

## ANÁLISES MOLECULARES EM MELIPONÍNIOS DA AMAZÔNIA

Evelyn Farias Costa <sup>(1)</sup>, Gislene Almeida Carvalho-Zilse <sup>(2)</sup>, Carlos Gustavo Nunes-Silva <sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Bolsista CNPq - Grupo de Pesquisas em Abelhas(GPA/CPCA/ INPA)

<sup>(2)</sup>Pesquisador - Grupo de Pesquisas em Abelhas(GPA/CPCA/ INPA)

As abelhas sem ferrão formam a Tribo Meliponini, as quais se encontram espalhadas nos mais diversos ecossistemas das regiões Tropical e Subtropical do globo terrestre, com centenas de espécies. No Brasil existem cerca de 300 espécies, as quais garantem a polinização de 30 a 90% da flora nativa. Elas vêm sendo largamente destruídas com os desmatamentos e queimadas, o que já colocou em processo de extinção aproximadamente 100 espécies (Kerr *et al.*, 1996; Nogueira-Neto, 1997; Kerr, 2002). A separação geográfica de populações de abelhas sem ferrão (meliponínios), em consequência de desmatamentos e extrativismos, tem como consequência um rápido decréscimo na variabilidade genética do gene *csd* (responsável pela determinação sexual) o que pode levar a uma diminuição da população e até mesmo à extinção da mesma, já que esses insetos não suportam a endogamia (Carvalho, 2001). Assim, esse trabalho objetivou buscar polimorfismos de DNA entre populações de abelhas nativas das espécies *Melipona compressipes manaosensis* Schwarz, 1932; *M. seminigra* Friese, 1903 e *M. rufiventris* Lepeletier, 1806 em meliponários dos municípios de Manacapuru, Urucará e Manaquiri do estado do Amazonas. Abelhas adultas foram amostradas diretamente das colônias e levadas ao laboratório para extração de DNA total pelo método da proteinase K/fenol. Em seguida foi realizada amplificação, purificação e seqüenciamento da região 16S rRNA do DNAm com *primers* específicos de *M. compressipes fasciculata* assim como análise dos fragmentos por SSCP (Polimorfismo de Conformação de Fita Simples). Foram também analisadas, por SSCP, 2 subespécies de *M. compressipes*: *M.c. fasciculata* (Maranhão) e *M.c. manaosensis* (Amazonas). Os produtos das amplificações da seqüência 16S rRNA apresentaram para as 3 espécies fragmentos de aproximadamente 400pb. Por análise de SSCP foi possível apenas a separação das subespécies e não das populações, em decorrência da inespecificidade dos *primers* havendo o aparecimento de bandas inespecíficas. Os resultados do seqüenciamento para *M. seminigra* e *M. rufiventris* também não foram conclusivos para a diferenciação das populações. No entanto, foi possível a diferenciação das populações *M. compressipes manaosensis* (Mc1 = Manacapuru e Mc2 = Urucará) com 1,3% de divergência genética enquanto que entre indivíduos da mesma população não houve divergência. Comparando-se as seqüências de *M. compressipes manaosensis* com as

disponíveis em banco de dados para *M. quadrifasciata* (Mq) e *Apis mellifera* (Am), obteve-se os valores de divergência de 13,4% (Mq + Am); 18% (Ap + Mc1 e Ap + Mc2); 4,5% (Mq + Mc1); 5,7% (Mq + Mc2); 1,3% (Mc1 + Mc2). Os valores indicam uma maior proximidade entre populações, seguido de espécies e depois gêneros como esperado pela literatura. Conclui-se assim que a região 16S rRNA do DNAm permitiu a diferenciação entre populações de *M. compressipes* tendo mostrado ser um bom marcador molecular para populações e subespécies.

- Carvalho, G.A. 2001. The number of sex alleles (CSD) in a bee population and its practical importance. *Journal of Hymenoptera Research*, (10)1: 10-15.
- Kerr, W.E. 2002. Extinção de espécies: a grande crise biológica do momento e como afeta os meliponínios. *Anais do 5º Encontro sobre Abelhas*. Ribeirão Preto, São Paulo: 4-9.
- Kerr, W. E.; Carvalho, G. A.; Nascimento, V. A. 1996. *Abelha Uruçu: Biologia, Manejo e Conservação*. Ed. Fundação Acangaú, Paracatú-MG, 144p.
- Nogueira-Neto, P. 1997. *Vida e criação de abelhas indígenas sem ferrão*. Ed. Nogueirapis, São Paulo, São Paulo, 446p.