



Análise de riqueza e uniformidade na abundância de bactérias que compõem a microbiota intestinal de abelhas *Apis mellifera* de diferentes biomas na Paraíba

Kilmer Oliveira Soares*¹; Thamara Ferreira da Rocha²; Adryele Gomes Maia⁴, Adriana Evangelista Rodrigues², Celso José Bruno de Oliveira², Rosilene Agra da Silva³, Aline Carla de Medeiros³,
Patrício Borges Maracajá^{1,3}

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

²Universidade Federal da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Areia, PB, Brasil

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

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

RESUMO

As abelhas africanizadas (*Apis mellifera scutellata* x spp.) são um políbrido originado do cruzamento entre a subespécie africana *Apis mellifera scutellata* e subespécies europeias e fora desenvolvido no Brasil em meados do século XX. Assim como em diversos seres, o intestino das abelhas é dominado por uma gama de microrganismos que desempenham várias funções importantes para o metabolismo, digestão e imunidade de seus hospedeiros. É sabido que a paisagem onde as abelhas estão inseridas modela a composição e diversidade da microbiota intestinal. Uma comunidade de bactérias diversa garante a diversidade de funções bem como a uniformidade na distribuição das abundâncias destes microrganismos é sinal que nenhum ou poucos deles se sobressaem uma vez que isto é sinal de disbiose. Afim de comparar a diversidade filogenética da microbiota intestinal de abelhas *A. mellifera*, 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. As bibliotecas genômicas foram preparadas e o sequenciamento foi realizado em um equipamento MiSeq (Illumina). As sequências obtidas foram processadas por meio do software DADA2 e o índice de riqueza Shannon e uniformidade de Pielou foram obtidos por meio da plataforma QIIME 2-2020 e os índices para cada região foram comparados por meio do teste de Kruskal-Wallis a 5% de probabilidade. Os índices de diversidade Shannon e Pielou não diferiram significativamente (Índice de Shannon p-value = 0,754; Índice de Pielou p-value = 0,754), entre as amostras de diferentes biomas da Paraíba. As abelhas dos diferentes biomas apresentaram riqueza, abundância e distribuição das abundâncias semelhantes.

Palavras-chave: Microbiota intestinal; Riqueza; Uniformidade.

Analysis of richness and evenness in the abundance of bacteria that make up the intestinal microbiota of *Apis mellifera* bees from different biomes in Paraíba

The Africanized honey bee (*Apis mellifera scutellata* x spp.) is a polyhybrid originated from the crossbred between the African subspecies *Apis mellifera scutellata* and European subspecies and was developed in Brazil in the mid-twentieth century. As in many other beings, the intestine of bees is dominated by a range of microorganisms that perform several important functions for the metabolism, digestion and immunity of their hosts. It is known that the landscape where bees are inserted models the composition and diversity of the intestinal microbiota. A diverse community of bacteria guarantees the diversity of functions as well as the uniformity in the distribution of the abundance of these microorganisms, which is a sign that none or few of them stand out, as this is a sign of dysbiosis. In order to compare the phylogenetic diversity of the intestinal microbiota of *A. mellifera* bees, 5 samples of 20 individuals were collected from different hives belonging to the Federal University of Paraíba from different regions of the State, 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. Genomic libraries were prepared and sequencing was performed on a MiSeq equipment (Illumina). The obtained sequences were processed using the DADA2 software. The Shannon richness and Pielou evenness indexes were obtained using the QIIME 2-2020 platform, and the indexes for each region were compared using the Kruskal-Wallis test at 5% probability. The Shannon and Pielou diversity indexes did not differ significantly (Shannon index p-value = 0.754; Pielou index p-value = 0.754) among samples from different biomes in Paraíba. Bees from different biomes showed similar richness, abundance and distribution of abundances.

Keywords: Gut microbiota; richness; evenness

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).