

Relatório IPB:

A tarefa “Caraterização genética da Vespa velutina em Portugal” enquadrada na Ação 1 “Identificação e Caracterização ecológica” foi concluída com sucesso em dezembro de 2017. Os objetivos aprovados em candidatura foram cabalmente cumpridos e até ultrapassados. Dos 15 microssatélites que estavam previstos no projeto, genotipamos 21 (5 não funcionaram por razões diversas, incluindo não amplificação, alelos nulos, resultados incongruentes entre laboratórios, etc.) num total de 246 indivíduos, cada um correspondendo a uma colónia, para posterior análise genética.

Para além da genotipagem do DNA nuclear usando microssatélites, apesar de não estar previsto nem orçamentado no projeto, sequenciamos um fragmento de 642 pares de bases do gene mitocondrial citocromo oxidase 1 (barcode para os animais) em 38 dos 246 indivíduos genotipados. Dos 246 ninhos, 190 foram amostrados por todo o território invadido de Portugal até 2016 (ano em que se concluiu a colheita de amostras), conforme ilustrado na Fig. 1. Os restantes 56 indivíduos foram colhidos em ninhos descobertos na Galiza (45) e em Itália (11). Adicionalmente, analisou-se o DNA de 10 amostras fornecidas pelos colegas Franceses e que tinham sido reportadas no artigo científico “Reconstructing the invasion and the demographic history of the yellow-legged hornet, *Vespa velutina*, in Europe” (Arca et al. 2015; DOI: 10.1007/s10530-015-0880-9). A genotipagem destas 10 amostras permitiu-nos calibrar os nossos genótipos e assim juntar os dados das populações da Península Ibérica e Itália com as populações Francesas e Asiáticas reportadas em Arca et al. (2015). Assim, foi possível não só comparar as populações Portuguesas com as Francesas como também com as Asiáticas, o que nos permitiu inferir a origem do processo invasivo em Portugal. Os dados mitocondriais (apenas se encontrou 1 haplótipo, F; Fig. 2) e dos microssatélites sugerem que o processo invasivo em Portugal teve origem a partir das populações Francesas (Fig. 3).



Figura 1: Distribuição espacial das vespas amostradas (N = 246) colhidas em Portugal (N = 190), Espanha (N = 45) e Itália (N = 11). OS 246 indivíduos foram genotipados usando 16 microsstatélites. Os pontos azuis correspondem às amostras (N= 38) que foram submetidas à análise mitocondrial utilizando um fragmento de 642 pb da região mitocondrial citocromo oxidase I.

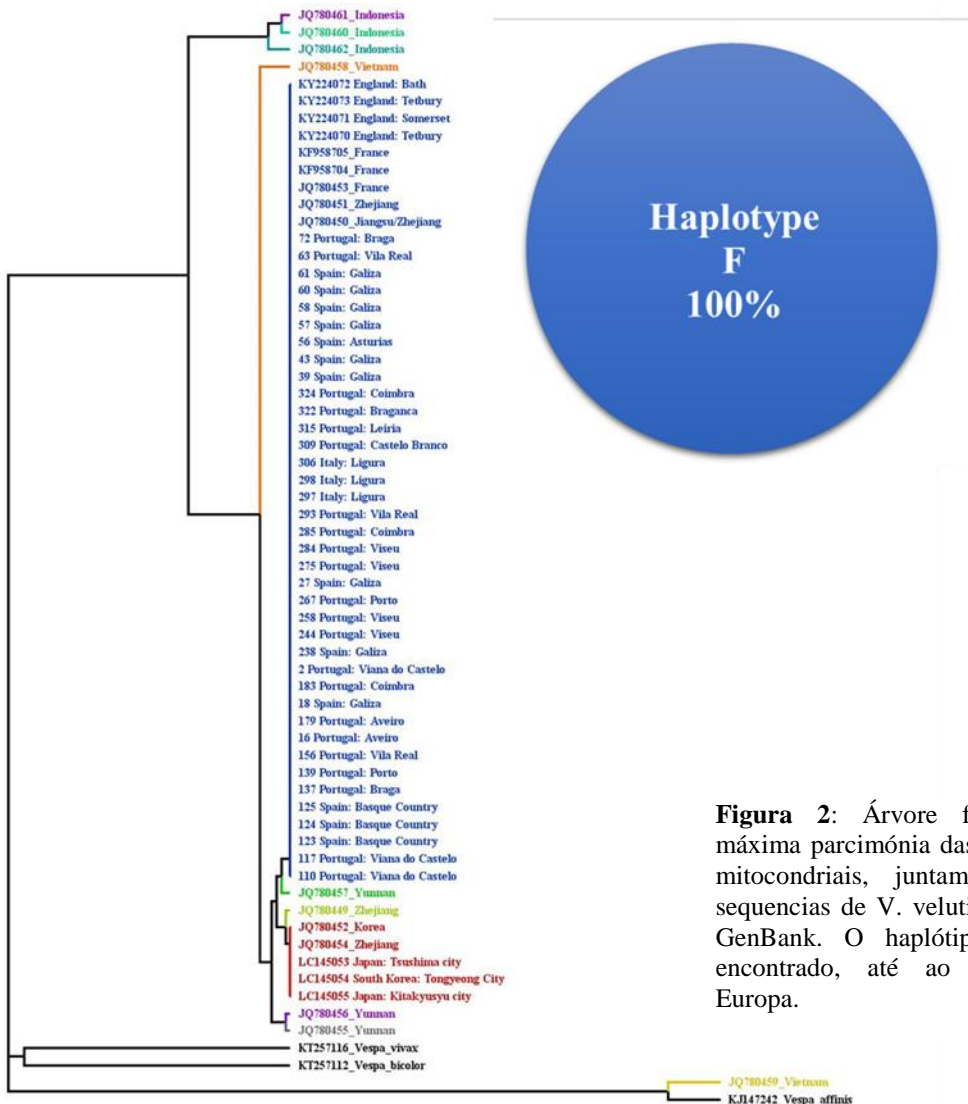


Figura 2: Árvore filogenética de máxima parcimónia das 38 sequências mitocondriais, juntamente com 23 sequencias de *V. velutina* retiradas do GenBank. O haplótipo F é único encontrado, até ao momento, na Europa.

A expansão da amostragem para a Galiza permitiu-nos identificar a presença de dois grupos genéticos na Península Ibérica (Fig. 3) que possivelmente correspondem a processos independentes de introdução: um resultante da expansão natural a partir de França (pontos roxos na Fig. 3) e outro correspondendo a uma introdução independente

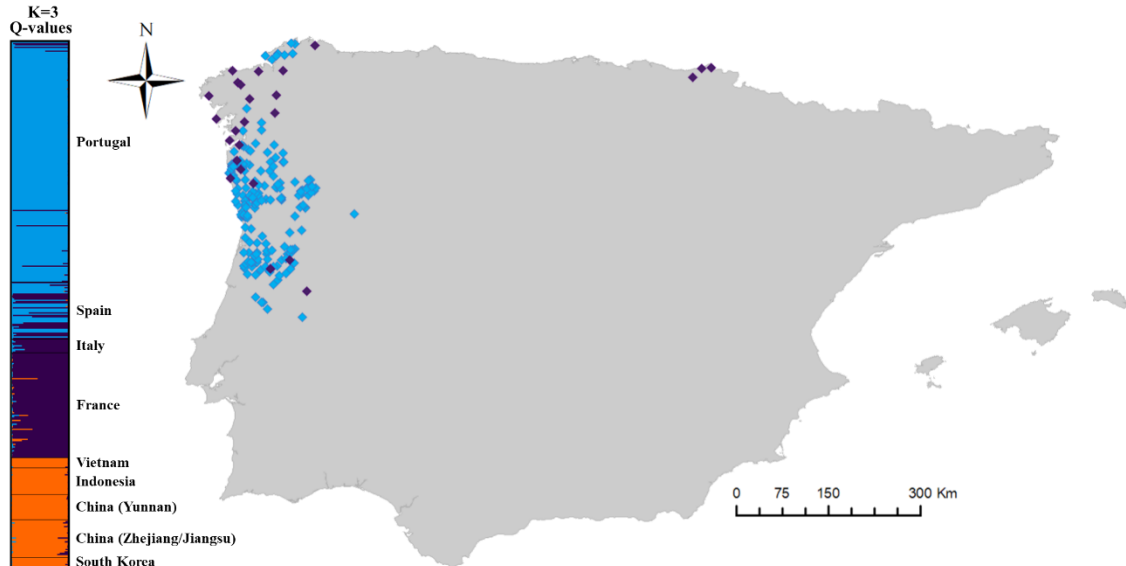


Figura 1: Distribuição espacial dos indivíduos da Península Ibérica. A cor dos pontos é coincidente com a inferência Bayesiana de estrutura populacional (gráfico de barras à esquerda): os pontos roxos correspondem aos indivíduos com uma componente mais próxima dos Franceses (migrantes recentes).

em Portugal em 2011 (pontos azuis na Fig. 3) também possivelmente a partir de França.

As principais dificuldades com que nos deparamos na execução desta tarefa do projeto GesVespa foram as seguintes:

1) obtenção das amostras para Portugal e, por isso, ficámos aquém do número previsto (190 em vez das 250 orçamentadas na proposta). Porém, a distribuição geográfica das amostras cobriu todo o território Português invadido até 2016, o que no nosso entender, é uma amostragem representativa da população invasora. No sentido de atingirmos o número de análises previsto no projeto (N=250) para além dos 190 indivíduos de Portugal genotipamos indivíduos recolhidas em ninhos da Galiza (45) e de Itália (11) e DNA de 10 amostras (10) da população Francesa;

2) calibração dos genótipos entre laboratórios;

3) 5 dos 21 microssatélites não funcionaram, apesar das variações das condições de PCR que foram experimentadas.

Documentos produzidos

Andreia de Oliveira Quaresma. Patterns of *Vespa velutina* invasion in western Iberia and Italy as revealed by mitochondrial and microsatellite markers. Tese de Mestrado, IPB, 2019.

Quaresma, A.; Henriques, D.; Godinho, J.; Pinto, M.A. 2018. Padrão genético da invasão da vespa asiática (*Vespa velutina nigrithorax*) em Portugal inferido por microssatélites. V Congresso Ibérico de Apicultura. 1-3 Fev. 2018, Coimbra, Portugal. Comunicação em forma de painel. <http://hdl.handle.net/10198/18954>

Quaresma, A.; Henriques, D.; Godinho, J.; Maside, X.; Bortolotti, L.; Pinto, M.A. 2018. Patterns of *Vespa velutina* invasion in western Iberia and Italy as revealed by molecular markers. EURBEE 2018: 8th European Conference of Apidology. 18-20 Sept. 2018, Ghent, Belgium. Comunicação oral. <http://hdl.handle.net/10198/18948>

Quaresma, A.; Henriques, D.; Godinho, J.; Pinto, M.A. 2017. Genetic characterization of the invasive species *Vespa velutina* in the Portuguese territory. V Encontro Jovens Investigadores. 29 Nov. 2017, IPB, Bragança, Portugal. <http://hdl.handle.net/10198/18984>