

Año: 2020

Título artículo: The toxic unit approach as a risk indicator in honey bees surveillance programmes: A case of study in *Apis mellifera iberiensis*

Revista, volumen, páginas: Science of the Total Environment
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134208>

Autores: Alonso-Prados E., Muñoz I., De la Rúa P., Serrano J., Fernández-Alba A.R., García-Valcárcel A.I., Hernando M.D., Alonso A., Alonso-Prados J.L., Bartolomé C., Maside X., Barrios L., Martín-Hernández R., Higes M.

RESUMEN:

La influencia de la diversidad genética y la exposición a xenobióticos en la prevalencia de patógenos se estudió en el contexto de un estudio epidemiológico voluntario en apiarios españoles de *Apis mellifera iberiensis*, realizado durante la temporada de primavera de los años 2014 y 2015. Para ello, se identificaron los linajes evolutivos de las colonias de abejas melíferas, se realizó un análisis multirresiduo de xenobióticos en muestras de pan de abeja y de abejas obreras, y se estimó la Unidad de Toxicidad (TUM) para cada apiario muestreado.

La relación entre linajes evolutivos y los patógenos más prevalentes (*Nosema ceranae*, *Varroa destructor*, tripanosomátidas, virus de las realeras negras, virus de las alas deformadas) se analizó con tablas de contingencia y las posibles relaciones entre TUM y la prevalencia de estos patógenos fueron estudiados mediante el uso de un análisis factorial. El análisis estadístico apoyó las asociaciones significativas entre *V. destructor* y el virus de las alas deformadas (DWV), y entre *N. ceranae* y el virus de las realeras negras (BQCV), pero no se observó la asociación entre estos patógenos y tripanosomátidas. Los valores de TUM variaron entre 5.5×10^{-6} y 3.65×10^{-1} . Cuando $TUM \leq 3.35 \times 10^{-4}$, se determinó principalmente por coumafós, taufluvalinato y / o clorfenvinfos. A valores más altos, otros insecticidas también contribuyeron a TUM, aunque un claro predominio no se observó hasta $TUM \geq 1.83 \times 10^{-2}$, cuando se definió principalmente por acrinathrin, spinosad y / o imidacloprid. El posible efecto acumulativo de la acción conjunta de los xenobióticos fue de N10% en el 63% de los casos. La prevalencia de los patógenos no parecía estar influenciada por la distribución de los linajes evolutivos.

La prevalencia de *V. destructor* no fue determinada por TUM, hubo una tendencia hacia una prevalencia creciente de *N. ceranae* cuando $TUM \geq 23 \times 10^{-4}$. Este estudio es un ejemplo del uso de TUM approach más allá del campo de la ecotoxicología.

Agradecimientos:

Los autores agradecen el apoyo financiero del INIA y fondos FEDER, al proyecto Número RTA2013-00042-C10-01 / 02/03/05/06 y Fundación Seneca (Agencia de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia), Número de subvención 19908 / GERM / 2015. Irene Muñoz fue apoyada por Beca Saavedra Fajardo de la Fundación Séneca (20036 / SF / 16). Los autores también desean agradecer la

colaboración de los apicultores e inspectores veterinarios de los gobiernos regionales. También al personal del laboratorio de Patología Apícola por su apoyo técnico.