

SANTORO; Andressa¹, CARVALHO; Nathalia Rodrigues da Silva de², TODORA; Talita Aparecida³, TAKASUSUKI; Maria Cláudia Colla Ruvolo⁴

RESUMO

As abelhas desempenham diversas funções, como produção de mel, própolis, pólen e cera, porém seu papel mais importante para o ecossistema é a polinização. No Brasil destaca-se as abelhas sem ferrão (tribo Meliponini), dentre elas as espécies *Nannotrigona testaceicornis* e *Scaptotrigona bipunctata*, conhecidas como Iraí e Tubuna, respectivamente. Ambas são criadas por meliponicultores para fins econômicos, entretanto há poucos estudos a respeito da sua variabilidade genética. Marcadores moleculares podem ser empregados como ferramentas para estudos genéticos com esses insetos. Assim, esse estudo objetivou identificar polimorfismos e estudar a estrutura de populações das abelhas *N. testaceicornis* e *S. bipunctata*, por meio de marcadores ISSR. Operárias de *N. testaceicornis* foram coletadas na Fazenda Experimental da UEM (FEI-UEM) e no campus da Universidade Estadual de Maringá, totalizando 11 ninhos. A espécie *S. bipunctata* foi coletada na FEI-UEM e em duas fazendas da cidade de Cambé, totalizando 17 ninhos. Após a coleta, foi realizado a extração do DNA, utilizando uma operária por ninho. Os DNAs foram quantificados pelo aparelho NanoDrop™ e diluídos na concentração final de 10 ng/μL. Seis primers ISSR (15, 18, 23, 17898B, HB10 e HB12) foram selecionados por apresentarem padrão de bandas bem definidas. Foi realizada amplificação do DNA via PCR e os produtos das amplificações foram submetidos a eletroforese em gel de agarose 1,7% e corados com brometo de etídeo 0,5 μg/mL. As imagens foram capturadas em transiluminador L-PIX HE. Os fragmentos (bandas) de cada amostra foram lidos como presentes (1) ou ausentes (0) e foi construída uma matriz binária. Os programas POPGENE 1.32 e GeneA1Ex 6.5 foram utilizados para as análises. A utilização dos seis primers resultou na amplificação de 108 bandas, que variou de 8 (ISSR-23) a 23 (ISSR-HB10) bandas/primer. O polimorfismo médio para *N. testaceicornis* foi de 50,0%, já para *S. bipunctata* foi de 50,93%, demonstrando a eficiência desses primers na detecção de polimorfismo nas populações das espécies analisadas. Entretanto, os índices de diversidade genética de Nei (1973) e de Shannon (1949) demonstraram que as duas espécies possuem baixa variabilidade genética, mesmo analisando amostras de diferentes locais. A AMOVA (Análise Multivariada) permitiu verificar que, tanto para as duas populações de *N. testaceicornis*, quanto para as três populações de *S. bipunctata*, a maior parte da variação genética ocorre dentro das populações e não entre as populações analisadas. Contudo, esses dados foram observados em um pequeno número de populações, sendo necessário aumentar para melhores respostas. Por fim, o dendrograma construído pelo método UPGMA, a partir dos valores de distância genética de Nei (1978), originou dois grupos principais, um composto pelas duas populações de *N. testaceicornis* e o outro composto pelas três populações de *S. bipunctata*. Com isso, nosso estudo demonstra a eficácia dos marcadores ISSR em análises de polimorfismo e estruturação genética.

PALAVRAS-CHAVE: Abelhas sem ferrão, marcadores moleculares, variabilidade genética

¹ Universidade Estadual de Maringá, andressasantoro12@hotmail.com

² Universidade Estadual de Maringá, carvalhonathalia2001@gmail.com

³ Universidade Estadual de Maringá, pg54663@uem.br

⁴ Universidade Estadual de Maringá, mcrtakasusuki@uem.br