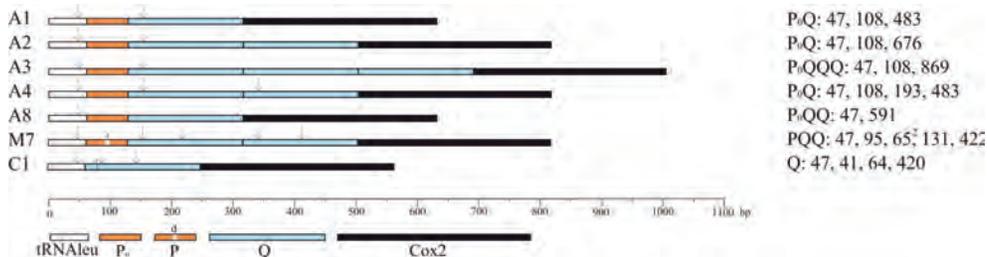


## 2.1. FRECUENCIA Y DISTRIBUCIÓN DE LOS LINAJES Y SUBLINAJES EVOLUTIVOS

La amplificación de la región intergénica ARNt<sup>leu</sup>-cox2 ha permitido identificar fragmentos de ADNmt con cinco tamaños diferentes que se corresponden con diferentes combinaciones de las secuencias P<sub>0</sub>, P y Q (Fig. 3 y Tabla 1). Según la composición de la región intergénica amplificada se identificaron tres linajes evolutivos en las abejas de Albacete: los europeos oriental C (con una sola secuencia Q) y occidental M (con una secuencia de tipo P) y el africano A (con una secuencia de tipo P<sub>0</sub>), siendo este último el más frecuente (0,8) (Fig. 4). Tal y como se observa en la Figura 4, en todas las localidades muestreadas se encuentra presente el linaje A, siendo el único hallado en El Salobral, Hellín, Elche de la Sierra, Molinicos y Munera-2. Sin embargo tanto en Fuente Álamo como en Fuentealbilla el linaje M corresponde al 0,6 y al 0,5 de las colmenas muestreadas respectivamente. Este linaje también se ha observado en Ayna, Yeste y Munera-1 pero con una frecuencia menor (0,2 y 0,1). Tan solo en Fuente Álamo se han encontrado muestras pertenecientes a los tres linajes evolutivos, incluyendo una muestra perteneciente al linaje C.

A su vez el linaje africano se divide en tres sublinajes, de los cuales se han encontrado el sublinaje A<sub>I</sub> (muestras que presentan los haplotipos A1, A2, A3 y A4, ver apartado siguiente y Tabla 1) en un 92,5% de las colmenas con origen africano y el A<sub>II</sub> en el 7,5% (muestras con el haplotipo A8). El tercer linaje A<sub>III</sub> con distribución atlántica no se ha encontrado. El sublinaje A<sub>I</sub> se ha encontrado en todas las localidades muestreadas, sin embargo el A<sub>II</sub> se ha encontrado en El Salobral (20%), Fuentealbilla (17%) y Munera-1 (11%) (Fig. 5).



**Fig. 3.-** Esquema representativo de los haplotipos encontrados en las abejas de Albacete. La región intergénica ARNt<sup>leu</sup>-cox2 puede contener alguno de los dos tipos de secuencias P y P<sub>0</sub> o ninguno y un número variable de secuencias de tipo Q. Los puntos de restricción se han marcado con flechas.