

## FILOGEOGRAFIA DE *Melipona mandacaia* SMITH, 1863 (HYMENOPTERA, APIDAE)<sup>1</sup>.

Júlia Alves Britto Peixoto<sup>2</sup>, Sâmela Silva Mendes<sup>3</sup>, Leydiane da Conceição Lazarino<sup>3</sup>, Ana Maria Waldschmidt<sup>4</sup>.

### RESUMO

A *Melipona mandacaia* é uma espécie de abelha da família Apidae, subtribo Meliponini com grande importância ecológica e econômica. Sua área de distribuição passou, por muito tempo, sobreposta a áreas de subespécies de *Melipona quadrifasciata* que possuem as listras do abdômen em uma conformação semelhante, o que confundiu muitos pesquisadores e produtores e causou uma lacuna no conhecimento sobre a biogeografia da *M. mandacaia*. A filogeografia surge como uma ciência integradora que busca aliar caracteres moleculares e geográficos para explicar a distribuição e evolução de um determinado grupo, podendo compreender valores adaptativos próprios para pressões ambientais específicas além de ajudar a entender a dispersão da diversidade genética. Utilizando de genes mitocondriais e modelagem climática foi possível compreender a existência de cinco linhagens evolutivas de *Melipona mandacaia* (MSF-1, BSF, SMSF, MSF-2 e MSF-3) distribuídas na extensão do Rio São Francisco e os seus períodos de diferenciação correspondente com o potencial de distribuição ao longo dos anos, usando com base as projeções climáticas do Último Máximo Glacial(LGM), Último Interglacial (LIG) e o Médio-Holoceno, recuperando como provável área de refúgio a região do baixo ao médio São Francisco. Processos específicos de adaptação não foram encontrados visto que a espécie apresenta fluxo gênico entre as margens por toda extensão, não configurando, dessa forma, o Rio São Francisco como uma barreira reprodutiva e um potencial catalisador de eventos de especiação.

**PALAVRAS-CHAVE:** Abelhas, especiação, fluxo gênico, modelagem climática, Rio São Francisco.

## *Melipona mandacaia* SMITH, 1963 (HYMENOPTERA, APIDAE) PHYLOGEOGRAPHY<sup>1</sup>.

### ABSTRACT

*Melipona mandacaia* is a species of bee from the Apidae family, Meliponini subtribe with great ecological and economic importance. Its distribution area overlapped for a long time with areas of subspecies of *Melipona quadrifasciata* that have stripes on the

<sup>1</sup>Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia - Fapesb

<sup>2</sup>Graduanda em ciências biológicas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – Campus Jequié

<sup>3</sup>Mestre pelo Programa de Genética, Conservação e Biodiversidade, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – Campus Jequié

<sup>4</sup>Professora Doutora do Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – Campus Jequié

abdomen in a similar conformation, which confused many researchers and producers and caused a gap in knowledge about the biogeography of *M. mandacaia*. Phylogeography emerges as an integrative science that seeks to combine molecular and geographic characters to explain the distribution and evolution of a given group, being able to understand adaptive values specific to specific environmental pressures, in addition to helping to understand the dispersion of genetic diversity. Using mitochondrial genes and climate modeling, it was possible to understand the existence of five evolutionary lineages of *Melipona mandacaia* (MSF-1, BSF, SMSF, MSF-2 and MSF-3) distributed along the São Francisco River and their corresponding differentiation periods with the distribution potential over the years, using the Last Glacial Maximum (LGM), Last Interglacial (LIG) and Middle-Holocene climate projections as a basis, recovering the region from low to mid-São Francisco as a likely refuge area. Specific adaptation processes were not found since the species presents gene flow between the banks throughout its entire length, thus not configuring the São Francisco River as a reproductive barrier and a potential catalyst for speciation events.

KEY-WORDS: Bees, climate modeling, gene flow, São Francisco River, speciation.

## INTRODUÇÃO

Conhecida popularmente como mandaçaia, a *Melipona mandacaia* é uma abelha endêmica do semi-árido do Nordeste, nos estados da Bahia, Ceará, Paraíba e Pernambuco, sendo uma importante polinizadora da vegetação da Caatinga e tendo um imenso potencial para meliponicultura, tanto pelo valor do seu mel quanto por sua natureza pacífica (Alves et al., 2016).

Sua distribuição está estritamente ligada ao Rio São Francisco e aos seus afluentes, tendo como limites a Serra do Ramalho, ao sul, Muquém do São Francisco a oeste, as serras da Chapada da Diamantina ao leste e Juazeiro e Paulo Afonso ao norte. Há uma deficiência nos estudos relacionados com a espécie já que, historicamente, havia problemáticas com relação a real área de ocorrência indefinições taxonômicas com subespécies de *Melipona quadrifasciata* (Alves et al., 2016).

A filogeografia estuda a distribuição de linhagens evolutivas para o entendimento evolucionário de um táxon (Avice et al., 1987). Com isso, busca-se entender os limites da ocorrência e como a espécie se distribui, compreendendo aspectos da dispersão e diferentes adaptações genéticas quando se configura caso para populações isoladas (Avice et al., 2000). O DNA mitocondrial se mostra de grande utilidade por apresentar herança materna sem recombinação, evoluir rapidamente e possuir grandes taxas de polimorfismo intraespecífico (Avice et al., 2000).

Esse estudo filogeográfico têm como objetivo compreender os padrões biogeográficos e evolutivos, além de padronizar o protocolo de amplificação do COI, identificar e caracterizar subdivisões em populações de *M. mandacaia*, compreender os processos históricos e climáticos na diversificação do grupo e propor uma hipótese que explique a diversificação no grupo.

## MATERIAIS E MÉTODOS

## Amostragem e Análises Moleculares

Foram utilizadas amostras de *M. mandacaia* em 27 localidades. O DNA foi extraído conforme Waldschmidt et al. (1997) e o gene mitocondrial COI foi amplificado conforme Batalha-Filho et al. (2010). O fragmento foi purificado conforme Sanger et al. (1997) e amplificado no Sequenciador Automático ABI 3500. As sequências foram editadas e alinhadas com o método ClustalW (Hall, 1999), o número de haplótipos e a diversidade com o programa DnaSP. As redes de haplótipos foram construídas pelo método Median-joining Network (Bandelt et al., 1999). Sinais de estruturação foram verificados com o BASP (Corander et al., 2005), a análise de variância molecular espacial com o programa SAMOVA (Dupanloup et al. 2002), a correlação entre distância genética e geográfica pelo teste de Mantel (Jensen et al., 2005). A árvore de espécie por meio BEAST (Drummond et al, 2007) o tempo de convergência por Machado et al. (2001) e Batalha-Filho et al. (2016). Os modelos de substituição foram calculados através do jModelTest (Posada, 2008) e a convergência das cadeias pelo Tracer (e as árvores foram combinadas no TreeAnnotator (Drummond et al, 2007).

## Modelagem Climática Histórica

O modelo da área potencial de distribuição utilizou o pacote “Biomod2” (Thuiller et al. 2016, foram adicionados 34 pontos de ocorrência a partir de dados da literatura. As condições climáticas projetadas corresponderam ao Quaternário tardio: Médio-Holoceno (Mid-H) a cerca de 6.000 anos atrás (Ka), Último Máximo Glacial (LGM) há 21Ka e Último Interglacial (LIG) há 120Ka, com as variáveis ambientais disponíveis no WorldClim ([www.worldclim.org](http://www.worldclim.org)): Bio2, Bio4, Bio5, Bio13, Bio14, Bio15 e Bio18 (Hijmans et al., 2005) para melhor compreender a distribuição.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de COI (mtDNA) identificaram a diversidade haplotípica com 36 haplótipos com uma baixa frequência de alelos privados, formando cinco grupos: MSF-1 em azul, BSF em vermelho, SMSF em amarelo, MSF-2 em verde e MSF-3 em lilás, representando então cinco linhagens para *M. mandacaia* (Figura 1).

O teste de Mantel demonstra uma correlação positiva entre a distância genética geográfica, porém não significativa, ou seja, de fato a distância geográfica está relacionada com a diferenciação genética, mas não sendo o seu principal fator ( $r: 0.0780$  sendo  $p=0,142$ , onde  $p<0,05$ ).

O modelo evolutivo encontrado como mais adequado foi o HKY+I+G, sendo o Pleistoceno Superior o período de diversificação com o surgimento da linhagem mais antiga, SMSF, há aproximadamente 67Ka, sendo seguido pelas linhagens BSF e MSF-1, tendo MSF-2 e MSF-3 com a diversificação mais recente.

A Modelagem Climática conseguiu recuperar a área potencial de distribuição atual da *M. mandacaia* (Figura 2). O LIG, o mais quente, retratou uma área potencial mais adequada que a atual, sendo que a alta adequabilidade está relacionada com as regiões do baixo e da margem leste do submédio São Francisco, com as condições

climáticas favoráveis para a diferenciação da espécie durante o período e o surgimento inicial da linhagem SMSF, localizada na região do submédio do RSF.

O LGM, além de mais frio, demonstra uma redução nas áreas potenciais de distribuição, mantendo a maior adequabilidade se estendendo do submédio, sendo as áreas de ocorrência das linhagens SMSF e BSF.

Já no Mid-H há uma extensão das áreas potenciais mais similar ao presente, com um clima estável, tendo as áreas adequadas posteriormente estendidas para o médio São Francisco, compreendendo áreas das linhagens MSF-2 e MSF-3, as duas mais recentes.

## CONCLUSÕES

A Modelagem Climática atua corroborando com os resultados dos haplótipos demonstrando que a potencial área de refúgio da espécie é encontrada do baixo ao médio São Francisco. O clima mais quente do LIG e do Mid-Holoceno proporcionaram uma maior expansão da espécie que é dependente de um clima com escassez de chuva e altas temperaturas.

Apesar dos cinco perfis alélicos bem definidos, as populações de *M. mandacaia* ainda contam com a troca gênica, mantendo uma diversidade genética considerável entre o grupo e não apresenta sinais de novos processos de especiação ou de processos adaptativos específicos, devendo, portanto, serem tratadas como um grupo único quando pensado em estratégias de conservação.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

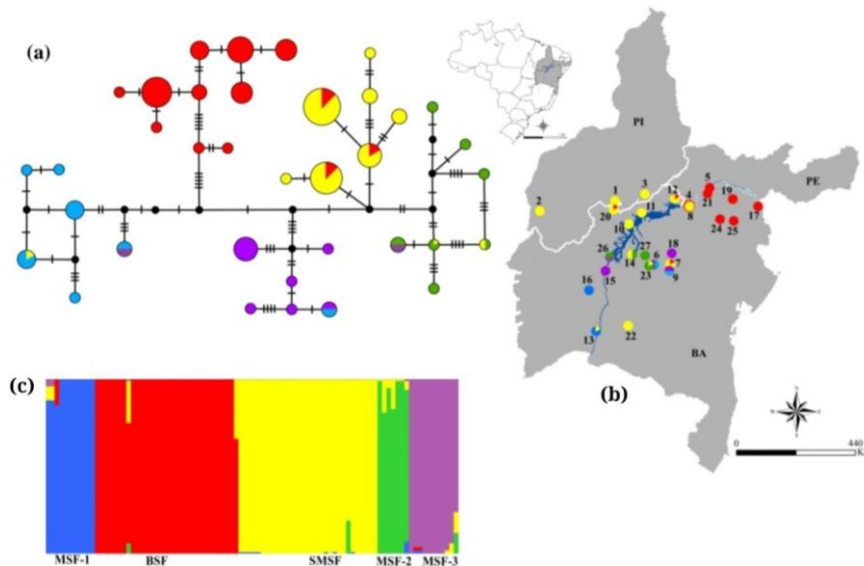
1. ALVES, Rogério Marcos de Oliveira et al. *Melipona mandacaia* Smith, (1863): A abelha da Caatinga do Velho Chico. 1ª ed. Curitiba: CRV. 2016
2. AVISE, J.C., et al. Phylogeography of colonially nesting seabirds, with special reference to global matrilineal patterns in the sooty tern (*Sterna fuscata*). *Molecular Ecology*, 9:1783-1792. 2000.
3. BATALHA-FILHO, H., et al. Geographic distribution & spatial differentiation in the color pattern of abdominal Stripes of the Neotropical stingless bee *Melipona quadrifasciata* (Hymenoptera, Apidae). *Zoologia*, 26(2), 213-219. 2009.
4. BATALHA-FILHO, H., et al. Phylogeography & historical demography of the Neotropical stingless bee *Melipona quadrifasciata* (Hymenoptera, Apidae): incongruence between morphology & mitochondrial DNA. *Apidologie*, 41 (5), 534-547. 2010.
5. LAZARINO, L. C., et al. Is the São Francisco River a historical barrier to gene flow for populations of *Melipona mandacaia* Smith, 1863 (Hymenoptera: Apidae)? *Journal of Insect Conservation*. Março, 2023. <https://doi.org/10.1007/s10841-023-00466-y>.
6. MENDES, Sâmela Silva. Determinação de Unidades Evolutivas, Demografia Histórica e Diversidade Genética da *Melipona mandacaia* Smith, 1863 (Hymenoptera: Apidae, Meliponini). Dissertação (Mestrado em Genética, Biodiversidade e Conservação) – Curso de Genética, Biodiversidade e

Conservação. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié-Bahia, 2017.

7. SANGER, F., NICKLEN, S. & COULSON, A.R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74 (12), 5463-5467. 1977.
8. WALDSCHMIDT, A. M., et al. Extraction of genomic DNA from *Melipona quadrifasciata* (Hymenoptera: Apidae, Meliponinae). *Revista Brasileira de Genética*, 20 (3), 421-423, 1997.

TABELAS E FIGURAS:

**FIGURA 1:** Estruturação genética de populações de *M.mandacaia* (a) Rede de haplótipos gerados através do mtDNA, com a identificação de cinco grupos. (b) Distribuição dos haplótipos encontrados na área de amostragem (c) Gráfico de estruturação populacional.



**FIGURA 2:** Modelagem Climática Histórica evidenciando o potencial de distribuição da *Melipona mandacaia* ao longo do tempo. A legenda indica a adequabilidade de ocorrência da espécie.

