



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Pesquisa da microbiota intestinal de abelhas nativas do RS
<b>Autor</b>	SARAH DE SOUZA URBANO
<b>Orientador</b>	KAREN LUISA HAAG

## Pesquisa da microbiota intestinal de abelhas nativas do RS

Sarah de Souza Urbano<sup>1</sup>, Karen Luisa Haag<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> Bolsista do CNPq, Departamento de Genética, UFRGS

<sup>2</sup> Orientadora, Departamento de Genética, UFRGS

As abelhas Meliponini (abelhas sem ferrão) são abelhas eusociais, ou seja, possuem um alto nível de organização social dentro da colméia. Geralmente são encontradas em regiões tropicais e subtropicais do planeta durante o ano todo e apesar de serem nativas dessas regiões, optou-se pelo uso de abelhas exóticas para a apicultura nacional, pois produzem mel em maior quantidade. As abelhas mandaçaia (*Melipona quadrifasciata*) fazem parte do grupo de abelhas nativas e habitam principalmente a região de São Paulo, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Hoje, sabe-se que entre as principais ameaças que podem afetar as populações de Meliponini estão o desflorestamento, a expansão da agricultura e até mesmo a introdução de espécies não-nativas devido à competição. Apesar de inúmeras causas conhecidas de doenças em abelhas, meliponicultores de diversas regiões do Brasil têm relatado perdas anuais de abelhas por uma causa desconhecida, que ocorre regularmente no final do verão e dizima principalmente as abelhas mandaçaia (*Melipona quadrifasciata*). Entre as possíveis causas das mortes, pode-se incluir intoxicação por plantas, vírus, alterações genéticas ou um conjunto de fatores. Além disso, podemos suspeitar de fatores que alteram a microbiota intestinal, já que ela está profundamente associada com a saúde das abelhas e o bem-estar da colmeia. Dessa forma, temos o objetivo de analisar as bactérias presentes no trato gastrointestinal das abelhas e verificar se esta microbiota possui relação com as mortes relatadas. Para a análise, foram obtidas 131 abelhas nativas sem ferrão. Estas abelhas são providas de três diferentes lugares. São 17 abelhas coletadas na PUC-RS (Porto Alegre), 69 abelhas coletadas na propriedade do Sr. Valmir Züge em Boqueirão do Leão (RS) e 45 abelhas coletadas na Faculdade de Agronomia (UFRGS), entre saudáveis e doentes. Desse conjunto, 7 abelhas foram utilizadas para estudo da anatomia. O DNA total de 106 abelhas foi extraído a partir do abdômen e quantificado com espectrofotômetro. Cada amostra equivale à uma abelha individual, com exceção das abelhas jataís (*Tetragonisca fiebrigi*), para as quais cada amostra é composta de 6 indivíduos, devido ao seu pequeno tamanho. As amostras de DNA foram utilizadas para amplificação por PCR de dois genes marcadores. Para as abelhas, amplificou-se a região do gene mitocondrial da enzima COX1 e para as bactérias fez-se a amplificação do gene que codifica para a subunidade 16S do RNA ribossomal. Do total de 38 amostras para as quais o procedimento de PCR com os *primers* de abelhas foi realizado, 24 resultaram positivas. Para as 56 amostras amplificadas com os *primers* de bactérias, 50 deram positivas (continham a sequência visada). Estas amostras que resultaram positivas para a PCR do marcador bacteriano de 16S foram utilizadas para uma nova PCR de *metabarcoding*. Assim, os produtos de PCR, agora identificados para cada indivíduo, foram purificados e enviados para sequenciamento. Na análise das sequências amplificadas, algumas abelhas coletadas na PUC-RS apresentaram a bactéria do gênero *Wolbachia* no abdômen, assim como outras abelhas coletadas em Porto Alegre. Além desse gênero, outras bactérias encontradas em maior quantidade foram *Saccharibacter* e *Spiroplasma*, em abelhas provenientes das duas cidades amostradas.