

Análise da diversidade genética em populações de *Tetragonisca angustula* Latreille, 1811 (abelha jataí) no município de Barretos, SP

Marcos de Lucca Junior¹, Carlos Frederico Gruninger Neto²

^{1,2}Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo – Câmpus Barretos.

delucca@ifsp.edu.br

Palavras Chave: *Tetragonisca angustula*, diversidade genética, abelhas-sem-ferrão

Introdução

As abelhas sem ferrão, objeto de estudo de Fierro *et al.* (2012), desempenham papel essencial na polinização, mas sofrem ameaças como mudanças climáticas e pesticidas. No Brasil, as abelhas Jataí, do gênero *Tetragonisca*, incluindo *T. angustula* e *T. weyrauchi* (Silveira, Melo, Almeida, 2002), são comuns e valorizadas pelo mel comercial e adaptação urbana. Francisco *et al.* (2016) revelaram baixa dispersão, resultando em cruzamentos interpopulacionais e menor diversidade genética. Santiago *et al.* (2016) apontam semelhanças genéticas entre populações selvagens e cativas, com menor variabilidade nas últimas, possivelmente devido ao transporte de alelos via machos. Dentro desse contexto, com o presente estudo se objetiva estudar o grau de variabilidade genética em indivíduos da espécie *Tetragonisca angustula* coletados em diferentes pontos do município de Barretos, SP. Esses dados indicam se há mais de uma única população nessa localidade, já que é possível se verificar uma crescente fragmentação dos ambientes naturais, especialmente devido à expansão da monocultura de cana-de-açúcar.

Objetivos

O objetivo do presente estudo foi analisar o grau diversidade genética das abelhas Jataí no município de Barretos, SP. Este trabalho envolveu a coleta de espécimes, realização eletroforese para detecção de proteínas totais e subsequente avaliação da diversidade genética intrapopulacional e interpopulacional de *T. angustula* no município de Barretos, SP.

Materiais e Métodos

Neste estudo, as amostras consistiram de 6 indivíduos coletados em 6 diferentes pontos do município de Barretos, SP (figura 1) a partir de ninhos tanto em ambientes silvestres quanto urbanos. Os indivíduos coletados foram macerados em tampão Tris HCl pH 6,3 com glicerol a 10% e azul de bromofenol a 2%. Após centrifugação foi aplicada ao gel uma amostra do sobrenadante de 10µl e em seguida submetidas à eletroforese em géis de poli(acrilamida) (SDS-PAGE) a 10%, por 2 horas a 160V. Após a corrida eletroforética, os géis eram submetidos a uma coloração com Comassie Blue RR por 1 hora e descorados posteriormente para contraste das bandas em solução descorante (ácido acético, metanol e água na proporção de 3:3:1 v/v). O padrão de bandas de proteínas totais era então visualizado em transiluminador de luz branca. Para as análises de diversidade genética os dados das eletroforeses foram convertidos em uma matriz binária (0 e 1) e então submetidos ao software GENES (Cruz, 2016), no qual foram obtidos os valores heterozigossidade, AMOVA (Excoffier, 1992), coeficiente de similaridade de Jaccard, de dissimilaridade e grau de agrupamento entre os indivíduos.

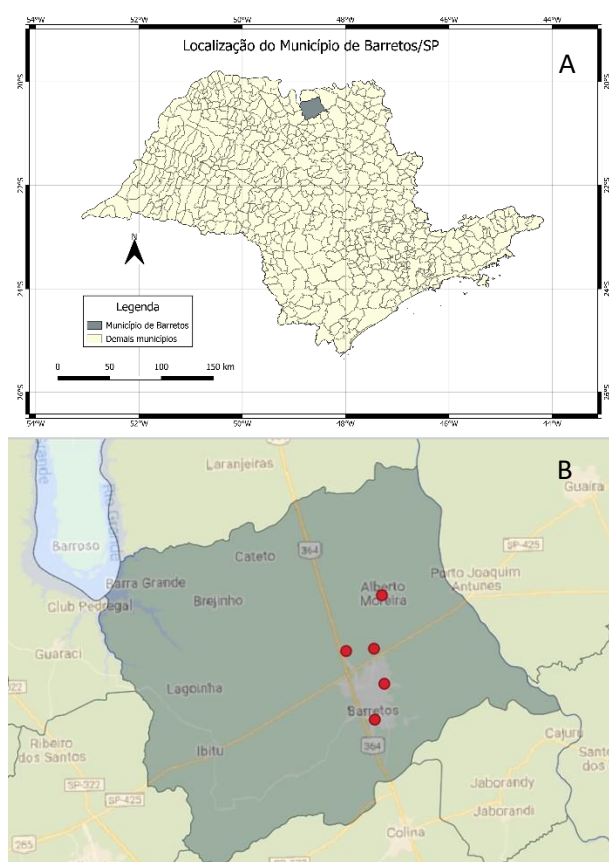


FIGURA 1. A: localização do município de Barretos, SP. B: pontos de coletas das amostras de *T. angustula* dentro do município de Barretos. (próprio autor).

Resultados e Discussão

Com as eletroforeses pudemos constatar a presença de 8 bandas de proteínas totais, com polimorfismo variável. A heterozigiosidade observada nos locos polimórficos variou de 0,36 a 1,00 com média de 0,28 e a heterozigiosidade esperada variou entre 0,49 a 0,78 com média de 0,55. O índice de fixação médio entre locos (0,002) não foi significativamente diferente de zero. Análises anteriores obtidas por Francisco et al. (2016) mostraram índice superior que também indicava baixa estruturação para populações dessa espécie em suas análises. Resultados da AMOVA mostram que 71,33% da variabilidade genética nos indivíduos é decorrente de variação interpopulacional; e que 28,67% da variação é de origem intrapopulacional. Esse dado mostra que há mais variação entre as populações do que

dentro delas e indica uma distribuição geográfica adequada à manutenção dessas populações a longo prazo. Além disso, observa-se uma concordância parcial (porque não é tão acentuada) com a baixa variação intrapopulacional observada para himenópteros eusociais conforme mostrado por Pamilo et al. (1978).

A análise dos valores de dissimilaridade (índice complementar ao coeficiente de Jaccard, utilizado neste estudo por se tratar de marcadores dominantes) mostrou baixa variação, mostrando que os indivíduos amostrados podem ser considerados como sendo de uma única população (figura 2). Dados semelhantes foram obtidos por Stuchi et al (2008), quando analisaram por meio de marcadores isoenzimáticos 16 colônias de *T. angustula* oriundas do Paraná e de São Paulo, bem como Nicolin (2004) ao estudar populações urbanas e rurais em um município do Paraná, nos quais foram observados parâmetros mais dissimilares para outros conjuntos populacionais.

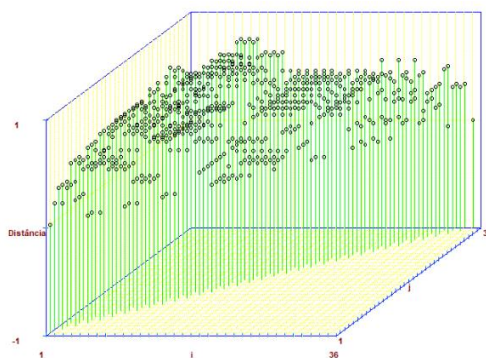


FIGURA 2. Análise gráfica da similaridade genética entre os indivíduos coletados de *T. angustula*, obtida a partir do software GENES.

Em estudos posteriores pretendemos ampliar a amostragem, tanto em relação ao número de indivíduos quanto à distribuição geográfica das coletas. Dessa forma será possível se verificar se o grau de uniformidade genética visto no presente estudo se repete ou se há diferença. Para isso serão utilizados outros conjuntos de marcadores, baseados no DNA dos animais.

Conclusões

No presente estudo verificamos um baixo grau de variação genética entre os indivíduos amostrados, indicando somente uma população para *Tetragonisca angustula* no Município de Barretos, SP.

Agradecimentos

Os autores agradecem a Pró-reitoria de Pesquisa do IFSP, bem como a Coordenação de Pesquisa do Campus Barretos pelo apoio. Agradecemos aos técnicos Juliana Aparecida Leite Borges e Adriano Gonçalves Martins pelo auxílio constante na realização do presente trabalho.

Bibliografia

CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. Acta Scientiarum. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

EXCOFFIER, L., P. E. SMOUSE, AND J. M. QUATTRO. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics, no.131, 479-491, 1992.

FIERRO, M. et al. Effect of Biotic Factors on the Spatial Distribution of Stingless Bees (Hymenoptera: Apidae, Meliponini) in Fragmented Neotropical Habitats. Neotropical Entomology, v. 41, n. 2, p. 95–104, abr. 2012.

FRANCISCO, F. O., SANTIAGO, L. R., MIZUSAWA, Y. M., et al. Population structuring of the ubiquitous stingless bee *Tetragonisca angustula* in southern Brazil as revealed by microsatellite and mitochondrial markers. Insect Sci 24:877–890, 2016.

NICOLIN, K. C. Caracterização genética e bioquímica das esterases de *Tetragonisca angustula* (Hymenoptera: Apidae). 2004, 31 f. Monografia (Bacharel em Ciências Biológicas) Universidade Paranaense, 2004.

PAMILO, P.; ROSENGREN, R.; VEPSÄLÄINEN, K.; VARVIO-AHO, S.L. AND PISARSKI, B. Population genetics of Formica ants. I. Patterns of enzymes gene variation. Hereditas, v. 89, p. 233-248, 1978.

SANTIAGO, L. R. et al. Genetic variability in captive populations of the stingless bee *Tetragonisca angustula*. Genetica, v. 144, n. 4, p. 397–405, ago. 2016.

SILVEIRA, F. A.; MELO, G. A. R.; ALMEIDA, E. A. B. Abelhas brasileiras: sistemática e identificação. 1. ed ed. Belo Horizonte: Silveira, 2002.

STUCHI, A. L. P. B., TAKASUSUKI, M. C. C. R.; TOLEDO, V. A. A. T. Análise da genética de populações em abelhas jataí (*Tetragonisca angustula* LATREILLE) por meio de isoenzimas. Magistra, Cruz das Almas-BA, v. 20, n. 1, p. 68-77, jan./mar., 2008.