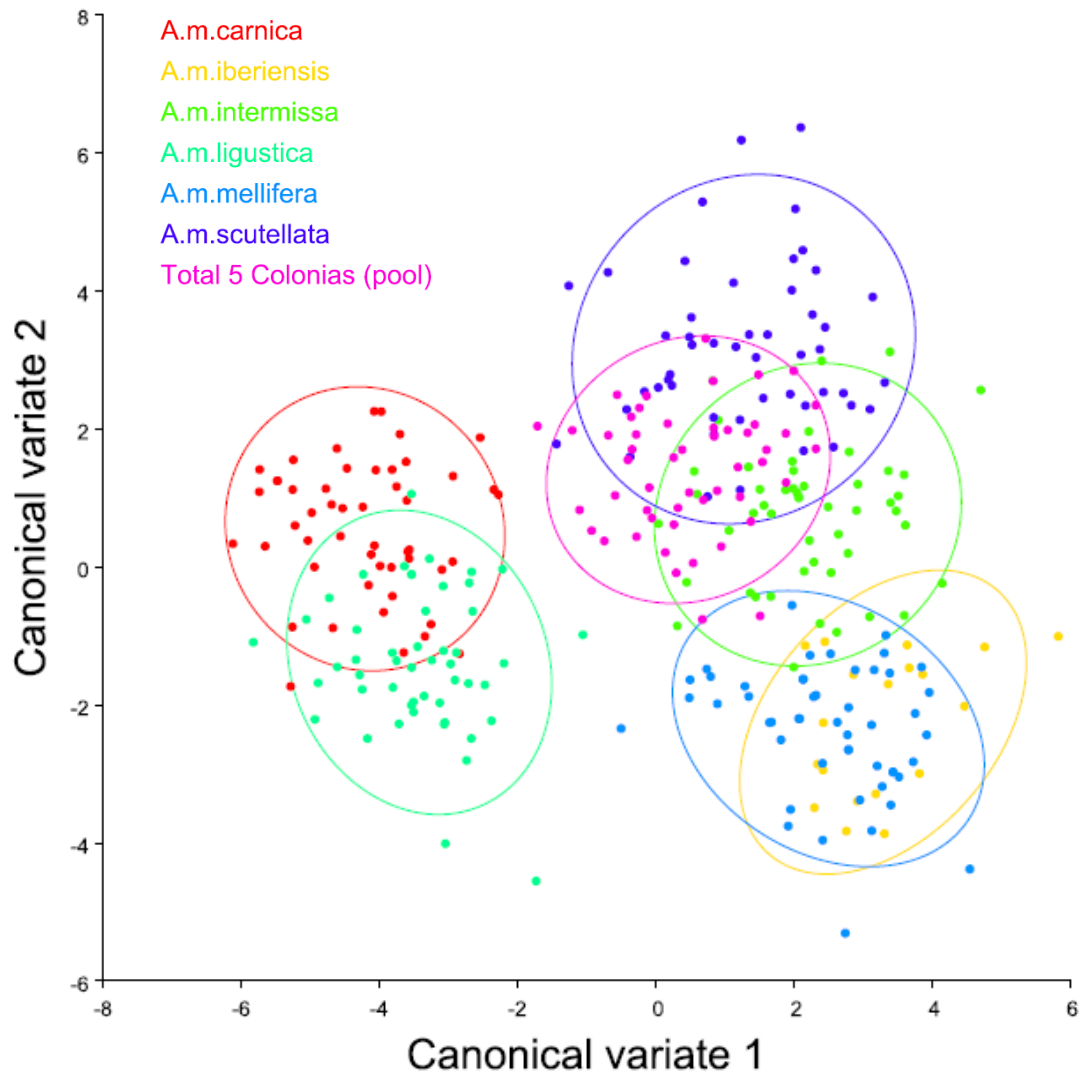


	Dist. Mahalanobis
<i>A. m.cárnica</i>	7,0632
<i>A.m.iberiensis</i>	6,6645
<i>A.m.intermissa</i>	5,9560
<i>A.m.liguistica</i>	7,1281
<i>A.m.mellifera</i>	6,8175
<i>A.m.scutellata</i>	5,7955

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

9. *Apis mellífera scutellata*
10. *Apis mellífera intermissa*

6. Pool de colonias (las 5 muestras agrupadas)



	Dist. Mahalanobis
<i>A. m.cárnica</i>	5,6954
<i>A.m.iberiensis</i>	6,0113
<i>A.m.intermissa</i>	4,4644
<i>A.m.liguistica</i>	5,9267
<i>A.m.mellifera</i>	5,3495
<i>A.m.scutellata</i>	4,6653

Los resultados obtenidos mediante el análisis de Morfometría Geométrica de ala, indican que los patrones de variación de las ramificaciones venosas de los híbridos analizados presentan las mínimas distancias genéticas (dist. Mahalanobis) a las subespecies:

11. ***Apis mellifera intermissa***
12. ***Apis mellifera scutellata***

Discusión de los resultados

Los resultados obtenidos mediante análisis de Morfometría geométrica de ala indican que las colonias analizadas representan un híbrido con morfotipo predominantemente africano (subespecies originarias del norte y en menor medida por el sur de África). Sin embargo, este híbrido se encuentra integrado por subespecies de origen variable (incluyendo también las de origen europeo).

Se observa una gran diversidad genética y no se observa dominancia de una subespecie sobre el resto. Las menores distancias genéticas fueron encontradas para las subespecies: *A. m. mellifera*, *A. m. intermissa* y *A. m. scutellata*. Las colmenas analizadas presentan similar grado de hibridación entre subespecies. Sin embargo, las muestras P18 y V151 mostraron un menor grado de hibridación. Es decir, mayor homogeneidad y una menor diversidad genética.

Sería interesante caracterizar el linaje materno en las mismas muestras mediante técnicas moleculares (CytB COI-COII) para complementar el presente análisis de morfometría.