

Uso de metabarcoding para identificação bacteriana em mel de abelha Jataí (*Tetragonisca angustula*)

Ruama Cristine Teixeira Alves¹, Luiza Toubas Chaul¹, Cintia Pelegrineti Targueta¹, Amanda Alves de Melo Ximenes¹, Pedro Vale de Azevedo Brito¹, Elaine Cristina Pereira De Martinis², Virginia Farias Alves¹

¹. UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS, FACULDADE DE FARMÁCIA, GOIÂNIA, GOIÁS, BRASIL

². UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, FACULDADE DE CIÊNCIAS FARMACÊUTICAS DE RIBEIRÃO PRETO, RIBEIRÃO PRETO, SÃO PAULO, BRASIL

Pesquisas sobre a diversidade microbiana são relevantes para determinar as relações ecológicas em insumos de abelhas sem ferrão (ASF), como o mel. A ASF Jataí (*Tetragonisca angustula*) é uma espécie nativa amplamente distribuída na América do Sul, inclusive no bioma Cerrado, responsável pela produção de um mel com propriedades singulares, e com alto valor agregado. Ferramentas ômicas como a técnica de *metabarcoding*, ou metataxonômica, têm contribuído para a elucidação das comunidades microbianas em alimentos, já que permitem a identificação de táxons presentes em uma determinada amostra, por meio do sequenciamento de regiões específicas, como o gene ribossomal 16S RNA, para bactérias. Microrganismos estabelecem uma relação mutualística com as abelhas e seus produtos derivados, influenciando no seu processo de desenvolvimento, maturação do pólen, fermentação do mel e proteção contra patógenos. O presente estudo analisou a ecologia de bactérias de mel de *T. angustula*, coletado no Meliponário do Instituto de Ciências Biológicas 3 da Universidade Federal de Goiás. O mel, coletado sob condições assépticas, passou por uma etapa de concentração, com a retirada de açúcares, seguido de extração e quantificação do DNA. A identificação molecular dos organismos presentes foi realizada por meio do preparo de bibliotecas de amplicon do gene bacteriano ribossomal 16S. A biblioteca final foi sequenciada em equipamento Illumina® Nextseq™ (600 ciclos). A análise bioinformática foi realizada usando o método DADA2. Erros e sequências quiméricas foram removidas. As ASV (*amplicon sequence variant*) foram comparadas com o banco de dados SILVA v. 132 (16S rDNA). Após a rarefação das ASVs, foi possível identificar os filos Firmicutes e Proteobacteria e os gêneros *Lactobacillus*, *Xylella*, *Zymobacter* e *Gluconobacter*, como sendo os mais frequentes. Com menor frequência, foram encontrados também os gêneros *Leuconostoc*, *Fructobacillus* e *Acinetobacter*, dentre outros. Bactérias pertencentes ao gênero *Lactobacillus* frequentemente são relacionadas aos processos de fermentação láctica e algumas espécies são conhecidas por produzirem compostos antimicrobianos que podem contribuir para a proteção da colmeia contra patógenos. Já as bactérias do gênero *Gluconobacter* participam do processo de fermentação acética, interessante para produção industrial de ácido acético. A análise por *metabarcoding* revelou uma rica diversidade de gêneros bacterianos no mel de *T. angustula*, reconhecidos por participarem de etapas fundamentais da fermentação do mel, e que podem ser responsáveis por algumas das características sensoriais únicas encontradas em méis de ASF.

Agradecimentos: FAPEG, CAPES, CNPq.

