



## Identificação de bactéria diferencialmente abundante no intestino de abelhas de diferentes biomas no estado da Paraíba

Kilmer Oliveira Soares\*<sup>1</sup>; Romildo da Silva Neves<sup>1</sup>, Leonardo Souza do Prado Junior<sup>4</sup>, Celso José Bruno de Oliveira<sup>2</sup>, Adriana Evangelista Rodrigues<sup>2</sup>, Aline Carla de Medeiros<sup>3</sup>, Rosilene Agra da Silva<sup>3</sup> e Patrício Borges Maracajá<sup>1,3</sup>,

<sup>1</sup>Instituto Nacional do Semiárido - INSA - Campina Grande/PB; \*kilmerzootec2010@hotmail.com

<sup>2</sup>Universidade Federal da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Areia, PB, Brasil

<sup>3</sup>Universidade Federal de Campina Grande Programa de Pós-Graduação em Gestão em Sistemas Agroindustriais Pombal – PB

<sup>4</sup>Universidade Federal de Campina Grande Programa de Pós-Graduação em Engenharia e Gestão dos Recursos Naturais

### RESUMO

**Resumo:** O contato entre os organismos dentro de uma colmeia garante a transmissão de microrganismos entre indivíduos e a preservação das características microbianas intraespecíficas. O microbioma central ou *core* refere-se a qualquer conjunto de táxons microbianos característicos de um hospedeiro ou ambiente de interesse. O core bacteriano de abelhas *A. Mellifera* é composto por seis principais famílias: Acetobacteriaceae (*Parasaccharibacter apium*), Bifidobacteriaceae, Lactobacillaceae, Neisseriaceae (*Snodgrassella alvi*), Orbaceae (*Gilliamella apicola*, *Frischella perrara*) e Rhizobiaceae (*Bartonella apis*). Apesar da existência de bactérias em comum entre as abelhas da espécie *A. Mellifera*, algumas espécies bacterianas podem se sobressair em determinadas paisagens e por conta de fatores como clima, alimentos, solo, água, etc, podem favorecer seus desenvolvimentos. Afim de identificar as bactérias do intestino de abelhas que são diferencialmente abundantes entre as amostras de abelhas de duas regiões da Paraíba, 5 amostras de 20 indivíduos foram coletadas de diferentes colmeias pertencentes a Universidade Federal da Paraíba de diferentes regiões da Paraíba, Areia (Mata Atlântica) e São João do Cariri (Caatinga), e encaminhadas ao Laboratório de Análise de Produtos de Origem Animal (LAPOA / CCA / UFPB), na cidade de Areia - PB. Em ambiente estéril, todo o conteúdo abdominal das abelhas foi coletado e o DNA foi extraído, foram geradas as bibliotecas genômicas e o sequenciamento foi realizado em um equipamento MiSeq (Illumina). As sequências obtidas foram processadas por meio do software DADA2 e uma análise de composição de microbiomas – ANCOM foi realizada por meio da plataforma QIIME 2-2020. A ANCOM identificou um táxon diferencialmente abundante em nível de gênero, o *Apibacter* ( $w = 7$ ). As abundâncias de bactérias do gênero *Apibacter* foram maiores em abelhas da Mata Atlântica comparativamente àquelas da Caatinga (ANOVA: *Apibacter* p-value = 0.0242). Estudos indicam que bactérias do gênero *Apibacter* codificam genes que são responsáveis por síntese de aminoácidos e pela degradação de monossacarídeos tóxicos às abelhas. Possivelmente características edafoclimáticas encontradas na região de Mata Atlântica favorecem o desenvolvimento de bactérias deste gênero.

**Palavras-chave:** Ancom; Biomas; Intestino; *Apibacter*.

### Identification of differentially abundant bacteria in the gut of bees from different biomes in the State of Paraíba

**Abstract:** The contact between organisms within a hive ensures the transmission of microorganisms between individuals and the maintenance of intraspecific microbial characteristics. The *core* microbiome refers to any set of microbial taxa specific to a host or environment of interest. The bacterial *core* of *A. mellifera* bees is composed of six main families: Acetobacteriaceae (*Parasaccharibacter apium*), Bifidobacteriaceae, Lactobacillaceae, Neisseriaceae (*Snodgrassella alvi*), Orbaceae (*Gilliamella apicola*, *Frischella perrara*) and Rhizobiaceae (*Bartonella apis*). Despite the existence of bacteria in common among bees of the *A. mellifera* species, some bacterial species can stand out in certain landscapes and due to factors such as climate, feeding, soil, water, etc., may favor their development. In order to identify bee gut bacteria that are differentially abundant between bee samples from two regions of Paraíba, 5 samples of 20 individuals were collected from different hives belonging to the Federal University of Paraíba from different regions of Paraíba, Areia (Atlantic forest) and São João do Cariri (Caatinga), and sent to the Laboratory of Analysis of Products of Animal Origin (LAPOA / CCA / UFPB), in the municipality of Areia - PB. In a sterile environment, all the abdominal contents of the bees were collected and the DNA was extracted, the genomic libraries were generated and the sequencing was performed in a MiSeq equipment (Illumina). The obtained sequences were processed using the DADA2 software and a microbiome composition analysis - ANCOM was performed using the QIIME 2-2020 platform. ANCOM identified a differentially abundant taxon at the genus level, *Apibacter* ( $w = 7$ ). The abundances of bacteria of the genus *Apibacter* were higher in bees from the Atlantic Forest compared to those from the Caatinga (ANOVA: *Apibacter* p-value = 0.0242). Studies indicate that bacteria of the genus *Apibacter* encode genes that are responsible for the synthesis of amino acids and for the degradation of monosaccharides that are toxic to bees. Possibly edaphoclimatic characteristics found in the Atlantic Forest region favor the development of bacteria of this genus.

**Keywords:** ANCOM; landscapes; Intestine; *Apibacter*.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Instituto Nacional do Semiárido (INSA/MCTI).