



Padrões de variabilidade e estrutura genética de Abelhas Sem Ferrão da Caatinga revelados por marcadores moleculares

Yasmim Eva Souza Santos¹; Júlia Alves Britto Peixoto ¹; Ana Maria Waldschmidt ¹

¹ Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, Bahia, Brasil
E-mail: yasmimeva10@gmail.com

As abelhas sem ferrão desempenham papel essencial na manutenção dos ecossistemas por atuarem como importantes polinizadores da flora nativa. A fragmentação dos habitats e a degradação da Caatinga representam ameaças à dinâmica dessas populações, podendo impactar na dispersão e na variabilidade genética. A variabilidade genética é consequência de uma interação complexa de fatores, sua queda pode levar a populações vulneráveis a pressões evolutivas e mudanças climáticas extremas. O objetivo deste trabalho foi conduzir um levantamento de estudos que utilizaram marcadores moleculares para análises populacionais de meliponíneos da Caatinga, permitindo a comparação entre metodologias e padrões genéticos observados. Foram analisados 35 trabalhos com utilização de diferentes marcadores. Para marcadores dominantes, como ISSR e RAPD, a heterozigosidade esperada (H_e) média para todos estudos foi de aproximadamente 0,211. Já para codominantes, como SSR, RFLP e SNPs, a heterozigosidade observada (H_o) apresentou média de 0,421, enquanto a H_e foi de 0,450. O índice de diferenciação genética (F_{ST}) evidenciou a existência de estruturação genética entre as populações, com os marcadores dominantes, os valores variaram de 0,26 a 0,60, indicando estruturação genética de moderada a elevada, enquanto os marcadores codominantes apresentaram valores entre 0,02 e 0,166, caracterizando estruturação genética baixa a moderada. As principais espécies estudadas foram *Melipona mandacaia*, *Melipona quadrifasciata*, *Partamona seridoensis*, *Melipona asilvai* e *Scaptotrigona depilis*, permitindo avaliar diferentes padrões de diversidade genética e estruturação populacional. *Scaptotrigona depilis* destacou-se por apresentar o maior valor de diferenciação genética ($F_{ST} = 0,60$), associado à baixa diversidade genética ($H_S = 0,160$) e forte estruturação populacional, indicando reduzido fluxo gênico entre as populações. Os resultados indicam a necessidade de um olhar mais atento para com a conservação das populações estudadas e a escassez no conhecimento sobre a estrutura genética de muitas das espécies da Caatinga e seu estado de conservação.

Palavras-chaves: Abelhas indígenas; Biodiversidade; Marcadores moleculares; Semi-árido.