REDES SOCIAIS
CONEXÕES QUE TRANSFORMAM
19 a 23 de outubro - Campus do Vale - UFRGS
XXVII SIC
Salão de Iniciação Científica

Pesquisa da microbiota intestinal de abelhas nativas do RS

Sarah de Souza Urbano[1], Karen Luisa Haag[2].
1. Bolsista do CNPq, Departamento de Genética, UFRGS
2. Orientadora, Departamento de Genética, UFRGS

Introdução

As abelhas Meliponini 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 deste grupo de 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.

Objetivo

Meliponicultores de diversas regiões do Brasil têm relatado perdas anuais de abelhas, que ocorre regularmente no final do verão e dizima principalmente as abelhas mandaçaia (*Melipona quadrifasciata*). Uma das possíveis causas das mortes pode ser a alteração 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 as mudanças nesta microbiota possuem relação com as mortes relatadas.

Metodologia

Foram obtidas 131 abelhas melíponas nativas, provindas de três diferentes lugares. São 17 coletadas na PUC-RS (Porto Alegre), 69 coletadas em Boqueirão do Leão (RS) e 45 coletadas na Faculdade de Agronomia (UFRGS), entre saudáveis e doentes. O DNA total de 106 abelhas foi extraído a partir do abdômen e quantificado com espectrofotômetro. As 56 amostras que resultaram positivas para a PCR do marcador bacteriano de 16S rRNA foram utilizadas para uma nova PCR de metabarcoding. Assim, os produtos de PCR, identificados para cada indivíduo, foram purificados e enviados para sequenciamento.

Resultados

Das 44 abelhas enviadas para sequenciamento, apenas 16 obtiveram um número de sequências significativo. Destas, 6 eram abelhas mandaçaias saudáveis e 6 eram mandaçaias doentes. Entre as saudáveis, as bactérias predominantes foram do gênero *Saccharibacter* (77-96%) e *Ameyamaea* (69-72%). Entre as doentes, também houve a presença dessas bactérias, além de uma diversidade maior de outras bactérias. As 3 abelhas *Augochlorella sp.* coletadas na PUC-RS possuiam entre 89-99% de bactérias *Wolbachia*, o que não foi verificado nas mandaçaias, tanto nas saudáveis quanto nas doentes.

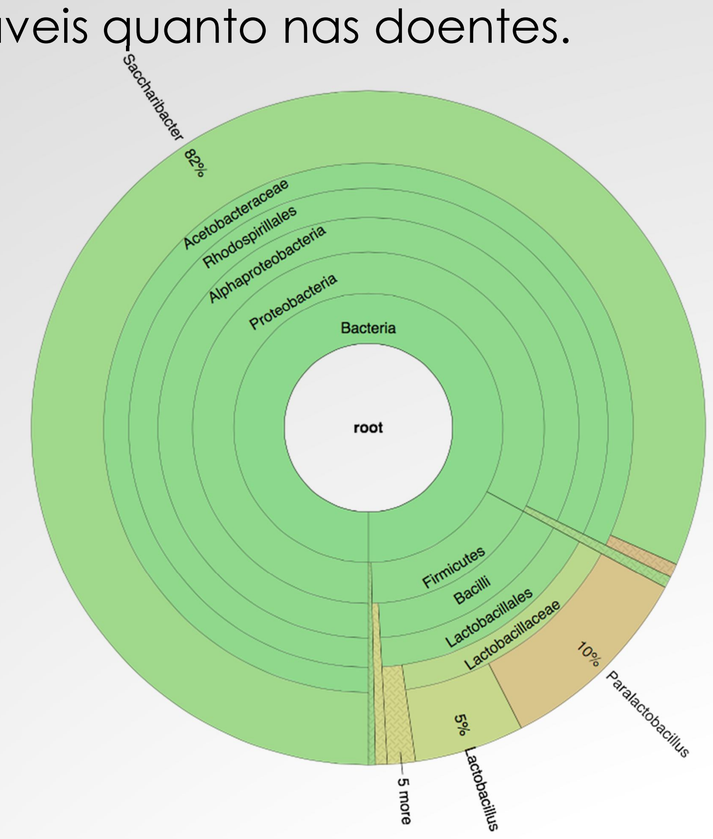

Figura 1. Exemplo de microbiota associada às abelhas mandaçaias saudáveis.

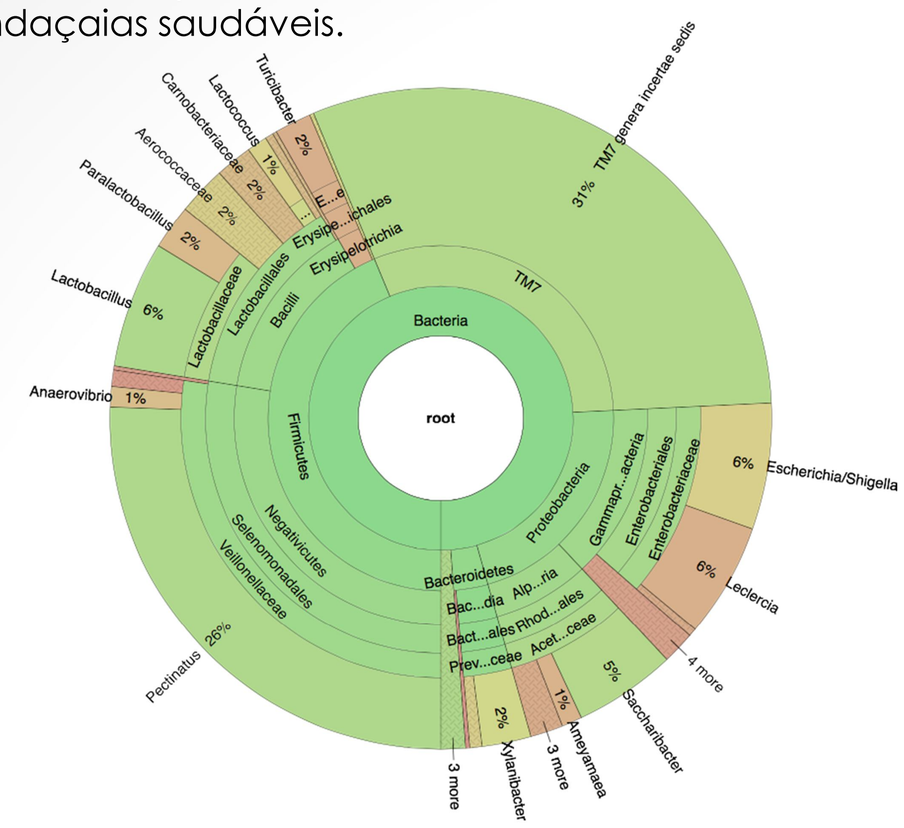

Figura 2. Exemplo de microbiota associada às abelhas mandaçaias doentes.

Conclusão

As abelhas doentes apresentaram uma microbiota mais diversificada quando comparadas às abelhas saudáveis, sem haver um gênero de bactéria dominante. Esta diferença pode ser uma evidência inicial de que a saúde das abelhas está sendo afetada por fatores de estresse ainda sendo determinados.