

de que las abejas ibéricas son el resultado de una amplia intergradación entre abejas del linaje M que sobrevivieron al último máximo glacial (hace aproximadamente unos 20.000 años), y abejas norteafricanas del linaje A que recolonizaron el suroeste europeo. La hibridación entre abejas de ambos linajes habría dado lugar a la distribución clinal de poblaciones de los linajes A y M, la cual es gradual en el Este peninsular y más abrupta en el Noroeste. En cualquier caso, en la revisión más reciente del género *Apis* (Engel 1999) basada en caracteres morfométricos, y según los resultados de análisis moleculares basados en caracteres nucleares (Withfield y cols. 2006), se considera que las poblaciones de abeja ibérica corresponden a una única subespecie.

La historia evolutiva de *A. mellifera* en la península Ibérica ha estado probablemente influida en épocas recientes por las técnicas apícolas. En este sentido la práctica intensiva de la trashumancia en las últimas décadas (afecta ya al 80% de las colonias), la pérdida masiva de colmenas por varroosis y otras patologías, y la compraventa de colmenas a escala trans-regional, están cambiando de forma acelerada la citada distribución clinal. Otras influencias humanas, como la introducción de otras subespecies, han tenido posiblemente poca influencia sobre las poblaciones ibéricas actuales (Cánovas y cols. 2010).

Uno de los marcadores moleculares más ampliamente usado en estudios sobre la biogeografía de las poblaciones y subespecies de *A. mellifera* es el cromosoma mitocondrial (ADNmt). Esta molécula tiene herencia materna y, en el caso de la abeja de la miel, todos los miembros de una colmena (obreras y zánganos) comparten el mismo ADNmt heredado de la reina, de forma que estudiando sólo un individuo se obtiene información al nivel de colmena. Además, su análisis proporciona información sobre eventos evolutivos del pasado. La molécula de ADNmt presenta cambios en su secuencia o mutaciones que, según el momento en el que se produjeron, determinan los linajes evolutivos (si son mutaciones antiguas dieron lugar a diferentes combinaciones de unas secuencias denominadas P₀, P y Q que se encuentran en una región intergénica situada entre los genes ARNt^{leu} y *cox2*) o los haplotipos (si son mutaciones más recientes que originaron cambios en las secuencias diana de las enzimas de restricción, entre ellas la denominada *DraI*) presentes en las colonias de abejas. Mediante el análisis de la variación de esta región, se ha visto que las abejas pertenecientes a los linajes A e Y poseen una secuencia de tipo P₀, las del linaje M del tipo P y las de los linajes C y O no incluyen ninguna secuencia de tipo P y tan solo una del tipo Q. La secuencia Q puede aparecer repetida hasta cuatro veces en los linajes A, M, Y y O (De la Rúa y cols. 2009).