Flávio de Oliveira Francisco

Estrutura e diversidade genética de populações insulares e continentais de abelhas da Mata Atlântica

Genetic structure and diversity of island and mainland populations of bees from Atlantic forest

São Paulo
2012

Flávio de Oliveira Francisco

Estrutura e diversidade genética de populações insulares
e continentais de abelhas da Mata Atlântica

Genetic structure and diversity of island and mainland
populations of bees from Atlantic forest

Tese apresentada ao Instituto de
Biociências da Universidade de São
Paulo, para a obtenção de Título de
Doutor em Ciências, na Área de
Biologia/Genética.

Orientadora: Dra. Maria Cristina Arias

São Paulo

2012

FICHA CATALOGRÁFICA

Francisco, Flávio de Oliveira

Estrutura e diversidade genética de populações insulares e continentais de abelhas da Mata Atlântica

Número de páginas: xvii + 170

Tese (Doutorado) - Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. Departamento de Genética e Biologia Evolutiva.

1. Ilhas 2. Mata Atlântica 3. Abelhas
I. Universidade de São Paulo. Instituto de Biociências. Departamento de Genética e Biologia Evolutiva.

Comissão Julgadora:

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Profª. Dra. Maria Cristina Arias
Orientadora

Fotografias da capa (da esquerda para a direita e de cima para baixo):

- Operária de *Tetragonisca angustula*. Cortesia de Luís Adrián Florit;
- Ribeira do Iguape entre Iguape e Ilha Comprida (SP). Foto de Flávio de Oliveira Francisco;
- Operária de *Bombus morio*. Cortesia de Elaine Françoso;
- Ilha da Vitória e Ilha de Búzios vistas da Ilha Anchieta (Ubatuba, SP). Foto de Flávio de Oliveira Francisco;
- Vila do Abraão em Ilha Grande (Angra dos Reis, RJ). Foto de Flávio de Oliveira Francisco;
- Ilha de São Sebastião (Ilhabela, SP). Foto de Flávio de Oliveira Francisco.

*Às inúmeras abelhas que perderam suas vidas para a realização desse trabalho,
à minha orientadora Cristina,
às minhas cunhadas Leda e Sara e ao meu tio Néelson que me mostraram outro modo de
enxergar a vida,
ao meu pai Antonio,
à minha mãe Neide,
e à minha esposa Rute,*

Dedico

“Islands are the key.”

Edward Wilson, *Naturalist* (1994, p. 238)

“(...) islands are havens and breeding grounds for the unique and anomalous. They are natural laboratories of extravagant evolutionary experimentation. That’s why island biogeography is a catalogue of quirks and superlatives. And that’s why islands, those outlands, have played a central role in the study of evolution.”

David Quammen, *The Song of the Dodo* (1996, p. 18)

AGRADECIMENTOS

Em 2001 conheci uma pessoa que veio mudar a minha vida em todos os sentidos. Seu nome é Rute Magalhães Brito e ela também é bióloga. Ela compartilha comigo a paixão pelas abelhas e pela genética, embora o mais importante seja a vida que estamos compartilhando há 11 anos. Moramos em estados diferentes em três dos quatro anos do meu doutorado e ela sempre se fez estar presente e sempre entendeu que minha ausência era necessária nessa etapa de nossas vidas. Ficava apreensiva durante minhas longas viagens de coleta e ficava triste junto comigo quando eu coletava poucas abelhas. A obtenção de bolsa, a oportunidade de ir para o exterior, a publicação de um artigo também foram muito mais “saborosos” quando compartilhados com ela. O doutorado, assim como a vida, tem seus altos e baixos e posso dizer que sou muito sortudo por ter ela ao meu lado em todos esses momentos. Sua ajuda foi muito além das discussões sobre o projeto e da leitura cuidadosa da versão preliminar da tese. Ultimamente ela está constantemente sendo colocada à prova e está superando com sucesso todos os obstáculos. A força que ela possui me inspira, me motiva e me encoraja a ir atrás de outros desafios. Sua doçura e integridade encantam não só a mim, mas a todos. Ela é um modelo de como um ser humano deve ser. Rutí, para você meu eterno agradecimento!

Os meus pais também têm sido fundamentais para o meu desenvolvimento profissional. Sempre apoiaram a minha decisão de ser biólogo, apesar da preocupação com esta escolha (leia-se \$). Continuaram me apoiando nos caminhos da pós-graduação, porque, creio eu, além de ser o caminho que escolhi seguir, ele seria profissionalmente mais gratificante (leia-se \$). Agradeço por entenderem os meus períodos de ausência, mesmo achando que eu só estava viajando para ilhas e locais paradisíacos para passear. Apesar do receio do filho só estudar e não arranjar um emprego “de verdade”, continuam comigo para o que der e vier. Muito obrigado, mãe e pai!

Há 15 anos eu estava no segundo ano da graduação e ainda não estava certo que caminho seguir dentro da biologia. Nas férias do meio de ano acabei “caindo de paraquedas” no Laboratório de Genética e Evolução de Abelhas (LGEA) do IB/USP. O laboratório era muito novo e não tinha nada. A primeira semana de trabalho consistiu apenas em fazer e autoclavar várias soluções. Mesmo assim eu acabei gostando daquele estágio, principalmente por causa da professora recém-contratada e cheia de ideias pioneiras e

audaciosas. Ela é até hoje o meu maior exemplo de como um professor e pesquisador deve ser. É um modelo que sempre tento seguir e que é responsável direta por grande parte do que eu alcancei até hoje. Sempre está disposta a nos socorrer e sempre nos encoraja a procurar as respostas quando as desconhece. Sempre deixou as portas do laboratório abertas para mim, mesmo quando eu não fazia parte do grupo. Compartilhou comigo meu entusiasmo por esse projeto e fez de tudo para que ele fosse factível. Por esses e incontáveis outros motivos eu agradeço enormemente a minha querida orientadora Maria Cristina Arias. Muito obrigado, Cristina!

I'd like to thank Ben Oldroyd for opening his lab to me and for receiving me in his group. The time I spent at the Beelab of the University of Sydney was crucial for the development of the techniques I used at LGEA. He is also responsible for showing me a different way to do science. Thank you very much.

Esse projeto de doutorado nunca teria sido realizado se não fosse pela ajuda de Leandro Santiago e Yuri Mizusawa. O Leandro foi meu parceiro de coleta desde a época em que foi meu aluno de iniciação científica. Sempre solícito, ele me ajudou em todas as etapas do trabalho, desde a coleta das abelhas, passando pelas extrações de DNA, PCRs, até a discussão dos dados. Por causa desse projeto ele torceu o joelho e ficou impossibilitado de continuar nas viagens, o que o machucou mais ainda. Muito obrigado! Infelizmente o Yuri ficou pouco tempo no nosso laboratório, mas ajudou como se tivesse ficado vários anos. Mal chegou e já foi me ajudar nas coletas. Assim como eu, apresenta espírito aventureiro o que é uma vantagem no campo, mas que nos levou a algumas enrascadas. No laboratório, aguentou a monotonia dos milhares de PCRs e foi fundamental para que esse trabalho acabasse a tempo. Muito obrigado!

Agradeço ao Paulo Henrique Gonçalves que também me ajudou em muitas viagens de coleta e que aguentou subir mais de 1000 m até o Pico do Papagaio (Ilha Grande), numa caminhada de cerca de 9 horas... sem água.

O meu obrigado especial à Susy Coelho por todo o suporte técnico que é indispensável para os experimentos do laboratório. Além disso, agradeço a ela e à Leila Longo pela companhia, bolos e boas conversas.

Agradeço à Elaine Françoso pela autorização de uso da fotografia de *Bombus morio*, pelas discussões, pela ajuda no laboratório, pela companhia nos horários de trabalho alternativos e, principalmente, pelas brincadeiras com a Solange Augusto.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) me concedeu uma bolsa de doutorado (2008/08546-4) que permitiu me dedicar exclusivamente a esse projeto. Além disso, graças a reserva técnica dessa bolsa, uma parte importante do meu doutorado foi realizado na Austrália. A maior parte das viagens de coleta e dos experimentos laboratoriais, ambos de custo muito elevados, foram realizados graças aos projetos financiados pela FAPESP (BIOTA-FAPESP 2004/15801-0 e 10/50597-5). Muito obrigado!

Esse trabalho foi desenvolvido no âmbito do Núcleo de Apoio à Pesquisa em Biodiversidade e Computação da Universidade de São Paulo (NAP BioComp), com apoio da Pró-Reitoria de Pesquisa da USP.

Agradeço muito aos amigos que fizeram com que minha estadia em Sydney fosse como estar em casa: Guilherme, Valentina e as crianças; Megan e Steve; Nereide, Lila e Julie.

Obrigado aos ex-integrantes do laboratório: Alayne Domingues, Alisson Moresco, Ana Carolina Novelli, Gustavo Barroso, Samuel Boff e Solange Augusto.

Thanks all people of Beelab for the coffees (or muffins), discussions, chats, and happy-hours: Alen Faiz, Chris Reid, Eloise Hinson, Frances Goudie, Isobel Ronai, James Makinson, Michael Holmes, Nadine Chapman, Peter Oxley, Tanya Latty, Timothy Schaerf, and Vanina Vergoz. My very special thanks to Madeleine Beekman and Julie Lim.

A ajuda da minha amiga e pesquisadora Mercedes Okumura foi fundamental para a descrição da história de ocupação humana nas ilhas estudadas. Maria, muito obrigado!

Embora a grande maioria das abelhas tenha sido coletada em flores, muitas amostras de jataí foram gentilmente cedidas por pessoas que criam essas abelhas ou que apenas possuem um ou outro ninho dentro de suas propriedades. Por isso agradeço ao Adílson Aparecido de Godoy (Apiaí, SP), Carlos Chociai (Prudentópolis, PR), Flávio Roque Haupenthal (Santa Helena, PR), Geraldo Moretto (Blumenau, SC), Marcos Wasilewski (Guaratuba, PR), Marcos Antonio (Itamonte, MG), Renato Marques, José Moisés e André Trindade (Ilha Grande, RJ) e Teófilo (Teodoro Sampaio, SP).

Também pela ajuda nas coletas sou muito grato a Eduardo da Silva, Guaraci Cordeiro, Marcos Fujimoto, PC Fernandes, Samuel Boff, Thaiomara Alves e a todas as pessoas que permitiram que entrássemos em suas propriedades, algumas das quais até pegavam a rede entomológica para coletar junto com a gente.

Agradeço aos moradores da Ilha da Vitória, Ilha de Búzios e Ilha Monte de Trigo pela ajuda no embarque/desembarque, pela acolhida, pela companhia e pelas (sempre surpreendentes) conversas.

Agradeço aos gestores e funcionários dos Parques pela ajuda no transporte, na estadia e nas coletas de uma maneira geral.

Agradeço à Mykonos Turismo, à Marina Ondas do Una e à Key Marine pelo transporte facilitado à Ilha Anchieta, à Ilha Monte de Trigo e às ilhas de Búzios e da Vitória, respectivamente.

Agradeço ao Prof. Dr. Luis Eduardo Soares Netto e aos integrantes do seu laboratório por nos deixarem usar seu termociclador inúmeras vezes.

Agradeço à Katia e à Vanessa do CEGH/USP pelo suporte e rapidez nas corridas de microssatélites.

Agradeço à Deisy, Helenice e Camila e aos funcionários da pós-graduação IB/USP pela ajuda ao longo dos últimos quatro anos.

Agradeço ao IB/USP e à University of Sydney pela infraestrutura.

Agradeço ao Luiz A. Florit por gentilmente me autorizar a reproduzir sua fotografia nesta tese.

Agradeço ao assessor da FAPESP pelas valiosas sugestões e contribuições ao trabalho.

Para finalizar, eu gostaria de dizer que foi indispensável a ajuda do:

- Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) e ao Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) pela autorização de coleta/transporte (número 18457-1) e exportação de material biológico (número 09BR003278/DF);
- Instituto Florestal do estado de São Paulo (IF) pela autorização de coleta número 260108 - 000.000.002.517/0 2008;
- Instituto Ambiental do estado do Paraná (IAP) pela autorização de pesquisa científica número 128/09;
- Instituto Estadual de Florestas do estado do Rio de Janeiro (IEF/RJ), atual Instituto Estadual do Ambiente (INEA) pela autorização de número E-07/300.011/09.

SUMÁRIO

RESUMO	01
ABSTRACT	02
INTRODUÇÃO	03
A IMPORTÂNCIA DA BIOTA INSULAR PARA A COMPREENSÃO DE PROCESSOS EVOLUTIVOS	03
A INFLUÊNCIA DA COLONIZAÇÃO E EXTINÇÃO NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES INSULARES	06
<i>Colonização</i>	06
<i>Extinção</i>	08
ABELHAS COMO MODELO PARA ESTUDOS DE GENÉTICA DE POPULAÇÕES INSULARES	10
ESPÉCIES ESTUDADAS	14
<i>Tetragonisca angustula</i> (Latreille, 1811)	14
<i>Bombus (Fervidobombus) morio</i> (Swederus, 1787)	18
OBJETIVO	22
MATERIAIS E MÉTODOS	23
ÁREA DE ESTUDO	23
<i>Ilhas</i>	23
<i>Continente (regiões costeiras)</i>	27
<i>Continente (interior)</i>	29
COLETA	32
EXTRAÇÃO DE DNA	35
DNA MITOCONDRIAL	36
<i>Amplificação</i>	36
<i>Sequenciamento</i>	36
<i>Análise</i>	37
MICROSSATÉLITES	38
<i>Amplificação</i>	38
<i>Genotipagem</i>	40
<i>Análise</i>	41
RESULTADOS	44
PARTE 1. <i>Tetragonisca angustula</i>	44

OCORRÊNCIA NAS ILHAS	44
NÚMERO DE INDIVÍDUOS ANALISADOS	45
DNA MITOCONDRIAL	45
<i>Diversidade genética</i>	46
<i>Estruturação populacional</i>	49
MICROSSATÉLITES	52
<i>Diversidade genética</i>	53
<i>Estruturação populacional</i>	56
PARTE 2. <i>Bombus morio</i>	58
OCORRÊNCIA NAS ILHAS	58
NÚMERO DE INDIVÍDUOS ANALISADOS	58
DNA MITOCONDRIAL	58
<i>Diversidade genética</i>	59
<i>Estruturação populacional</i>	62
MICROSSATÉLITES	65
<i>Diversidade genética</i>	66
<i>Estruturação populacional</i>	69
DISCUSSÃO	72
PARTE 1. <i>Tetragonisca angustula</i>	72
OCORRÊNCIA NAS ILHAS	72
ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL	73
<i>Populações insulares e continentais próximas</i>	75
<i>A divergência de PUNI e FOZI das outras populações</i>	76
DIVERSIDADE GENÉTICA.....	77
<i>DNA mitocondrial</i>	77
<i>Microsatélites</i>	78
PARTE 2. <i>Bombus morio</i>	80
OCORRÊNCIA NAS ILHAS	80
ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL	80
<i>Populações insulares e continentais próximas</i>	82
<i>A divergência entre TSAM e as outras populações</i>	82
DIVERSIDADE GENÉTICA.....	83
<i>DNA mitocondrial</i>	83
<i>Microsatélites</i>	84
CONSIDERAÇÕES GERAIS	86
CONCLUSÃO	93

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	94
APÊNDICE	106
APÊNDICE A – Material suplementar da seção Materiais e Métodos	106
APÊNDICE B – Material suplementar da seção Resultados – <i>Tetragonisca angustula</i>	145
APÊNDICE C – Material suplementar da seção Resultados – <i>Bombus morio</i>	156

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Interações entre fatores determinísticos e estocásticos no processo de risco de extinção de espécies. Adaptado de Frankham *et al.* (2004) 09
- Figura 2.** Operária de *Tetragonisca angustula* em voo. Figura modificada. Fotografia original: Luís Adrián Florit. Disponível em http://luis.impa.br/foto/00_abelhas-vespas.html#jatai. Acesso em 23 de abril de 2012. Utilizada com permissão do autor 15
- Figura 3.** (a) Ninho de *Tetragonisca angustula* em tronco de árvore. A seta aponta a entrada do ninho. (b) Detalhe da entrada no ninho apresentando o tubo de cera característico. Fotografias: Flávio de Oliveira Francisco 16
- Figura 4.** Ninhos de *T. angustula*. (a, c, e) Setas apontam as entradas dos ninhos. (b, d, e) Detalhes das entradas mostrando o tubo de cera característico. Fotografias: Flávio de Oliveira Francisco 17
- Figura 5.** (a) Fêmea de *Bombus morio* forrageando em flor de *Agapanthus* sp. (b) Variação de tamanho entre operárias de *B. morio*. Fotografias: (a) Elaine Françoise e (b) Flávio de Oliveira Francisco 20
- Figura 6.** Localização dos 25 locais visitados durante as coletas, nas regiões Sul e Sudeste. 1: TERE. 2: RESE. 3: PASQ. 4: ANGR. 5: IGRA. 6: IANC. 7: ITMD. 8: SSEB. 9: IBEL. 10: IBUZ. 11: IVIT. 12: IMTG. 13: GUAP. 14: ICOM. 15: ICAR. 16: APIA. 17: IMEL. 18: GUAR. 19: BLUM. 20: SJOS. 21: ISCA. 22: PRUD. 23: PUNI. 24: FOZI. 25: TSAM. Ver significado do código das populações no texto. Em verde estão representados os remanescentes da Mata Atlântica segundo o IBAMA (siscom.ibama.gov.br/shapes) 32
- Figura 7.** Fluxograma do procedimento operacional padrão utilizado para inclusão ou descarte de indivíduos analisados através dos índices de diversidade e estruturação genética 40
- Figura 8.** Diversidade genética em populações continentais e insulares de *Tetragonisca angustula*. *h*: diversidade haplotípica. π : diversidade nucleotídica. Barras representam desvios-padrão 47
- Figura 9.** Diversidade genética em três populações continentais (ANGR, SSEB e GUAP) e insulares de *Tetragonisca angustula*. *h*: diversidade haplotípica. π : diversidade nucleotídica. Barras representam desvios-padrão. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações 47
- Figura 10.** Diversidade genética em 17 populações de *Tetragonisca angustula*. *h*: diversidade haplotípica. π : diversidade nucleotídica. No eixo horizontal estão os códigos das populações (ver Materiais e Métodos) 48
- Figura 11.** Relações entre diversidade genética (■ *h*: haplotípica e ♦ π : nucleotídica) e área de coleta no continente (a) e altitude mediana (b) em populações de *Tetragonisca angustula*. As correlações não foram significativas ($P > 0,05$) 49

- Figura 12.** Rede de relacionamento entre os 73 haplótipos mitocondriais observados em *Tetragonisca angustula* nas 17 populações analisadas. As cores referem-se às populações. O tamanho dos círculos refere-se à frequência de cada haplótipo. Linhas entre haplótipos indicam apenas um passo mutacional. Números em vermelho indicam o número de passos mutacionais quando esses são maiores do que um. No detalhe, a mesma rede de haplótipos indicando por cores a localização deles no mapa parcial da região Sul-Sudeste brasileira. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações 51
- Figura 13.** Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos haplótipos mitocondriais e distância geográfica entre populações de *Tetragonisca angustula*. A correlação foi significativa ($R^2 = 0,129$; $P = 0,003$) 52
- Figura 14.** Diversidade genética em populações continentais e insulares de *Tetragonisca angustula*. N_a : número médio de alelos por loco. N_{ar} : número médio de alelos por loco após rarefação. N_e : número efetivo de alelos. Barras representam erros-padrão 53
- Figura 15.** Diversidade genética nas 17 populações de *Tetragonisca angustula*. N_a : número médio de alelos por loco. N_{ar} : número médio de alelos por loco após rarefação. N_e : número efetivo de alelos. Na barra horizontal estão os códigos das populações (ver Materiais e Métodos). Barras representam erros-padrão 54
- Figura 16.** Relações entre diversidade genética (♦número médio de alelos por loco após rarefação e ■número efetivo de alelos) e área de coleta no continente (a) e altitude mediana (b) em populações de *Tetragonisca angustula*. As correlações não foram significativas ($P > 0,05$) 55
- Figura 17.** Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos microssatélites e distância geográfica entre populações de *Tetragonisca angustula*. A correlação foi significativa ($R^2 = 0,207$; $P = 0,000$) 56
- Figura 18.** (a) Probabilidade de atribuição posterior (eixo vertical) de genótipos individuais (eixo horizontal) para cada um dos três grupos (vermelho, azul e verde) definidos pelo STRUCTURE. (b) Detalhe do mapa da região Sul-Sudeste do Brasil apresentando a proporção dos três grupos representados em cada população de *Tetragonisca angustula*. O tamanho das circunferências é proporcional ao tamanho amostral. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações 57
- Figura 19.** Diversidade genética em populações continentais e insulares de *Bombus morio*. h : diversidade haplotípica. π : diversidade nucleotídica. Barras representam desvios-padrão 60
- Figura 20.** Diversidade genética nas 24 populações de *Bombus morio*. h : diversidade haplotípica. π : diversidade nucleotídica. No eixo horizontal estão os códigos das populações (ver Materiais e Métodos) 61
- Figura 21.** Relações entre diversidade genética (□ h : haplotípica e ♦ π : nucleotídica) e área de coleta no continente (a) e altitude mediana (b) em populações de *Bombus morio*. As relações não foram significativas ($P > 0,05$) 62

- Figura 22.** Rede de relacionamento entre os 100 haplótipos mitocondriais observados em *Bombus morio* nas 24 populações analisadas. As cores referem-se às populações. O tamanho dos círculos refere-se à frequência de cada haplótipo. Linhas entre haplótipos indicam apenas um passo mutacional. Números em vermelho indicam números de passos mutacionais quando esses são maiores do que um. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações 64
- Figura 23.** Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos haplótipos mitocondriais e distância geográfica entre populações de *Bombus morio*. A correlação foi significativa ($R^2 = 0,113$; $P = 0,009$)..... 65
- Figura 24.** Diversidade genética em populações continentais e insulares de *Bombus morio*. N_a : número médio de alelos por loco. N_{ar} : número médio de alelos por loco após rarefação. N_e : número efetivo de alelos. Barras representam erros-padrão 66
- Figura 25.** Diversidade genética nas 24 populações de *Bombus morio*. N_a : número médio de alelos por loco. N_{ar} : número médio de alelos por loco após rarefação. N_e : número efetivo de alelos. Na barra horizontal estão os códigos das populações (ver Materiais e Métodos). Barras representam erros-padrão 67
- Figura 26.** Relações entre diversidade genética (◆ número médio de alelos por loco após rarefação e ■ número efetivo de alelos) e área de coleta no continente (a) e altitude mediana (b) em populações de *Bombus morio*. As correlações não foram significativas ($P > 0,05$)..... 68
- Figura 27.** Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos microssatélites e distância geográfica entre populações de *Bombus morio*. A correlação não foi significativa ($R^2 = 0,019$; $P = 0,147$)..... 70
- Figura 28.** (a) Probabilidade de atribuição posterior (eixo vertical) de genótipos individuais (eixo horizontal) para cada um dos três grupos (laranja, azul e amarelo) definidos pelo STRUCTURE. (b) Detalhe do mapa da região Sul-Sudeste do Brasil apresentando a proporção dos três grupos representados em cada população de *Bombus morio*. O tamanho das circunferências é proporcional ao tamanho amostral. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações 71

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Dados geográficos das áreas de coleta de <i>Tetragonisca angustula</i> . N: número de indivíduos coletados. A: área (km ²). DC: distância do continente (km). AM: altitude mediana (m)	34
Tabela 2. Dados geográficos das áreas de coleta de <i>Bombus morio</i> . N: número de indivíduos coletados. A: área (km ²). DC: distância do continente (km). AM: altitude mediana (m).....	35
Tabela 3. Condições de amplificação e concentração (mM) final de MgCl ₂ para amplificação dos locos de microssatélites de <i>Tetragonisca angustula</i> (iniciadores Tang) e <i>Bombus morio</i> (iniciadores BM e BT)	39
Tabela 4. Informações sobre os genes mitocondriais sequenciados em <i>Tetragonisca angustula</i>	46
Tabela 5. Coeficientes de endocruzamento (F_{IS}) para as populações de <i>Tetragonisca angustula</i> . Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações	56
Tabela 6. Informações sobre os genes mitocondriais parcialmente sequenciados em <i>Bombus morio</i>	59
Tabela 7. Coeficientes de endocruzamento (F_{IS}) para as populações de <i>Bombus morio</i> . Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.....	69

Resumo

Durante muito tempo as ilhas vêm sendo fundamentais para pesquisa em ecologia e biologia evolutiva. Esses estudos tornaram possível a elaboração de importantes teorias nesses campos e que puderam ser extrapoladas para diversos outros ambientes. O aumento dos desmatamentos e da fragmentação de habitats tem levado ao isolamento dos organismos em “ilhas” dentro do continente. A perda de diversidade em fragmentos é uma situação preocupante. Populações restritas a ilhas ou fragmentos possuem maior probabilidade de extinção. As abelhas possuem um papel fundamental nos ecossistemas e por isso a extinção de uma população terá impacto nos outros níveis tróficos. Em virtude disso, o objetivo desse trabalho foi testar a hipótese de que populações das abelhas *Tetragonisca angustula* e *Bombus morio* de ilhas com mais de 100 ha localizados nos estados de Santa Catarina (SC), Paraná (PR), São Paulo (SP) e Rio de Janeiro (RJ), e populações continentais em áreas próximas a remanescentes de Mata Atlântica nos estados de Minas Gerais (MG), PR, RJ, SC e SP possuem baixa diversidade genética e, por isso, estariam mais propensas à extinção. Nossos resultados mostraram que a espécie *T. angustula* apresenta alta filopatria de rainhas e baixa diversidade genética mitocondrial. Por outro lado, os microssatélites mostraram menor estruturação e alta/moderada diversidade genética, indicando que os machos são o sexo dispersor. Para a espécie *B. morio*, a diversidade genética observada para ambos os marcadores foi alta, com exceção de duas populações. As fêmeas também apresentaram maior estruturação populacional, enquanto que para os machos essa estruturação praticamente não existiu. Portanto, as populações das espécies *T. angustula* e *B. morio* não apresentam inclinação à extinção. A sobrevivência em ambientes urbanos e a grande capacidade de migração dos machos parecem ser fatores fundamentais para isso. Além disso, essas características parecem ser as responsáveis pelo não isolamento genético entre muitas das populações geograficamente isoladas.

Abstract

Islands have been key research fields on the ecology and evolutionary biology for a long time. The study of their biota has made possible the development of important theories that could be extrapolated to other environments. The increase in deforestation and habitat fragmentation has led to isolation of the organisms in "islands" within the continent. Loss of diversity in fragments is a concern, because nowadays many species only exist in fragments. Populations restricted to islands or fragments have higher probability of extinction. Bees have a key role in ecosystems and the extinction of their populations will impact other trophic levels. The aim of this study was to test the hypothesis that populations of two bee species, *Tetragonisca angustula* and *Bombus morio*, in islands with more than 100 ha located in the states of Santa Catarina (SC), Paraná (PR), São Paulo (SP) and Rio de Janeiro (RJ), and mainland populations in areas near the Atlantic Forest remnants in the states of Minas Gerais (MG), PR, RJ, SC and SP have low genetic diversity and therefore would be more prone to extinction. Our results to *T. angustula* showed low mitochondrial genetic diversity which can be associated to queen philopatry behavior. Moreover, microsatellites showed lower structure and moderate/high genetic diversity, indicating a greater dispersion by males. The genetic diversity observed for *B. morio* for both markers was high, excepting two populations. Females also had higher population structure than detected for males. Therefore, most of *T. angustula* and *B. morio* populations are not prone to extinction, mainly because of their capability to survive in urban environments and high male migration. Therefore, these characteristics seem to be responsible for allowing many of the geographically isolated populations do not present genetic isolation.

INTRODUÇÃO

A IMPORTÂNCIA DA BIOTA INSULAR PARA A COMPREENSÃO DE PROCESSOS EVOLUTIVOS

Estudos de espécies e populações insulares são antigos e começaram com as grandes navegações europeias a partir do século XV. Naquela época era comum que as embarcações levassem naturalistas para a descrição e coleta de espécies dos locais visitados. Dentre essas descrições, destacam-se aquelas referentes às ilhas, pois nas grandes viagens era comum as embarcações pararem nas ilhas para descanso, reparos e obtenção de provisões. Além disso, a biota insular chamava a atenção dos naturalistas pela sua excentricidade (Quammen 1996). Entretanto, alguns naturalistas foram além da descrição e observaram certos padrões na distribuição das espécies. Um desses naturalistas foi Johann Reinhold Forster (1729-1798). Ele observou que ilhas possuíam menos espécies do que áreas correspondentes no continente (Forster 1777) e que ilhas grandes possuíam mais espécies do que ilhas pequenas (Forster 1778). O suíço Augustin Pyramus de Candolle (1778-1841) observou que quanto mais isolada fosse uma ilha, menor era o número de espécies ali encontradas (Brown & Lomolino 1998). O grande geólogo inglês Charles Lyell (1797-1875) também estudou a distribuição de animais e plantas em ilhas e observou que ilhas antigas possuíam mais espécies do que ilhas novas (Quammen 1996). Portanto, esses naturalistas foram os primeiros a notar que o número de espécies de uma ilha está principalmente relacionado ao seu tamanho, isolamento e idade.

Na sua viagem como naturalista do HMS *Beagle*, Charles Robert Darwin (1809-1882) visitou várias ilhas e também observou que estas possuíam menos espécies do que o continente (Darwin 1859). Contudo, essa não foi a principal observação de sua viagem. Ao estudar os espécimes de aves coletados no arquipélago de Galápagos, ele notou que três

diferentes espécies de aves do gênero *Nesomimus* (“mocking-thrushes”) ocupavam três ilhas específicas desse arquipélago (Darwin 1859). Sabendo que o Equador possuía uma espécie de *Nesomimus* e que Galápagos tinha origem vulcânica, ele inferiu que aves originárias do Equador colonizaram o arquipélago e que a diferenciação das espécies ocorreu posteriormente. Tal observação foi uma importante contribuição à sua ideia de diferenciação de espécies pela seleção natural.

O naturalista inglês Alfred Russel Wallace (1823-1913) viajou por muito tempo pelas ilhas do sudeste asiático, onde coletou e descreveu várias espécies, além de estudar o padrão de distribuição das espécies naquelas ilhas. Wallace fez observações muito similares às que Darwin fez com *Nesomimus* em Galápagos, porém a partir de um número maior de espécies (Wallace 1869). Mas ao contrário de Darwin, que só estudou *Nesomimus* quando estava de volta à Inglaterra, Wallace ainda estava nas ilhas quando concebeu a ideia e escreveu o manuscrito sobre como espécies poderiam divergir como resultado de pressões ambientais (Claridge 2009). Dessa maneira, o estudo da biota insular foi fundamental para o nascimento da Teoria da Evolução.

Edward Osborne Wilson (1929-) foi outro pesquisador cujo trabalho com ilhas o levou ao desenvolvimento de uma importante teoria para a biologia: a Teoria da Biogeografia de Ilhas. Após retornar de uma viagem pelas ilhas do Pacífico Sul, onde estudou vários aspectos da biologia de formigas, Wilson e o matemático/ecólogo Robert Helmer MacArthur (1930-1972) resolveram organizar toda a informação existente sobre a biogeografia de organismos insulares (Wilson 1997). Toda essa organização acabou resultando no desenvolvimento de uma teoria que serviu para explicar aqueles padrões observados por Forster e Candolle, isto é, ilhas pequenas possuem menos espécies porque apresentam alta taxa de extinção, enquanto que ilhas isoladas possuem menos espécies porque apresentam menores taxas de colonização (MacArthur & Wilson 1963, 1967). Além disso, eles postularam que o número de espécies de

uma ilha seria constante no momento em que o número de espécies novas que chegassem (colonização) fosse igual ao número de espécies extintas (MacArthur & Wilson 1963, 1967). Apesar de usarem dados da recolonização da ilha de Cracatoa após uma erupção vulcânica, Wilson sentia a necessidade de comprovar sua teoria através de experimentos controlados e replicados. Wilson e seu aluno de doutorado Daniel S. Simberloff defaunizaram algumas ilhas de mangue de diferentes tamanhos e graus de isolamento e estudaram todo o processo de recolonização (Wilson & Simberloff 1969). Eles observaram que a recolonização era mais rápida em ilhas maiores e próximas da costa e que estas também atingiam o equilíbrio mais rápido (Simberloff & Wilson 1969), comprovando a teoria.

A Teoria da Biogeografia de Ilhas teve um grande impacto na comunidade científica porque ela também podia ser aplicada ao continente (Quammen 1996). Naquela época já era comum a preocupação com o aumento dos desmatamentos e fragmentação de habitats, cuja consequência era o isolamento dos organismos em “ilhas” dentro do continente. Assim, a Teoria da Biogeografia de Ilhas foi usada como referência em propostas de delineamento de reservas naturais (Diamond 1975). Por exemplo, uma reserva grande seria melhor para preservação de um maior número de espécies do que uma pequena ou do que várias pequenas; ou ainda, reservas próximas seriam melhores do que reservas isoladas. Entretanto, alguns pesquisadores foram contra esse tipo de lógica, alegando que o delineamento de cada reserva deveria ser estudado individualmente, pois em alguns casos preservar a diversidade de habitats poderia ser mais importante do que a área (Simberloff & Abele 1976). Com o objetivo de testar os efeitos da área e isolamento de fragmentos na Floresta Amazônica sobre a sua biota, foi criado em 1979 o Projeto Dinâmica Biológica de Fragmentos Florestais (Laurance *et al.* 2011). Foi observada diminuição do número de espécies em todos os fragmentos, sendo que a perda foi maior em fragmentos menores e mais isolados (Laurance *et al.* 2011).

A perda de diversidade em fragmentos é uma situação preocupante, principalmente porque atualmente estamos vivendo numa época em que muitas espécies estão restritas a fragmentos, não possuindo mais populações “continentais”, isto é, um grande habitat contínuo de fonte inesgotável de migrantes (Quammen 1996).

A INFLUÊNCIA DA COLONIZAÇÃO E EXTINÇÃO NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES INSULARES

Uma vez que a colonização e a extinção foram identificadas como os principais eventos que influenciam a diversidade de espécies nas ilhas, podemos analisar com mais detalhes sua relação com a diversidade genética de populações insulares.

Colonização

Ilhas podem ser classificadas em três tipos, de acordo com sua origem (Wallace 1895; Ângelo 1989):

1. Oceânicas: formadas no meio do oceano e nunca estiveram conectadas ao continente. Podem ter origem vulcânica ou coralínea. Não possuem nenhuma forma de vida no momento de sua formação;
2. Continentais: fazem parte da plataforma continental e já estiveram conectadas ao continente. Contam com uma comunidade de espécies no momento de sua formação;
3. Sedimentares: formadas por depósitos arenosos. Podem se originar no meio do oceano, sobre um substrato de origem vulcânica ou coralínea; ou ainda próximo ao continente, onde a profundidade do mar é baixa. Também não possuem nenhuma forma de vida no momento de sua formação;

O processo de colonização de uma ilha está relacionado ao comportamento de migração ou dispersão dos organismos (Olivieri 2009). Ilhas podem ser colonizadas por organismos que voam, que nadam, que pegam carona naqueles primeiros, que pegam carona em pedaços de vegetação flutuantes, ou ainda por aqueles que são carregados pelo vento, água ou humanos (Quammen 1996; Abegg 2009; Roderick & Vernon 2009).

A variabilidade genética de uma população insular recém-formada será baixa devido ao efeito fundador, pois os organismos colonizadores (ou fundadores) carregam consigo somente uma pequena fração da variabilidade genética total da população original (Mayr 1942). O mesmo acontece com populações que se tornam isoladas após a insularização, ou seja, após um afunilamento populacional (Frankham 1997). Em ambos os casos, a frequência dos alelos da população colonizadora será diferente da população original, levando à diferenciação genética entre elas e, eventualmente, à especiação (Mayr 1942).

Outra característica que as populações colonizadoras apresentam e que influencia na sua variabilidade genética é o seu pequeno tamanho (Frankham 1997). Populações pequenas estão mais sujeitas à perda de variabilidade genética pela ação da deriva (Wright 1931). Além disso, a deriva também tem como consequência a estruturação genética entre populações, pois a mudança aleatória da frequência dos alelos na população insular, a tornará diferente da população original (Slatkin 1987). Desse modo, espera-se que populações de ilhas pequenas possuam menor variabilidade genética e estejam mais diferenciadas geneticamente do que populações de grandes ilhas (Jaenike 1973).

Dois processos evolutivos que podem aumentar a variabilidade genética de populações são a mutação e a migração, sendo que a última também leva à diminuição da estruturação populacional (Wright 1931). Ilhas distantes recebem menos migrantes (menos alelos novos)

do que ilhas próximas do continente, portanto devem possuir menor variabilidade genética e maior estruturação genética (Jaenike 1973).

Extinção

De uma maneira geral, os fatores que levam as populações ou espécies à extinção podem ser divididos em determinísticos e estocásticos (Frankham *et al.* 2004). Os fatores determinísticos são aqueles associados à ação humana, como por exemplo, desmatamento, superexploração, poluição e introdução de espécies exóticas (Frankham *et al.* 2004). Os fatores estocásticos podem ser subdivididos em (Shaffer 1981):

- Demográficos: flutuações naturais nas taxas de natalidade, mortalidade e razão sexual;
- Ambientais: variação temporal de chuvas, temperatura, competidores, predadores, fontes de comida etc;
- Catástrofes: inundações, queimadas, secas, ciclones, invernos rigorosos etc;
- Genéticos: perda de variabilidade genética, endogamia e acúmulo de mutações deletérias.

O efeito desses fatores aumenta à medida que o tamanho populacional é reduzido (Shaffer 1981). Extinções ocorrem como resultado da combinação de todos esses fatores, que interagem formando um vórtice de extinção (Figura 1).

A maior parte das espécies que viveram em ilhas está extinta (Gaston 2009). Desde 1600, a maioria das extinções catalogadas para mamíferos, aves e répteis foi para espécies insulares (Frankham 1997). Através da destruição de habitat, predação direta, introdução de espécies exóticas e difusão de doenças, os humanos têm sido os principais responsáveis pela extinção de espécies insulares (Frankham 1998). Devido à complexidade dos sistemas ecológicos, a extinção de uma espécie ou população pode causar desequilíbrio na comunidade insular (Diamond 1984), pois junto com a espécie (ou população), perdem-se também as interações ecológicas (Gaston 2009). A alteração numa dessas interações, como por exemplo, a relação predador-presa, pode causar um efeito cascata nos níveis tróficos inferiores (cascata trófica), como o caso da extinção de aves que nidificavam no solo na Ilha de Barro Colorado no Panamá. Devido à insularização causada pela construção do canal do Panamá, houve a extinção local dos grandes predadores (jaguars, pumas, harpias) e isso levou ao aumento

populacional de suas presas (macacos, quatis, porcos-do-mato, gambás etc.) que por sua vez eram os predadores de aves que nidificavam no solo (Diamond 1984).

Dentre os fatores estocásticos, a baixa diversidade genética nas populações insulares representa alto risco de extinção, pois a existência de variabilidade genética na população é fundamental para que ocorra seleção natural (Ayala 1965). A endogamia é uma consequência natural do número populacional reduzido nas ilhas, sendo prejudicial porque diminui o número de heterozigotos na população e leva à exposição dos alelos recessivos deletérios a homozigose, diminuindo o valor adaptativo de seu portador ou até levando-o à morte no caso de um alelo letal (Frankham 1998). Dados de populações de aves e mamíferos mostram que a endogamia pode afetar características como massa corporal, taxas de sobrevivência e reprodução além de resistência à predação, a doenças e ao estresse ambiental (Keller & Waller 2002). Entretanto, níveis de endogamia variam dependendo do táxon (Keller & Waller 2002) e podem estar relacionados com características comportamentais, como seleção sexual (Jarzebowska & Radwan 2010).

ABELHAS COMO MODELO PARA ESTUDOS DE GENÉTICA DE POPULAÇÕES INSULARES

O Brasil é um país de muitas ilhas. Só o estado de São Paulo tem 106 (Ângelo 1989), as quais foram, ou ainda estão, sujeitas a diversas alterações antropogênicas (Cicchi *et al.* 2007). A abundância dessas áreas no Brasil oferece oportunidade para testes de hipóteses a respeito da diversidade e estruturação genética de populações insulares naturais, campo ainda pouquíssimo explorado. Os estudos realizados até o momento focaram algumas espécies de vertebrados (Pellegrino *et al.* 2005; Graziotin *et al.* 2006; Kanitz 2009; Bell *et al.* 2012). Apesar de seu papel fundamental no ecossistema, não se sabe nada sobre a biologia das

populações insulares de abelhas. Esse grupo apresenta características genéticas que o torna excelente material biológico para estudo da consequência do tamanho populacional reduzido em ilhas naturais ou em fragmentos florestais.

As abelhas são insetos haplodiploides, em que os machos são haploides e as fêmeas são diploides. Em teoria, os organismos haplodiploides deveriam possuir uma menor variabilidade genética do que os organismos diploides, devido à rápida eliminação dos alelos deletérios e fixação dos alelos vantajosos via machos (Suomalainen 1962) e ao seu menor número populacional efetivo (Crozier 1976). Estudos com locos enzimáticos e microsatélites de fato mostraram menor variabilidade genética em insetos haplodiploides (Metcalf *et al.* 1975; Pamilo *et al.* 1978; Lester & Selander 1979; Berkelhamer 1983; Hedrick & Parker 1997; Packer & Owen 2001).

Outra característica que algumas espécies de abelhas possuem, e que teoricamente pode diminuir sua variabilidade genética, é a eussocialidade. Em espécies eussociais, os indivíduos reprodutivos são apenas as rainhas e os machos. Dessa maneira, por apresentarem menos indivíduos reprodutivos por área, essas espécies possuem menor tamanho populacional efetivo do que espécies de abelhas solitárias (Pamilo *et al.* 1978). Contudo, não foram encontradas diferenças significativas na variabilidade genética entre espécies eussociais e solitárias (Pamilo *et al.* 1978; Berkelhamer 1983; Hedrick & Parker 1997; Packer & Owen 2001).

Como já foi comentado anteriormente, a baixa variabilidade genética é prejudicial às populações por estar relacionada à baixa capacidade adaptativa e ao aumento da sua probabilidade de extinção. Entretanto, existe outra consequência negativa cujos efeitos são praticamente imediatos. Em abelhas, foi descoberto que a baixa variabilidade genética diminui a imunocompetência em *Bombus muscorum* (Whitehorn *et al.* 2011) e aumenta a ocorrência de infecções em *Apis* e *Bombus* (Baer & Schmid-Hempel 2001; Tarpay 2003;

Cameron *et al.* 2011; Whitehorn *et al.* 2011). Portanto, esse é mais um processo pelo qual populações com baixa diversidade genética podem diminuir seu tamanho populacional e até se extinguir.

A determinação do sexo nas abelhas, e na ordem Hymenoptera de uma maneira geral, ocorre primordialmente através da partenogênese arrenótoca, em que ovos fecundados dão origem a fêmeas e ovos não fecundados dão origem a machos (Heimpel & de Boer 2008). Entretanto, a descoberta de machos diploides na espécie de vespa *Habrobracon juglandi* (atualmente conhecida como *Bracon hebetor*) em situação de endocruzamento levou à formulação da hipótese de um sistema complementar de determinação do sexo, chamado de CSD (do inglês “Complementary Sex Determination”) (Whiting 1933). De acordo com essa hipótese, a determinação sexual nesses organismos se daria por um loco com alelos múltiplos que em homozigose ou hemizigose originaria machos e que em heterozigose originaria fêmeas (Whiting 1943). Posteriormente, descobriu-se que o CSD também estava presente em abelhas (Mackensen 1951) e em outros Hymenoptera (van Wilgenburg *et al.* 2006). Em uma abordagem filogenética recente foi verificado que o CSD parece ser a forma ancestral de determinação do sexo em Hymenoptera (Asplen *et al.* 2009). O loco da determinação sexual (LDS) foi mapeado na vespa *Bracon* sp. (Holloway *et al.* 2000) e nas abelhas *Apis mellifera* (Hunt & Page 1994) e *Bombus terrestris* (Gadau *et al.* 2001). Esse mapeamento permitiu a identificação de dois genes envolvidos na determinação do sexo em *A. mellifera*: o gene “complementary sex determiner” (*csd*) e o gene “feminizer” (*fem*) (Beye *et al.* 2003; Hasselmann *et al.* 2008). O *csd* é uma duplicação do *fem*, e até o momento só foi identificado em três espécies do gênero *Apis* (tribo Apini), enquanto que o *fem* também foi encontrado em *Bombus terrestris* (Bombini) e *Melipona compressipes* (Meliponini) (Hasselmann *et al.* 2008). Em *A. mellifera*, indivíduos heterozigotos para o *csd* codificam um fator de “splicing” que age no RNA mensageiro (RNAm) do *fem*. Esse “splicing” permite a codificação normal

do produto do *fem*, que está envolvido no desenvolvimento de fêmeas (Hasselmann *et al.* 2008). Indivíduos hemi/homozigotos para o *csd* não geram produto e sem o “splicing” adequado, um códon de parada no exon 3 do *fem* impede sua tradução completa (Hasselmann *et al.* 2008). A ausência do produto do *fem* gera o desenvolvimento de machos. Portanto, machos diploides são formados quando o alelo sexual do macho haploide for igual a um dos alelos sexuais da fêmea que ele fecundou. Isso ocorre em populações com baixa diversidade desses alelos sexuais. A produção de machos diploides é prejudicial à colônia, pois além de serem inviáveis ou estéreis, eles não participam da obtenção de recursos e nem da manutenção da colônia (Zayed 2009). Como resultado, pode ocorrer o colapso da colônia, pois há diminuição da sua taxa de crescimento, e consequentemente, diminuição do número efetivo da população (Cook & Crozier 1995). Portanto, a produção de machos diploides faz parte de um vórtice que pode levar uma população à extinção, pois com a diminuição do tamanho populacional aumentam-se as chances de endocruzamentos e dos efeitos da deriva genética, levando à perda de diversidade de alelos sexuais (Zayed & Packer 2005). Dessa forma, mais deriva e mais endocruzamento significam mais machos diploides e o ciclo se reinicia, de maneira semelhante ao apresentado na figura 1.

O fato das abelhas se alimentarem de néctar e pólen das flores, as tornam peças fundamentais no processo de polinização e reprodução das plantas. A diminuição ou extinção de uma população local de abelhas pode ser prejudicial não somente para as plantas, mas também para outros organismos. Por exemplo, na Reserva de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá, no Amazonas, a diminuição do número de ninhos de abelhas do gênero *Melipona* causou redução na população de macacos uacarís. Isso porque estas abelhas são polinizadoras de árvores frutíferas, e esses frutos fazem parte da dieta desses mamíferos (Kerr 1997).

Portanto, o estudo genético de populações de abelhas distribuídas nas ilhas da costa brasileira e em áreas continentais podem fornecer dados importantes, pois tal como discutido

acima, populações isoladas apresentam maior risco de extinção devido à homozigose no LDS, o que pode impactar negativamente outras espécies. Ainda, devido à grande diversidade de espécies, de hábitos de nidificação e dispersão é interessante verificar as consequências do isolamento geográfico para a diversidade genética de espécies que apresentem características diferentes.

Em vista do exposto acima, no presente trabalho foram estudadas populações de duas espécies de abelhas com características biológicas distintas, em ilhas com mais de 100 ha localizados nos estados de Santa Catarina (SC), Paraná (PR), São Paulo (SP) e Rio de Janeiro (RJ), e em áreas próximas a remanescentes de Mata Atlântica nos estados de Minas Gerais (MG), PR, RJ, SC e SP. Para a avaliação da diversidade genética das populações foram usados marcadores moleculares que apresentam características específicas que permitem avaliar a influência da capacidade de dispersão de fêmeas (DNA mitocondrial) e de machos (microssatélites) para a composição genética das populações.

ESPÉCIES ESTUDADAS

A escolha das espécies foi baseada na grande distinção de características biológicas como nível de socialidade, diferença de tamanho corporal, diferença na capacidade de dispersão, além da facilidade de identificação morfológica no campo. Desse modo, as espécies estudadas foram *Tetragonisca angustula* (Latreille, 1811) e *Bombus* (*Fervidobombus*) *morio* (Swederus, 1787).

Tetragonisca angustula (Latreille, 1811)

É uma espécie de abelha generalista (visita flores de várias espécies de plantas) e é conhecida popularmente no Brasil como jataí. Pertence à família Apidae, subfamília Apinae e

tribo Meliponini (Camargo & Pedro 2008). Assim como todas as espécies dessa tribo, as abelhas dessa espécie apresentam comportamento altamente eussocial. Esse tipo de comportamento implica em sobreposição de gerações, divisão do trabalho com um sistema de castas, cuidado cooperativo da prole e diferenças morfológicas entre rainhas e operárias (Michener 2007). As operárias de *T. angustula* caracterizam-se morfológicamente pelo corpo pequeno (aproximadamente 4-5 mm de comprimento) e por apresentarem a corbícula (concavidade na tíbia posterior) extremamente pequena (Michener 2007) (Figura 2). Em abelhas altamente eussociais, todas as operárias são morfológicamente iguais. Contudo, em *T. angustula* existe um grupo de operárias “guardas” (protegem o ninho) que apresentam pernas maiores e cabeças menores do que as forrageiras (Grüter *et al.* 2012).

Figura 2. Operária de *Tetragonisca angustula* em voo. Fotografia original: Luís Adrián Florit. Disponível em http://luis.impa.br/foto/00_abelhas_espas.html#jatai. Acesso em 23 de abril de 2012. Utilizada com permissão do autor.

A distribuição de *T. angustula* é muito ampla. Ela pode ser encontrada desde o estado de Veracruz, no México até o estado brasileiro do Rio Grande do Sul (Silveira *et al.* 2002;

Michener 2007). Entretanto, essa distribuição está restrita a locais que ofereçam abundância de flores ao longo do ano, pois as abelhas alimentam-se exclusivamente de néctar e pólen e os seus ninhos são bem populosos, podendo chegar a até 5.000 indivíduos (Lindauer & Kerr 1960).

As abelhas costumam fazer seus ninhos dentro de troncos de árvores (Figura 3), mas é possível encontrá-las também em cavidades de outra natureza (Figura 4), como paredes e muros, substratos comuns em ambientes urbanos.

O processo de construção de um novo ninho em *T. angustula* (e em Meliponini, em geral) está estritamente relacionado ao seu processo de reprodução e dispersão. A nidificação tem início quando operárias começam a procurar um local para a construção do novo ninho. Essa busca é feita dentro da sua área de forrageio (van Veen & Sommeijer 2000a). As

operárias de *T. angustula* costumam voar num raio de até 500 m do seu ninho, o que significa que o novo ninho estará no máximo a poucas centenas de metros do ninho “mãe” (Nogueira-Neto 1954, 1997). Depois de escolhido o local, várias operárias iniciam sua limpeza e a construção de um tubo de entrada (van Veen & Sommeijer 2000b). Concomitantemente, é iniciado o transporte de cerume (cera+própolis), própolis (resina vegetal+cera) e mel do ninho “mãe” para esse local (Nogueira-Neto 1997). Esse transporte pode durar poucos dias (van Veen & Sommeijer 2000a) ou poucos meses (Nogueira-Neto 1997). Em um determinado momento, centenas de machos se agregam próximos ao ninho “mãe”, provavelmente atraídos pelo feromônio liberado por uma rainha jovem que tenha iniciado a ativação de seus ovários (van Veen & Sommeijer 2000b). Então, entre 3 a 8 dias de idade, essa rainha jovem abandona o ninho “mãe” e segue para o novo ninho acompanhada por centenas de operárias (van Veen & Sommeijer 2000b). Os machos também seguem a rainha jovem, e ficam agregados na entrada do novo ninho. No dia seguinte, a rainha jovem sai para o acasalamento e é cercada pelos machos (Imperatriz-Fonseca *et al.* 1998). O macho que tem sucesso na cópula morre em seguida, pois sua genitália, ou parte dela, permanece acoplada à genitália da rainha (Michener 2007). A rainha jovem, fecundada, volta ao seu ninho e depois de aproximadamente uma semana começa a ovipor (van Veen & Sommeijer 2000b). O transporte de materiais do ninho “mãe” pode ainda durar alguns meses (Nogueira-Neto 1997). Esse tipo de dependência também limita a distância entre os dois ninhos. Colônias de *T. angustula* em ambientes florestais se reproduzem numa taxa de uma vez a cada dois anos (Slaa 2006).

Bombus (Fervidobombus) morio (Swederus, 1787)

No Brasil, seu nome popular é mamangava ou mamangaba. A espécie pertence à família Apidae, subfamília Apinae e tribo Bombini (Moure & Melo 2008). São abelhas generalistas e de comportamento primitivamente eussocial, devido à ausência de diferenças

morfológicas entre rainhas e operárias (Michener 2007). Com relação ao tamanho do corpo, os indivíduos possuem cerca de 25 mm de comprimento, mas é observada uma grande variação (Figura 5), inclusive entre indivíduos de um mesmo ninho (Garófalo 1980).

A distribuição dessa espécie ainda não está muito bem definida. Atualmente, os extremos da sua ocorrência estão representados por indivíduos encontrados em Buenos Aires (Argentina), Carabobo (Venezuela) e Lima (Peru) (Moure & Sakagami 1962; Moure & Melo 2008). No Brasil, distribui-se do RS até BA e MT (Moure & Melo 2008). Embora *B. morio* possa ser encontrada em locais com diferentes tipos de vegetação, ela é mais comumente encontrada em ambientes de floresta tropical e de vegetação litorânea (Moure & Sakagami 1962).

A população intranidal é composta por uma rainha e aproximadamente 60-70 operárias (Laroca 1976; Garófalo 1978). Assim como outras espécies do gênero, costumam nidificar no chão sob detritos vegetais e moitas ou em cavidades formadas por roedores, aves e cupins (Moure & Sakagami 1962; Laroca 1976; Silveira *et al.* 2002; Michener 2007).

O processo de nidificação em *Bombus* começa quando uma rainha jovem e fértil sai do ninho onde nasceu e é fecundada por um macho. Os machos e rainhas podem copular mais de uma vez, embora isso seja raro para as últimas (Garófalo *et al.* 1986). A rainha fecundada começa a procurar um lugar adequado para fundar o ninho. Assim que encontra, essa rainha

realiza todas as atividades necessárias para a manutenção de um ninho, como por exemplo, a coleta de alimento, o aprovisionamento de células e a alimentação das larvas (Garófalo 1979; Michener 2007). A partir do momento que as operárias nascem, a divisão de trabalho é estabelecida (Michener 2007) e a rainha não sai mais do ninho (Laroca 1976). O processo de fundação de novos ninhos em *B. morio* acontece pelo menos duas vezes por ano (Camillo & Garófalo 1989). Ao contrário do que ocorre em Meliponini, não há qualquer tipo de vínculo do novo ninho com o ninho em que a rainha nasceu, não havendo, portanto, a necessidade deles estarem próximos.

OBJETIVO

O objetivo desse trabalho foi testar as seguintes hipóteses:

1. A diversidade genética de populações insulares é menor do que a de populações continentais;
2. A área, o isolamento e a idade da ilha influenciam a diversidade genética das populações;
3. As populações insulares estão estruturadas;
4. As populações continentais não estão estruturadas;
5. As hipóteses acima são válidas para espécies de abelhas de características biológicas distintas.

MATERIAIS E MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDO

Para fim descritivo a área de estudo foi dividida primariamente em duas partes: ilhas e continente. Por sua vez, o continente foi subdividido em regiões costeiras e interior.

Ilhas

As coletas foram realizadas em ilhas maiores do que um quilômetro quadrado (100 ha) e com vegetação arbórea localizadas nos estados de RJ, SP, PR e SC. Todas as ilhas estudadas são continentais e/ou sedimentares, portanto a formação de todas as ilhas estudadas está relacionada a mudanças no nível do mar. Por volta de 17.500 anos antes do presente (AP) o mar encontrava-se a mais de 100 m abaixo do nível atual (Corrêa 1996). Esse recuo do mar coincide com o limite da plataforma continental e, portanto, todas as ilhas existentes hoje na plataforma estavam ligadas ao continente (Ângelo, 1989). Com o aquecimento do clima na Terra, uma elevação global no nível do mar foi causada pelo derretimento de cerca de 70% de todo o gelo que estava nos continentes (Milne *et al.* 2005). Essa elevação foi responsável pela formação das ilhas continentais através do isolamento de esporões e maciços da Serra do Mar (Ângelo 1992). Por volta de 8.000 anos AP, o nível do mar estava aproximadamente 2 m abaixo do nível atual no litoral do RJ (Milne *et al.* 2005). Entre 7.000-6.000 anos AP, o nível do mar ultrapassou o limite atual em poucos metros no litoral sul e sudeste do Brasil (Suguio *et al.* 1985).

Abaixo segue descrição das ilhas estudadas:

1. Ilha Grande (IGRA): localizada no litoral sul do RJ entre as coordenadas 23°04'-23°13'S e 44°05'-44°22'O, a ilha faz parte do município de Angra dos Reis (Apêndice A-1). É a maior ilha desse estado, com uma área de 193 km² (Alho *et al.* 2002). Dista 2 km do continente, embora pequenas ilhas estejam situadas entre esses dois pontos. A ilha apresenta uma grande área coberta por Mata Atlântica e está protegida por três Unidades de Conservação (Parque Estadual da Ilha Grande, Parque Estadual Marinho do Aventureiro e Reserva Biológica Estadual da Praia de Sul). Como a profundidade do canal entre a parte leste ilha e o continente possui cerca de 10-20 m (DHN-MM 1986, 1990), a insularização deve ter ocorrido por volta de 9.000 AP.
2. Ilha Anchieta (IANC, Apêndice A-2): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°31'-23°33'S e 45°02'-45°05'O, faz parte do município de Ubatuba. Possui uma área de 8,28 km² e está a 490 m do continente (Ângelo 1989). A Mata Atlântica foi praticamente destruída e muitas espécies exóticas de plantas e animais foram introduzidas durante o período de construção de um presídio e de outras construções associadas em 1902 (Aranha 2011). Apesar da desativação do presídio em 1955 e da criação do Parque Estadual da Ilha Anchieta em 1977, a vegetação da ilha ainda não se recuperou, sendo muito comum a presença da samambaia *Gleichenella pectinata*, que impede a regeneração da mata (Aranha 2011). Está separada de Ubatuba por um canal de pelo menos 10,5 m de profundidade (DHN-MM 2003a) e a insularização deve ter ocorrido por volta de 8.500 AP.
3. Ilha do Tamanduá (ITMD, Apêndice A-3): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°35'-23°36'S e 45°16'-45°17'O, faz parte do município de Caraguatatuba. Possui uma área de 1,11 km² e está a 540 m do continente (Ângelo

1989). A ilha ainda está em bom estado de preservação. A profundidade do canal que a separa do continente tem pelo menos 2 m (DHN-MM 1985), o que faz com que sua insularização deva ter ocorrido por volta de 8.000 AP.

4. Ilha de São Sebastião (IBEL, Apêndice A-4): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°43'-23°58'S e 45°13'-45°27'O, é a maior ilha do estado e do município de Ilhabela. Possui uma área de 335,93 km² e está a 1,76 km do continente (Ângelo 1989). O grau de preservação da ilha e de sua Mata Atlântica é muito alto. O principal motivo disso é o fato de 85% de sua área estar protegida pelo Parque Estadual da Ilhabela (Yano & Peralta 2008). A profundidade do canal que a separa do continente é menor na face norte da ilha, com profundidade variando entre 11 a 19 m (DHN-MM 1985, 1987). Dessa maneira, a insularização deve ter ocorrido por volta de 9.000 AP.
5. Ilha de Búzios (IBUZ, Apêndice A-5): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°47'-23°49'S e 45°06'-45°09'O, faz parte do município de Ilhabela. Possui uma área de 7,55 km² e dista 24,09 km do continente (Ângelo 1989) e 7,9 km da Ilha de São Sebastião. Está inserida dentro do Parque Estadual da Ilhabela. Pela profundidade do mar ao seu redor, cerca de 34-39 m (DHN-MM 1999), sua insularização deve ter ocorrido por volta de 11.500 AP.
6. Ilha da Vitória (IVIT, Apêndice A-6): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°44'-23°45'S e 45°00'-45°01'O, também faz parte do município de Ilhabela. Possui uma área de 2,21 km² e dista 37,97 km do continente (Ângelo 1989) e 11 km da Ilha de Búzios. A ilha também está inserida dentro do Parque Estadual da

Ilhabela. Sua insularização deve ter ocorrido por volta de 12.000 AP, pois a profundidade do mar ao seu redor varia de entre 42-48 m de profundidade (DHN-MM 1999).

7. Ilha Monte de Trigo (IMTG, Apêndice A-7): localizada no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°51'-23°52'S e 45°46'-45°47'O, faz parte do município de São Sebastião. Possui uma área de 1,30 km² e está a 10,20 km do continente (Ângelo 1989). Devido ao seu terreno acidentado e baixo número populacional, a ilha apresenta bons sinais de preservação. A profundidade do canal que a separa de São Sebastião tem menos de 18 m de profundidade (DHN-MM 1999), o que faz com que a insularização deva ter ocorrido por volta de 9.500 AP.
8. Ilha Comprida (ICOM, Apêndice A-8): localizada no litoral sul de SP entre as coordenadas 24°40'-25°03'S e 47°25'-47°55'O, a ilha constitui o município de mesmo nome. Possui uma área de 200 km² e está a 310 m do continente (Ângelo 1989). A ilha encontra-se dentro da Área de Proteção Ambiental (APA) da Ilha Comprida. É uma ilha de formação majoritariamente sedimentar e holocênica (Suguio *et al.* 2003). Uma pequena área foi insularizada por volta de 5.150 anos AP e após a regressão marinha e o processo de sedimentação, a ilha foi aumentando de tamanho (Suguio *et al.* 2003).
9. Ilha do Cardoso (ICAR, Apêndice A-9): localizada no litoral sul de SP entre as coordenadas 25°03'-25°18'S e 47°53'-48°05'O, faz parte do município de Cananéia. Possui uma área de 225 km² e sua distância mínima do continente é de apenas 80 m (Ângelo 1989). A ilha está protegida pelo Parque Estadual da Ilha do Cardoso e

apresenta uma grande área de floresta primária preservada (Sugiyama 2003). Está separada do continente por um canal de pelo menos 6,5 m de profundidade (DHN-MM 2004a) e deve ter se isolado por volta de 8.500 anos AP.

10. Ilha do Mel (IMEL, Apêndice A-10): localizada no litoral norte do PR, entre as coordenadas 25°29'-25°34'S e 48°17'-48°22'O, faz parte do município de Paranaguá. Possui uma área de 27,62 km² (Dutra & Marinoni 1994). Dista 2,7 km do continente e 1,63 km da Ilha das Peças. Alguns setores de ocupação apresentam um impacto negativo no ambiente local (Esteves 2004), mas a maior parte da ilha (cerca de 93%) e de suas formações vegetais estão protegidas por duas Unidades de Conservação (Estação Ecológica da Ilha do Mel e Parque Estadual da Ilha do Mel). O canal que liga o continente à parte noroeste da ilha tem menos de 10 m de profundidade (DHN-MM 2004b). Isso sugere que a ilha deve ter se isolado por volta de 8.500 anos AP.

11. Ilha de Santa Catarina (ISCA, Apêndice A-11): localizada no litoral central de SC entre as coordenadas 27°23'-27°50'S e 48°21'-48°34'O, faz parte do município de Florianópolis. Possui uma área de 451 km² e está a 500 m do continente (Salvador *et al.* 2009). Unidades de Conservação (uma estadual e algumas municipais) protegem os seus diferentes ecossistemas. A ilha está separada do continente por um canal de baixa profundidade, cerca de 2-4 m (DHN-MM 2003b), o que faz com que sua insularização deva ter ocorrido por volta de 8.000 anos AP.

Continente (regiões costeiras)

Para comparação com populações insulares, as coletas também foram realizadas nas regiões costeiras mais próximas às ilhas:

1. Angra dos Reis e Parati (ANGR, Apêndice A-12): localizados no litoral sul do RJ entre as coordenadas 22°53'-23°18'S e 44°09'-44°45'O, são os municípios continentais mais próximos da IGRA. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Nacional da Serra da Bocaina, à Área de Proteção Ambiental do Cairuçu e ao Parque Estadual de Paraty-mirim.
2. Caraguatatuba e São Sebastião (SSEB, Apêndice A-13): localizados no litoral norte de SP entre as coordenadas 23°42'-23°49'S e 45°23'-45°32'O, são os municípios continentais mais próximos de IBEL, IBUZ, IMTG, ITMD e IVIT. Também foram usadas como referência continental para IANC. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Estadual da Serra do Mar.
3. Iguape (GUAP, Apêndice A-14): localizado no litoral sul de SP entre as coordenadas 24°34'-24°43'S e 45°23'-45°32'O, é o município continental mais próximo de ICOM. Também foi usada como referência continental para ICAR. A região é plana e apresenta boa cobertura de Mata Atlântica. Está próxima à APA de Cananéia-Iguape-Peruíbe e à Estação Ecológica da Juréia-Itatins.
4. Guaratuba, Matinhos e Itapoá (GUAR, Apêndice A-15): localizados no litoral sul do PR e norte de SC entre as coordenadas 25°49'-26°07'S e 48°32'-48°43'O, são os municípios de referência continental para IMEL. Na região, predomina a planície

litorânea e nas áreas não urbanizadas a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Estadual do Boguaçu e à APA de Guaratuba.

5. Biguaçu, Governador Celso Ramos, Palhoça, São José, São Pedro de Alcântara e Tijucas (SJOS, Apêndice A-16): localizados no litoral central de SC entre as coordenadas 27°13'-27°54'S e 48°31'-48°47'O, são os municípios continentais mais próximos de ISCA. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Estadual da Serra do Tabuleiro e à APA de Anhatomirim.

Continente (interior)

Embora elas estejam aqui agrupadas como “interior”, vale ressaltar que são locais muito distintos em termos de clima, altitude e composição da biota, por exemplo. Foram priorizadas áreas próximas a remanescentes de Mata Atlântica:

1. Petrópolis e Teresópolis (TERE, Apêndice A-17): localizados na região serrana do RJ entre as coordenadas 22°23'-22°31'S e 42°57'-43°10'O, estão a aproximadamente 900 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Estadual dos Três Picos, ao Parque Nacional da Serra dos Órgãos e à APA da Região Serrana de Petrópolis.
2. Itatiaia e Resende (RESE, Apêndice A-18): localizados no vale do Rio Paraíba do Sul no RJ entre as coordenadas 22°25'-22°29'S e 44°30'-44°35'O, estão a aproximadamente 500 m acima do nível do mar. A região está situada entre as serras

do Mar e da Mantiqueira. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada.

3. Itamonte, Itanhandu, Passa Quatro, Pouso Alto, São Lourenço e São Sebastião do Rio Verde (PASQ, Apêndice A-19): localizados na Serra da Mantiqueira de MG entre as coordenadas 22°07'-22°24'S e 44°51'-45°02'O, estão a aproximadamente 1.000 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Nacional do Itatiaia, ao Parque Estadual da Serra do Papagaio, à APA Serra da Mantiqueira e à Floresta Nacional de Passa Quatro.
4. Apiaiá, Iporanga e Itaóca (APIA, Apêndice A-20): localizados na região sul de SP entre as coordenadas 24°25'-24°38'S e 48°33'-48°52'O. A região está situada dentro da maior porção de Mata Atlântica preservada do Brasil, próxima ao Parque Estadual Turístico do Alto Ribeira.
5. Ascurra, Blumenau e Indaial (BLUM, Apêndice A-21): localizados no vale do rio Itajaí-Açú em SC entre as coordenadas 22°50'-26°59'S e 49°02'-49°21'O, estão a aproximadamente 50 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. A região está próxima ao Parque Nacional do Itajaí.
6. Guamiranga, Imbituva, Irati e Prudentópolis (PRUD, Apêndice A-22): localizados no interior do PR entre as coordenadas 25°11'-25°29'S e 50°34'-51°00'O, estão a

aproximadamente 900 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada.

7. Caçador, General Carneiro, Porto União e União da Vitória (PUNI, Apêndice A-23): localizados no sul do PR e norte de SC, entre as coordenadas 26°12'-26°47'S e 50°59'-51°19'O, estão a aproximadamente 800 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada.
8. Capanema, Capitão Leônidas Marques, Céu Azul, Foz do Iguaçu, Lindoeste, Matelândia, Medianeira, São Miguel do Iguaçu, Santa Lúcia, Santa Terezinha de Itaipu, Santa Tereza do Oeste e Serranópolis do Iguaçu (FOZI, Apêndice A-24): localizados no sudoeste do PR entre as coordenadas 25°03'-25°41'S e 53°34'-54°35'O, estão a aproximadamente 300 m acima do nível do mar. Nas áreas não urbanizadas, a Mata Atlântica apresenta-se bem preservada. Os municípios estão situados ao redor do Parque Nacional do Iguaçu.
9. Anhumas, Mirante do Paranapanema, Pirapozinho, Presidente Bernardes, Presidente Prudente, Sandovalina, Santo Anastácio, Tarabai e Teodoro Sampaio (TSAM, Apêndice A-25): localizados no sudoeste do PR entre as coordenadas 21°44'-22°37'S e 51°23'-52°18'O, estão a aproximadamente 400 m acima do nível do mar. Essa é certamente a área de estudo mais alterada pela atividade humana, em especial a agropecuária. O único remanescente de Mata Atlântica dessa região está restrita aos quase 340 km² do Parque Estadual do Morro do Diabo.

A localização de todos os 25 locais amostrados pode ser visualizada no mapa da figura 6.

COLETA

As coletas foram realizadas no período de abril de 2008 a dezembro de 2011. Não houve coleta durante o inverno (meses de junho, julho e agosto). Em geral, as coletas foram realizadas das 07 às 18 h, desconsiderando o horário de verão.

As abelhas sobre as flores ou próximas a elas foram capturadas com auxílio de rede entomológica. O Apêndice A-26 contém o nome das espécies de plantas em que coletamos as abelhas e a frequência em que isso ocorreu. Em alguns locais, foram coletadas mais de uma abelha por flor. Nas ilhas, procurávamos explorar a maior área possível. No continente, foram percorridas áreas urbanas e áreas de mata. Contudo, a busca por abelhas dentro de florestas é muito difícil devido à fatores como baixa luminosidade e deslocamento limitado, o que restringe a coleta às “trilhas” no sub-bosque, onde raramente há abundância de flores.

Em alguns casos, as abelhas da espécie *T. angustula* foram coletadas diretamente de seus ninhos (independentemente da distância entre eles). Apenas um indivíduo por ninho foi analisado. Os ninhos eram naturais ou mantidos por criadores de abelhas. Nesse segundo caso, a coleta só foi realizada se o ninho fosse originário da própria região. Não foram coletadas amostras de ninhos resultantes de divisão realizada pelo criador de abelhas.

Para cada população visitada, indivíduos das duas espécies podiam ser coletados juntos na mesma flor ou planta. Entretanto, o mais comum foi a coleta em pontos diferentes. Isso fez com que para uma mesma população, valores como número de indivíduos coletados, área e altitude de coleta, fossem diferentes para cada espécie, conforme pode ser visto na tabela 1 para *T. angustula* e tabela 2 para *B. morio*. Dessa maneira, a distância máxima de coleta entre indivíduos da mesma população e distância mínima entre indivíduos de populações diferentes também não foram iguais para as duas espécies (Apêndice A-27 para *T. angustula* e Apêndice A-28 para *B. morio*).

Adicionalmente, detalhes sobre todos os locais de coleta, como população, município, estado, coordenadas geográficas, altitude, número de indivíduos coletados por espécie e número de indivíduos coletados em flores ou ninhos podem ser visualizadas no Apêndice A-29.

As amostras foram armazenadas em álcool comum e transportadas para o laboratório, onde ficaram secando a temperatura ambiente por 20 min e posteriormente, armazenadas a - 80 °C até a extração do DNA.

Tabela 1. Dados geográficos das áreas de coleta de *Tetragonisca angustula*. N: número de indivíduos coletados. A: área (km²). DC: distância do continente (km). AM: altitude mediana (m).

	Código da População	N	A	DC	AM
Ilhas	IGRA	57	193,00	2,00	11
	IBEL	49	335,93	1,76	25
	ICOM	22	200,00	0,31	10
	ICAR	1	225,00	0,08	19
	ISCA	66	451,00	0,50	63,5
Regiões costeiras	ANGR	57	1208,00	na	12
	SSEB	46	117,00	na	14
	GUAP	38	67,00	na	13
	GUAR	36	341,00	na	15
	SJOS	24	841,00	na	11
Interior	TERE	46	253,00	na	939
	RESE	44	10,00	na	444
	PASQ	48	385,00	na	911
	APIA	45	504,00	na	161
	BLUM	45	389,00	na	36
	PRUD	42	885,00	na	811
	PUNI	35	1521,00	na	913
	FOZI	43	5148,00	na	543
	TSAM	45	5550,00	na	440

na: não se aplica.

Tabela 2. Dados geográficos das áreas de coleta de *Bombus morio*. N: número de indivíduos coletados. A: área (km²). DC: distância do continente (km). AM: altitude mediana (m).

	Código da População	N	A	DC	AM
Ilhas	IGRA	65	193,00	2,00	11
	IANC	19	8,28	0,49	14
	ITMD	10	1,11	0,54	8
	IBEL	52	335,93	1,76	22
	IBUZ	13	7,55	24,09	12
	IVIT	5	2,21	37,97	77
	ICOM	21	200,00	0,31	0
	ICAR	22	225,00	0,08	12
	IMEL	23	27,62	2,70	15
	ISCA	51	451,00	0,50	11
Regiões costeiras	ANGR	51	1541,00	na	17
	SSEB	55	137,00	na	16
	GUAP	31	109,00	na	6
	GUAR	21	396,00	na	14
	SJOS	57	1296,00	na	13
Interior	TERE	20	160,00	na	895
	RESE	27	40,00	na	452
	PASQ	26	199,00	na	923
	APIA	20	293,00	na	482
	BLUM	22	314,00	na	53
	PRUD	27	900,00	na	858
	PUNI	21	18,00	na	762
	FOZI	24	4556,00	na	271
	TSAM	21	3481,00	na	416

na: não se aplica.

EXTRAÇÃO DE DNA

A obtenção do DNA de todas as amostras foi realizada utilizando-se Chelex® 100 (Bio-Rad) de acordo com o protocolo descrito por Walsh *et al.* (1991). Uma perna (*Bombus morio*) ou um tórax (*T. angustula*) de cada indivíduo foi macerada(o) em 400 µL de Chelex 10%. A extração foi incubada a 56 °C por no mínimo 30 min, agitada por 10 s, incubada a 100 °C por 5 min e novamente agitada por 10 s. Por fim, a extração foi centrifugada a 14.000 rpm por 3 min e armazenada a -20°C.

DNA MITOCONDRIAL

Amplificação

Dois genes do DNAm_t foram parcialmente amplificados e sequenciados: subunidade I do complexo citocromo oxidase c (*COI*) e citocromo b (*Cytb*). Os iniciadores mtD6 e mtD9 (Simon *et al.* 1994) foram utilizados para amplificar o *COI*, enquanto que os iniciadores mtD26 (Simon *et al.* 1994) e AMB16 (Arias *et al.* 2008) para amplificar o *Cytb*.

Para a montagem da reação de PCR foram utilizados 2 µL do sobrenadante da extração de DNA; tampão de PCR 1×; 3 mM de MgCl₂; 0,4 µM de cada iniciador; 200 µM de dNTPs; 1 M de Betaína e 1 U de *Taq* DNA polimerase (Invitrogen), em um volume final de 20 µL. Cada reação de PCR foi submetida inicialmente a uma desnaturação a 94 °C/5 min, seguida por 35 ciclos (desnaturação a 94 °C/60 s, hibridação a 42 °C/80 s e extensão a 64 °C/120 s). Ao final desses ciclos, um passo extra de extensão a 64 °C/10 min foi efetuado.

Para verificar o resultado da amplificação 2 µL do produto de PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose 0,8%, corados com GelRedTM (Biotium, Inc.) e visualizados em transiluminador de luz ultravioleta.

Sequenciamento

Posteriormente, o restante do DNA amplificado foi purificado com 0,5 µL de ExoSAP-IT® (USB) de acordo com as recomendações do fabricante. Os fragmentos purificados foram enviados juntamente com os iniciadores “reverse” (mtD9 e AMB16) para sequenciamento na empresa Macrogen (Coréia do Sul).

Análise

As sequências de DNA foram visualizadas, alinhadas, editadas e concatenadas através do programa GENEIOUS 5.1.6 (Drummond *et al.* 2010). O alinhamento foi realizado utilizando-se o algoritmo “muscle” (Edgar 2004) com um número máximo de oito iterações. O programa DNASP 5.10.01 (Librado & Rozas 2009) foi utilizado para gerar os dados necessários para o programa NETWORK 4.6.10 (www.fluxus-engineering.com) construir uma rede de relações haplotípicas através do método “median-joining” (Bandelt *et al.* 1999).

O programa ARLEQUIN 3.5.1.3 (Excoffier & Lischer 2010) foi utilizado para identificar e calcular a frequência de haplótipos, e para calcular a diversidade haplotípica (h) e nucleotídica (π) de acordo com (Nei 1987). Os haplótipos foram plotados no mapa pelo programa PHYLOGEOVIZ 2.4.5 (Tsai 2011). O número médio de sítios variáveis entre pares de sequências intra e interpopulacional foi calculado pelo programa MEGA 5.05 (Tamura *et al.* 2011).

Para testar se a área, a distância do continente e a idade das ilhas poderiam influenciar a diversidade genética (h e π) de suas populações, nós realizamos testes estatísticos de correlação utilizando regressão linear no Microsoft® Excel 2007. Esse teste também foi realizado para verificar a ocorrência de correlação entre diversidade genética e a área de coleta das populações continentais e a altitude mediana de todas as populações. A existência de correlação só foi considerada quando foi significativa para ambos os índices de diversidade.

A estruturação populacional foi estimada com base na porcentagem de sítios variáveis entre pares de sequências do DNAm e nas frequências dos haplótipos mitocondriais. Para esse último, escolhemos o índice de diferenciação populacional D_{est} (Jost 2008) porque ele foi o único que apresentou o valor de diferenciação máximo (1,00) quando duas populações não compartilharam haplótipos. O índice D_{est} foi calculado pelo programa SMOGD 1.2.5 (Crawford

2010). O programa GENALEX 6.41 (Peakall & Smouse 2006) foi utilizado para realizar o teste de Mantel (Mantel 1967) para verificar a correlação estatística entre a matriz de valores D_{est} com a matriz da distância geográfica entre as populações através de 9.999 permutações.

MICROSSATÉLITES

Amplificação

As reações de amplificação via PCR foram adaptadas do método descrito por (Schuelke 2000). Iniciadores “forward” foram sintetizados acoplados a uma sequência exógena (5’ - TGT AAA ACG ACG GCC AGT - 3’). Desta forma, após os primeiros ciclos de amplificação, a sequência exógena é incorporada aos amplicons. Oligonucleotídeos complementares à sequência exógena, marcados na sua extremidade 5’ com os fluoróforos 6-FAMTM (Integrated DNA Technologies), HEXTM (Integrated DNA Technologies) ou NEDTM (Applied Biosystems), são incorporados nos ciclos posteriores, usados como iniciadores pela *Taq* DNA polimerase.

As reações de PCR foram realizadas em volumes de 5 µl finais contendo: tampão de PCR 1×; 200 µM de dNTPs; 1,5-2,0 mM de MgCl₂; 0,0125 µM do iniciador “forward” (F); 0,125 µM do iniciador marcado com 6-FAM, HEX ou NED; 0,125 µM do iniciador “reverse” (R); Glicerol 1%; 0,5 U de *Taq* DNA polimerase (Invitrogen) e 1 µL da extração de DNA.

Para *T. angustula*, 11 pares de iniciadores foram utilizados: Tang03, Tang11, Tang12, Tang17, Tang29, Tang57, Tang60, Tang65, Tang68, Tang70 e Tang77 (Brito *et al.* 2009). Para a espécie *B. morio*, utilizamos 14 pares de iniciadores, sendo 12 específicos: BM1, BM3, BM4, BM5, BM7, BM9, BM10, BM11, BM12, BM13, BM17 e BM18 (Molecular Ecology Resources Primer Development Consortium *et al.* 2012); e dois desenhados para *B. terrestris*:

BT01 e BT06 (Funk *et al.* 2006). A concentração de $MgCl_2$ e a condição de amplificação de cada loco pode ser visualizada na tabela 3.

Os produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em sequenciador automático programado para análise de fragmentos (ABI 3730, Applied Biosystems) no Centro de Estudos do Genoma Humano do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. O GeneScan™ 500 ROX™ (Applied Biosystems) foi utilizado como marcador de peso molecular.

Tabela 3. Condições de amplificação e concentração (mM) final de $MgCl_2$ para amplificação dos locos de microssatélites de *Tetragonisca angustula* (iniciadores Tang) e *Bombus morio* (iniciadores BM e BT).

Loco	$MgCl_2$	Condição de amplificação
Tang12 Tang70	2,0	96 °C/8 min, 35x (94 °C/30 s, 53 °C/60 s, 72 °C/60 s), 72 °C/10 min, 4 °C/∞;
Tang03 Tang57	2,0	95 °C/7 min, 6x (94 °C/30 s, 59 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 58,5 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 57 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 56,5 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 56 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 55,5 °C/30 s, 72 °C/30 s), 6x (94 °C/30 s, 55 °C/30 s, 72 °C/30 s), 72 °C/5 min, 4 °C/∞
Tang11 Tang 17 Tang 29 Tang 60 Tang 65 Tang 68 Tang 77 BM1 BM3 BM4 BM5 BM7 BM10 BM11 BM12 BM13 BM17	2,0	96 °C/8 min, 35x (94 °C/30 s, 60 °C/60 s, 72 °C/60 s), 72 °C/10 min, 4 °C/∞;
BM9 BM18 BM20	1,5	96 °C/8 min, 35x (94 °C/30 s, 64 °C/60 s, 72 °C/60 s), 72 °C/10 min, 4 °C/∞;
BT01	2,0	96 °C/8 min, 35x (94 °C/30 s, 48 °C/60 s, 72 °C/60 s), 72 °C/10 min, 4 °C/∞;
BT06	2,0	96 °C/8 min, 35x (94 °C/30 s, 54 °C/60 s, 72 °C/60 s), 72 °C/10 min, 4 °C/∞;

Genotipagem

A genotipagem dos indivíduos foi realizada automaticamente pelo programa GENEMARKER 1.85 (<http://www.softgenetics.com>) e conferida visualmente. O programa MICRO-CHECKER 2.2.3 (van Oosterhout *et al.* 2004) foi utilizado para a checagem de erros tipográficos e para estimar a taxa de erros de genotipagem.

O programa COLONY 2.0.1.7 (Jones & Wang 2010) foi utilizado para verificar se indivíduos coletados na mesma flor ou em locais próximos eram irmãos. Para *B. morio*, foram considerados como locais próximos os que distavam menos do que 5 km. Para *T. angustula*, essa distância máxima foi de 2 km. Como parâmetros de configuração desse programa, a taxa de amplificação preferencial de alelos e a taxa de outros erros de genotipagem para todos os locos foram 0,00 e 0,01%, respectivamente. Esses valores foram estimados com base nos resultados do MICRO-CHECKER. A figura 7 mostra como foi o critério para se incluir ou não os indivíduos coletados nas análises posteriores.

Análise

O programa GENEPOP 4.1.2 (Rousset 2008) foi utilizado para verificar se populações e locos estavam em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e para verificar se os pares de locos estavam em desequilíbrio de ligação (DL); ambos com os parâmetros da Cadeia de Markov configurados para: 10.000 desmemorizações, 1.000 lotes e 10.000 iterações por lote. Para esses casos de múltiplos testes, o valor de P foi corrigido aplicando-se o grau de adequação sequencial do programa SGOF 7.2 (Carvajal-Rodríguez *et al.* 2009). Esse método tem a vantagem sobre outros métodos de correção por aumentar seu poder estatístico com o aumento do número de testes (Carvajal-Rodríguez *et al.* 2009).

O programa GENALEX 6.41 (Peakall & Smouse 2006) foi utilizado para calcular a diversidade genética das populações. Neste trabalho, diversidade genética foi medida através do número médio de alelos por loco (N_a) e do número efetivo de alelos (N_e) (Kimura & Crow 1964; Jost 2008). Como o número de indivíduos por população é diferente, os valores de N_a foram padronizados para todas as populações (5 indivíduos para *B. morio* e 22 para *T. angustula*) através do método de rarefação pelo programa HP-RARE 1.0 (Kalinowski 2005). A significância da diferença dos valores de N_a depois da rarefação (N_{ar}) entre as populações foi calculada pelo Teste U de Mann-Whitney. O GENALEX também foi utilizado para calcular a porcentagem de locos polimórficos (PLP), as taxas de heterozigose observada (H_o) e esperada (H_e). Testes de correlação foram realizados para verificar se a diversidade genética (N_{ar} e N_e) das populações estudadas estaria correlacionada com algumas características dos locais de coleta, conforme descrito anteriormente.

O coeficiente de endocruzamento (F_{IS}) foi calculado com 10.000 permutações para cada população pelo ARLEQUIN 3.5.1.3 (Excoffier & Lischer 2010).

Para estimar a estruturação genética das populações três métodos foram utilizados:

1. Cálculo do valor global de D_{est} (Jost 2008). Dados recentes da literatura vêm mostrando que quando a taxa de heterozigose é alta (o que geralmente acontece em estudos que empregam microssatélites), os índices de diferenciação baseados em valores de F_{ST} (e seus derivados) são próximos de zero, mesmo quando duas populações não compartilham alelos (Hedrick 2005; Jost 2008, 2009; Heller & Siegismund 2009). O programa SMOGD 1.2.5 (Crawford 2010) foi utilizado para calcular os valores de D_{est} . Os intervalos de confiança de 95% (IC 95%) foram estimados através de 1.000 repetições de “bootstrap”;
2. Isolamento por distância. Utilizamos o teste de Mantel (Mantel 1967) para testar a correlação estatística entre a matriz de valores de D_{est} com a matriz da distância geográfica entre as populações através de 9.999 permutações. Esse teste foi realizado pelo programa GENALEX.
3. Inferência de estruturação populacional baseada no modelo de agrupamento probabilístico de indivíduos. Nesse caso, a origem populacional dos indivíduos não é considerada, o que também torna esse teste muito útil para detectar estruturação intrapopulacional. Esta análise foi realizada pelo programa STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard *et al.* 2000), admitindo-se o modelo de frequências alélicas correlacionadas (Falush *et al.* 2003) e o modelo de ancestralidade miscigenada. O programa foi configurado para 1.000.000 de iterações depois de uma simulação inicial de 100.000 iterações. Para a estimativa do número de populações estruturadas (K), as corridas foram realizadas com 10 repetições para $K = 1$ a 17 (*T. angustula*) e $K = 1$ a 24 (*B. morio*). A estimativa do melhor K foi realizada de acordo com método descrito por Evanno *et al.* (2005) através do

programa STRUCTURE HARVESTER 0.6.92 (Earl & VonHoldt 2011). O programa CLUMPP 1.1.2 (Jakobsson & Rosenberg 2007) foi utilizado para alinhar as 10 repetições geradas pelo STRUCTURE. O programa DISTRUCT 1.1 (Rosenberg 2004) foi utilizado para exibir graficamente os resultados produzidos pelo CLUMPP.

RESULTADOS

Os resultados serão apresentados para cada espécie separadamente.

PARTE 1. *Tetragonisca angustula*

OCORRÊNCIA NAS ILHAS

Das 11 ilhas visitadas encontramos indivíduos de *T. angustula* em seis: IGRA, IBEL, ICOM, ICAR, IMEL e ISCA. Contudo, algumas considerações merecem ser destacadas:

1. Na ICAR localizamos apenas um ninho. Por esse motivo essa amostra foi retirada das análises;
2. Na IMEL também localizamos apenas um ninho. Porém esse ninho estava numa caixa que pertencia a um criador de abelhas que havia trazido o ninho de Paranaguá, PR. Essa amostra também foi retirada das análises;
3. Na ISCA foi difícil encontrar as abelhas, apesar do tamanho da ilha e de nosso esforço de coleta. Tivemos que coletar vários indivíduos na mesma flor e/ou em pontos próximos. Essa dificuldade na amostragem é um forte indício de que a espécie não está distribuída por toda a ilha. Além disso, em conversas com pesquisadores da Universidade Federal de Santa Catarina, soubemos que é comum a criação dessa espécie na ilha. Os criadores costumam trazer ninhos de vários locais da região Sul e Sudeste. Encontramos inclusive, espécimes pertencentes a subespécie *T. angustula fiebrigi*, cuja distribuição em SC está restrita à parte ocidental. Análises genéticas de parentesco mostraram que grande parte dos

indivíduos coletados eram irmãos. Nosso número amostral ficou muito reduzido e composto por um mosaico de indivíduos de origem incerta. Por esses motivos, as amostras dessa ilha foram retiradas das análises.

Dessa maneira, trabalhamos com *T. angustula* provenientes de apenas três ilhas: IGRA, IBEL e ICOM.

NÚMERO DE INDIVÍDUOS ANALISADOS

Após a verificação dos haplótipos mitocondriais e das análises realizadas pelo programa COLONY, o nosso número amostral foi reduzido de 1003 para 722 indivíduos, distribuídos pelas populações da seguinte maneira: TERE: 46, RESE: 44, PASQ: 48, ANGR: 57, IGRA: 57, SSEB: 46, IBEL: 49, GUAP: 38, ICOM: 22, APIA: 45, GUAR: 36, BLUM: 45, SJOS: 24, PRUD: 42, PUNI: 35, FOZI: 43 e TSAM: 45.

DNA MITOCONDRIAL

Sequências de 417 pb do gene *COI* foram obtidas para todos os indivíduos e 28 sítios foram variáveis. Foram encontrados 32 haplótipos. Para o gene *Cytb*, apesar de ter menos bases sequenciadas (391pb), foi verificado um maior número de sítios variáveis (38). Quarenta e três haplótipos foram encontrados. A tabela 4 sumariza os dados gerais das sequências de DNA obtidas. Para os cálculos de diversidade e estruturação genética utilizamos as sequências dos dois genes concatenadas (808 pb).

Tabela 4. Informações sobre os genes mitocondriais sequenciados em *Tetragonisca angustula*.

	<i>COI</i>	<i>Cytb</i>	TOTAL
Tamanho (pb)	417	391	808
Número de sítios variáveis	28	38	66
Número de haplótipos	32	43	73
Diversidade haplotípica	0,833	0,832	0,896
Diversidade nucleotídica	0,007	0,015	0,011
Número médio de diferenças entre duas sequências	2,715	5,979	8,694

O sequenciamento dos 722 indivíduos das 17 populações gerou 73 haplótipos, dos quais apenas seis foram compartilhados por duas ou mais populações. O haplótipo mais comum (H_14) foi verificado em 198 indivíduos distribuídos em oito populações e 33 haplótipos foram encontrados em apenas um indivíduo (Apêndice B-1). O número de haplótipos por população variou de 2 (PASQ) a 9 (FOZI e TSAM) (Apêndice B-2). A distribuição individual desses haplótipos em cada população analisada pode ser visualizada nos apêndices A-1 a A-24.

Diversidade genética

Inicialmente dividimos todas as populações em dois grupos para a análise de diversidade genética. O primeiro grupo foi formado pelas populações continentais (N = 594) e o segundo pelas populações insulares (N = 128). As populações continentais apresentaram os maiores valores de h ($0,907 \pm 0,007$) e π ($0,143 \pm 0,073$) (Figura 8).

Devido a grande diferença do número de indivíduos entre esses dois grupos, é possível que os valores de diversidade genética observados sejam consequência do maior número amostral do grupo continente. Por esse motivo, também comparamos as três populações insulares, IGRA, IBEL e ICOM ($N = 128$) com três populações continentais próximas, ANGR, SSEB e GUAP ($N = 141$). Nessa comparação, a diversidade genética foi similar nos dois grupos (Figura 9).

Na análise da diversidade genética de cada população, verificamos que h e π não estão correlacionados com o número amostral (h : $R^2 = 0,010$; $P = 0,704$ e π : $R^2 = 0,024$; $P = 0,549$), facilitando as comparações interpopulacionais. Os valores de h e π para todas as populações podem ser visualizados no Apêndice B-2. A população de PASQ apresentou os menores valores de h (0,042) e π (0,0006) (Figura 10). As populações de TSAM e IGRA apresentaram os maiores valores de h (0,716 e 0,687, respectivamente). Contudo, foram as populações de ICOM e ANGR que apresentaram os maiores valores de π (0,0407 e 0,0369, respectivamente).

Os testes estatísticos mostraram que os índices de diversidade genética das populações insulares não estão correlacionados com a área da ilha (h : $R^2 = 0,705$; $P = 0,366$ e π : $R^2 = 0,510$; $P = 0,494$), a distância do continente (h : $R^2 = 0,050$; $P = 0,856$ e π : $R^2 = 0,813$; $P = 0,285$) e a idade da ilha (h : $R^2 = 0,009$; $P = 0,940$ e π : $R^2 = 0,904$; $P = 0,201$). A área de coleta no continente e a altitude mediana também não estão correlacionadas com a diversidade genética (Figura 11).

Estruturação populacional

Uma rede de inter-relações haplotípicas foi obtida, onde a frequência e a distribuição dos haplótipos pelas populações são apresentadas (Figura 12). Destaca-se a grande distância dos haplótipos de PUNI e FOZI em relação aos outros. Também é possível notar a grande quantidade de haplótipos não compartilhados pelas populações.

O índice global de D_{est} foi de 0,771 (IC 95%: 0,762-0,780), o que indica alta estruturação entre as populações. Os valores de D_{est} entre pares de populações (Apêndice B-3) e a porcentagem de sítios variáveis entre pares de sequências entre populações (Apêndice B-4) apresentaram forte correlação positiva ($R^2 = 0,294$; $P = 0,000$). Os maiores índices de diferenciação (D_{est} e porcentagem de sítios variáveis) foram encontrados nas comparações de PUNI e FOZI com as outras populações (0,970 a 1,000; 2,809% a 3,306%). Baixos valores de diferenciação foram encontrados entre FOZI $\times$ PUNI (0,028 e 0,116%) e PASQ $\times$ TSAM (0,047 e 0,085%). As populações localizadas entre a Serra do Mar e o litoral de SC a SP (SJOS, BLUM, GUAR, APIA, GUAP, ICOM e IBEL) também estão pouco diferenciadas (0,000 a 0,075; 0,044% a 0,277%).

Figura 12. Rede de relacionamento entre os 73 haplótipos mitocondriais observados em *Tetragonisca angustula* nas 17 populações analisadas. As cores referem-se às populações. O tamanho dos círculos refere-se à frequência de cada haplótipo. Linhas entre haplótipos indicam apenas um passo mutacional. Números em vermelho indicam o número de passos mutacionais quando esses são maiores do que um. No detalhe, a mesma rede de haplótipos indicando por cores a localização deles no mapa parcial da região Sul-Sudeste brasileira. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

O teste de Mantel mostrou correlação positiva entre a distância geográfica entre pares de populações e a distância genética (D_{est} ; $P = 0,003$) (Figura 13).

MICROSSATÉLITES

Todos os 11 locos mostraram-se polimórficos na genotipagem dos 722 indivíduos. O número de alelos por loco variou de cinco (Tang68 e Tang70) a 33 (Tang29), com uma média de $18,6 \pm 3,0$. O número de alelos efetivos variou de 2,4 (Tang68) a 11,7 (Tang11) com uma média de $6,8 \pm 1,2$ (Apêndice B-5). O tamanho e a frequência de cada alelo nas populações podem ser visualizados no Apêndice B-6.

O loco Tang03 apresentou desvio significativo do EHW nas populações BLUM e SJOS ($P = 0,000$). Os locos Tang11, Tang12 e Tang65 também apresentaram desvios do EHW nas populações SJOS, ANGR e FOZI, respectivamente (todos $P = 0,000$). Por se tratarem de casos pontuais, nenhum loco foi retirado das análises. Não foi verificado DL significativo entre nenhum par de locos (todos $P > 0,05$).

Diversidade genética

Novamente, para a análise de diversidade genética todas as populações foram divididas em dois grupos: ilhas (N = 128) e continente (N = 594). Nesse caso, a rarefação foi realizada para 128 indivíduos. O *Nar* das populações continentais foi 14,8, enquanto que o das insulares foi 10,4 (Figura 14). Contudo, essa diferença não foi significativa ($P = 0,158$). Com relação ao *Ne*, as populações continentais e insulares apresentaram os valores de 6,8 e 5,6, respectivamente. Assim como observado com o *Nar*, esses valores também não foram significativamente diferentes ($P = 0,412$).

Nas análises individuais em cada população, os menores e os maiores valores de diversidade genética foram observados nas populações de PUNI e RESE, respectivamente (Figura 15). Contudo, o *Ne* de PUNI só foi estatisticamente diferente de SSEB, TERE, ANGR e RESE ($P \leq 0,045$). Da mesma maneira, o *Nar* de PUNI só foi estatisticamente diferente de TERE e RESE ($P \leq 0,039$). Os índices de diversidade assim como H_O , H_E e PLP para cada

população, podem ser visualizados no Apêndice B-7.

Os índices de diversidade genética das populações insulares não apresentaram correlação com a área da ilha (*Nar*: $R^2 = 0,000$; $P = 0,994$ e *Ne*: $R^2 = 0,350$; $P = 0,597$), a distância do continente (*Nar*: $R^2 = 0,890$; $P = 0,215$ e *Ne*: $R^2 = 0,308$; $P = 0,625$) e a idade da ilha (*Nar*: $R^2 = 0,890$; $P = 0,215$ e *Ne*: $R^2 = 0,308$; $P = 0,625$). Os testes de correlação entre a diversidade genética das populações com a área de coleta no continente e a altitude mediana também não foram significativos (Figura 16).

Nenhuma população insular apresentou indícios de endocruzamento (Tabela 5). As populações ANGR, BLUM, SJOS, PUNI, FOZI e TSAM apresentaram coeficientes de endocruzamento significativamente diferentes de zero ($P < 0.05$). O maior valor de F_{IS} (0,2177) foi encontrado na população de SJOS.

Tabela 5. Coeficientes de endocruzamento (F_{IS}) para as populações de *Tetragonisca angustula*. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

População	F_{IS}
TERE	0,0251 ^{ns}
RESE	0,0248 ^{ns}
PASQ	-0,0185 ^{ns}
ANGR	0,0463*
IGRA	0,0247 ^{ns}
SSEB	0,0088 ^{ns}
IBEL	0,0062 ^{ns}
GUAP	-0,0353 ^{ns}
ICOM	0,0381 ^{ns}
APIA	0,0142 ^{ns}
GUAR	0,0380 ^{ns}
BLUM	0,0857**
SJOS	0,2177**
PRUD	0,0404 ^{ns}
PUNI	0,0832**
FOZI	0,1389**
TSAM	0,0965**

^{ns}: não significativo; *: $P < 0,05$; **: $P < 0,01$.

Estruturação populacional

O valor global de D_{est} foi 0,372 (IC 95%: 0,364-0,380) e indica estruturação nas populações amostradas. O teste de Mantel mostrou que existe uma correlação bem significativa ($P = 0,000$) entre a distância genética (D_{est} ; Apêndice B-8) e a distância geográfica das populações (Figura 17).

Figura 17. Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos microssatélites e distância geográfica entre populações de *Tetragonisca angustula*. A correlação foi significativa ($R^2 = 0,207$; $P = 0,000$).

Os resultados do STRUCTURE mostraram que a maior estruturação encontrada dividiu as populações analisadas em três grupos (Figura 18). O primeiro grupo foi formado pelas populações TERE, RESE, ANGR, PASQ, PRUD e TSAM. O segundo grupo foi formado pelas populações que estão localizadas nas ilhas, nas regiões costeiras de SP, PR e SC, além de APIA e BLUM. O último grupo foi formado por FOZI e PUNI.

Figura 18. (a) Probabilidade de atribuição posterior (eixo vertical) de genótipos individuais (eixo horizontal) para cada um dos três grupos (vermelho, azul e verde) definidos pelo STRUCTURE. **(b)** Detalhe do mapa da região Sul-Sudeste do Brasil apresentando a proporção dos três grupos representados em cada população de *Tetragonisca angustula*. O tamanho das circunferências é proporcional ao tamanho amostral. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

PARTE 2. *Bombus morio*

OCORRÊNCIA NAS ILHAS

Bombus morio só não foi encontrada na Ilha Monte de Trigo. Dessa maneira, as populações insulares foram compostas por: IGRA, IANC, ITMD, IBEL, IBUZ, IVIT, ICOM, ICAR, IMEL e ISCA.

NÚMERO DE INDIVÍDUOS ANALISADOS

Após as análises de parentesco, o número total de indivíduos foi reduzido de 704 para 659, assim distribuídos pelas populações : TERE: 20, RESE: 27, PASQ: 23, ANGR: 47, IGRA: 60, IANC: 16, ITMD: 5, SSEB: 54, IBEL: 51, IBUZ: 12, IVIT: 5, GUAP: 28, ICOM: 21, ICAR: 21, APIA: 20, GUAR: 20, IMEL: 20, BLUM: 21, SJOS: 57, ISCA: 49, PRUD: 26, PUNI: 17, FOZI: 23 e TSAM: 16.

DNA MITOCONDRIAL

Todos os indivíduos tiveram 392 pb do gene *COI* e 403 do gene *Cytb* sequenciados (Tabela 6). O número de sítios variáveis foi o mesmo (30) para os dois genes. Assim como observado em *T. angustula*, o *Cytb* foi o gene que mais apresentou haplótipos (53). As sequências concatenadas desses dois genes (795 pb) foram utilizadas nas análises de diversidade e estruturação genética.

Tabela 6. Informações sobre os genes mitocondriais parcialmente sequenciados em *Bombus morio*.

	<i>COI</i>	<i>Cytb</i>	TOTAL
Tamanho (pb)	392	403	795
Número de sítios variáveis	30	30	60
Número de haplótipos	33	53	100
Diversidade haplotípica	0,7370	0,8645	0,9502
Diversidade nucleotídica	0,00369	0,00566	0,00469
Número médio de diferenças entre duas sequências	1,44611	2,28227	3,72838

No total, foram encontrados 100 haplótipos em 659 indivíduos de 24 populações. Setenta haplótipos foram compartilhados por duas ou mais populações e 41 foram encontrados em apenas um indivíduo. O haplótipo H_3 foi o mais comum, verificado em 115 indivíduos de 23 populações (Apêndice C-1). O número de haplótipos por população variou de 1 (IVIT) a 23 (ANGR) (Apêndice C-2). A distribuição individual desses haplótipos em cada população analisada pode ser visualizada nas figuras A-1 a A-24.

Diversidade genética

Assim como realizado para *T. angustula*, as populações foram divididas em dois grupos para a análise de diversidade genética. O primeiro grupo foi formado pelas populações continentais ($N = 399$) e o segundo pelas populações insulares ($N = 260$). Os valores de h foram similares em ambos os grupos, enquanto que as populações continentais apresentaram o maior valor de π ($0,071 \pm 0,039$) (Figura 19).

Quando todas as populações foram analisadas separadamente, h e π mostraram-se correlacionados com o número amostral (h : $R^2 = 0,180$; $P = 0,039$ e π : $R^2 = 0,231$; $P = 0,018$) (Figura 20). Em vista disso, comparações interpopulacionais devem ser realizadas com cautela. Os valores de h e π para todas as populações podem ser visualizados no Apêndice C-2. A população de IVIT apresentou somente um haplótipo, não havendo, portanto, índice para a diversidade genética (Figura 20). Das populações com mais de um haplótipo, TSAM apresentou os menores valores de h (0,242) e π (0,0176). As populações de GUAR e APIA apresentaram os maiores valores de h (0,968 e 0,963, respectivamente) enquanto que as populações de IANC e ANGR apresentaram os maiores valores de π (0,0588 e 0,0540, respectivamente).

Os índices de diversidade genética das populações insulares não apresentaram correlação com a área da ilha (h : $R^2 = 0,189$; $P = 0,209$ e π : $R^2 = 0,225$; $P = 0,166$), mas sim com a distância do continente (h : $R^2 = 0,927$; $P = 0,000$ e π : $R^2 = 0,559$; $P = 0,013$). Quanto mais distantes do continente, menor a diversidade genética das populações. Como IBUZ e IVIT são ilhas que estão mais distantes do continente do que estão entre si e de IBEL, resolvemos refazer o teste utilizando as distâncias entre IVIT e IBUZ e entre IBUZ e IBEL. A correlação negativa foi mantida (h : $R^2 = 0,916$; $P = 0,000$ e π : $R^2 = 0,626$; $P = 0,006$). Os valores de h apresentaram correlação com a idade das ilhas (h : $R^2 = 0,567$; $P = 0,012$), embora isso não tenha sido observado com os valores de π : ($R^2 = 0,331$; $P = 0,082$).

Nossos resultados mostraram que a área de coleta no continente e a altitude das populações não estão correlacionadas com a diversidade genética (Figura 21).

Estruturação populacional

Uma rede mostrando as relações entre todos haplótipos obtidos foi construída (Figura 22). É possível observar a grande distância dos haplótipos de TSAM em relação aos outros e o baixo número de passos mutacionais entre a grande maioria dos haplótipos. Como o grande número de haplótipos compartilhados e de inter-relacionamentos dificultam a interpretação da figura, decidimos testar a correlação entre a distância das populações e o número de

haplótipos compartilhados. Verificamos que populações mais próximas compartilham mais haplótipos ($R^2 = 0,119$; $P = 0,000$).

O valor global de D_{est} foi de 0,381 (IC 95%: 0,343-0,422) o que mostra que existe estruturação nas populações analisadas. Foi encontrada correlação positiva para os valores de D_{est} entre pares de populações (Apêndice C-3) e a porcentagem de sítios variáveis entre pares de sequências entre populações (Apêndice C-4) ($R^2 = 0,521$; $P = 0,002$). Alta diferenciação foi encontrada principalmente nas comparações entre TSAM e as outras populações ($D_{\text{est}} = 0,848$ a $1,000$; e porcentagem de sítios variáveis: 2,065 a 2,454%). De uma forma geral, a diferenciação genética entre populações insulares e populações continentais próximas foi baixa, como por exemplo, SJOS $\times$ ISCA (0,023 e 0,375%), GUAR $\times$ IMEL (0,025 e 0,267%) e GUAP $\times$ ICOM (0,000 e 0,354%).

Verificamos que houve correlação positiva entre os valores de D_{est} e a distância geográfica entre as populações ($P = 0,009$) (Figura 23).

Figura 22. Rede de relacionamento entre os 100 haplótipos mitocondriais observados em *Bombus morio* nas 24 populações analisadas. As cores referem-se às populações. O tamanho dos círculos refere-se à frequência de cada haplótipo. Linhas entre haplótipos indicam apenas um passo mutacional. Números em vermelho indicam os passos mutacionais quando esses são maiores do que um. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

Figura 23. Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos haplótipos mitocondriais e distância geográfica entre populações de *Bombus morio*. A correlação foi significativa ($R^2 = 0,113$; $P = 0,009$).

MICROSSATÉLITES

Todos os 659 indivíduos foram genotipados para 14 locos polimórficos. O número médio de alelos por loco foi $14,1 \pm 1,6$. O loco BM7 apresentou quatro alelos e o loco BM11 apresentou 26. Esses dois locos também apresentaram o menor e o maior número de alelos efetivos (N_e), 1,7 e 12,2, respectivamente, sendo a média total de $5,3 \pm 0,8$ (Apêndice C-5). Os tamanhos dos alelos encontrados, assim como suas frequências, estão apresentados no Apêndice C-6.

Desvios significativos do EHW foram detectados no loco BT01 para as populações IBEL e PRUD ($P = 0,004$ e $P = 0,005$, respectivamente) e nos locos BM9 e BM17 para populações APIA e ICOM, respectivamente ($P = 0,007$ e $P = 0,001$, respectivamente). Por se tratarem de casos pontuais, nenhum loco foi retirado das análises. Não houve DL significativo entre nenhum par de locos (todos $P > 0,05$).

Diversidade genética

As primeiras análises foram realizadas comparando-se o grupo de populações insulares ($N = 260$) com o grupo das populações do continente ($N = 399$). Nesse caso, a rarefação foi realizada para 260 indivíduos. As populações do continente apresentaram índices de diversidade levemente maiores do que as insulares (Figura 24). Contudo, essas diferenças não foram significativas ($P > 0,05$).

Com relação a cada população separadamente, as populações de IVIT e TSAM apresentaram os menores valores de diversidade genética (Figura 25), ao passo que as populações de IANC e PASQ apresentaram os maiores valores de N_{ar} e N_e , respectivamente. Entretanto, enquanto que os testes estatísticos confirmaram que IVIT e TSAM possuem menor diversidade genética (todos $P < 0,014$), os valores de N_{ar} e N_e das outras 22 populações não foram significativamente diferentes (todos $P > 0,251$). Os índices de diversidade assim como H_O , H_E e PLP para cada população, podem ser visualizados no Apêndice C-7.

A diversidade genética das populações insulares não está correlacionada com a área (*Nar*: $R^2 = 0,080$; $P = 0,428$ e *Ne*: $R^2 = 0,291$; $P = 0,107$) e a idade das ilhas (*Nar*: $R^2 = 0,387$; $P = 0,055$ e *Ne*: $R^2 = 0,263$; $P = 0,129$). Todavia, ela apresenta uma correlação negativa com a distância do continente (*Nar*: $R^2 = 0,784$; $P = 0,001$ e *Ne*: $R^2 = 0,612$; $P = 0,008$). Essa correlação foi mantida mesmo quando refizemos o teste utilizando as distâncias entre IVIT e IBUZ e entre IBUZ e IBEL (*Nar*: $R^2 = 0,791$; $P = 0,001$ e *Ne*: $R^2 = 0,561$; $P = 0,013$).

Os testes de correlação entre a diversidade genética das populações com área de coleta no continente e altitude mediana não foram significativos (Figura 26).

Figura 26. Relações entre diversidade genética (◇ número médio de alelos por loco após rarefação e ■ número efetivo de alelos) e o tamanho da área de coleta no continente **(a)** e a altitude mediana **(b)** em populações de *Bombus morio*. As correlações não foram significativas ($P > 0,05$).

Quatro populações insulares e cinco continentais apresentaram indícios de endocruzamento (Tabela 7). O maior valor de F_{IS} (0,1033) foi encontrado na população de TSAM.

Tabela 7. Coeficientes de endocruzamento (F_{IS}) para as populações de *Bombus morio*. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

População	F_{IS}
TERE	0,0529 ^{ns}
RESE	0,0095 ^{ns}
PASQ	0,0124 ^{ns}
ANGR	0,0618**
IGRA	0,0414*
IANC	0,0093 ^{ns}
ITMD	0,0185 ^{ns}
SSEB	0,0330 ^{ns}
IBEL	0,0490**
IBUZ	0,0152 ^{ns}
IVIT	-0,1204 ^{ns}
GUAP	0,0249 ^{ns}
ICOM	0,1030**
ICAR	0,0103 ^{ns}
APIA	0,0963**
GUAR	0,0411 ^{ns}
IMEL	0,0602*
BLUM	0,0101 ^{ns}
SJOS	-0,0177 ^{ns}
ISCA	-0,0041 ^{ns}
PRUD	0,0634*
PUNI	-0,0233 ^{ns}
FOZI	0,0812**
TSAM	0,1033**

^{ns}: não significativo; *: $P < 0,05$; **: $P < 0,01$.

Estruturação populacional

O valor global de D_{est} foi 0,063 (IC 95%: 0,050-0,076), indicando baixa estruturação nas populações analisadas. Esse resultado foi corroborado pelo teste de Mantel, que mostrou que os valores de D_{est} (Apêndice C-8) e as distâncias geográficas entre as populações não estão correlacionadas ($P = 0,147$) (Figura 27).

Figura 27. Relação entre os valores de D_{est} obtidos a partir dos microsatélites e distância geográfica entre populações de *Bombus morio*. A correlação não foi significativa ($R^2 = 0,019$; $P = 0,147$).

De acordo com o programa STRUCTURE as populações de *B. morio* também não estão estruturadas. Segundo a estimativa do melhor K ($K = 3$), todas as populações foram separadas em TSAM, IVIT e o restante (Figura 28). É possível observar que a estruturação de TSAM e IVIT não é completa, visto que as três cores que representam os agrupamentos mais prováveis de genótipos são claramente visíveis também nessas duas populações.

DISCUSSÃO

PARTE 1. *Tetragonisca angustula***OCORRÊNCIA NAS ILHAS**

Existem poucos levantamentos da fauna de abelhas nas ilhas do Sul e Sudeste do Brasil. Dentre as ilhas que visitamos, existem levantamentos que relatam a ocorrência de *T. angustula* na IGRA (Lorenzon *et al.* 2006), IMEL (Zanella 2005) e ISCA (Steiner *et al.* 2006). Não existem estudos para as outras ilhas. A presença de abelhas nas ilhas não necessariamente significa ocorrência natural e histórica. Em nosso trabalho, encontramos um único ninho na IMEL que havia sido trazido de Paranaguá por um criador de abelhas. Zanella (2005) também levanta a possibilidade de que os Meliponini que ele encontrou nessa ilha possam ter sido introduzidos artificialmente. Steiner *et al.* (2006) encontraram apenas dois indivíduos na ISCA, apesar do esforço de 200 horas de coleta, indicando que a nossa dificuldade de coleta nessa ilha (esforço de aproximadamente 100 horas de coleta) não foi um caso pontual. Indivíduos de *T. angustula* não foram encontrados em IANC, ITMD, IBUZ, IVIT e IMTG. Algumas delas foram visitadas mais de uma vez e em diferentes épocas do ano. A ausência dessa espécie nessas ilhas pode ser devido à extinção das populações após a insularização ou à ausência delas na área antes da insularização (Schwartz-Filho & Laroca 1999; Zanella 2005). Além disso, a colonização de ilhas é dificultada pela travessia do mar e pela baixa taxa de dispersão das rainhas.

A coleta de abelhas em ilhas não significa a existência de ninhos nesses ambientes, ou seja, uma população local. As operárias coletadas poderiam ser originárias do continente e estarem forrageando nas ilhas no momento da coleta. Sabe-se que a distância máxima de

forrageio das operárias de *T. angustula* é de até 853 m em relação ao ninho (van Nieuwstadt & Ruano Iraheta 1996), distância esta maior do que a que separa algumas das ilhas do continente. No entanto, parece improvável que operárias do continente possam visitar essas ilhas, pois sobrevoar o mar torna-as expostas ao vento e impossibilita paradas intermediárias. Isso é corroborado pelo fato de não termos encontrado abelhas dessa espécie na ITMD e na IANC, cuja distância do continente é menor do que 540 m.

ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

Em *T. angustula*, a análise do DNAm mostrou que a maioria das populações analisadas está fortemente estruturada. Esses resultados estão de acordo com a restrita dispersão (filopatria) de rainhas, como descrito na Introdução, e também estão de acordo com os resultados encontrados em outras espécies de Meliponini (Brito & Arias 2010; Francisco & Arias 2010).

A análise com microsatélites detectou menor estruturação entre as populações amostradas. De acordo com o resultado do STRUCTURE, as populações podem ser divididas em três grupos. Um grupo foi formado pelas populações PUNI e FOZI. O segundo grupo foi formado pelas populações localizadas entre a Serra do Mar e o litoral de SC ao RJ, com exceção de ANGR. Por fim, o último grupo foi formado pelas populações restantes. A separação desses grupos parece não ter relação com a distância geográfica ou barreiras físicas. Por exemplo, SSEB e ANGR pertencem a grupos distintos e estão separados por apenas 87 km de Mata Atlântica preservada. Portanto, tal estruturação pode ter sido causada por diferenças comportamentais de migração ou fluxo gênico dos machos.

Apesar desse quadro geral de estruturação, algumas exceções foram encontradas. Em algumas comparações foi verificada baixa estruturação populacional por ambos os

marcadores, o que pode ser explicado por fluxo gênico atual, expansão recente, ou até mesmo transporte artificial de ninhos. Essas hipóteses não são mutuamente exclusivas e estão discutidas abaixo.

Em Meliponini, a distância de voo das rainhas é baixa porque está intrinsecamente ligada à estratégia de nidificação. Devido à baixa dispersão das rainhas e à grande distância entre algumas populações pouco diferenciadas pelo DNAm (655 km: TSAM $\times$ PASQ, por exemplo), a hipótese de fluxo gênico atual tem que considerar uma distribuição praticamente contínua de *T. angustula* entre essas populações. Seria uma hipótese possível, se o ambiente entre as populações fosse composto por mata contínua, ou mesmo por ambientes que oferecessem quantidade suficiente de alimento e locais de nidificação. Entretanto, isso é pouco provável pois a área entre essas populações é densamente ocupada por pastos e plantações de cana-de-açúcar, principalmente na região oeste de São Paulo. Com relação a ausência de estruturação pelos microssatélites, também deve-se levar em consideração o fluxo gênico via macho. Pouco se sabe sobre a distância que os machos de Meliponini podem voar. Após o nascimento, eles permanecem no ninho por 2 a 3 semanas (Cortopassi-Laurino 2007). Depois de sair, nunca mais retornam e suas atividades nesse período são pouco conhecidas (Velthuis *et al.* 2005). Em laboratório eles vivem entre 4 a 6 semanas (Velthuis *et al.* 2005). Portanto, eles têm aproximadamente 2 a 4 semanas para dispersão e reprodução. Foi mostrado em duas espécies de Meliponini que os machos presentes nas agregações na frente dos ninhos com rainha virgem não são originários de ninhos locais, e podem pertencer a até centenas de colônias diferentes (Paxton 2000; Cameron *et al.* 2004). Tais dados em conjunto com nossos resultados de microssatélites são uma forte evidência de que os machos devem se dispersar vários quilômetros.

Expansão populacional recente a partir de uma matriz também pode resultar em populações pouco diferenciadas. Contudo, uma consequência desse processo é a baixa

diversidade genética dessas populações. Isso só foi encontrado em algumas populações de *T. angustula* analisadas pelo DNAm (níveis de diversidade genética serão discutidos adiante). A rede de inter-relações haplotípicas dessa espécie apresentou “formato de estrela”, sugerindo que as populações tenham passado por afunilamento populacional seguida por expansão recente (Avisé 2000). Isso fica evidente nas populações de FOZI e PUNI, nas populações de PASQ, TSAM e PRUD e principalmente nas populações entre a Serra do Mar e o litoral entre SC a SP (ver discussão adiante).

A espécie *T. angustula* é a abelha mais criada na América Latina, seja para fins comerciais ou não (Nogueira-Neto 1997). Sua ampla distribuição geográfica, comportamento dócil e qualidades do mel são características que favorecem sua criação (Nogueira-Neto 1997). Embora não haja uma estimativa oficial de quantos ninhos são atualmente transportados ou comercializados por ano, relatos de meliponicultores mostram que essa é uma atividade muito comum. Uma pesquisa rápida pela internet é o suficiente para encontrar um criador que vende e entrega ninhos para o país inteiro. Todavia, devido à diferenciação detectada pelo DNAm, essa atividade parece ser pouco frequente na região amostrada.

Populações insulares e continentais próximas

Apesar de possuírem em média 0,415% de diferença entre suas sequências de DNAm, as populações de IGRA e ANGR não compartilham nenhum haplótipo mitocondrial. Esse resultado indica que rainhas atualmente não voam os 2 km que separam a ilha do continente. Essa distância entretanto, parece não ser barreira para os machos, visto a estruturação parcial para os marcadores nucleares.

IBEL e ICOM estão pouco estruturadas em relação às populações de SSEB e GUAP, respectivamente. Devido ao processo de nidificação e à distância do continente, deve ser improvável a migração atual de rainhas entre essas ilhas e o continente. A baixa estruturação

pelo DNAm_t pode ser resultado do pouco acúmulo de diferenças desde a insularização ou do transporte de ninhos. A ausência de estruturação pelos microsatélites pode ser explicada pelo fluxo gênico mediado pelos machos.

A divergência de PUNI e FOZI das outras populações

As análises de estruturação populacional baseadas no DNAm_t e microsatélites revelaram que as populações de PUNI e FOZI são bem divergentes das outras. Acreditamos que as populações desses dois locais pertençam a subespécie *T. angustula fiebrigi* Schwarz, 1938, enquanto que as demais populações sejam de *T. angustula angustula*. No Brasil, *T. angustula fiebrigi* parece estar restrita aos estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, e regiões oeste do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná e São Paulo (Schwarz 1938; Camargo & Pedro 2008). As diferenças morfológicas entre essas duas subespécies são (Schwarz 1938):

- cor do mesepisterno (estrutura do tórax): preta em *T. angustula angustula* e ferruginosa em *T. angustula fiebrigi*;
- cor das partes laterais do propódeo (primeiro segmento abdominal, que é fundido ao tórax): preta em *T. angustula angustula* e ferruginosa em *T. angustula fiebrigi*;
- cor do abdômen: mais escuro (às vezes com segmentos pretos) em *T. angustula fiebrigi*.

Diferenças genéticas entre *T. angustula angustula* e *T. angustula fiebrigi* foram encontradas em outros estudos (Castanheira & Contel 1995; Oliveira *et al.* 2004; Koling & Moretto 2010; Barth *et al.* 2011). Contudo, a identificação morfológica dos indivíduos dessas subespécies tornou-se ambígua, pois Castanheira & Contel (1995) coletaram abelhas cujo mesepisterno apresentava cores intermediárias entre o amarelo e preto. É provável que por esse motivo Oliveira *et al.* (2004) observaram alguns indivíduos de mesepisterno preto

(supostamente *T. angustula angustula*) com perfil genético característico de *T. angustula fiebrigi*. Ainda, essa variação de cores pode ser encontrada em abelhas pertencentes ao mesmo ninho, principalmente em *T. angustula fiebrigi* (Koling & Moretto 2010).

Devido à essa dificuldade, não procedemos a identificação morfológica dos indivíduos coletados. Porém, os resultados obtidos com ambos marcadores, além da distribuição geográfica, nos fazem sugerir que as populações de PUNI e FOZI compreendam a subespécie *T. angustula fiebrigi*.

DIVERSIDADE GENÉTICA

DNA mitochondrial

A grande maioria das populações de *T. angustula* analisadas apresentou baixa/moderada diversidade genética. Contudo, quando as populações insulares foram agrupadas e comparadas com o agrupamento das populações continentais próximas, a diversidade genética mitocondrial de ambos os grupos foi alta. A discrepância entre esses resultados pode ser explicada pela diferente composição haplotípica entre as populações agrupadas. ANGR e IGRA possuem haplótipos bem diferentes daqueles do litoral de SP. Portanto, a estruturação local faz com que o agrupamento artificial de populações tenha como consequência o aumento da diversidade genética.

Todavia, como relatado no parágrafo anterior, a diversidade genética foi baixa/moderada na maioria das populações analisadas. A perda aleatória de haplótipos em populações pequenas e isoladas poderia explicar a baixa diversidade genética para algumas populações. Corroborando isso, isolamento genético foi detectado entre a maioria das populações de *T. angustula*. Entretanto, algumas populações com baixa estruturação também apresentaram baixa diversidade (GUAP, por exemplo). Dessa maneira, é possível que haja

outra explicação para a baixa diversidade genética como por exemplo, efeito fundador/afunilamento populacional. Afunilamentos populacionais na área de estudo do presente trabalho foram aventados para outros organismos (Cabanne *et al.* 2007; Carnaval *et al.* 2009; Batalha-Filho *et al.* 2010; Brito & Arias 2010; Francisco & Arias 2010; D'Horta *et al.* 2011; Bell *et al.* 2012). Esses autores justificam a baixa diversidade encontrada pela recolonização de áreas após afunilamentos populacionais ocorridos no Pleistoceno. Sabe-se que o clima da América do Sul foi afetado pelas glaciações que começaram há cerca de 2,5 milhões anos e foram mais intensas no Pleistoceno com ciclos de 100.000 anos interrompidos por curtos períodos quentes e úmidos (Hewitt 1996). As florestas se expandiram nesses curtos períodos e se contraíram nos períodos frios e secos, formando os refúgios. Dessa maneira, organismos dependentes de florestas sofreram afunilamentos populacionais e suas diversidades genéticas atuais seriam reflexo da expansão populacional após o último afunilamento. A baixa diversidade genética em *T. angustula* pode ser resultante desse processo, mas a estruturação populacional detectada implica que as populações atuais seriam oriundas de diferentes refúgios.

Em suma, não é possível definir qual processo ecológico ou evolutivo foi responsável pela perda da diversidade genética em cada população estudada. Cada um deles pode ter ocorrido em diferentes intensidades ou momentos sobre as populações.

Microsatélites

A grande maioria das populações insulares e continentais de *T. angustula* possui moderada/alta diversidade genética nuclear. A diferença entre a diversidade genética obtida a partir do DNAm e dos microsatélites em *T. angustula* pode indicar que o afunilamento populacional que reduziu a diversidade genética mitocondrial também reduziu sua diversidade

nuclear. Entretanto, esta teria aumentado desde então devido à alta taxa de mutação dos microssatélites (Estoup *et al.* 1996) e fluxo gênico via machos.

PARTE 2. *Bombus morio*

OCORRÊNCIA NAS ILHAS

Dentre as ilhas que visitamos *B. morio* só não foi encontrada na IMTG. Nosso esforço de coleta foi de apenas 8 horas, portanto não é possível afirmar que a espécie não ocorra em IMTG. A sua distância do continente (cerca de 10 km) pode ser um impedimento para o forrageio casual de operárias originárias do continente. Os dados sobre *B. terrestris*, uma espécie europeia que possui tamanho similar à *B. morio*, mostraram que as operárias podem voar mais de 9 km (Goulson & Stout 2001). Entretanto, a comparação interespecífica é controversa, pois as distâncias de forrageio para as espécies do gênero *Bombus* são muito variáveis e parecem não estar relacionadas com o tamanho da abelha, e sim com o tamanho da colônia (Goulson 2010). Além disso, o continente oferece muito mais opções de flores do que a ilha. Portanto, acreditamos que seria muito improvável coletar operárias vindas do continente em atividade de forrageio em IMTG. Se existir operárias de *B. morio* nessa ilha, significa que existirá ninhos também, e estes não devem ser muito numerosos, caso contrário nosso esforço de coleta teria sido suficiente para encontrá-las.

ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL

A estruturação populacional encontrada pela análise do DNAmT de populações de *B. morio* foi menor do que a encontrada em *T. angustula*. Apesar de não ser evidente na rede de inter-relações haplotípicas, foi possível detectar uma diferença na distribuição e frequência dos haplótipos. Populações que estão mais próximas geograficamente compartilham mais haplótipos. Baseado nessas informações e no fato de que indivíduos coletados numa mesma

árvore ou em pontos próximos apresentaram haplótipos distintos, acreditamos que esses resultados estejam relacionados com o comportamento migratório da rainha. As novas rainhas podem fundar seus ninhos bem distantes do ninho mãe, pois não dependem dele no início da fundação, diferentemente do que acontece com as abelhas Meliponini.

Os dados de microssatélites mostraram ausência de estruturação genética entre a maioria das populações estudadas. As exceções foram TSAM e IVIT. Entretanto, a estruturação entre essas populações e as outras não foi alta. Assim como observado em *T. angustula*, a comparação dos resultados de estruturação obtidos pelos dois marcadores também sugere que os machos de *B. morio* tenham uma alta capacidade de dispersão. Nossos dados estão de acordo com o relatado na literatura para as espécies do gênero *Bombus*, em que pouca estruturação genética foi detectada pelos microssatélites entre populações separadas por grandes distâncias, algumas a mais de 1000 km (Estoup *et al.* 1996; Ellis *et al.* 2006; Lozier & Cameron 2009; Lozier *et al.* 2011).

Embora se assuma que a espécie *B. morio* possua ampla capacidade de voo e dispersão (Moure & Sakagami 1962), não existem estudos específicos sobre isso. Os dados disponíveis sobre *B. terrestris*, mostraram que machos podem voar até 10 km, inclusive sobre a água (Kraus *et al.* 2009). Rainhas de *Bombus* já foram observadas a vários km da costa na Europa (Macfarlane & Gurr 1995; Widmer *et al.* 1998; Darvill *et al.* 2010). Na Nova Zelândia, rainhas de *B. terrestris* colonizaram ilhas distantes até 30 km do continente (Macfarlane & Gurr 1995). Aqui no Brasil, vários indivíduos de *B. morio* foram observados um metro acima da água atravessando a baía de Guaratuba, PR, com cerca de 2,5 km de largura (Moure & Sakagami 1962). *Bombus morio* é uma espécie bivoltina, ou seja, apresenta duas gerações por ano (Camillo & Garófalo 1989), e essa característica reprodutiva, em adição ao processo de nidificação, aumentam a sua taxa de dispersão. Nossos dados mostraram que, embora rainhas

e machos de *B. morio* sejam bons dispersores, são os machos que apresentam uma maior distância de migração.

Populações insulares e continentais próximas

Para ambos os marcadores, as populações insulares e suas populações continentais próximas estão pouco estruturadas. A população de IVIT é um caso particular. Com relação ao DNAm, essa população não está diferenciada de IBUZ, que é a ilha mais próxima. O único haplótipo de IVIT (H_3) é o mais comum em IBUZ, e também é encontrado em todas as outras populações estudadas, exceto TSAM. Portanto, é possível que esse haplótipo seja relictos do momento da insularização, ou resultado de uma colonização mais recente, realizada por rainhas migradoras de IBUZ. Com relação aos microssatélites, embora IVIT apresente estruturação em relação às outras populações, ela não é total. É possível que os machos atravessem os 11 km que a separam de IBUZ.

A divergência entre TSAM e as outras populações

A rede de inter-relações haplotípicas mostra uma grande divergência da população de TSAM em relação às outras populações. TSAM não compartilha haplótipos com nenhuma outra população, ao passo que todas as outras populações compartilham ao menos um haplótipo. Os haplótipos de TSAM apresentam, no mínimo, 13 passos mutacionais em relação aos outros. A porcentagem de sítios variáveis entre TSAM e as outras populações (2,065 a 2,454%) foi menor do que a encontrada entre as subespécies de *T. angustula* (2,809 a 3,306%), porém, foi maior do que a verificada entre todas as outras populações de *B. morio*, cujo valor máximo foi 0,554% (SSEB $\times$ TERE). Esses resultados indicam que o isolamento de TSAM é antigo. Por sua vez, a estruturação parcial detectada pelos microssatélites sugere fluxo gênico via macho limitado e/ou isolamento recente. No momento da coleta nos chamou

a atenção o alto grau de degradação florestal daquela região. O Parque Estadual do Morro do Diabo é praticamente o único remanescente florestal do oeste São Paulo. A paisagem dessa região é formada primordialmente por grandes áreas de pasto e de plantação de cana-de-açúcar. É possível que a transformação de áreas florestais em áreas agropecuárias tenha isolado populações e dificultado a migração até de bons dispersores como os machos de *B. morio*.

Embora não haja nenhum relato de ocorrência de subespécie de *B. morio*, nossos dados sugerem que é possível que essa população seja uma subespécie. Nesse caso, é fundamental realizar coletas no norte do PR, oeste de SP e sul do MS para verificar as semelhanças e diferenças dessas populações com TSAM.

DIVERSIDADE GENÉTICA

DNA mitocondrial

A diversidade genética mitocondrial das populações de *B. morio* foi alta, com exceção das populações de IVIT e TSAM. Muitas populações apresentaram $h > 0,9$. De fato, muitas abelhas coletadas na mesma flor ou planta apresentaram haplótipos diferentes. Chapman *et al.* (2003) também observaram ausência de parentesco entre operárias de *Bombus terrestris* e de *B. pascuorum* que visitavam a mesma planta.

A alta diversidade genética encontrada sugere que as populações de *B. morio* não devem ter passado por afunilamentos com a contração das florestas durante o Pleistoceno. Essa hipótese também sugere que o ambiente frio e seco não teria sido um obstáculo à sua sobrevivência. De fato, as espécies de *Bombus* possuem algumas características como robustez, pilosidade e adaptações termorregulatórias que permitem sua sobrevivência em regiões temperadas e frias (Hines 2008).

Afunilamento populacional/efeito fundador devido à insularização pode ter ocorrido em IVIT, como mencionado anteriormente.

Em TSAM a baixa diversidade genética pode ter sido causada pela perda aleatória de haplótipos, visto que essa população está isolada geneticamente, ou por um processo de afunilamento populacional não relacionado às contrações florestais do Pleistoceno.

Microsatélites

A grande maioria das populações insulares e continentais de *B. morio* possui moderada/alta diversidade genética nuclear. Contrariamente, estudos com outras espécies de *Bombus*, em ambientes insulares, verificaram alta diferenciação e baixa diversidade genética (Estoup *et al.* 1996; Widmer *et al.* 1998; Shao *et al.* 2004; Darvill *et al.* 2006, 2010; Schmid-Hempel *et al.* 2007; Goulson *et al.* 2011; Lye *et al.* 2011; Lozier *et al.* 2011). Essa discrepância de resultados pode ser devida ao fato das ilhas aqui estudadas estarem mais próximas ao continente do que a dos outros estudos. Não coincidentemente, a ilha geograficamente mais distante em que *B. morio* foi encontrada (IVIT) apresentou baixa diversidade genética. As espécies de *Bombus* são conhecidas por colonizar novos ambientes a partir de um pequeno número de indivíduos reprodutores (Gerloff & Schmid-Hempel 2005). Estima-se que não mais do que três rainhas de *B. terrestris* tenham colonizado a Tasmânia, na Austrália, há cerca de 20 anos (Schmid-Hempel *et al.* 2007). Da mesma maneira, toda a população atual de *B. subterraneus* pode ter sido fundada por apenas duas rainhas introduzidas na Nova Zelândia no final do século XIX e início do XX (Lye *et al.* 2011). As populações atuais dessas duas espécies possuem baixa diversidade genética, alto índice de endocruzamento e alta diferenciação genética em relação às populações ancestrais (Schmid-Hempel *et al.* 2007; Lye *et al.* 2011). Mas isso não as impedem de dispersar com sucesso,

visto que *B. terrestris* se dispersou a uma taxa de 12,5 km/ano na Tasmânia (Buttermore 1997).

A população de TSAM também apresentou baixa diversidade genética para os microssatélites. Devido ao seu isolamento genético, a deriva genética pode ter sido a principal responsável por esse resultado.

CONSIDERAÇÕES GERAIS

Nossos resultados mostraram que, para ambas as espécies, a diversidade genética do agrupamento das populações insulares não foi menor do que o agrupamento de populações continentais. Embora não tenha sido aplicado um teste estatístico para comprovar a similaridade baseada nos dados do DNA mitocondrial, esse resultado foi estatisticamente significativo para os microssatélites. Como populações insulares são geralmente menores do que populações continentais, espera-se que elas possuam menor diversidade genética (Frankham 1996). Essa hipótese foi corroborada significativamente em populações de mamíferos, aves, répteis, e de uma espécie de inseto (Frankham 1996). Devido ao menor tamanho populacional e menor diversidade genética as populações insulares são mais propensas à extinção (Frankham 1998). Nossos resultados não corroboram essas observações. Os dados de microssatélites sugerem fluxo gênico via macho entre populações de ilhas e continente, o que resulta na homogeneização de suas diversidades genéticas.

As análises de correlação da diversidade genética das populações com área, distância do continente e idade da ilha, área da coleta no continente e altitude não foram significativas. A única exceção foi a correlação negativa entre a diversidade genética e a distância do continente encontrada em populações insulares de *B. morio*. Em teoria, populações de ilhas pequenas e mais distantes deveriam possuir menor diversidade genética do que populações de ilhas grandes e próximas ao continente (Jaenike 1973). Para *T. angustula*, acreditamos que essa correlação não foi encontrada devido ao pequeno número de ilhas em que elas foram encontradas, e às características dessas ilhas. IGRA, IBEL e ICOM são ilhas grandes e próximas ao continente. Por outro lado, *B. morio* foi encontrada em quase todas as ilhas, inclusive nas distantes IBUZ e IVIT. Populações isoladas de ilhas mais velhas deveriam possuir menor diversidade genética por causa da endogamia e da deriva genética. Embora as ilhas estudadas tenham sido formadas 5.150 e 12.000 anos AP, a idade da ilha também parece

não ser uma característica que influencie a diversidade genética atual das populações de *T. angustula* e *B. morio*. Por fim, já foi relatado na literatura que populações de *Bombus* de locais de altitude elevada estavam estruturadas e possuíam baixa diversidade genética (Lozier *et al.* 2011). Entretanto, isso só foi encontrado em populações situadas entre 2000 e 3500 m de altitude. No nosso trabalho a altitude mediana não passou dos 1000 m.

Espera-se que populações insulares apresentem endocruzamento devido ao efeito fundador/afunilamento populacional e ao pequeno tamanho populacional (Frankham 1998). Uma das consequências do endocruzamento é a depressão endogâmica. Linhagens endocruzadas de abelhas possuem menor valor adaptativo. Colônias endocruzadas de *B. pauloensis* (*B. atratus*) apresentaram menor crescimento do que colônias não endocruzadas (Plowright & Pallett 1979). Em *B. terrestris*, rainhas de linhagens endocruzadas realizaram menos oviposição (Beekman *et al.* 1999). Em abelhas, o endocruzamento tem outra consequência negativa, a produção de machos diploides. Conforme mencionado na Introdução, a produção de machos diploides pode levar uma população à extinção (Zayed & Packer 2005; Zayed 2009). No presente trabalho analisamos apenas operárias, portanto não é possível sabermos diretamente se alguma população amostrada está produzindo machos diploides. Contudo, isso pode ser inferido a partir de dados obtidos com os microssatélites, como baixa diversidade genética, alta estruturação genética e alto F_{IS} . Essas três condições foram encontradas apenas na população TSAM de *B. morio* e, portanto, ela é a única população estudada que pode estar sujeita aos efeitos negativos do endocruzamento.

Sabe-se que populações de abelhas podem contornar o endocruzamento pela migração e pela poliandria (Darvill *et al.* 2006). As rainhas da maioria das espécies sociais de Hymenoptera são fecundadas por apenas um macho, num sistema de cruzamento denominado monandria (Strassmann 2001). Apesar da monandria ser a norma para Meliponini (Palmer *et al.* 2002; Beekman & Oldroyd 2008), acredita-se que a poliandria (sistema em que a rainha é

fecundada por mais de um macho), possa ocorrer ocasionalmente em *T. angustula* (Imperatriz-Fonseca *et al.* 1998; van Veen & Sommeijer 2000b). Em *Bombus*, a grande maioria das espécies é monândrica, mas existem algumas que apresentam poliandria facultativa (Estoup *et al.* 1995; Schmid-Hempel & Schmid-Hempel 2000; Paxton *et al.* 2001; Payne *et al.* 2003; Huth-Schwarz *et al.* 2011). Embora não haja relatos sobre o sistema de cruzamento em *B. morio*, a espécie neotropical *B. pauloensis* (*B. atratus*) pode apresentar poliandria facultativa (Garófalo *et al.* 1986). Considerando os aspectos da biologia das espécies de *T. angustula* e *B. morio*, não podemos descartar a poliandria facultativa como uma alternativa evolutiva que leva ao aumento da diversidade genética e atenua os efeitos do endocruzamento.

O estudo de espécies e populações na Mata Atlântica tem sido fundamental para o entendimento dos complexos fenômenos responsáveis pelo seu alto endemismo. Dentro da área que estudamos, é comum encontrar para outros organismos áreas de separação de clados filogenéticos que, em geral, são associadas com eventos geológicos e/ou históricos como neotectonismo, formação de bacias hidrográficas e de refúgios durante períodos de mudanças climáticas (Pellegrino *et al.* 2005; Grazziotin *et al.* 2006; Carnaval *et al.* 2009; Thomé *et al.* 2010; Cabanne *et al.* 2011; D'Horta *et al.* 2011; Amaro *et al.* 2012; Bell *et al.* 2012). Por exemplo, análises baseadas no DNAmT da espécie de abelha sem ferrão *Melipona quadrifasciata* revelaram a existência de dois clados bem distintos e coincidentes com a distribuição de suas duas subespécies: *M. q. quadrifasciata* e *M. q. anthidioides* (Batalha-Filho *et al.* 2010). Baseados na área de separação e em análises de coalescência, os autores sugeriram que a causa dessa quebra seria uma falha geológica conhecida como falha de Guapiara (Batalha-Filho *et al.* 2010). No entanto, uma quebra filogenética pode ser o resultado da interação de diversas causas de origem desconhecida (Vélez *et al.* 2011) e podem ocorrer mesmo na ausência de barreiras físicas e podem ser indicações de processos

ecológicos crípticos ou seleção natural (Cooper & Cooper 1995). No nosso trabalho não foi verificada nenhuma quebra filogenética comum para *T. angustula* e *B. morio*. As quebras mais pronunciadas foram encontradas entre *T. angustula angustula* e *T. angustula fiebrigi* e entre TSAM e as outras populações de *B. morio*. Além disso, essas quebras não são concordantes com as relatadas na literatura (Pellegrino *et al.* 2005; Grazziotin *et al.* 2006; Tchaicka *et al.* 2007; Martins *et al.* 2009, 2011; Thomé *et al.* 2010; Cabanne *et al.* 2011; D'Horta *et al.* 2011; Amaro *et al.* 2012; Bell *et al.* 2012). Dessa forma, as quebras detectadas para somente uma espécie devem ser interpretadas e generalizadas com cuidado.

Populações que apresentam fluxo gênico e/ou que foram isoladas recentemente, ainda permanecem pouco diferenciadas. A diferenciação só ocorre a partir do momento em que a frequência e distribuição de seus haplótipos ou alelos começam a diferir por ação de processos microevolutivos como mutação, seleção e deriva. O isolamento físico de populações previamente conectadas aconteceu na nossa área de estudo, principalmente a partir século XX com o desmatamento da Mata Atlântica. As áreas naturais remanescentes estão cada vez menores, fragmentadas e isoladas (Eldridge *et al.* 1999). Sabe-se que populações pequenas e isoladas, na ausência de mutação, perdem diversidade genética naturalmente ao longo do tempo, como resultado de seu tamanho finito (Frankham 1997). Dessa maneira, os impactos da fragmentação dependem fortemente da capacidade de dispersão dos organismos (Darvill *et al.* 2010), do seu hábito alimentar (Cane *et al.* 2006) e do tipo de ambiente que envolve os fragmentos (Frankham *et al.* 2004; Lander *et al.* 2011).

Organismos com alta capacidade de dispersão não ficam isolados nos fragmentos, aumentando o seu tamanho populacional e diminuindo a taxa de perda de diversidade genética. A fragmentação recente parece não ter afetado espécies de abelhas de grande dispersão como *Andrena fuscipes* (Exeler *et al.* 2010) e algumas espécies de *Bombus* da América do Norte (Lozier *et al.* 2011).

Organismos com hábitos alimentares mais generalistas, como abelhas que visitam flores de uma ampla variedade de espécies, são menos afetadas pela fragmentação, já que podem utilizar os recursos das espécies remanescentes (Cane *et al.* 2006).

A área em torno de fragmentos pode ser principalmente urbana, agrícola ou floresta em regeneração. Dependendo de que tipo de ambiente a envolve, a fragmentação pode ser mais ou menos prejudicial às espécies. Para as abelhas, ambientes que forneçam alimento e locais de nidificação podem servir como novas moradias. A espécie *T. angustula* é comumente encontrada em áreas de floresta degradada e ambientes urbanos (Batista *et al.* 2003; Slaa 2006). Algumas espécies de *Bombus* podem ser vistas visitando ervas e arbustos de beira de estrada (Lozier *et al.* 2011), inclusive *B. morio*. Na Europa e na América do Norte várias espécies de *Bombus* são comuns em ambientes urbanos, pois os jardins e parques fornecem uma diversidade e abundância de flores o ano inteiro, fazendo com que esses ambientes possam manter populações dessas abelhas (Chapman *et al.* 2003; Goulson 2010; Lozier *et al.* 2011). Por sua vez, áreas agrícolas de uso intensivo de pesticidas podem ser barreiras. Pesquisas recentes têm mostrado que os neonicotinoides diminuem a produção de rainhas e o crescimento de colônias de *B. terrestris* (Whitehorn *et al.* 2012) e aumentam a mortalidade de forrageiras de *Apis mellifera* (Henry *et al.* 2012).

Para saber os reais efeitos da fragmentação na diversidade e estruturação genética das espécies estudadas, seria necessário saber como eram esses índices antes da fragmentação. O que nossos resultados mostram é que populações isoladas geneticamente, ocorrem tanto em áreas fragmentadas quanto em áreas de floresta contínua. Todas as populações costeiras situadas entre ANGR (RJ) e SJOS (SC), incluindo APIA (SP) e BLUM (SC) estão conectadas por Mata Atlântica praticamente contínua. As outras populações, embora não estejam exclusivamente dentro de fragmentos de mata, estão separadas das outras por ambientes urbanos e/ou agropecuários.

A moderada/alta diversidade genética das populações obtida pelos microsatélites também parece sugerir pouco efeito de sua localização em fragmentos ou mata contínua. Entretanto, vale a pena destacar dois pontos:

- a. Estudos teóricos e práticos mostraram que a fragmentação influencia de imediato o aumento da estruturação genética, enquanto que a diminuição da diversidade genética pode levar mais tempo (Keyghobadi *et al.* 2005). Em virtude disso, é necessário o acompanhamento da diversidade genética das populações estudadas para verificar seus níveis ao longo dos anos;
- b. Espécies respondem diferentemente aos efeitos de fragmentação (Cane 2001). Porém, não podemos afirmar que as populações se manterão “saudáveis” com o aumento da fragmentação em nossa área de estudo. Mesmo sendo duas espécies encontradas em áreas fora de florestas, a manutenção de fragmentos já existentes é essencial para aumentar o tamanho efetivo das populações. Estudos têm mostrado que mesmo a manutenção de pequenos fragmentos é fundamental para a manutenção da diversidade de anfíbios (Silva *et al.* 2011), polinizadores (Quintero *et al.* 2009) e espécies de Meliponini (Brosi 2009).

O estudo da fauna e flora de ilhas tem sido fundamental para as áreas de ecologia e biologia evolutiva (Franks 2010). Esses estudos tornaram possível a elaboração de importantes teorias, que puderam ser extrapoladas para diversos ambientes, estimulando a continuação dos estudos com espécies e populações insulares. Essa atividade, entretanto, está ameaçada pela alta taxa de extinção que essas espécies vêm sofrendo. As abelhas possuem elevada probabilidade de extinção intrínseca, e esse fato combinado com os serviços ecológicos que elas fornecem, as tornam boas indicadoras da saúde dos ecossistemas (Zayed & Packer 2005). Nossos resultados mostraram que em geral, as populações das espécies *T.*

angustula e *B. morio* não apresentam inclinação à extinção. A sobrevivência em ambientes urbanos e a grande capacidade de migração dos machos são fatores primordiais para isso. Além disso, essas características parecem ser as responsáveis por permitir que muitas das populações geograficamente isoladas não apresentem isolamento genético. É fundamental manter os atuais fragmentos de mata, arborizar os ambientes urbanos e fornecer corredores entre fragmentos em ambientes agrícolas para manter os essenciais serviços que as abelhas prestam.

CONCLUSÃO

1. A diversidade genética de populações insulares de *T. angustula* e *B. morio* não é menor do que a de populações continentais;
2. A diversidade genética de populações insulares de *T. angustula* e *B. morio* não está relacionada com a área e idade das ilhas. Contudo, houve correlação negativa entre a distância do continente e a diversidade genética em *B. morio*;
3. A estruturação das populações insulares variou de acordo com o marcador utilizado e a espécie;
4. A estruturação das populações continentais também variou de acordo com o marcador utilizado e a espécie;
5. Embora algumas conclusões acima sejam, em geral, concordantes para as duas espécies analisadas, observamos alguns resultados diferentes devido a particularidades relacionadas às suas características biológicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abegg C (2009) Rafting. In: *Encyclopedia of Islands* (eds Gillespie RG, Clague DA), pp. 775-778. University of California Press, Berkeley, CA.
- Alho CJR, Schneider M, Vasconcellos LA (2002) Degree of threat to the biological diversity in the Ilha Grande State Park (RJ) and guidelines for conservation. *Brazilian Journal of Biology*, **62**, 375-385.
- Amaro RC, Rodrigues MT, Yonenaga-Yassuda Y, Carnaval AC (2012) Demographic processes in the montane Atlantic rainforest: molecular and cytogenetic evidence from the endemic frog *Proceratophrys boiei*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **62**, 880-888.
- Ângelo S (1989) *Ilhas do Litoral Paulista*. Secretaria do Meio Ambiente - SMA, São Paulo.
- Ângelo S (1992) Distribuição e ocorrência de isópodos terrestres (Crustacea: Oniscidea) em fragmentos de Mata Atlântica insular e continental do litoral paulista.
- Aranha LB (2011) Modelagem da dinâmica da paisagem do Parque Estadual da Ilha Anchieta (PEIA), Ubatuba, SP: subsídios para o Plano de Restauração.
- Arias MC, Silvestre D, Francisco FO, Weinlich R, Sheppard WS (2008) An oligonucleotide primer set for PCR amplification of the complete honey bee mitochondrial genome. *Apidologie*, **39**, 475-480.
- Asplen MK, Whitfield JB, De Boer JG, Heimpel GE (2009) Ancestral state reconstruction analysis of hymenopteran sex determination mechanisms. *Journal of Evolutionary Biology*, **22**, 1762-1769.
- Avice JC (2000) *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, MA.
- Ayala FJ (1965) Evolution of fitness in experimental populations of *Drosophila serrata*. *Science*, **150**, 903-905.
- Baer B, Schmid-Hempel P (2001) Unexpected consequences of polyandry for parasitism and fitness in the bumblebee, *Bombus terrestris*. *Evolution*, **55**, 1639-1643.
- Bandelt HJ, Forster P, Röhl A (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, **16**, 37-48.
- Barth A, Fernandes A, Pompolo SG, Costa MA (2011) Occurrence of B chromosomes in *Tetragonisca* Latreille, 1811 (Hymenoptera, Apidae, Meliponini): a new contribution to the cytotaxonomy of the genus. *Genetics and Molecular Biology*, **34**, 77-79.
- Batalha-Filho H, Waldschmidt AM, Campos LAO, Tavares MG, Fernandes-Salomão TM (2010) Phylogeography and historical demography of the neotropical stingless bee *Melipona quadrifasciata* (Hymenoptera, Apidae): incongruence between morphology and mitochondrial DNA. *Apidologie*, **41**, 534-547.
- Batista MA, Ramalho M, Soares AE. (2003) Nesting sites and abundance of Meliponini (Hymenoptera: Apidae) in heterogeneous habitats of the Atlantic Rain Forest. *Lundiana*, **4**, 19-23.
- Beekman M, Oldroyd BP (2008) When workers disunite: intraspecific parasitism by eusocial bees. *Annual Review of Entomology*, **53**, 19-37.

- Beekman M, van Stratum P, Veerman A (1999) Selection for non-diapause in the bumblebee *Bombus terrestris*, with notes on the effect of inbreeding. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, **93**, 69-75.
- Bell RC, Brasileiro CA, Haddad CFB, Zamudio KR (2012) Evolutionary history of *Scinax* treefrogs on land-bridge islands in south-eastern Brazil. *Journal of Biogeography*. DOI: 10.1111/j.1365-2699.2012.02708.x.
- Berkelhamer RC (1983) Intraspecific genetic variation and haplodiploidy, eusociality, and polygyny in the Hymenoptera. *Evolution*, **37**, 540-545.
- Beye M, Hasselmann M, Fondrk MK, Page RE, Omholt SW (2003) The gene *csd* is the primary signal for sexual development in the honeybee and encodes an SR-type protein. *Cell*, **114**, 419-429.
- Brito RM, Arias MC (2010) Genetic structure of *Partamona helleri* (Apidae, Meliponini) from Neotropical Atlantic rainforest. *Insectes Sociaux*, **57**, 413-419.
- Brito RM, Francisco FO, Domingues-Yamada AMT, *et al.* (2009) Characterization of microsatellite loci of *Tetragonisca angustula* (Hymenoptera, Apidae, Meliponini). *Conservation Genetics Resources*, **1**, 183-187.
- Brosi BJ (2009) The complex responses of social stingless bees (Apidae: Meliponini) to tropical deforestation. *Forest Ecology and Management*, **258**, 1830-1837.
- Brown JH, Lomolino MV (1998) *Biogeography*. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA.
- Buttermore RE (1997) Observations of successful *Bombus terrestris* (L.) (Hymenoptera: Apidae) colonies in southern Tasmania. *Australian Journal of Entomology*, **36**, 251-254.
- Cabanne GS, Horta FM., Meyer D, Silva JMC, Miyaki CY (2011) Evolution of *Dendrocolaptes platyrostris* (Aves: Furnariidae) between the South American open vegetation corridor and the Atlantic forest. *Biological Journal of the Linnean Society*, **103**, 801-820.
- Cabanne GS, Santos FR, Miyaki CY (2007) Phylogeography of *Xiphorhynchus fuscus* (Passeriformes, Dendrocolaptidae): vicariance and recent demographic expansion in southern Atlantic forest. *Biological Journal of the Linnean Society*, **91**, 73-84.
- Camargo JMF, Pedro SM (2008) Meliponini Lepeletier, 1836. In: *Catalogue of Bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical Region - online version* (eds Moure JS, Urban D, Melo GAR)
- Cameron EC, Franck P, Oldroyd BP (2004) Genetic structure of nest aggregations and drone congregations of the southeast Asian stingless bee *Trigona collina*. *Molecular Ecology*, **13**, 2357-2364.
- Cameron SA, Lozier JD, Strange JP, *et al.* (2011) Patterns of widespread decline in North American bumble bees. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108**, 662-667.
- Camillo E, Garófalo CA (1989) Analysis of the niche of two sympatric species of *Bombus* (Hymenoptera, Apidae) in southeastern Brazil. *Journal of Tropical Ecology*, **5**, 81-92.
- Cane JH (2001) Habitat fragmentation and native bees: a premature verdict? *Conservation Ecology*, **5**, 3.
- Cane JH, Minckley RL, Kervin LJ, Roulston TH, Williams NM (2006) Complex responses within a desert bee guild (Hymenoptera: Apiformes) to urban habitat fragmentation. *Ecological Applications*, **16**, 632-644.
- Carnaval AC, Hickerson MJ, Haddad CFB, Rodrigues MT, Moritz C (2009) Stability predicts genetic diversity in the Brazilian Atlantic Forest hotspot. *Science*, **323**, 785-789.

- Carvajal-Rodríguez A, Uña-Alvarez J, Rolán-Alvarez E (2009) A new multitest correction (SGoF) that increases its statistical power when increasing the number of tests. *BMC Bioinformatics*, **10**, 209.
- Castanheira EB, Contel EP (1995) Isoenzymes related to flight activity in *Tetragonisca angustula* (Hymenoptera: Apidae: Meliponinae): evidence of postranslational modification of the hexokinase and detection of new glycerol-3-phosphate dehydrogenase variants. *Biochemical Genetics*, **33**, 365-375.
- Chapman RE, Wang J, Bourke AFG (2003) Genetic analysis of spatial foraging patterns and resource sharing in bumble bee pollinators. *Molecular Ecology*, **12**, 2801-2808.
- Cicchi PJP, Sena MA, Peccinini-Seale DM, Duarte MR (2007) Snakes from coastal islands of State of São Paulo, Southeastern Brazil. *Biota Neotropica*, **7**, 227-240.
- Claridge E (2009) Wallace, Alfred Russel. In: *Encyclopedia of Islands* (eds Gillespie RG, Clague DA), pp. 962-967. University of California Press, Berkeley, CA.
- Cook JM, Crozier RH (1995) Sex determination and population biology in the Hymenoptera. *Trends in Ecology and Evolution*, **10**, 281-286.
- Cooper A, Cooper RA (1995) The Oligocene bottleneck and New Zealand biota: genetic record of a past environmental crisis. *Proceedings of the Royal Society B*, **261**, 293-302.
- Corrêa ICS (1996) Les variations du niveau de la mer durant les derniers 17.500 ans BP: l'exemple de la plateforme continentale du Rio Grande do Sul-Brésil. *Marine Geology*, **130**, 163-178.
- Cortopassi-Laurino M (2007) Drone congregations in Meliponini: what do they tell us? *Bioscience Journal*, **23**, 153-160.
- Crawford NG (2010) SMOGD: software for the measurement of genetic diversity. *Molecular Ecology Resources*, **10**, 556-557.
- Crozier RH (1976) Counter-intuitive property of effective population size. *Nature*, **262**, 384.
- DHN-MM (1985) *Carta Náutica 1641*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (1986) *Carta Náutica 1620*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (1987) *Carta Náutica 1642*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (1990) *Carta Náutica 1621*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (1999) *Carta Náutica 23100*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (2003a) *Carta Náutica 1635*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (2003b) *Carta Náutica 1902*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (2004a) *Carta Náutica 1703*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- DHN-MM (2004b) *Carta Náutica 1821*. Brasil, Diretoria de Hidrografia e Navegação - Ministério da Marinha.
- Darvill B, Ellis JS, Lye GC, Goulson D (2006) Population structure and inbreeding in a rare and declining bumblebee, *Bombus muscorum* (Hymenoptera: Apidae). *Molecular Ecology*, **15**, 601-611.
- Darvill B, O'Connor S, Lye GC, *et al.* (2010) Cryptic differences in dispersal lead to differential sensitivity to habitat fragmentation in two bumblebee species. *Molecular Ecology*, **19**, 53-63.

- Darwin C (1859) *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. John Murray, London.
- Diamond JM (1975) The island dilemma: lessons of modern biogeographic studies for the design of natural reserves. *Biological Conservation*, **7**, 129-146.
- Diamond JM (1984) Historic extinctions: A rosetta stone for understanding prehistoric extinctions. In: *Quaternary Extinctions: A Prehistoric Revolution* (eds Martin PS, Klein RG), pp. 824-862. The University of Arizona Press, Tucson, AZ.
- Drummond AJ, Ashton B, Buxton S, *et al.* (2010) Geneious v5.1. Disponível em <http://www.geneious.com/>.
- Dutra RRC, Marinoni RC (1994) Insetos capturados com armadilha Malaise na Ilha do Mel, Baía de Paranaguá, Paraná, Brasil. I. Composição de ordens. *Revista Brasileira de Zoologia*, **11**, 227-245.
- D'Horta FM, Cabanne GS, Meyer D, Miyaki CY (2011) The genetic effects of Late Quaternary climatic changes over a tropical latitudinal gradient: diversification of an Atlantic Forest passerine. *Molecular Ecology*, **20**, 1923-1935.
- Earl DA, VonHoldt BM (2011) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 2-4.
- Edgar RC (2004) MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, **32**, 1792-1797.
- Eldridge MDB, King JM, Loupis AK, *et al.* (1999) Unprecedented low levels of genetic variation and inbreeding depression in an island population of the black-footed rock-wallaby. *Conservation Biology*, **13**, 531-541.
- Ellis JS, Knight ME, Darvill B, Goulson D (2006) Extremely low effective population sizes, genetic structuring and reduced genetic diversity in a threatened bumblebee species, *Bombus sylvarum* (Hymenoptera: Apidae). *Molecular Ecology*, **15**, 4375-4386.
- Esteves CJO (2004) Turismo e qualidade da água na Ilha do Mel (Litoral do Paraná). Dissertação de Mestrado, Universidade Federal do Paraná.
- Estoup A, Scholl A, Pouvreau A, Solignac M (1995) Monoandry and polyandry in bumble bees (Hymenoptera; Bombinae) as evidenced by highly variable microsatellites. *Molecular Ecology*, **4**, 89-93.
- Estoup A, Solignac M, Cornuet J-M, Goudet J, Scholl A (1996) Genetic differentiation of continental and island populations of *Bombus terrestris* (Hymenoptera: Apidae) in Europe. *Molecular Ecology*, **5**, 19-31.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, **14**, 2611-2620.
- Excoffier L, Lischer HE (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, **10**, 564-567.
- Exeler N, Kratochwil A, Hochkirch A (2010) Does recent habitat fragmentation affect the population genetics of a heathland specialist, *Andrena fuscipes* (Hymenoptera: Andrenidae)? *Conservation Genetics*, **11**, 1679-1687.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, **164**, 1567-1587.
- Forster G (1777) *A Voyage Round the World, Vol. I* (N Thomas, O Berghof, 2000, Eds.). University of Hawaii Press, Honolulu, HI.

- Forster JR (1778) *Observations Made During a Voyage Round the World* (N Thomas, H Guest, M Dettelbach, 1996, Eds.). University of Hawaii Press, Honolulu, HI.
- Francisco FO, Arias MC (2010) Inferences of evolutionary and ecological events that influenced the population structure of *Plebeia remota*, a stingless bee from Brazil. *Apidologie*, **41**, 216-224.
- Frankham R (1996) Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conservation Biology*, **10**, 1500-1508.
- Frankham R (1997) Do island populations have less genetic variation than mainland populations? *Heredity*, **78**, 311-327.
- Frankham R (1998) Inbreeding and extinction: island populations. *Conservation Biology*, **12**, 665-675.
- Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA (2004) *A Primer of Conservation Genetics*. Cambridge University Press, New York, NY.
- Franks SJ (2010) Genetics, evolution, and conservation of island plants. *Journal of Plant Biology*, **53**, 1-9.
- Funk CR, Schmid-Hempel R, Schmid-Hempel P (2006) Microsatellite loci for *Bombus* spp. *Molecular Ecology Notes*, **6**, 83-86.
- Gadau J, Gerloff CU, Krüger N, *et al.* (2001) A linkage analysis of sex determination in *Bombus terrestris* (L.) (Hymenoptera: Apidae). *Heredity*, **87**, 234-242.
- Garófalo CA (1978) On the bionomic of *Bombus (Fervidobombus) morio* (Swederus). I. Cell construction and oviposition behavior of the queen (Hymenoptera, Apidae). *Revista Brasileira de Biologia*, **38**, 227-236.
- Garófalo CA (1979) Observações preliminares sobre a fundação solitária de colônias de *Bombus (Fervidobombus) atratus* Franklin (Hymenoptera, Apidae). *Boletim de Zoologia da Universidade de São Paulo*, **4**, 53-64.
- Garófalo CA (1980) Aspectos bionômicos de *Bombus (Fervidobombus) morio* (Swederus). III: Tamanho das operárias e desenvolvimento da colônia (Hymenoptera, Apidae). *Revista Brasileira de Biologia*, **40**, 345-348.
- Garófalo CA, Zucchi R, Muccillo G (1986) Reproductive studies of a neotropical bumblebee, *Bombus atratus* (Hymenoptera, Apidae). *Revista Brasileira de Genética*, **9**, 231-243.
- Gaston KJ (2009) Extinction. In: *Encyclopedia of Islands* (eds Gillespie RG, Clague DA), pp. 281-286. University of California Press, Berkeley, CA.
- Gerloff CU, Schmid-Hempel P (2005) Inbreeding depression and family variation in a social insect, *Bombus terrestris* (Hymenoptera: Apidae). *Oikos*, **111**, 67-80.
- Goulson D (2010) *Bumblebees: Behaviour, Ecology, and Conservation*. Oxford University Press, Oxford.
- Goulson D, Kaden JC, Lepais O, Lye GC, Darvill B (2011) Population structure, dispersal and colonization history of the garden bumblebee *Bombus hortorum* in the Western Isles of Scotland. *Conservation Genetics*, **12**, 867-879.
- Goulson D, Stout JC (2001) Homing ability of the bumblebee *Bombus terrestris* (Hymenoptera: Apidae). *Apidologie*, **32**, 105-111.

- Grazziotin FG, Monzel M, Echeverrigaray S, Bonatto SL (2006) Phylogeography of the *Bothrops jararaca* complex (Serpentes: Viperidae): past fragmentation and island colonization in the Brazilian Atlantic Forest. *Molecular Ecology*, **15**, 3969-3982.
- Grüter C, Menezes C, Imperatriz-Fonseca VL, Ratnieks FLW (2012) A morphologically specialized soldier caste improves colony defense in a neotropical eusocial bee. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **109**, 1182-1186.
- Hasselmann M, Gempe T, Schiøtt M, *et al.* (2008) Evidence for the evolutionary nascence of a novel sex determination pathway in honeybees. *Nature*, **454**, 519-522.
- Hedrick PW (2005) A standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, **59**, 1633-1638.
- Hedrick PW, Parker JD (1997) Evolutionary genetics and genetic variation of haplodiploids and X-linked genes. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **28**, 55-83.
- Heimpel GE, de Boer JG (2008) Sex determination in the Hymenoptera. *Annual Review of Entomology*, **53**, 209-30.
- Heller R, Siegmund HR (2009) Relationship between three measures of genetic differentiation G_{ST} , D_{EST} and G'_{ST} : how wrong have we been? *Molecular Ecology*, **18**, 2080-2083.
- Henry M, Beguin M, Requier F, *et al.* (2012) A common pesticide decreases foraging success and survival in honey bees. *Science*, **336**, 348-350.
- Hewitt GM (1996) Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, **58**, 247-276.
- Hines HM (2008) Historical biogeography, divergence times, and diversification patterns of bumble bees (Hymenoptera: Apidae: *Bombus*). *Systematic Biology*, **57**, 58-75.
- Holloway AK, Strand MR, Black IV WC, Antolin MF (2000) Linkage analysis of sex determination in *Bracon* sp. near *hebetor* (Hymenoptera: Braconidae). *Genetics*, **154**, 205-212.
- Hunt GJ, Page RE (1994) Linkage analysis of sex determination in the honey bee (*Apis mellifera*). *Molecular and General Genetics*, **244**, 512-518.
- Huth-Schwarz A, León A, Vandame R, Moritz RFA, Kraus FB (2011) Mating frequency and genetic colony structure of the neotropical bumblebee *Bombus wilmatiae* (Hymenoptera: Apidae). *Apidologie*, **42**, 519-525.
- Imperatriz-Fonseca VL, Matos ET, Ferreira E, Velthuis HHW (1998) A case of multiple mating in stingless bees (Meliponinae). *Insectes Sociaux*, **45**, 231-233.
- Jaenike JR (1973) A steady state model of genetic polymorphism on islands. *The American Naturalist*, **107**, 793-795.
- Jakobsson M, Rosenberg NA (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, **23**, 1801-1806.
- Jarzebowska M, Radwan J (2010) Sexual selection counteracts extinction of small populations of the bulb mites. *Evolution*, **64**, 1283-1289.
- Jones OR, Wang J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, **10**, 551-555.

- Jost L (2008) G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, **17**, 4015-4026.
- Jost L (2009) D vs. G_{ST} : Response to Heller and Siegismund (2009) and Ryman and Leimar (2009). *Molecular Ecology*, **18**, 2088-2091.
- Kalinowski ST (2005) HP-RARE 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. *Molecular Ecology Notes*, **5**, 187-189.
- Kanitz R (2009) Diversidade genética em espécies do gênero *Cavia* (Rodentia, Mammalia) e a história evolutiva do raro preá de Moleques do Sul.
- Keller LF, Waller DM (2002) Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology and Evolution*, **17**, 230-241.
- Kerr WE (1997) Meliponicultura. A importância da meliponicultura para o país. *Biotechnologia Ciência e Desenvolvimento*, **1**, 42-44.
- Keyghobadi N, Roland J, Matter SF, Strobeck C (2005) Among- and within-patch components of genetic diversity respond at different rates to habitat fragmentation: an empirical demonstration. *Proceedings of the Royal Society B*, **272**, 553-560.
- Kimura M, Crow JF (1964) The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, **49**, 725-738.
- Koling DF, Moretto G (2010) Mitochondrial discrimination of stingless bees *Tetragonisca angustula* (Apidae: Meliponini) from Santa Catarina state, Brazil. *Apidologie*, **41**, 454-462.
- Kraus FB, Wolf S, Moritz RFA (2009) Male flight distance and population substructure in the bumblebee *Bombus terrestris*. *Journal of Animal Ecology*, **78**, 247-252.
- Lander TA, Bebbber DP, Choy CTL, Harris SA, Boshier DH (2011) The circe principle explains how resource-rich land can waylay pollinators in fragmented landscapes. *Current Biology*, **21**, 1302-1307.
- Laroca S (1976) Sobre a bionomia de *Bombus morio* (Hymenoptera, Apoidea). *Acta Biológica Paranaense*, **5**, 107-127.
- Laurance WF, Camargo JLC, Luizão RCC, *et al.* (2011) The fate of Amazonian forest fragments: A 32-year investigation. *Biological Conservation*, **144**, 56-67.
- Lester LJ, Selander RK (1979) Population genetics of haplodiploid insects. *Genetics*, **92**, 1329-1345.
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, **25**, 1451-1452.
- Lindauer M, Kerr WE (1960) Communication between the workers of stingless bees. *Bee World*, **41**, 29-41, 65-71.
- Lorenzon MCA, Conde MMS, Barbosa CG (2006) Eusocial Apidae in tropical insular region. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, **49**, 733-738.
- Lozier JD, Cameron SA (2009) Comparative genetic analyses of historical and contemporary collections highlight contrasting demographic histories for the bumble bees *Bombus pensylvanicus* and *B. impatiens* in Illinois. *Molecular Ecology*, **18**, 1875-1886.
- Lozier JD, Strange JP, Stewart IJ, Cameron SA (2011) Patterns of range-wide genetic variation in six North American bumble bee (Apidae: *Bombus*) species. *Molecular Ecology*, **20**, 4870-4888.

- Lye GC, Lepais O, Goulson D (2011) Reconstructing demographic events from population genetic data: the introduction of bumblebees to New Zealand. *Molecular Ecology*, **20**, 2888-2900.
- MacArthur RH, Wilson EO (1963) An Equilibrium Theory of Insular Zoogeography. *Evolution*, **17**, 373-387.
- MacArthur RH, Wilson EO (1967) *The Theory of Island Biogeography*. Princeton University Press, Princeton , NJ.
- Macfarlane RP, Gurr L (1995) Distribution of bumble bees in New Zealand. *New Zealand Entomologist*, **18**, 29-36.
- Mackensen O (1951) Viability and sex determination in the honey bee (*Apis mellifera* L.). *Genetics*, **36**, 500-509.
- Mantel N (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, **27**, 209-220.
- Martins FM, Gifalli-Iughetti C, Koiffman CP, Harris EE (2011) Coalescent analysis of mtDNA indicates Pleistocene divergence among three species of howler monkey (*Alouatta* spp.) and population subdivision within the Atlantic Coastal Forest species, *A. guariba*. *Primates*, **52**, 77-87.
- Martins FM, Templeton AR, Pavan ACO, Kohlbach BC, Morgante JS (2009) Phylogeography of the common vampire bat (*Desmodus rotundus*): marked population structure, Neotropical Pleistocene vicariance and incongruence between nuclear and mtDNA markers. *BMC Evolutionary Biology*, **9**, 294.
- Mayr E (1942) *Systematics and the Origin of Species*. Columbia University Press, New York, NY.
- Metcalf RA, Marlin JC, Whitt GS (1975) Low levels of genetic heterozygosity in Hymenoptera. *Nature*, **257**, 792-794.
- Michener CD (2007) *The Bees of the World*. Johns Hopkins University Press, Baltimore, MD.
- Milne GA, Long AJ, Bassett SE (2005) Modelling Holocene relative sea-level observations from the Caribbean and South America. *Quaternary Science Reviews*, **24**, 1183-1202.
- Molecular Ecology Resources Primer Development Consortium, Arias MC, Arnoux E, *et al.* (2012) Permanent Genetic Resources added to Molecular Ecology Resources Database 1 December 2011 - 31 January 2012. *Molecular Ecology Resources*, **12**, 570-572.
- Moure JS, Melo GAR (2008) Bombini Latreille, 1802. In: *Catalogue of Bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical Region - online version* (eds Moure JS, Urban D, Melo GAR)
- Moure JS, Sakagami SF (1962) As mamangabas sociais do Brasil (*Bombus* Latreille) (Hymenoptera, Apoidea). *Studia Entomologica*, **51**, 65-194.
- Nei M (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- van Nieuwstadt MGL, Ruano Iraheta CE (1996) Relation between size and foraging range in stingless bees (Apidae, Meliponinae). *Apidologie*, **27**, 219-228.
- Nogueira-Neto P (1954) Notas bionômicas sobre meliponíneos: III – Sobre a enxameagem. *Arquivos do Museu Nacional*, **42**, 419-451.
- Nogueira-Neto P (1997) *Vida e Criação de Abelhas Indígenas Sem Ferrão*. Nogueirapis, São Paulo, SP.

- Oliveira RC, Nunes FMF, Campos APS, *et al.* (2004) Genetic divergence in *Tetragonisca angustula* Latreille, 1811 (Hymenoptera, Meliponinae, Trigonini) based on RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology*, **27**, 181-186.
- Olivieri I (2009) Dispersal. In: *Encyclopedia of Islands* (eds Gillespie RG, Clague DA), pp. 224-228. University of California Press, Berkeley, CA.
- van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, Shipley P (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, **4**, 535-538.
- Packer L, Owen RE (2001) Population genetic aspects of pollinator decline. *Conservation Ecology*, **5**, 4.
- Palmer KA, Oldroyd BP, Quezada-Euán JJG, Paxton RJ, May-Itzá WJ (2002) Paternity frequency and maternity of males in some stingless bee species. *Molecular Ecology*, **11**, 2107-2113.
- Pamilo P, Varvio-Aho S-L, Pekkarinen A (1978) Low enzyme gene variability in Hymenoptera as a consequence of haplodiploidy. *Hereditas*, **88**, 93-99.
- Paxton RJ (2000) Genetic structure of colonies and a male aggregation in the stingless bee *Scaptotrigona postica*, as revealed by microsatellite analysis. *Insectes Sociaux*, **47**, 63-69.
- Paxton RJ, Thorén PA, Estoup A, Tengö J (2001) Queen-worker conflict over male production and the sex ratio in a facultatively polyandrous bumblebee, *Bombus hypnorum*: the consequences of nest usurpation. *Molecular Ecology*, **10**, 2489-2498.
- Payne CM, Lavery TM, Lachance MA (2003) The frequency of multiple paternity in bumble bee (*Bombus*) colonies based on microsatellite DNA at the B10 locus. *Insectes Sociaux*, **50**, 375-378.
- Peakall ROD, Smouse PE (2006) genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, **6**, 288-295.
- Pellegrino KCM, Rodrigues MT, Waite AN, *et al.* (2005) Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwini* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river systems in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of the Linnean Society*, **85**, 13-26.
- Plowright RC, Pallett MJ (1979) Worker-male conflict and inbreeding in bumble bees (Hymenoptera: Apidae). *The Canadian Entomologist*, **111**, 289-294.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**, 945-959.
- Quammen D (1996) *The Song of the Dodo: Island Biogeography in an Age of Extinction*. Scribner, New York, NY.
- Quintero C, Morales CL, Aizen MA (2009) Effects of anthropogenic habitat disturbance on local pollinator diversity and species turnover across a precipitation gradient. *Biodiversity and Conservation*, **19**, 257-274.
- Roderick G, Vernon P (2009) Invasion biology. In: *Encyclopedia of Islands* (eds Gillespie RG, Clague DA), pp. 475-480. University of California Press, Berkeley, CA.
- Rosenberg NA (2004) DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*, **4**, 137-138.
- Rousset F (2008) GENETPOP'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, **8**, 103-106.

- Salvador CH, Graipel ME, Simões-Lopes PC (2009) Body size of commom opossum *Didelphis aurita* Wied-Neuwied 1826 (Didelphimorphia: Didelphidae) on southern brazilian islands. *Brazilian Journal of Biology*, **69**, 311-317.
- Schmid-Hempel R, Schmid-Hempel P (2000) Female mating frequencies in *Bombus* spp. from Central Europe. *Insectes Sociaux*, **47**, 36-41.
- Schmid-Hempel P, Schmid-Hempel R, Brunner PC, Seeman OD, Allen GR (2007) Invasion success of the bumblebee, *Bombus terrestris*, despite a drastic genetic bottleneck. *Heredity*, **99**, 414-422.
- Schuelke M (2000) An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology*, **18**, 233-234.
- Schwartz-Filho D, Laroca S (1999) A comunidade de abelhas silvestres (Hymenoptera, Apoidea) da Ilha das Cobras (Paraná, Brasil) aspectos ecológicos e biogeográficos. *Acta Biológica Paranaense*, **28**, 19-108.
- Schwarz HF (1938) The stingless bees (Meliponidae) of British Guiana and some related forms. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, **74**, 437-508.
- Shaffer ML (1981) Minimum population sizes for species conservation. *BioScience*, **31**, 131-134.
- Shao Z-Y, Mao H-X, Fu W-J, *et al.* (2004) Genetic structure of Asian populations of *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae). *Journal of Heredity*, **95**, 46-52.
- Silva FR, Prado VHM, Rossa-Feres DC (2011) Value of small forest fragments to amphibians. *Science*, **332**, 1033.
- Silveira FA, Melo GAR, Almeida EAB (2002) *Abelhas Brasileiras: Sistemática e Identificação*. Fundação Araucária, Belo Horizonte, MG.
- Simberloff DS, Abele LG (1976) Island Biogeography Theory and conservation practice. *Science*, **191**, 285-286.
- Simberloff DS, Wilson EO (1969) Experimental zoogeography of islands: the colonization of empty islands. *Ecology*, **50**, 278-296.
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, *et al.* (1994) Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene-sequences and a compilation of conserved polymerase chain-reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, **87**, 651-701.
- Slaa EJ (2006) Population dynamics of a stingless bee community in the seasonal dry lowlands of Costa Rica. *Insectes Sociaux*, **53**, 70-79.
- Slatkin M (1987) Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, **236**, 787-792.
- Steiner J, Harter-Marques B, Zillikens A, Feja EP (2006) Bees of Santa Catarina Island, Brazil - a first survey and checklist (Insecta: Apoidea). *Zootaxa*, **1220**, 1-18.
- Strassmann J (2001) The rarity of multiple mating by females in the social Hymenoptera. *Insectes Sociaux*, **48**, 1-13.
- Sugiyama M (2003) Estudos florísticos e fitossociológicos em comunidades vegetais de restinga da Ilha do Cardoso, Cananéia, SP. Tese de Doutorado, Universidade Federal de São Carlos.
- Suguio K, Martin L, Bittencourt ACSP, *et al.* (1985) Flutuações do nível relativo do mar durante o Quaternário Superior ao longo do litoral brasileiro e suas implicações na sedimentação costeira. *Revista Brasileira de Geociências*, **15**, 273-286.

- Sugio K, Tatum SH, Kowata EA, Munita CS, Paiva RP (2003) Upper Pleistocene deposits of the Comprida Island (São Paulo State) dated by thermoluminescence method. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, **75**, 91-96.
- Suomalainen E (1962) Significance of parthenogenesis in the evolution of insects. *Annual Review of Entomology*, **7**, 349-366.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, *et al.* (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, **28**, 2731-2739.
- Tarpy DR (2003) Genetic diversity within honeybee colonies prevents severe infections and promotes colony growth. *Proceedings of the Royal Society B*, **270**, 99-103.
- Tchaicka L, Eizirik E, Oliveira TG, Cândido JF, Freitas TR. (2007) Phylogeography and population history of the crab-eating fox (*Cerdocyon thous*). *Molecular Ecology*, **16**, 819-838.
- Thomé MTC, Zamudio KR, Giovanelli JG., *et al.* (2010) Phylogeography of endemic toads and post-Pliocene persistence of the Brazilian Atlantic Forest. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **55**, 1018-1031.
- Tsai Y-HE (2011) PhyloGeoViz: a web-based program that visualizes genetic data on maps. *Molecular Ecology Resources*, **11**, 557-561.
- van Veen JW, Sommeijer MJ (2000a) Colony reproduction in *Tetragonisca angustula* (Apidae, Meliponini). *Insectes Sociaux*, **47**, 70-75.
- van Veen JW, Sommeijer MJ (2000b) Observations on gynes and drones around nuptial flights in the stingless bees *Tetragonisca angustula* and *Melipona beecheii* (Hymenoptera, Apidae, Meliponinae). *Apidologie*, **31**, 47-54.
- Velthuis HHW, Koedam D, Imperatriz-Fonseca VL (2005) The males of *Melipona* and other stingless bees, and their mothers. *Apidologie*, **36**, 169-185.
- Vélez S, Mesibov R, Giribet G (2011) Biogeography in a continental island: population structure of the relict endemic centipede *Craterostigma tasmanianus* (Chilopoda, Craterostigmomorpha) in Tasmania using 16S rRNA and COI. *Journal of Heredity*, **103**, 80-91.
- Wallace AR (1869) *The Malay Archipelago, the land of the orang-utan and the bird of paradise; a narrative of travel, with studies of man and nature. Vol I.* Macmillan, London.
- Wallace AR (1895) *Island Life*. Macmillan, London.
- Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R (1991) Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, **10**, 506-513.
- Whitehorn PR, O'Connor S, Wackers FL, Goulson D (2012) Neonicotinoid pesticide reduces bumble bee colony growth and queen production. *Science*, **336**, 351-352.
- Whitehorn PR, Tinsley MC, Brown MJF, Darvill B, Goulson D (2011) Genetic diversity, parasite prevalence and immunity in wild bumblebees. *Proceedings of the Royal Society B*, **278**, 1195-202.
- Whiting PW (1933) Selective fertilization and sex-determination in Hymenoptera. *Science*, **78**, 537-538.
- Whiting PW (1943) Multiple alleles in Complementary Sex Determination of *Habrobracon*. *Genetics*, **28**, 365-382.

- Widmer A, Schmid-Hempel P, Estoup A, Scholl A (1998) Population genetic structure and colonization history of *Bombus terrestris* s.l. (Hymenoptera: Apidae) from the Canary Islands and Madeira. *Heredity*, **81**, 563-572.
- van Wilgenburg E, Driessen G, Beukeboom LW (2006) Single locus complementary sex determination in Hymenoptera: an “unintelligent” design? *Frontiers in Zoology*, **3**, 1.
- Wilson EO (1997) *Naturalista*. Nova Fronteira, Rio de Janeiro, RJ.
- Wilson EO, Simberloff DS (1969) Experimental zoogeography of islands: defaunation and monitoring techniques. *Ecology*, **50**, 267-278.
- Wright S (1931) Evolution in mendelian populations. *Genetics*, **16**, 97-159.
- Yano O, Peralta DF (2008) Briófitas da Ilhabela, Estado de São Paulo, Brasil. *Hoehnea*, **35**, 111-121.
- Zanella FCV (2005) Abelhas da Ilha do Mel: estrutura da comunidade, relações biogeográficas e variação sazonal. In: *História Natural e Conservação da Ilha do Mel* (eds Marques MCM, Britez RM), pp. 189-208. Editora da UFPR, Curitiba.
- Zayed A (2009) Bee genetics and conservation. *Apidologie*, **40**, 237-262.
- Zayed A, Packer L (2005) Complementary sex determination substantially increases extinction proneness of haplodiploid populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **102**, 10742-10746.

APÊNDICE

APÊNDICE A – Material suplementar da seção Materiais e Métodos

(a)

(b)

Apêndice A-1. Imagem de satélite da Ilha Grande, RJ (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IGRA, de acordo com a legenda para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-2. Imagem de satélite da Ilha Anchieta, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IANC para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-3. Imagem de satélite da Ilha do Tamanduá, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população ITMD para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-4. Imagem de satélite da Ilhabela, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IBEL, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-5. Imagem de satélite da Ilha de Búzios, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IBUZ para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-6. Imagem de satélite da Ilha da Vitória, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IVIT para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-7. Imagem de satélite da Ilha Monte de Trigo, SP (IMTG). Fonte: Google Maps.

(a)

(b)

Apêndice A-8. Imagem de satélite da Ilha Comprida, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população ICOM, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-9. Imagem de satélite da Ilha do Cardoso, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população ICAR para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-10. Imagem de satélite da Ilha do Mel, PR (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população IMEL para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-11. Imagem de satélite da Ilha de Santa Catarina, SC (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população ISCA para *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-12. Imagem de satélite da região de Angra dos Reis, RJ (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população ANGR, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-13. Imagem de satélite da região de São Sebastião, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população SSEB, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-14. Imagem de satélite da região de Iguape, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população GUAP, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-15. Imagem de satélite da região de Guaratuba, PR (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população GUAR, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-16. Imagem de satélite da região de São José, SC (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população SJOS, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-17. Imagem de satélite da região de Teresópolis, RJ (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população TERE, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-18. Imagem de satélite da região de Resende, RJ (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população RESE, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-19. Imagem de satélite da região de Passa Quatro, MG (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população PASQ, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-20. Imagem de satélite da região de Apiaí, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população APIA, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-21. Imagem de satélite da região de Blumenau, SC (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população BLUM, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragnisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-22. Imagem de satélite da região de Prudentópolis, PR (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população PRUD, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-23. Imagem de satélite da região de Porto União, SC (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população PUNI, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-24. Imagem de satélite da região de Foz do Iguaçu, PR (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população FOZI, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

(a)

(b)

Apêndice A-25. Imagem de satélite da região de Teodoro Sampaio, SP (Fonte: Google Maps). Os círculos representam haplótipos observados na população TSAM, de acordo com a legenda, para: **(a)** *Tetragonisca angustula*, **(b)** *Bombus morio*. Valores entre parênteses nas legendas referem-se ao número de indivíduos que apresentaram o haplótipo.

Apêndice A-26. Informações sobre as espécies de plantas e a frequência em que cada espécie de abelha foi coletada. FAC: Frequência de Abelhas Coletadas; Ta: *Tetragonisca angustula*; Bm: *Bombus morio*.

Espécie	Nome-comum	Família	Origem	FAC	
				Ta	Bm
<i>Alpinia zerumbet</i>	Gengibre-concha	Zingiberaceae	China e Japão	-	+++
<i>Antigonon leptopus</i>	Amor-agarradinho	Polygonaceae	México	+	-
<i>Bauhinia forficata</i>	Unha-de-vaca	Clethraceae	América do Sul	-	++
<i>Caesalpinia ferrea</i>	Pau-ferro	Fabaceae	Brasil	-	+++
<i>Caesalpinia peltophoroides</i>	Sibipiruna	Fabaceae	Brasil	-	+++
<i>Caesalpinia pulcherrima</i>	Flamboianzinho	Fabaceae	Antilhas	+++	-
<i>Chorisia speciosa</i>	Paineira-rosa	Malvaceae	Brasil e Argentina	++	+++
<i>Clitoria fairchildiana</i>	Sombreiro	Fabaceae	Brasil	-	+++
<i>Delonix regia</i>	Flamboyant	Fabaceae	Madagascar	+++	+++
<i>Duranta erecta</i>	Violeteira	Verbenaceae	América Central e do Sul	+	+++
<i>Duranta repens</i>	Pingo-de-ouro	Verbenaceae	Brasil	-	+
<i>Euphorbia milii</i>	Coroa-de-cristo	Euphorbiaceae	Madagascar	+++	-
<i>Hibiscus rosa-sinensis</i>	Hibisco	Malvaceae	Ásia Tropical	-	+
<i>Ipomoea pes-caprae</i>	Salsa-da-praia	Convolvulaceae	Pantropical	-	+++
<i>Ipomoea</i> sp.	Corda-de-viola	Convolvulaceae	América	-	+++
<i>Jacaranda mimosaeifolia</i>	Jacarandá-mimoso	Bignoniaceae	América do Sul	-	+++
<i>Lagerstroemia indica</i>	Resedá	Lythraceae	China, Coréia e Índia	+++	+
<i>Malvaviscus arboreus</i>	Malvavisco	Malvaceae	América Central e do Sul	-	+
<i>Mimosa caesalpineifolia</i>	Sansão-do-campo	Fabaceae	Brasil	-	+
<i>Musa ornata</i>	Bananeira-ornamental	Musaceae	Ásia	-	+
<i>Pachystachys lutea</i>	Camarão-amarelo	Acanthaceae	Peru	+	-
<i>Passiflora</i> sp.	Maracujá	Passifloraceae	América Tropical, Ásia e Austrália	-	+++
<i>Peltophorum dubium</i>	Canafistula	Fabaceae	América do Sul	+++	+++
<i>Podranea ricasoliana</i>	Sete-léguas	Bignoniaceae	Oceania	-	+++
<i>Psidium cattleianum</i>	Araçá	Myrtaceae	Brasil	-	+
<i>Psidium guajava</i>	Goiaba	Myrtaceae	América Tropical	-	+
<i>Senna macranthera</i>	Fedegoso	Fabaceae	Brasil	+++	+++
<i>Senna multijuga</i>	Aleluia	Fabaceae	Brasil	++	++
<i>Tabebuia chrysotricha</i>	Ipê-amarelo	Bignoniaceae	Brasil	-	+++
<i>Tabebuia impetiginosa</i>	Ipê-roxo	Bignoniaceae	América do Sul	-	+++
<i>Terminalia catappa</i>	Chapéu-de-sol	Combretaceae	Ásia	++	-
<i>Tibouchina granulosa</i>	Quaresmeira	Melastomataceae	Brasil	-	+

-: não foram coletadas abelhas; +: frequência baixa; ++: frequência moderada; +++: frequência alta.

Apêndice A-27. Distância geográfica (km) entre populações de *Tetragonisca angustula*. Em negrito estão as distâncias máximas entre dois pontos de coleta dentro da mesma população. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	25,00																
RESE	134,00	6,00															
PASQ	174,00	34,00	32,00														
ANGR	118,00	57,00	82,00	64,00													
IGRA	122,00	76,00	107,00	4,15	22,00												
SSEB	266,00	168,00	155,00	87,00	124,00	17,00											
IBEL	257,00	163,00	153,00	80,00	115,00	3,17	26,00										
GUAP	499,00	388,00	358,00	320,00	359,00	218,00	220,00	13,00									
ICOM	504,00	393,00	364,00	324,00	362,00	222,00	225,00	1,92	9,00								
APIA	600,00	479,00	443,00	419,00	460,00	322,00	328,00	105,00	106,00	32,00							
GUAR	663,00	560,00	532,00	486,00	522,00	383,00	383,00	164,00	161,00	139,00	29,00						
BLUM	768,00	672,00	647,00	595,00	629,00	492,00	490,00	283,00	280,00	249,00	95,00	32,00					
SJOS	761,00	674,00	652,00	593,00	624,00	491,00	487,00	300,00	296,00	289,00	123,00	52,00	53,00				
PRUD	814,00	692,00	654,00	634,00	675,00	537,00	542,00	311,00	312,00	190,00	202,00	228,00	295,00	47,00			
PUNI	899,00	784,00	750,00	719,00	758,00	618,00	620,00	388,00	387,00	284,00	235,00	164,00	240,00	111,00	65,00		
FOZI	1100,00	971,00	930,00	923,00	964,00	830,00	836,00	610,00	610,00	480,00	490,00	455,00	533,00	261,00	252,00	108,00	
TSAM	846,00	705,00	655,00	689,00	730,00	623,00	633,00	473,00	476,00	351,00	485,00	554,00	614,00	311,00	413,00	308,00	99,00

Apêndice A-28. Distância geográfica (km) entre populações de *Bombus morio*. Em negrito estão as distâncias máximas entre dois pontos de coleta dentro da mesma população. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	23,00																							
RESE	137,00	10,00																						
PASQ	174,00	32,00	23,00																					
ANGR	125,00	52,00	82,00	64,00																				
IGRA	128,00	76,00	106,00	9,00	23,00																			
IANC	230,00	126,00	126,00	45,00	84,00	1,20																		
ITMD	253,00	143,00	136,00	68,00	108,00	24,00	0,80																	
SSEB	271,00	161,00	154,00	86,00	125,00	41,00	19,00	16,00																
IBEL	264,00	157,00	151,00	79,00	118,00	34,00	15,00	3,12	26,00															
IBUZ	253,00	156,00	155,00	71,00	108,00	30,00	27,00	26,00	16,00	1,20														
IVIT	240,00	146,00	149,00	58,00	94,00	23,00	33,00	39,00	30,00	13,00	0,40													
GUAP	505,00	382,00	357,00	320,00	360,00	276,00	252,00	219,00	222,00	256,00	270,00	16,00												
ICOM	511,00	389,00	365,00	326,00	365,00	281,00	257,00	224,00	227,00	261,00	275,00	2,10	36,00											
ICAR	565,00	444,00	420,00	380,00	419,00	335,00	312,00	278,00	280,00	314,00	328,00	53,00	22,10	21,00										
APIA	600,00	468,00	438,00	417,00	457,00	373,00	349,00	318,00	324,00	358,00	371,00	101,00	85,00	85,00	31,00									
GUAR	664,00	547,00	525,00	479,00	518,00	434,00	411,00	377,00	377,00	411,00	424,00	158,00	128,00	85,00	136,00	33,00								
IMEL	625,00	507,00	483,00	440,00	479,00	395,00	372,00	338,00	339,00	373,00	387,00	116,00	85,00	43,00	103,00	37,00	9,00							
BLUM	775,00	666,00	647,00	592,00	630,00	548,00	527,00	493,00	490,00	523,00	536,00	285,00	256,00	213,00	259,00	99,00	165,00	30,00						
SJOS	768,00	667,00	651,00	589,00	625,00	545,00	525,00	492,00	488,00	519,00	531,00	300,00	273,00	231,00	292,00	125,00	187,00	51,00	75,00					
ISCA	766,00	669,00	654,00	589,00	624,00	545,00	526,00	493,00	488,00	518,00	531,00	311,00	285,00	244,00	311,00	144,00	203,00	79,00	5,10	48,00				
PRUD	818,00	684,00	653,00	635,00	675,00	591,00	567,00	536,00	541,00	575,00	588,00	310,00	284,00	260,00	194,00	199,00	230,00	210,00	278,00	303,00	48,00			
PUNI	905,00	778,00	749,00	720,00	760,00	675,00	652,00	618,00	621,00	655,00	669,00	389,00	360,00	326,00	293,00	237,00	287,00	190,00	265,00	286,00	92,00	6,00		
FOZI	1103,00	964,00	929,00	925,00	964,00	883,00	859,00	829,00	835,00	869,00	882,00	609,00	585,00	560,00	485,00	490,00	528,00	457,00	532,00	551,00	260,00	265,00	109,00	
TSAM	849,00	704,00	663,00	696,00	734,00	670,00	648,00	629,00	642,00	668,00	679,00	478,00	476,00	483,00	367,00	493,00	481,00	561,00	623,00	649,00	311,00	413,00	308,00	97,00

Apêndice A-29. Informações sobre os locais de coleta e o número de abelhas coletadas por espécie. Pop: código da população (ver texto); UF: Unidade da Federação; Coordenadas geográficas estão em graus (G), minutos (M) e segundos (S); Bm: *Bombus morio*; Ta: *Tetragonsica angustula*. Letras entre parêntesis indicam que a abelha foi coletada em ninho natural (n) ou mantido por criador de abelhas (c).

Pop	Local de coleta	Município	UF	Coordenadas geográficas						Altitude (m)	Espécie coletada	
				Sul			Oeste				Bm	Ta
				G	M	S	G	M	S			
TERE	PETRO 1	Petrópolis	RJ	22	23	17,3	43	7	57,3	688	2	1
TERE	PETRO 2	Petrópolis	RJ	22	25	9,4	43	10	25,8	726	1	1
TERE	PETRO 3	Petrópolis	RJ	22	25	21,2	43	7	59,1	699	-	1
TERE	PETRO 4	Petrópolis	RJ	22	27	54,4	43	9	32,5	814	-	1
TERE	PETRO 5	Petrópolis	RJ	22	30	54,7	43	10	9,6	834	-	1
TERE	TERE 1	Teresópolis	RJ	23	24	28,3	42	57	53,2	880	-	1
TERE	TERE 10	Teresópolis	RJ	22	26	28,1	42	59	17,7	984	-	2
TERE	TERE 11	Teresópolis	RJ	22	26	27,6	42	59	6,8	930	-	1 (n)
TERE	TERE 12	Teresópolis	RJ	22	26	31,2	42	59	7,1	947	-	2
TERE	TERE 13	Teresópolis	RJ	22	26	31,0	42	58	55,2	939	-	2
TERE	TERE 14	Teresópolis	RJ	22	26	44,6	42	58	58,7	947	-	2
TERE	TERE 15	Teresópolis	RJ	22	26	44,6	42	58	37,4	904	-	1
TERE	TERE 16	Teresópolis	RJ	22	26	43,0	42	58	28,5	896	-	2
TERE	TERE 17	Teresópolis	RJ	22	26	35,4	42	58	38,1	912	-	2
TERE	TERE 18	Teresópolis	RJ	22	27	8,2	42	58	4,1	890	-	2
TERE	TERE 19	Teresópolis	RJ	22	27	8,7	42	57	53,8	890	1	2
TERE	TERE 2	Teresópolis	RJ	22	26	58,4	42	58	40,4	901	-	1
TERE	TERE 20	Teresópolis	RJ	22	27	0,1	42	58	25,7	936	-	2
TERE	TERE 21	Teresópolis	RJ	22	25	43,6	42	58	56,3	929	-	2
TERE	TERE 22	Teresópolis	RJ	22	25	47,0	42	59	0,0	944	-	2
TERE	TERE 23	Teresópolis	RJ	22	25	37,1	42	59	0,6	948	-	2
TERE	TERE 24	Teresópolis	RJ	22	25	36,6	42	59	15,0	1006	-	2
TERE	TERE 25	Teresópolis	RJ	22	25	24,9	42	59	26,5	1060	-	2
TERE	TERE 26	Teresópolis	RJ	22	25	11,0	42	59	48,0	1060	-	2
TERE	TERE 27	Teresópolis	RJ	22	25	4,1	42	59	58,8	1060	-	1
TERE	TERE 28	Teresópolis	RJ	22	25	28,1	42	59	17,5	1007	-	3
TERE	TERE 29	Teresópolis	RJ	22	26	45,9	42	58	59,2	929	3	-
TERE	TERE 3	Teresópolis	RJ	22	26	53,1	42	58	20,2	948	1	-
TERE	TERE 30	Teresópolis	RJ	22	26	47,2	42	59	15,4	977	2	-
TERE	TERE 31	Teresópolis	RJ	22	26	21,9	42	59	13,3	965	3	-
TERE	TERE 32	Teresópolis	RJ	22	26	9,5	42	58	25,2	887	1	-
TERE	TERE 33	Teresópolis	RJ	22	24	57,6	42	57	25,2	887	2	-
TERE	TERE 34	Teresópolis	RJ	22	24	49,2	42	59	4,7	899	1	-
TERE	TERE 35	Teresópolis	RJ	22	24	42,3	42	57	41,6	929	2	-
TERE	TERE 4	Teresópolis	RJ	22	26	7,7	42	58	28,3	891	1	-
TERE	TERE 5	Teresópolis	RJ	22	26	6,5	42	58	33,9	891	-	1
TERE	TERE 6	Teresópolis	RJ	22	25	27,5	42	57	25,2	885	-	1
TERE	TERE 7	Teresópolis	RJ	22	25	14,2	42	59	2,2	955	-	1
TERE	TERE 8	Teresópolis	RJ	22	26	23,1	42	59	34,0	1074	-	2
TERE	TERE 9	Teresópolis	RJ	22	26	28,4	42	59	37,7	1090	-	2
RESE	ITATI 3	Itatiaia	RJ	22	29	57,1	44	33	55,1	403	5	-
RESE	ITATI 4	Itatiaia	RJ	22	28	35,3	44	34	37,8	450	6	-
RESE	ITATI 5	Itatiaia	RJ	22	27	47,8	44	35	26,8	563	1	-
RESE	ITATI 6	Itatiaia	RJ	22	29	4,2	44	33	59,4	446	2	-
RESE	PENE 1	Resende	RJ	22	27	24,3	44	30	47,9	437	-	2
RESE	PENE 10	Resende	RJ	22	27	36,3	44	30	46,5	443	-	2
RESE	PENE 11	Resende	RJ	22	27	33,7	44	30	56,3	431	-	2
RESE	PENE 12	Resende	RJ	22	27	27,8	44	30	54,9	428	-	2
RESE	PENE 13	Resende	RJ	22	27	12,1	44	30	51,9	403	-	1

RESE	PENE 14	Resende	RJ	22	27	10,2	44	31	3,2	409	-	2
RESE	PENE 15	Resende	RJ	22	27	2,1	44	31	17,8	444	-	2
RESE	PENE 16	Resende	RJ	22	26	46,4	44	31	33,8	462	-	2
RESE	PENE 17	Resende	RJ	22	26	58,0	44	31	39,4	443	-	2
RESE	PENE 18	Resende	RJ	22	26	13,0	44	31	50,5	450	-	2
RESE	PENE 19	Resende	RJ	22	25	12,4	44	32	38,4	581	-	2
RESE	PENE 2	Resende	RJ	22	27	23,9	44	30	56,2	424	-	2
RESE	PENE 20	Resende	RJ	22	25	9,8	44	32	49,9	578	-	2
RESE	PENE 21	Resende	RJ	22	25	11,3	44	32	30,6	558	-	2
RESE	PENE 22	Resende	RJ	22	25	14,0	44	32	16,0	538	-	2
RESE	PENE 23	Resende	RJ	22	25	41,8	44	31	55,2	455	-	1
RESE	PENE 24	Resende	RJ	22	26	47,3	44	31	51,6	451	1	2
RESE	PENE 25	Resende	RJ	22	26	36,2	44	31	43,2	482	-	2
RESE	PENE 26	Resende	RJ	22	25	53,1	44	32	5,4	515	-	2
RESE	PENE 27	Resende	RJ	22	25	39,7	44	32	38,8	593	1	-
RESE	PENE 28	Resende	RJ	22	27	17,4	44	30	53,8	429	-	1 (n)
RESE	PENE 29	Resende	RJ	22	27	1,7	44	31	29,1	452	1	-
RESE	PENE 3	Resende	RJ	22	27	27,1	44	30	40,3	424	-	2
RESE	PENE 30	Resende	RJ	22	26	33,2	44	31	31,1	458	3	-
RESE	PENE 31	Resende	RJ	22	25	38,4	44	32	7,1	538	2	-
RESE	PENE 34	Resende	RJ	22	27	34,4	44	30	7,1	402	5	-
RESE	PENE 4	Resende	RJ	22	27	17,2	44	31	9,5	438	-	2
RESE	PENE 5	Resende	RJ	22	27	13,8	44	31	17,1	439	-	2
RESE	PENE 6	Resende	RJ	22	26	57,1	44	31	27,4	451	-	2
RESE	PENE 7	Resende	RJ	22	26	46,8	44	31	27,6	443	-	2
RESE	PENE 8	Resende	RJ	22	26	34,4	44	31	14,0	418	-	2
RESE	PENE 9	Resende	RJ	22	27	33,3	44	30	36,1	451	-	2
PASQ	PASQO 1	Itamonte	MG	22	17	37,9	44	51	48,2	935	-	3 (n)
PASQ	ITAMO 10	Itamonte	MG	22	16	59,5	44	52	15,3	910	-	2
PASQ	ITAMO 11	Itamonte	MG	22	16	53,6	44	51	49,6	910	-	2
PASQ	ITAMO 12	Itamonte	MG	22	18	3,9	44	52	26,8	932	-	2
PASQ	ITAMO 13	Itamonte	MG	22	15	8,7	44	55	55,5	897	-	1
PASQ	ITAMO 15	Itamonte	MG	22	17	18,2	44	52	5,8	923	3	-
PASQ	ITAMO 3	Itamonte	MG	22	16	18,6	44	52	35,1	910	-	2
PASQ	ITAMO 4	Itamonte	MG	22	15	56,4	44	54	10,7	954	-	2
PASQ	ITAMO 5	Itamonte	MG	22	18	50,4	44	51	15,8	929	3	3
PASQ	ITAMO 6	Itamonte	MG	22	18	5,5	44	51	36,4	910	-	3
PASQ	ITAMO 7	Itamonte	MG	22	17	44,2	44	51	46,9	919	-	2
PASQ	ITAMO 8	Itamonte	MG	22	17	28,7	44	51	39,5	903	1	-
PASQ	ITAMO 9	Itamonte	MG	22	17	20,8	44	51	46,2	906	-	2
PASQ	ITANH 1	Itanhandu	MG	22	17	32,7	44	56	13,9	900	-	3
PASQ	ITANH 2	Itanhandu	MG	22	17	22,0	44	56	8,4	916	-	2
PASQ	ITANH 3	Itanhandu	MG	22	17	52,8	44	56	20,4	598	-	2
PASQ	ITANH 4	Itanhandu	MG	22	17	58,7	44	56	24,9	599	4	-
PASQ	ITANH 5	Itanhandu	MG	22	17	56,7	44	56	4,1	906	1	-
PASQ	ITANH 6	Itanhandu	MG	22	18	12,2	44	55	41,3	896	2	-
PASQ	PASSA 1	Passa Quatro	MG	22	22	58,8	44	58	1,0	929	-	3
PASQ	PASSA 3	Passa Quatro	MG	22	24	7,6	44	58	44,8	945	6	-
PASQ	PASSA 4	Passa Quatro	MG	22	23	45,8	44	58	7,0	912	-	2
PASQ	PASSA 5	Passa Quatro	MG	22	23	23,1	44	57	54,9	922	-	2
PASQ	PASSA 6	Passa Quatro	MG	22	22	58,6	44	58	19,7	919	-	2
PASQ	PASSA 7	Passa Quatro	MG	22	22	38,8	44	57	53,5	926	-	2
PASQ	PASSA 8	Passa Quatro	MG	22	23	18,3	44	58	8,4	953	4	-
PASQ	POUSOA 1	Pouso Alto	MG	22	11	49,1	44	58	21,6	901	-	2
PASQ	POUSOA 2	Pouso Alto	MG	22	12	3,7	44	58	33,6	899	-	2
PASQ	POUSOA 3	Pouso Alto	MG	22	12	10,7	44	57	50,3	949	2	-

PASQ	SLOU 1	São Lourenço	MG	22	7	23,7	45	2	22,9	949	-	2
PASQ	SSRV 1	São Sebastião do Rio Verde	MG	22	12	58,8	44	58	38,4	885	-	2
PASQ	SSRV 2	São Sebastião do Rio Verde	MG	22	13	13,0	44	58	38,4	905	-	2
ANGR	ANGRA 1	Angra dos Reis	RJ	23	0	19,0	44	18	37,8	0	-	2
ANGR	ANGRA 10	Angra dos Reis	RJ	23	0	3,7	44	14	16,8	12	-	2
ANGR	ANGRA 11	Angra dos Reis	RJ	22	59	22,4	44	14	2,4	14	-	2
ANGR	ANGRA 12	Angra dos Reis	RJ	22	59	19,4	44	14	7,8	18	-	2
ANGR	ANGRA 13	Angra dos Reis	RJ	22	59	24,7	44	14	16,5	17	-	2
ANGR	ANGRA 14	Angra dos Reis	RJ	23	0	6,5	44	13	51,2	12	-	2
ANGR	ANGRA 15	Angra dos Reis	RJ	23	0	39,3	44	13	19,4	0	-	2
ANGR	ANGRA 16	Angra dos Reis	RJ	23	1	21,3	44	13	38,0	30	-	1
ANGR	ANGRA 17	Angra dos Reis	RJ	23	0	44,4	44	13	13,8	25	-	1
ANGR	ANGRA 18	Angra dos Reis	RJ	23	2	23,8	44	11	6,3	127	2	-
ANGR	ANGRA 19	Angra dos Reis	RJ	23	1	53,5	44	9	56,7	24	-	1
ANGR	ANGRA 20	Angra dos Reis	RJ	23	0	43,0	44	19	19,6	11	-	2
ANGR	ANGRA 21	Angra dos Reis	RJ	23	1	13,3	44	20	0,1	5	-	2
ANGR	ANGRA 22	Angra dos Reis	RJ	23	1	21,2	44	20	34,0	5	-	2
ANGR	ANGRA 23	Angra dos Reis	RJ	22	59	31,7	44	20	15,3	33	-	2
ANGR	ANGRA 24	Angra dos Reis	RJ	22	59	32,8	44	19	31,7	9	-	2
ANGR	ANGRA 25	Angra dos Reis	RJ	22	59	1,5	44	18	56,2	11	-	2
ANGR	ANGRA 26	Angra dos Reis	RJ	22	58	57,4	44	18	36,4	20	5	2
ANGR	ANGRA 27	Angra dos Reis	RJ	22	59	6,9	44	18	25,3	42	-	2
ANGR	ANGRA 28	Angra dos Reis	RJ	22	58	18,5	44	18	3,8	15	-	2
ANGR	ANGRA 29	Angra dos Reis	RJ	22	58	1,2	44	18	24,5	14	1	-
ANGR	ANGRA 3	Angra dos Reis	RJ	23	0	9,8	44	16	14,2	0	-	3
ANGR	ANGRA 30	Angra dos Reis	RJ	22	57	53,0	44	26	23,7	12	1	-
ANGR	ANGRA 31	Angra dos Reis	RJ	23	0	47,2	44	17	15,0	12	6	-
ANGR	ANGRA 32	Angra dos Reis	RJ	22	59	59,2	44	14	13,4	23	4	-
ANGR	ANGRA 33	Angra dos Reis	RJ	22	56	51,4	44	19	15,8	20	2	-
ANGR	ANGRA 4	Angra dos Reis	RJ	23	0	48,0	44	13	14,8	0	-	2
ANGR	ANGRA 5	Angra dos Reis	RJ	23	3	0,4	44	14	41,1	48	-	2
ANGR	ANGRA 6	Angra dos Reis	RJ	22	59	57,1	44	14	20,4	6	-	2
ANGR	ANGRA 7	Angra dos Reis	RJ	22	59	59,1	44	14	25,0	5	-	2
ANGR	ANGRA 8	Angra dos Reis	RJ	23	0	11,9	44	14	17,8	6	-	2
ANGR	ANGRA 9	Angra dos Reis	RJ	23	0	8,9	44	14	12,4	26	-	2
ANGR	PAR 1	Parati	RJ	23	18	30,7	44	42	12,5	50	3	-
ANGR	PAR 10	Angra dos Reis	RJ	23	0	51,0	44	32	1,9	13	-	2
ANGR	PAR 11	Angra dos Reis	RJ	23	0	42,9	44	31	43,2	16	1	2
ANGR	PAR 12	Angra dos Reis	RJ	23	1	31,4	44	30	58,9	11	1	-
ANGR	PAR 13	Angra dos Reis	RJ	23	1	28,9	44	30	5,9	38	1	-
ANGR	PAR 14	Angra dos Reis	RJ	22	57	52,9	44	26	16,8	15	-	2
ANGR	PAR 15	Angra dos Reis	RJ	22	56	2,7	44	23	17,8	0	1	-
ANGR	PAR 16	Angra dos Reis	RJ	22	56	29,5	44	23	12,3	0	3	-
ANGR	PAR 17	Angra dos Reis	RJ	22	57	21,2	44	19	42,5	13	4	-
ANGR	PAR 18	Angra dos Reis	RJ	22	53	34,1	44	17	11,0	19	2	-
ANGR	PAR 2	Parati	RJ	23	16	48,5	44	41	28,0	91	2	-
ANGR	PAR 3	Parati	RJ	23	13	29,9	44	43	46,3	22	-	2
ANGR	PAR 4	Parati	RJ	23	13	28,3	44	45	4,9	3	-	2
ANGR	PAR 5	Parati	RJ	23	12	17,2	44	43	23,6	15	4	-
ANGR	PAR 6	Parati	RJ	23	12	53,8	44	43	40,6	18	2	-
ANGR	PAR 7	Parati	RJ	23	12	17,1	44	43	50,5	13	3	-
ANGR	PAR 8	Parati	RJ	23	8	22,6	44	43	26,9	50	3	-
ANGR	PAR 9	Parati	RJ	23	2	41,5	44	35	42,3	6	-	2
IGRA	IGRA 1	Angra dos Reis	RJ	23	8	34,7	44	10	4,3	0	1	-
IGRA	IGRA 10	Angra dos Reis	RJ	23	7	53,7	44	10	36,7	158	1	-
IGRA	IGRA 11	Angra dos Reis	RJ	23	7	46,8	44	11	0,7	164	-	1 (n)

IGRA	IGRA 12	Angra dos Reis	RJ	23	7	4,5	44	12	9,8	0	1	-
IGRA	IGRA 13	Angra dos Reis	RJ	23	6	38,1	44	12	57,7	0	-	9 (c)
IGRA	IGRA 14	Angra dos Reis	RJ	23	9	21,5	44	19	54,2	43	-	1 (n)
IGRA	IGRA 15	Angra dos Reis	RJ	23	9	17,5	44	19	33,2	0	-	1 (n)
IGRA	IGRA 16	Angra dos Reis	RJ	23	8	33,0	44	18	52,4	72	-	1 (n)
IGRA	IGRA 17	Angra dos Reis	RJ	23	8	19,6	44	18	44,5	0	-	3
IGRA	IGRA 18	Angra dos Reis	RJ	23	8	21,0	44	18	38,9	15	2	-
IGRA	IGRA 19	Angra dos Reis	RJ	23	8	38,9	44	19	7,6	33	1	-
IGRA	IGRA 2	Angra dos Reis	RJ	23	8	40,6	44	10	14,2	37	-	16 (c)
IGRA	IGRA 20	Angra dos Reis	RJ	23	9	22,4	44	20	8,6	12	-	1 (n)
IGRA	IGRA 21	Angra dos Reis	RJ	23	10	23,9	44	20	24,4	97	1	2
IGRA	IGRA 23	Angra dos Reis	RJ	23	10	51,2	44	20	46,3	0	-	1 (n)
IGRA	IGRA 24	Angra dos Reis	RJ	23	10	50,3	44	20	29,6	0	5	-
IGRA	IGRA 26	Angra dos Reis	RJ	23	8	20,4	44	10	9,4	0	1	-
IGRA	IGRA 27	Angra dos Reis	RJ	23	8	29,2	44	9	38,0	0	10	-
IGRA	IGRA 28	Angra dos Reis	RJ	23	8	22,1	44	8	59,5	219	-	1
IGRA	IGRA 29	Angra dos Reis	RJ	23	8	32,0	44	8	26,1	17	1	1
IGRA	IGRA 3	Angra dos Reis	RJ	23	9	5,0	44	10	6,4	244	1	-
IGRA	IGRA 30	Angra dos Reis	RJ	23	9	30,9	44	8	24,7	0	-	1 (n)
IGRA	IGRA 31	Angra dos Reis	RJ	23	9	49,6	44	8	22,8	0	-	1
IGRA	IGRA 32	Angra dos Reis	RJ	23	8	31,0	44	9	41,2	0	1	1 (n)
IGRA	IGRA 33	Angra dos Reis	RJ	23	8	42,8	44	10	2,9	41	-	1 (n)
IGRA	IGRA 34	Angra dos Reis	RJ	23	8	37,8	44	9	56,6	15	-	1 (n)
IGRA	IGRA 36	Angra dos Reis	RJ	23	5	10,2	44	14	1,1	11	-	2
IGRA	IGRA 37	Angra dos Reis	RJ	23	8	3,4	44	9	2,6	0	8	-
IGRA	IGRA 38	Angra dos Reis	RJ	23	8	9,1	44	9	14,1	0	-	1 (n)
IGRA	IGRA 39	Angra dos Reis	RJ	23	8	8,5	44	9	16,5	30	-	1 (n)
IGRA	IGRA 40	Angra dos Reis	RJ	23	7	57,2	44	10	9,9	3	-	1 (n)
IGRA	IGRA 41	Angra dos Reis	RJ	23	8	26,9	44	10	11,8	24	1	-
IGRA	IGRA 42	Angra dos Reis	RJ	23	9	17,3	44	11	47,3	1002	-	3
IGRA	IGRA 43	Angra dos Reis	RJ	23	9	54,4	44	10	45,4	266	2	-
IGRA	IGRA 44	Angra dos Reis	RJ	23	10	0,4	44	10	57,3	187	2	-
IGRA	IGRA 45	Angra dos Reis	RJ	23	10	30,4	44	11	8,9	38	2	-
IGRA	IGRA 46	Angra dos Reis	RJ	23	9	23,0	44	8	28,6	0	5	-
IGRA	IGRA 47	Angra dos Reis	RJ	23	9	43,9	44	7	38,0	26	1	-
IGRA	IGRA 48	Angra dos Reis	RJ	23	9	33,1	44	8	21,6	0	1	-
IGRA	IGRA 49	Angra dos Reis	RJ	23	6	35,6	44	14	58,2	0	1	-
IGRA	IGRA 5	Angra dos Reis	RJ	23	10	41,7	44	11	14,7	13	1	-
IGRA	IGRA 50	Angra dos Reis	RJ	23	6	55,4	44	15	27,9	0	1	-
IGRA	IGRA 51	Angra dos Reis	RJ	23	7	1,8	44	15	32,5	2	-	2
IGRA	IGRA 52	Angra dos Reis	RJ	23	7	34,8	44	16	36,0	0	1	-
IGRA	IGRA 53	Angra dos Reis	RJ	23	8	12,9	44	17	28,6	3	1	-
IGRA	IGRA 54	Angra dos Reis	RJ	23	9	19,2	44	19	39,1	9	3	-
IGRA	IGRA 55	Angra dos Reis	RJ	23	9	22,1	44	20	5,8	0	3	-
IGRA	IGRA 56	Angra dos Reis	RJ	23	10	43,9	44	20	33,9	28	2	-
IGRA	IGRA 57	Angra dos Reis	RJ	23	9	53,9	44	20	55,2	107	-	2
IGRA	IGRA 58	Angra dos Reis	RJ	23	9	53,4	44	21	0,4	56	2	-
IGRA	IGRA 59	Angra dos Reis	RJ	23	9	37,1	44	21	3,4	20	1	-
IGRA	IGRA 6	Angra dos Reis	RJ	23	10	48,1	44	11	21,0	0	-	7 (c)
IGRA	IGRA 7	Angra dos Reis	RJ	23	10	57,1	44	11	19,6	0	1	-
IGRA	IGRA 8	Angra dos Reis	RJ	23	10	51,2	44	11	21,4	0	-	1 (n)
IGRA	IGRA 9	Angra dos Reis	RJ	23	8	2,3	44	10	25,7	11	-	1 (n)
IANC	IANC 10	Ubatuba	SP	23	32	26,3	45	3	58,7	8	7	-
IANC	IANC 11	Ubatuba	SP	23	32	9,3	45	3	42,5	0	1	-
IANC	IANC 12	Ubatuba	SP	23	32	44,6	45	3	27,3	21	1	-
IANC	IANC 3	Ubatuba	SP	23	32	22,4	45	3	48,1	34	10	-

ITMD	ITAMAN 1	Caraguatatuba	SP	23	35	59,2	45	17	40,4	17	3	-
ITMD	ITAMAN 2	Caraguatatuba	SP	23	35	36,6	45	17	26,9	0	7	-
SSEB	CARA 1	Caraguatatuba	SP	23	42	29,6	45	25	59,2	76	1	-
SSEB	SSEB 1	São Sebastião	SP	23	49	6,4	45	28	3,3	0	-	1
SSEB	SSEB 10	São Sebastião	SP	23	50	1,7	45	30	37,5	0	-	1 (n)
SSEB	SSEB 11	São Sebastião	SP	23	49	19,0	45	27	24,1	20	2	-
SSEB	SSEB 12	São Sebastião	SP	23	49	32,2	45	26	14,2	11	1	-
SSEB	SSEB 13	São Sebastião	SP	23	43	49,0	45	24	4,8	11	1	3
SSEB	SSEB 14	São Sebastião	SP	23	43	21,7	45	25	31,7	19	1	3
SSEB	SSEB 15	São Sebastião	SP	23	48	0,5	45	24	18,3	0	-	2
SSEB	SSEB 16	São Sebastião	SP	23	47	40,1	45	24	4,6	0	-	1 (n)
SSEB	SSEB 17	São Sebastião	SP	23	47	31,6	45	24	11,4	0	2	-
SSEB	SSEB 18	São Sebastião	SP	23	47	29,0	45	24	6,4	0	1	-
SSEB	SSEB 19	São Sebastião	SP	23	47	25,3	45	24	2,8	12	-	2
SSEB	SSEB 2	São Sebastião	SP	23	49	3,0	45	27	45,6	0	-	1 (c)
SSEB	SSEB 20	São Sebastião	SP	23	46	50,7	45	23	54,6	3	1	2
SSEB	SSEB 21	São Sebastião	SP	23	46	43,6	45	24	11,3	2	3	2
SSEB	SSEB 22	São Sebastião	SP	23	46	4,0	45	24	24,9	0	-	2
SSEB	SSEB 23	São Sebastião	SP	23	45	56,5	45	24	25,8	15	-	2
SSEB	SSEB 24	São Sebastião	SP	23	45	25,7	45	24	48,2	33	-	3
SSEB	SSEB 25	São Sebastião	SP	23	48	12,3	45	24	21,8	0	-	2
SSEB	SSEB 26	São Sebastião	SP	23	43	55,1	45	24	2,0	5	4	-
SSEB	SSEB 27	São Sebastião	SP	23	48	33,9	45	24	44,3	24	-	2
SSEB	SSEB 28	São Sebastião	SP	23	49	13,0	45	24	23,9	46	1	-
SSEB	SSEB 29	São Sebastião	SP	23	49	8,1	45	24	39,2	18	1	-
SSEB	SSEB 3	São Sebastião	SP	23	45	29,9	45	24	48,8	22	1	3
SSEB	SSEB 30	São Sebastião	SP	23	49	21,6	45	26	21,3	23	-	1
SSEB	SSEB 31	São Sebastião	SP	23	49	39,6	45	25	50,3	25	-	1
SSEB	SSEB 32	São Sebastião	SP	23	49	19,8	45	27	17,2	14	-	1
SSEB	SSEB 33	São Sebastião	SP	23	48	59,9	45	32	3,1	21	-	2
SSEB	SSEB 34	São Sebastião	SP	23	48	59,8	45	31	56,8	13	5	1 (n)
SSEB	SSEB 35	São Sebastião	SP	23	48	3,0	45	32	54,3	7	1	-
SSEB	SSEB 36	São Sebastião	SP	23	47	58,2	45	32	46,8	15	2	-
SSEB	SSEB 37	São Sebastião	SP	23	47	55,1	45	32	40,1	21	3	-
SSEB	SSEB 38	São Sebastião	SP	23	49	19,3	45	26	0,9	12	5	-
SSEB	SSEB 39	São Sebastião	SP	23	49	15,8	45	27	27,9	4	5	-
SSEB	SSEB 4	São Sebastião	SP	23	46	19,8	45	24	17,2	22	-	3
SSEB	SSEB 40	São Sebastião	SP	23	49	57,2	45	30	28,7	24	2	-
SSEB	SSEB 41	São Sebastião	SP	23	46	18,8	45	42	4,3	7	-	1 (c)
SSEB	SSEB 42	São Sebastião	SP	23	45	26,9	45	25	8,3	114	1	-
SSEB	SSEB 43	São Sebastião	SP	23	45	59,7	45	24	40,4	63	4	-
SSEB	SSEB 44	São Sebastião	SP	23	46	30,4	45	24	25,0	11	1	-
SSEB	SSEB 45	São Sebastião	SP	23	47	13,4	45	24	9,4	126	2	-
SSEB	SSEB 46	São Sebastião	SP	23	49	21,8	45	25	15,6	22	2	-
SSEB	SSEB 5	São Sebastião	SP	23	47	14,6	45	23	55,0	28	1	3
SSEB	SSEB 6	São Sebastião	SP	23	48	23,5	45	24	5,1	22	1	-
SSEB	SSEB 7	São Sebastião	SP	23	48	3,0	45	24	19,6	13	-	3
SSEB	SSEB 8	São Sebastião	SP	23	49	19,3	45	26	2,4	7	-	2
SSEB	SSEB 9	São Sebastião	SP	23	49	56,1	45	30	26,0	48	-	1 (n)
IBEL	IBELA 12	Ilhabela	SP	23	44	19,5	45	17	45,1	53	-	1
IBEL	IBELA 13	Ilhabela	SP	23	44	6,0	45	18	29,5	145	-	1
IBEL	IBELA 14	Ilhabela	SP	23	43	22,4	45	19	43,2	36	1	-
IBEL	IBELA 15	Ilhabela	SP	23	43	50,5	45	20	29,0	23	1	-
IBEL	IBELA 16	Ilhabela	SP	23	45	13,2	45	20	47,9	67	-	1
IBEL	IBELA 17	Ilhabela	SP	23	48	56,0	45	22	2,1	17	1	1 (n)
IBEL	IBELA 18	Ilhabela	SP	23	49	1,7	45	21	52,9	17	1	2

IBEL	IBELA 19	Ilhabela	SP	23	51	1,1	45	24	41,7	16	-	2
IBEL	IBELA 2	Ilhabela	SP	23	50	23,2	45	21	36,7	68	1	-
IBEL	IBELA 20	Ilhabela	SP	23	51	43,3	45	25	29,0	24	1	2
IBEL	IBELA 21	Ilhabela	SP	23	54	39,9	45	27	27,4	86	-	1
IBEL	IBELA 22	Ilhabela	SP	23	55	11,0	45	27	14,1	70	1	-
IBEL	IBELA 24	Ilhabela	SP	23	55	32,8	45	26	55,1	52	-	2
IBEL	IBELA 25	Ilhabela	SP	23	53	31,0	45	27	20,6	52	-	1
IBEL	IBELA 26	Ilhabela	SP	23	53	7,3	45	27	2,3	52	1	-
IBEL	IBELA 27	Ilhabela	SP	23	52	24,8	45	26	26,0	24	-	1
IBEL	IBELA 28	Ilhabela	SP	23	51	44,9	45	25	39,6	45	1	2
IBEL	IBELA 29	Ilhabela	SP	23	51	11,6	45	24	43,9	31	1	1
IBEL	IBELA 3	Ilhabela	SP	23	56	10,0	45	25	41,0	4	3	2
IBEL	IBELA 30	Ilhabela	SP	23	49	29,3	45	22	35,2	23	9	2
IBEL	IBELA 31	Ilhabela	SP	23	46	43,7	45	21	28,0	12	1	1
IBEL	IBELA 32	Ilhabela	SP	23	45	34,6	45	21	2,0	16	-	1
IBEL	IBELA 33	Ilhabela	SP	23	45	36,0	45	20	25,7	187	1	1
IBEL	IBELA 34	Ilhabela	SP	23	43	58,9	45	20	30,4	30	1	1
IBEL	IBELA 35	Ilhabela	SP	23	44	3,0	45	18	38,0	103	-	1
IBEL	IBELA 36	Ilhabela	SP	23	43	59,7	45	18	6,7	64	-	1
IBEL	IBELA 37	Ilhabela	SP	23	47	14,9	45	21	30,2	21	1	1
IBEL	IBELA 38	Ilhabela	SP	23	49	28,1	45	21	11,1	17	1	1
IBEL	IBELA 39	Ilhabela	SP	23	51	1,9	45	19	4,5	381	-	2
IBEL	IBELA 4	Ilhabela	SP	23	56	9,0	45	25	41,0	4	-	1 (n)
IBEL	IBELA 40	Ilhabela	SP	23	51	35,1	45	17	17,6	5	-	1 (n)
IBEL	IBELA 41	Ilhabela	SP	23	51	4,9	45	17	15,4	4	1	-
IBEL	IBELA 42	Ilhabela	SP	23	49	22,1	45	22	29,3	17	2	-
IBEL	IBELA 43	Ilhabela	SP	23	48	58,5	45	21	58,0	15	2	-
IBEL	IBELA 44	Ilhabela	SP	23	49	19,6	45	21	43,2	15	-	3
IBEL	IBELA 45	Ilhabela	SP	23	49	25,1	45	22	6,9	10	-	2
IBEL	IBELA 46	Ilhabela	SP	23	48	22,7	45	21	50,6	7	-	2
IBEL	IBELA 47	Ilhabela	SP	23	48	13,3	45	21	41,8	72	-	2
IBEL	IBELA 48	Ilhabela	SP	23	47	27,7	45	21	47,1	25	-	2
IBEL	IBELA 49	Ilhabela	SP	23	50	48,0	45	24	20,9	48	-	2
IBEL	IBELA 50	Ilhabela	SP	23	50	55,7	45	24	44,5	16	1	-
IBEL	IBELA 51	Ilhabela	SP	23	47	59,4	45	21	43,3	12	2	-
IBEL	IBELA 52	Ilhabela	SP	23	48	50,1	45	21	47,7	24	9	-
IBEL	IBELA 53	Ilhabela	SP	23	46	32,6	45	21	13,4	13	3	1
IBEL	IBELA 54	Ilhabela	SP	23	46	32,3	45	21	22,7	17	2	-
IBEL	IBELA 55	Ilhabela	SP	23	47	26,6	45	21	36,9	42	2	-
IBEL	IBELA 56	Ilhabela	SP	23	47	31,3	45	21	21,6	91	-	1
IBEL	IBELA 57	Ilhabela	SP	23	50	47,7	45	24	21,0	35	-	1
IBEL	IBELA 58	Ilhabela	SP	23	51	6,5	45	24	39,2	52	1	1
IBUZ	IBUZIOS 1	Ilhabela	SP	23	47	50,0	45	8	12,0	0	7	-
IBUZ	IBUZIOS 2	Ilhabela	SP	23	47	52,0	45	8	16,0	41	5	-
IBUZ	IBUZIOS 3	Ilhabela	SP	23	47	32,3	45	8	45,1	4	1	-
IVIT	IVITORIA 2	Ilhabela	SP	23	44	30,0	45	1	15,6	80	1	-
IVIT	IVITORIA 3	Ilhabela	SP	23	44	42,8	45	1	18,7	5	1	-
IVIT	IVITORIA 4	Ilhabela	SP	23	44	41,2	45	1	14,3	75	1	-
IVIT	IVITORIA 5	Ilhabela	SP	23	44	35,7	45	1	12,8	109	2	-
GUAP	IGUA 1	Iguape	SP	24	42	57,6	47	34	27,3	5	-	2
GUAP	IGUA 10	Iguape	SP	24	42	26,0	47	33	20,7	8	-	2
GUAP	IGUA 11	Iguape	SP	24	42	8,8	47	33	27,3	9	-	2
GUAP	IGUA 12	Iguape	SP	24	41	44,1	47	33	50,3	9	-	2
GUAP	IGUA 13	Iguape	SP	24	41	47,3	47	33	38,1	9	-	2
GUAP	IGUA 14	Iguape	SP	24	42	11,7	47	33	51,4	12	-	2
GUAP	IGUA 15	Iguape	SP	24	41	10,9	47	29	49,4	17	-	1 (n)

GUAP	IGUA 16	Iguape	SP	24	41	9,2	47	28	2,9	6	-	2
GUAP	IGUA 17	Iguape	SP	24	40	33,4	47	28	16,5	20	-	1 (n)
GUAP	IGUA 18	Iguape	SP	24	38	26,1	47	29	18,4	18	-	2
GUAP	IGUA 19	Iguape	SP	24	38	20,1	47	30	0,4	16	2	2
GUAP	IGUA 2	Iguape	SP	24	42	48,7	47	34	26,6	9	-	2
GUAP	IGUA 20	Iguape	SP	24	41	47,2	47	33	55,1	26	-	2
GUAP	IGUA 21	Iguape	SP	24	42	25,6	47	33	4,7	18	-	2
GUAP	IGUA 22	Iguape	SP	24	42	35,3	47	34	27,4	25	-	2
GUAP	IGUA 24	Iguape	SP	24	42	22,6	47	33	39,8	10	-	2
GUAP	IGUA 25	Iguape	SP	24	41	56,6	47	33	42,8	15	-	2
GUAP	IGUA 26	Iguape	SP	24	41	34,0	47	31	48,9	14	-	2
GUAP	IGUA 27	Iguape	SP	24	40	58,7	47	27	43,9	18	-	2
GUAP	IGUA 28	Iguape	SP	24	38	30,8	47	30	17,3	9	2	-
GUAP	IGUA 29	Iguape	SP	24	36	44,4	47	31	34,6	7	4	-
GUAP	IGUA 3	Iguape	SP	24	42	23,0	47	34	8,3	12	-	1
GUAP	IGUA 30	Iguape	SP	24	34	17,8	47	33	8,2	9	4	-
GUAP	IGUA 31	Iguape	SP	24	42	29,3	47	33	13,3	4	6	-
GUAP	IGUA 33	Iguape	SP	24	38	21,5	47	29	32,3	1	8	-
GUAP	IGUA 34	Iguape	SP	24	41	10,9	47	29	49,3	6	1	-
GUAP	IGUA 35	Iguape	SP	24	41	10,4	47	28	49,4	1	3	-
GUAP	IGUA 36	Iguape	SP	24	42	5,2	47	34	49,3	2	1	-
GUAP	IGUA 4	Iguape	SP	24	42	45,5	47	33	31,8	19	-	3
GUAP	IGUA 5	Iguape	SP	24	42	38,4	47	33	20,4	12	-	2
GUAP	IGUA 6	Iguape	SP	24	42	16,9	47	33	11,8	5	-	2
GUAP	IGUA 7	Iguape	SP	24	41	8,6	47	27	45,4	7	-	2
GUAP	IGUA 8	Iguape	SP	24	40	54,4	47	27	7,0	8	-	2
GUAP	IGUA 9	Iguape	SP	24	40	46,6	47	27	45,4	16	-	2
ICOM	ICOMP 1	Ilha Comprida	SP	24	44	27,8	47	32	45,9	9	-	1
ICOM	ICOMP 10	Ilha Comprida	SP	24	43	22,8	47	30	23,5	13	1	-
ICOM	ICOMP 11	Ilha Comprida	SP	24	44	3,2	47	31	35,9	5	-	4
ICOM	ICOMP 12	Ilha Comprida	SP	24	43	36,0	47	32	11,9	13	-	3
ICOM	ICOMP 13	Ilha Comprida	SP	24	43	40,5	47	32	22,4	8	5	3
ICOM	ICOMP 14	Ilha Comprida	SP	24	44	12,2	47	32	24,5	14	-	3
ICOM	ICOMP 15	Ilha Comprida	SP	24	44	21,2	47	32	35,1	14	-	3
ICOM	ICOMP 16	Ilha Comprida	SP	24	44	31,3	47	32	53,4	5	-	3
ICOM	ICOMP 17	Ilha Comprida	SP	24	44	35,1	47	33	13,7	8	-	3
ICOM	ICOMP 18	Ilha Comprida	SP	24	44	35,6	47	33	20,4	9	-	3
ICOM	ICOMP 19	Ilha Comprida	SP	24	45	10,4	47	33	41,6	7	-	3
ICOM	ICOMP 2	Ilha Comprida	SP	24	44	53,0	47	33	24,0	9	1	-
ICOM	ICOMP 20	Ilha Comprida	SP	24	43	47,7	47	33	27,8	11	-	3
ICOM	ICOMP 21	Ilha Comprida	SP	24	42	41,8	47	29	9,6	12	-	3
ICOM	ICOMP 22	Ilha Comprida	SP	24	42	54,1	47	31	4,9	13	2	-
ICOM	ICOMP 23	Ilha Comprida	SP	24	45	7,2	47	33	36,8	5	-	1 (n)
ICOM	ICOMP 24	Ilha Comprida	SP	24	44	30,6	47	32	29,5	8	-	2
ICOM	ICOMP 25	Ilha Comprida	SP	24	42	39,5	47	29	21,7	12	-	3
ICOM	ICOMP 26	Ilha Comprida	SP	24	43	31,0	47	32	7,3	21	-	2
ICOM	ICOMP 27	Ilha Comprida	SP	24	44	3,7	47	31	48,9	21	-	3
ICOM	ICOMP 28	Ilha Comprida	SP	24	44	33,9	47	32	33,4	17	-	1
ICOM	ICOMP 29	Ilha Comprida	SP	24	53	33,1	47	48	1,2	13	2	-
ICOM	ICOMP 3	Ilha Comprida	SP	24	47	29,7	47	37	4,5	9	1	-
ICOM	ICOMP 30	Ilha Comprida	SP	24	53	33,3	47	47	55,5	14	1	-
ICOM	ICOMP 31	Ilha Comprida	SP	24	53	51,9	47	47	31,8	16	2	-
ICOM	ICOMP 32	Ilha Comprida	SP	24	53	39,5	47	47	48,0	7	1	-
ICOM	ICOMP 33	Ilha Comprida	SP	24	43	35,2	47	33	28,0	1	1	-
ICOM	ICOMP 4	Ilha Comprida	SP	24	48	34,9	47	38	28,4	8	1	-
ICOM	ICOMP 5	Ilha Comprida	SP	24	45	33,9	47	34	27,7	7	1	-

ICOM	ICOMP 6	Ilha Comprida	SP	24	44	11,3	47	32	2,0	13	1	-
ICOM	ICOMP 7	Ilha Comprida	SP	24	42	30,7	47	29	15,0	3	-	3
ICOM	ICOMP 9	Ilha Comprida	SP	24	43	16,5	47	30	20,7	9	1	-
ICAR	ICARD 1	Cananéia	SP	25	12	49,9	47	59	37,3	0	2	-
ICAR	ICARD 10	Cananéia	SP	25	3	53,8	47	54	43,7	0	2	-
ICAR	ICARD 11	Cananéia	SP	25	3	52,2	47	54	52,9	0	1	-
ICAR	ICARD 12	Cananéia	SP	25	3	53,2	47	54	56,5	0	1	-
ICAR	ICARD 13	Cananéia	SP	25	5	36,0	47	55	45,9	19	1	1 (n)
ICAR	ICARD 14	Cananéia	SP	25	5	38,0	47	55	44,8	18	1	-
ICAR	ICARD 2	Cananéia	SP	25	12	45,3	47	59	32,1	0	2	-
ICAR	ICARD 3	Cananéia	SP	25	13	18,9	48	0	14,6	0	2	-
ICAR	ICARD 4	Cananéia	SP	25	13	24,1	48	0	21,2	0	1	-
ICAR	ICARD 5	Cananéia	SP	25	13	30,6	48	0	29,2	0	1	-
ICAR	ICARD 6	Cananéia	SP	25	13	44,9	48	0	47,0	0	2	-
ICAR	ICARD 7	Cananéia	SP	25	4	7,9	47	55	13,8	4	1	-
ICAR	ICARD 8	Cananéia	SP	25	3	54,4	47	55	0,4	0	3	-
ICAR	ICARD 9	Cananéia	SP	25	3	52,6	47	54	44,9	0	2	-
APIA	APIAÍ 1	Apiaí	SP	24	30	28,0	48	50	23,0	936	1	-
APIA	APIAÍ 13	Apiaí	SP	24	31	13,9	48	43	47,0	625	1	-
APIA	APIAÍ 14	Apiaí	SP	24	31	54,1	48	43	25,4	649	1	-
APIA	APIAÍ 16	Apiaí	SP	24	30	22,9	48	50	11,1	972	1	-
APIA	APIAÍ 17	Apiaí	SP	24	31	22,4	48	50	9,5	974	1	-
APIA	APIAÍ 18	Apiaí	SP	24	32	26,3	48	49	15,6	831	-	3
APIA	APIAÍ 19	Apiaí	SP	24	32	22,4	48	48	28,2	833	-	2 (n)
APIA	APIAÍ 2	Apiaí	SP	24	30	27,0	48	50	36,0	877	1	-
APIA	APIAÍ 20	Apiaí	SP	24	32	27,3	48	48	37,8	828	1	-
APIA	APIAÍ 21	Apiaí	SP	24	32	15,5	48	49	53,5	825	1	-
APIA	APIAÍ 22	Apiaí	SP	24	29	33,7	48	50	44,5	869	-	2
APIA	APIAÍ 4	Apiaí	SP	24	30	59,0	48	50	31,0	911	-	3
APIA	APIAÍ 7	Apiaí	SP	24	30	32,0	48	50	39,0	916	-	2
APIA	APIAÍ 8	Apiaí	SP	24	30	57,0	48	51	12,0	902	1	2
APIA	APIAÍ 9	Apiaí	SP	24	30	20,0	48	50	33,0	904	-	1
APIA	ARAÇAÍBA	Apiaí	SP	24	25	42,0	48	51	21,0	902	-	1 (c)
APIA	IPOR 1	Iporanga	SP	24	33	52,0	48	35	18,2	67	1	-
APIA	IPOR 10	Iporanga	SP	24	35	48,9	48	34	37,0	91	1	-
APIA	IPOR 11	Iporanga	SP	24	35	7,2	48	35	37,3	98	-	3
APIA	IPOR 12	Iporanga	SP	24	34	54,7	48	35	30,8	93	-	3
APIA	IPOR 14	Iporanga	SP	24	35	14,7	48	35	48,7	107	-	3
APIA	IPOR 15	Iporanga	SP	24	35	26,6	48	35	52,3	85	-	3
APIA	IPOR 17	Iporanga	SP	24	34	49,6	48	35	31,8	76	1	-
APIA	IPOR 18	Iporanga	SP	24	35	9,3	48	35	30,2	77	-	3
APIA	IPOR 19	Iporanga	SP	24	35	10,9	48	35	42,5	110	-	3
APIA	IPOR 2	Iporanga	SP	24	32	51,5	48	35	12,1	84	1	-
APIA	IPOR 20	Iporanga	SP	24	36	31,4	48	37	24,6	91	-	3
APIA	IPOR 21	Iporanga	SP	24	34	58,0	48	37	48,7	117	1	-
APIA	IPOR 22	Iporanga	SP	24	33	19,3	48	40	43,2	200	-	3
APIA	IPOR 23	Iporanga	SP	24	33	9,6	48	40	44,0	191	1	-
APIA	IPOR 3	Iporanga	SP	24	31	52,0	48	35	7,8	113	1	-
APIA	IPOR 4	Iporanga	SP	24	35	11,3	48	35	40,1	104	-	1
APIA	IPOR 5	Iporanga	SP	24	34	9,9	48	33	30,8	84	1	-
APIA	IPOR 6	Iporanga	SP	24	35	27,0	48	35	50,1	85	1	-
APIA	IPOR 8	Iporanga	SP	24	32	19,2	48	41	49,0	415	1	-
APIA	IPOR 9	Iporanga	SP	24	32	15,4	48	43	15,0	550	1	-
APIA	ITAÓCA 1	Itaóca	SP	24	36	9,8	48	52	29,2	209	-	3
APIA	ITAÓCA 2	Itaóca	SP	24	37	50,4	48	51	18,4	161	-	3
APIA	ITAÓCA 3	Itaóca	SP	24	38	26,9	48	50	29,7	151	-	2

APIA	ITAOCA 4	Itaóca	SP	24	38	40,3	48	50	6,8	155	-	2
GUAR	GUARATUBA 10	Itapoá	SC	26	1	17,0	48	38	17,4	12	1	-
GUAR	GUARATUBA 11	Itapoá	SC	26	0	38,2	48	36	20,3	6	1	-
GUAR	GUARATUBA 12	Itapoá	SC	26	7	3,4	48	36	12,2	18	-	2
GUAR	GUARATUBA 13	Itapoá	SC	26	6	28,6	48	36	14,1	0	1	-
GUAR	GUARATUBA 14	Itapoá	SC	26	3	22,5	48	36	54,6	16	-	1
GUAR	GUARATUBA 15	Guaratuba	PR	25	56	56,5	48	35	46,8	16	-	1
GUAR	GUARATUBA 16	Guaratuba	PR	25	58	18,8	48	41	11,4	18	-	1
GUAR	GUARATUBA 17	Guaratuba	PR	25	52	28,2	48	34	38,6	6	2	2
GUAR	GUARATUBA 18	Guaratuba	PR	25	52	31,1	48	34	23,7	6	-	2
GUAR	GUARATUBA 19	Guaratuba	PR	25	52	44,4	48	34	8,6	13	-	2
GUAR	GUARATUBA 2	Guaratuba	PR	25	52	43,0	48	34	23,0	22	1	1
GUAR	GUARATUBA 20	Guaratuba	PR	25	52	31,0	48	34	20,1	14	1	-
GUAR	GUARATUBA 21	Guaratuba	PR	25	52	32,9	48	34	49,9	7	-	2
GUAR	GUARATUBA 22	Guaratuba	PR	25	53	4,2	48	34	16,6	14	-	2
GUAR	GUARATUBA 23	Guaratuba	PR	25	53	42,3	48	34	9,2	8	-	2
GUAR	GUARATUBA 24	Guaratuba	PR	25	53	40,4	48	34	20,0	15	1	-
GUAR	GUARATUBA 25	Guaratuba	PR	25	54	28,0	48	34	27,1	5	2	-
GUAR	GUARATUBA 28	Guaratuba	PR	26	1	24,4	48	36	36,9	15	1	3
GUAR	GUARATUBA 29	Guaratuba	PR	26	0	37,8	48	36	23,4	15	1	-
GUAR	GUARATUBA 30	Guaratuba	PR	26	1	43,8	48	36	48,4	13	-	3
GUAR	GUARATUBA 31	Guaratuba	PR	26	2	25,1	48	36	48,3	12	-	2
GUAR	GUARATUBA 32	Guaratuba	PR	26	2	55,6	48	36	55,9	24	1	4
GUAR	GUARATUBA 33	Guaratuba	PR	26	3	23,8	48	36	58,0	21	-	2
GUAR	GUARATUBA 34	Guaratuba	PR	26	4	0,3	48	37	3,2	16	-	3
GUAR	GUARATUBA 35	Guaratuba	PR	26	4	33,6	48	36	20,0	13	-	2
GUAR	GUARATUBA 36	Guaratuba	PR	26	5	9,6	48	36	26,9	18	1	-
GUAR	GUARATUBA 37	Guaratuba	PR	26	6	11,1	48	36	13,8	9	-	2
GUAR	GUARATUBA 38	Guaratuba	PR	26	7	20,6	48	36	17,4	15	-	2
GUAR	GUARATUBA 39	Guaratuba	PR	26	8	2,1	48	35	55,9	15	-	3
GUAR	GUARATUBA 6	Guaratuba	PR	25	52	55,0	48	34	29,2	6	-	1 (c)
GUAR	GUARATUBA 8	Guaratuba	PR	25	55	44,6	48	43	43,3	33	1	4 (c)
GUAR	GUARATUBA 9	Garuva	SC	25	59	5,7	48	42	44,1	34	1	1
GUAR	ITAPEM 1	Itapoá	SC	26	4	51,4	48	36	25,1	0	2	-
GUAR	MATIN 1	Matinhos	PR	25	49	45,4	48	32	58,1	0	2	-
GUAR	MATIN 2	Matinhos	PR	25	49	24,3	48	32	33,1	0	1	-
IMEL	IMEL 1	Paranaguá	PR	25	34	17,9	48	18	37,6	12	2	-
IMEL	IMEL 10	Paranaguá	PR	25	32	5,3	48	18	43,7	14	1	-
IMEL	IMEL 2	Paranaguá	PR	25	33	53,6	48	18	11,6	10	1	-
IMEL	IMEL 3	Paranaguá	PR	25	32	37,5	48	17	59,4	18	1	-
IMEL	IMEL 4	Paranaguá	PR	25	32	33,2	48	18	5,0	7	5	-
IMEL	IMEL 5	Paranaguá	PR	25	29	43,9	48	19	21,0	0	1	-
IMEL	IMEL 6	Paranaguá	PR	25	33	55,3	48	18	11,9	8	10	-
IMEL	IMEL 7	Paranaguá	PR	25	32	22,6	48	17	48,6	17	1	-
IMEL	IMEL 8	Paranaguá	PR	25	32	51,0	48	17	43,0	15	1	-
IMEL	IMEL 9	Paranaguá	PR	25	32	35,5	48	17	43,1	15	-	1 (c)
BLUM	BLUME 1	Blumenau	SC	26	53	7,3	49	10	12,9	48	1	2
BLUM	BLUME 10	Blumenau	SC	26	56	31,0	49	4	13,3	16	-	1 (n)
BLUM	BLUME 11	Blumenau	SC	26	54	19,0	49	4	44,1	36	-	1 (n)
BLUM	BLUME 12	Blumenau	SC	26	55	36,5	49	3	24,9	12	-	2
BLUM	BLUME 13	Blumenau	SC	26	55	9,4	49	3	45,0	16	-	2
BLUM	BLUME 14	Blumenau	SC	26	54	5,6	49	2	57,6	20	1	2
BLUM	BLUME 15	Blumenau	SC	26	54	46,7	49	3	35,8	12	-	2
BLUM	BLUME 16	Blumenau	SC	26	54	49,1	49	3	3,8	42	1	-
BLUM	BLUME 17	Blumenau	SC	26	54	44,8	49	3	53,8	56	-	1
BLUM	BLUME 18	Blumenau	SC	26	54	23,0	49	4	0,6	14	-	2

BLUM	BLUME 19	Blumenau	SC	26	53	38,5	49	3	29,1	21	-	2
BLUM	BLUME 2	Indaial	SC	26	53	23,1	49	11	37,1	36	-	2
BLUM	BLUME 20	Blumenau	SC	26	53	21,1	49	4	48,9	9	-	2
BLUM	BLUME 21	Blumenau	SC	26	53	17,7	49	4	27,6	28	2	-
BLUM	BLUME 22	Blumenau	SC	26	52	44,0	49	4	47,7	19	-	2
BLUM	BLUME 23	Blumenau	SC	26	55	33,7	49	3	56,3	24	-	4
BLUM	BLUME 24	Blumenau	SC	26	55	52,3	49	4	5,2	73	2	-
BLUM	BLUME 25	Blumenau	SC	26	57	4,6	49	4	30,7	46	-	2
BLUM	BLUME 26	Blumenau	SC	26	57	31,7	49	4	35,2	149	-	2
BLUM	BLUME 27	Blumenau	SC	26	58	22,7	49	4	34,5	53	2	2
BLUM	BLUME 28	Blumenau	SC	26	59	15,4	49	4	50,2	64	1	2
BLUM	BLUME 29	Blumenau	SC	26	59	39,4	49	6	5,1	69	-	2
BLUM	BLUME 3	Indaial	SC	26	53	21,3	49	13	25,3	82	1	2
BLUM	BLUME 30	Blumenau	SC	26	52	33,1	49	4	1,4	23	-	1
BLUM	BLUME 31	Blumenau	SC	26	52	14,7	49	5	25,8	8	-	1
BLUM	BLUME 33	Indaial	SC	26	57	10,8	49	17	8,8	50	2	-
BLUM	BLUME 34	Indaial	SC	26	54	10,7	49	13	17,7	73	2	-
BLUM	BLUME 35	Blumenau	SC	26	54	32,1	49	4	22,7	20	2	-
BLUM	BLUME 36	Blumenau	SC	26	54	58,0	49	3	52,9	17	1	-
BLUM	BLUME 4	Indaial	SC	26	54	9,4	49	14	45,2	78	1	2
BLUM	BLUME 5	Indaial	SC	26	55	39,6	49	16	40,6	79	2	2
BLUM	BLUME 6	Indaial	SC	26	57	1,1	49	17	11,0	82	-	2
BLUM	BLUME 7	Ascurra	SC	26	58	2,5	49	20	22,4	92	1	-
BLUM	BLUME 8	Ascurra	SC	26	58	1,9	49	21	48,8	102	-	2
BLUM	BLUME 9	Blumenau	SC	26	55	11,7	49	3	53,7	21	-	1 (n)
SJOS	BIGU 1	Biguaçu	SC	27	28	14,1	48	38	25,6	6	3	3
SJOS	BIGU 10	Governador Celso Ramos	SC	27	21	38,7	48	35	52,2	9	2	-
SJOS	BIGU 11	Biguaçu	SC	27	22	59,9	48	38	18,5	44	1	-
SJOS	BIGU 12	Biguaçu	SC	27	31	32,3	48	38	48,5	32	2	3
SJOS	BIGU 13	Biguaçu	SC	27	31	21,0	48	39	23,0	20	-	4
SJOS	BIGU 14	Biguaçu	SC	27	30	30,1	48	39	27,2	2	-	2
SJOS	BIGU 2	Biguaçu	SC	27	26	52,0	48	37	50,3	6	-	3
SJOS	BIGU 3	Biguaçu	SC	27	23	58,0	48	36	10,3	6	-	3
SJOS	BIGU 4	Governador Celso Ramos	SC	27	25	43,4	48	35	23,1	18	2	-
SJOS	BIGU 5	Governador Celso Ramos	SC	27	25	19,6	48	34	18,9	17	1	-
SJOS	BIGU 6	Governador Celso Ramos	SC	27	23	54,9	48	33	52,3	5	2	2
SJOS	BIGU 7	Governador Celso Ramos	SC	27	22	40,3	48	33	37,5	11	3	2
SJOS	BIGU 8	Governador Celso Ramos	SC	27	20	11,2	48	32	40,3	12	1	-
SJOS	BIGU 9	Governador Celso Ramos	SC	27	19	53,5	48	32	28,7	7	2	-
SJOS	PALHO 1	Palhoça	SC	27	38	23,1	48	40	10,9	6	-	2
SJOS	PALHO 10	Palhoça	SC	27	54	9,5	48	35	35,8	9	3	-
SJOS	PALHO 11	Palhoça	SC	27	53	31,2	48	35	9,9	10	1	-
SJOS	PALHO 12	Palhoça	SC	27	47	28,0	48	38	7,1	13	3	-
SJOS	PALHO 2	Palhoça	SC	27	37	0,0	48	41	23,9	15	-	2
SJOS	PALHO 3	Palhoça	SC	27	36	36,7	48	41	20,4	17	3	-
SJOS	PALHO 4	Palhoça	SC	27	36	9,4	48	40	12,2	11	2	-
SJOS	PALHO 5	Palhoça	SC	27	39	13,4	48	40	54,1	12	1	-
SJOS	PALHO 6	Palhoça	SC	27	40	31,5	48	40	48,2	11	-	2
SJOS	PALHO 7	Palhoça	SC	27	40	49,2	48	41	55,3	14	1	-
SJOS	PALHO 8	Palhoça	SC	27	40	56,0	48	42	34,6	25	1	-
SJOS	PALHO 9	Palhoça	SC	27	42	53,6	48	42	22,5	12	-	2
SJOS	SJOS 10	São José	SC	27	35	45,7	48	37	22,8	12	-	2
SJOS	SJOS 11	São José	SC	27	35	47,9	48	38	23,1	9	1	-
SJOS	SJOS 12	São José	SC	27	35	3,9	48	38	21,6	42	1	-
SJOS	SJOS 13	São José	SC	27	35	41,5	48	41	1,9	6	1	-
SJOS	SJOS 14	São José	SC	27	35	8,7	48	43	6,2	62	3	2

SJOS	SJOS 5	São José	SC	27	33	53,1	48	38	5,0	36	-	3
SJOS	SJOS 6	São José	SC	27	33	49,7	48	38	36,1	27	2	-
SJOS	SJOS 7	São José	SC	27	32	42,9	48	38	25,6	17	-	3
SJOS	SJOS 8	São José	SC	27	32	12,6	48	38	47,8	14	-	3
SJOS	SJOS 9	São José	SC	27	35	16,6	48	37	9,6	5	1	3
SJOS	SJOZ 1	São José	SC	27	36	47,5	48	37	45,0	38	3	2
SJOS	SJOZ 2	São José	SC	27	37	28,6	48	37	54,1	18	-	2
SJOS	SJOZ 3	São José	SC	27	38	21,9	48	38	5,0	11	-	2
SJOS	SJOZ 4	São José	SC	27	38	20,3	48	38	7,9	15	1	-
SJOS	SPAL 1	São Pedro de Alcântara	SC	27	34	11,7	48	45	25,2	198	4	-
SJOS	SPAL 2	São Pedro de Alcântara	SC	27	34	7,6	48	47	41,1	218	3	-
SJOS	TIJU 1	Tijucas	SC	27	14	35,3	48	37	34,3	4	-	2
SJOS	TIJU 2	Tijucas	SC	27	13	51,3	48	38	45,0	9	3	-
SJOS	TIJU 3	Tijucas	SC	27	14	25,4	48	38	27,7	9	-	2
ISCA	FLORI 1	Florianópolis	SC	27	42	19,7	48	33	22,5	22	1	-
ISCA	FLORI 11	Florianópolis	SC	27	29	6,6	48	25	12,6	34	1	-
ISCA	FLORI 12	Florianópolis	SC	27	27	54,1	48	24	21,6	55	1	-
ISCA	FLORI 13	Florianópolis	SC	27	26	7,5	48	24	25,5	23	1	-
ISCA	FLORI 15	Florianópolis	SC	27	35	57,1	48	30	59,6	15	1	-
ISCA	FLORI 16	Florianópolis	SC	27	39	9,7	48	31	0,7	11	1	-
ISCA	FLORI 17	Florianópolis	SC	27	37	28,3	48	31	32,9	21	1	-
ISCA	FLORI 18	Florianópolis	SC	27	25	34,8	48	26	58,2	5	1	-
ISCA	FLORI 19	Florianópolis	SC	27	23	42,1	48	26	0,7	6	1	-
ISCA	FLORI 2	Florianópolis	SC	27	43	27,5	48	33	48,3	8	1	-
ISCA	FLORI 20	Florianópolis	SC	27	29	7,9	48	29	37,9	5	1	-
ISCA	FLORI 21	Florianópolis	SC	27	31	27,3	48	28	4,1	5	1	-
ISCA	FLORI 22	Florianópolis	SC	27	46	50,0	48	31	18,8	12	1	-
ISCA	FLORI 23	Florianópolis	SC	27	47	7,4	48	31	56,6	23	2	-
ISCA	FLORI 24	Florianópolis	SC	27	47	38,2	48	32	3,4	20	1	-
ISCA	FLORI 25	Florianópolis	SC	27	42	58,7	48	30	35,9	29	2	-
ISCA	FLORI 26	Florianópolis	SC	27	44	18,5	48	30	34,7	21	4	-
ISCA	FLORI 28	Florianópolis	SC	27	42	26,8	48	31	6,4	16	2	-
ISCA	FLORI 29	Florianópolis	SC	27	42	4,3	48	33	5,6	3	2	-
ISCA	FLORI 3	Florianópolis	SC	27	44	50,2	48	33	34,5	26	1	-
ISCA	FLORI 30	Florianópolis	SC	27	43	27,4	48	33	48,5	12	2	-
ISCA	FLORI 31	Florianópolis	SC	27	29	58,0	48	29	31,6	18	1	-
ISCA	FLORI 32	Florianópolis	SC	27	36	18,6	48	28	31,0	15	2	-
ISCA	FLORI 33	Florianópolis	SC	27	34	36,9	48	25	57,5	7	2	-
ISCA	FLORI 34	Florianópolis	SC	27	26	7,4	48	27	39,5	10	2	-
ISCA	FLORI 35	Florianópolis	SC	27	26	40,5	48	29	20,0	19	2	-
ISCA	FLORI 36	Florianópolis	SC	27	26	50,5	48	31	44,5	14	1	-
ISCA	FLORI 37	Florianópolis	SC	27	30	52,4	48	30	48,0	21	2	-
ISCA	FLORI 38	Florianópolis	SC	27	32	29,3	48	30	18,8	9	1	-
ISCA	FLORI 39	Florianópolis	SC	27	26	36,1	48	29	9,7	15	1	-
ISCA	FLORI 4	Florianópolis	SC	27	48	12,5	48	33	53,5	21	1	-
ISCA	FLORI 40	Florianópolis	SC	27	36	2,4	48	27	52,2	13	-	6
ISCA	FLORI 41	Florianópolis	SC	27	36	12,1	48	28	5,8	19	-	6
ISCA	FLORI 42	Florianópolis	SC	27	35	51,2	48	27	52,7	15	-	6
ISCA	FLORI 43	Florianópolis	SC	27	36	21,4	48	28	5,9	12	-	6
ISCA	FLORI 44	Florianópolis	SC	27	36	19,4	48	28	25,7	17	-	3
ISCA	FLORI 45	Florianópolis	SC	27	35	1,9	48	25	60,0	4	2	-
ISCA	FLORI 46	Florianópolis	SC	27	30	41,0	48	29	8,0	21	-	3
ISCA	FLORI 47	Florianópolis	SC	27	35	30,2	48	29	45,6	1	1	4
ISCA	FLORI 48	Florianópolis	SC	27	36	54,9	48	29	4,5	5	-	6
ISCA	FLORI 49	Florianópolis	SC	27	30	24,8	48	31	11,0	24	-	5
ISCA	FLORI 5	Florianópolis	SC	27	46	54,1	48	31	34,3	8	1	-

ISCA	FLORI 50	Florianópolis	SC	27	29	59,3	48	31	26,2	6	-	5
ISCA	FLORI 51	Florianópolis	SC	27	30	18,8	48	31	1,4	38	-	5
ISCA	FLORI 52	Florianópolis	SC	27	32	18,1	48	30	49,1	26	-	2
ISCA	FLORI 53	Florianópolis	SC	27	35	28,9	48	31	32,2	49	-	1
ISCA	FLORI 54	Florianópolis	SC	27	35	15,9	48	31	31,9	31	-	2
ISCA	FLORI 55	Florianópolis	SC	27	36	5,9	48	31	26,9	20	-	1
ISCA	FLORI 56	Florianópolis	SC	27	36	25,3	48	31	6,7	16	-	2
ISCA	FLORI 57	Florianópolis	SC	27	36	30,9	48	30	57,6	35	-	1
ISCA	FLORI 58	Florianópolis	SC	27	35	30,7	48	29	37,1	21	-	1
ISCA	FLORI 59	Florianópolis	SC	27	33	33,3	48	29	33,9	27	-	1
ISCA	FLORI 6	Florianópolis	SC	27	42	52,6	48	30	37,6	27	1	-
ISCA	FLORI 7	Florianópolis	SC	27	39	44,1	48	29	21,2	32	1	-
ISCA	FLORI 8	Florianópolis	SC	27	38	8,0	48	28	19,0	23	1	-
PRUD	GUAMIR 1	Guamiranga	PR	25	11	41,4	50	48	50,4	855	1	2
PRUD	IMBIT 1	Imbituva	PR	25	13	36,4	50	37	1,7	893	3	-
PRUD	IMBIT 10	Imbituva	PR	25	13	52,5	50	36	52,2	894	-	3
PRUD	IMBIT 2	Imbituva	PR	25	13	37,5	50	36	49,8	903	-	3
PRUD	IMBIT 3	Imbituva	PR	25	13	40,1	50	36	29,5	880	2	3
PRUD	IMBIT 4	Imbituva	PR	25	13	44,3	50	36	8,4	920	-	4
PRUD	IMBIT 5	Imbituva	PR	25	13	36,6	50	35	57,1	899	-	3
PRUD	IMBIT 6	Imbituva	PR	25	14	2,9	50	35	43,5	913	-	3
PRUD	IMBIT 7	Imbituva	PR	25	14	34,0	50	35	27,9	879	-	3
PRUD	IMBIT 8	Imbituva	PR	25	14	22,9	50	35	19,6	895	2	-
PRUD	IMBIT 9	Imbituva	PR	25	14	23,7	50	35	16,0	902	-	3
PRUD	IRATI 1	Irati	PR	25	28	32,8	50	39	49,5	858	1	-
PRUD	IRATI 2	Irati	PR	25	29	17,1	50	38	55,0	880	1	-
PRUD	IRATI 3	Irati	PR	25	28	58,7	50	38	57,6	888	1	3
PRUD	IRATI 4	Irati	PR	25	29	4,8	50	38	35,9	898	-	1
PRUD	IRATI 5	Irati	PR	25	28	33,8	50	39	57,8	877	1	-
PRUD	IRATI 6	Irati	PR	25	28	6,5	50	38	26,7	872	3	-
PRUD	PRUDE 1	Guamiranga	PR	25	11	49,2	50	46	33,3	875	1	-
PRUD	PRUDE 10	Prudentópolis	PR	25	13	12,4	50	58	59,3	803	-	9 (c)
PRUD	PRUDE 11	Prudentópolis	PR	25	12	54,9	50	58	32,2	787	-	2 (n)
PRUD	PRUDE 12	Prudentópolis	PR	25	12	53,4	51	0	42,0	766	1	-
PRUD	PRUDE 13	Prudentópolis	PR	25	13	18,1	50	58	59,6	790	1	-
PRUD	PRUDE 14	Prudentópolis	PR	25	12	22,2	50	57	53,5	792	2	2
PRUD	PRUDE 15	Prudentópolis	PR	25	12	20,7	50	58	56,9	815	2	2
PRUD	PRUDE 2	Guamiranga	PR	25	11	35,6	50	48	41,1	828	3	2
PRUD	PRUDE 3	Prudentópolis	PR	25	11	21,8	50	55	9,1	792	-	2
PRUD	PRUDE 4	Prudentópolis	PR	25	11	57,0	50	58	14,0	806	-	2
PRUD	PRUDE 5	Prudentópolis	PR	25	12	31,9	50	58	25,2	777	-	1
PRUD	PRUDE 6	Prudentópolis	PR	25	12	15,3	50	58	19,0	797	1	-
PRUD	PRUDE 7	Prudentópolis	PR	25	12	50,3	50	58	32,1	769	-	2
PRUD	PRUDE 8	Prudentópolis	PR	25	12	41,8	50	59	28,8	776	1	2
PRUD	PRUDE 9	Prudentópolis	PR	25	12	8,1	50	59	31,3	793	-	2
PUNI	CAÇA 1	Caçador	SC	26	47	4,7	50	59	53,6	962	-	3
PUNI	CAÇA 2	Caçador	SC	26	47	15,9	51	0	24,9	927	-	3
PUNI	CAÇA 3	Caçador	SC	26	47	5,7	51	0	39,9	928	-	3
PUNI	CAÇA 4	Caçador	SC	26	47	22,9	51	0	48,5	939	-	3
PUNI	CAÇA 5	Caçador	SC	26	46	55,2	51	0	54,9	913	-	3
PUNI	CAÇA 6	Caçador	SC	26	46	28,6	51	0	50,2	932	-	1 (n)
PUNI	CAÇA 7	Caçador	SC	26	46	26,9	51	0	20,4	908	-	3
PUNI	CAÇA 8	Caçador	SC	26	46	14,6	51	1	22,6	938	-	3
PUNI	GCAR 1	General Carneiro	PR	26	25	21,5	51	18	49,8	925	-	3
PUNI	GCAR 2	General Carneiro	PR	26	25	43,8	51	19	6,6	915	-	3
PUNI	GCAR 3	General Carneiro	PR	26	26	7,8	51	19	15,2	919	-	3

PUNI	UNVI 1	Porto União	SC	26	14	13,7	51	4	41,3	797	3	3
PUNI	UNVI 10	União da Vitória	PR	26	13	58,9	51	2	52,3	802	-	3
PUNI	UNVI 11	União da Vitória	PR	26	13	53,7	51	3	57,0	769	-	3
PUNI	UNVI 12	União da Vitória	PR	26	13	43,7	51	4	24,0	758	1	-
PUNI	UNVI 13	União da Vitória	PR	26	13	56,8	51	4	19,6	764	3	-
PUNI	UNVI 14	União da Vitória	PR	26	12	50,5	51	4	53,3	759	2	-
PUNI	UNVI 15	Porto União	SC	26	15	12,0	51	4	26,9	762	1	-
PUNI	UNVI 2	Porto União	SC	26	15	15,4	51	5	20,3	811	1	2
PUNI	UNVI 3	União da Vitória	PR	26	14	15,9	51	5	23,5	813	1	1 (n)
PUNI	UNVI 4	União da Vitória	PR	26	13	33,0	51	5	48,1	741	-	2
PUNI	UNVI 5	União da Vitória	PR	26	12	39,5	51	5	9,9	760	1	1
PUNI	UNVI 6	União da Vitória	PR	26	15	56,9	51	6	12,6	759	1	-
PUNI	UNVI 7	União da Vitória	PR	26	13	56,6	51	3	30,1	759	1	3
PUNI	UNVI 8	União da Vitória	PR	26	14	6,4	51	5	27,4	774	6	-
PUNI	UNVI 9	União da Vitória	PR	26	14	11,6	51	5	42,8	764	-	1
FOZI	CAPA 1	Capanema	PR	25	39	42,9	53	48	30,5	400	-	3
FOZI	CAZU 1	Céu Azul	PR	25	9	0,1	53	51	20,6	624	-	2 (c)
FOZI	CAZU 2	Céu Azul	PR	25	8	56,1	53	50	59,5	640	-	6 (c)
FOZI	CAZU 3	Céu Azul	PR	25	9	29,4	53	51	23,9	664	-	9 (c)
FOZI	CAZU 4	Céu Azul	PR	25	8	42,9	53	50	18,2	664	2	-
FOZI	CLMA 1	Capitão Leônidas Marques	PR	25	29	22,0	53	36	24,5	393	-	3
FOZI	FOZ 1	Foz do Iguaçu	PR	25	26	54,1	54	35	5,1	174	-	4
FOZI	FOZ 10	Foz do Iguaçu	PR	25	28	19,8	54	35	14,7	198	1	-
FOZI	FOZ 11	Foz do Iguaçu	PR	25	26	43,8	54	30	11,7	233	3	-
FOZI	FOZ 12	Foz do Iguaçu	PR	25	28	18,6	54	30	39,5	247	1	-
FOZI	FOZ 13	Santa Terezinha de Itaipu	PR	25	27	5,1	54	24	6,0	299	2	-
FOZI	FOZ 14	Foz do Iguaçu	PR	25	28	47,2	54	30	32,7	265	2	-
FOZI	FOZ 2	Foz do Iguaçu	PR	25	35	25,0	54	35	25,0	154	-	3
FOZI	FOZ 3	Foz do Iguaçu	PR	25	41	30,0	54	26	3,9	174	-	1
FOZI	FOZ 5	Foz do Iguaçu	PR	25	32	21,0	54	33	1,8	240	1	-
FOZI	FOZ 6	Foz do Iguaçu	PR	25	32	33,8	54	33	11,7	233	1	-
FOZI	FOZ 7	Foz do Iguaçu	PR	25	30	47,2	54	33	20,7	274	2	-
FOZI	FOZ 8	Foz do Iguaçu	PR	25	29	49,8	54	34	48,6	218	2	-
FOZI	FOZ 9	Foz do Iguaçu	PR	25	28	19,5	54	35	6,7	199	1	-
FOZI	LIND 1	Lindoeste	PR	25	15	0,7	53	34	44,3	646	-	4
FOZI	LIND 3	Lindoeste	PR	25	16	0,1	53	34	23,1	591	1	-
FOZI	MATE 1	Matelândia	PR	25	14	29,2	53	59	3,0	543	-	3
FOZI	MEDI 1	Medianeira	PR	25	17	59,2	54	5	40,8	442	-	3
FOZI	SIGU 1	Serranópolis do Iguaçu	PR	25	22	53,8	54	3	14,4	317	-	1 (n)
FOZI	SLUC 1	Santa Lúcia	PR	25	24	26,5	53	34	2,7	452	1	2
FOZI	SMAR 1	Santa Maria	PR	25	8	35,3	53	35	11,3	760	1	2
FOZI	SMI 1	São Miguel do Iguaçu	PR	25	21	5,5	54	14	27,4	295	-	5
FOZI	SMI 2	São Miguel do Iguaçu	PR	25	21	27,5	54	15	2,0	301	1	-
FOZI	STI 2	Santa Terezinha de Itaipu	PR	25	26	1,5	54	23	46,4	271	1	-
FOZI	STO 1	Santa Tereza do Oeste	PR	25	3	26,9	53	37	1,2	730	1	3
TSAM	ANHU 1	Anhumas	SP	22	17	53,1	51	23	6,6	474	-	3
TSAM	ANHU 2	Anhumas	SP	22	17	36,3	51	23	27,4	452	-	3
TSAM	MIRP 1	Mirante do Paranapanema	SP	22	17	50,9	51	54	26,8	444	-	3
TSAM	MIRP 2	Mirante do Paranapanema	SP	22	18	0,6	51	54	19,8	445	4	-
TSAM	PBER 1	Presidente Bernardes	SP	22	1	10,5	51	32	41,8	453	-	2
TSAM	PEPI 1	Presidente Epitácio	SP	21	45	23,0	52	6	45,2	293	-	2
TSAM	PEPI 2	Presidente Epitácio	SP	21	45	29,9	52	6	33,5	294	-	1
TSAM	PEPI 3	Presidente Epitácio	SP	21	45	34,9	52	6	31,7	294	-	1
TSAM	PIRAPZ 1	Pirapozinho	SP	22	16	15,8	51	28	39,0	465	-	3
TSAM	PIRAPZ 2	Pirapozinho	SP	22	16	34,7	51	29	59,2	493	-	3
TSAM	PIRAPZ 3	Pirapozinho	SP	22	16	20,0	51	29	42,6	478	-	3

TSAM	PIRAPZ 4	Pirapozinho	SP	22	16	53,4	51	30	43,8	501	-	3
TSAM	PIRAPZ 5	Pirapozinho	SP	22	16	29,3	51	29	17,8	476	2	-
TSAM	PLNS 1	Teodoro Sampaio	SP	22	18	59,8	52	14	50,9	386	-	3
TSAM	PLNS 2	Teodoro Sampaio	SP	22	19	0,9	52	14	33,2	405	-	2
TSAM	PPRU 2	Presidente Prudente	SP	22	7	20,2	51	24	11,0	416	1	-
TSAM	PVEN 1	Presidente Venceslau	SP	21	53	23,9	51	50	17,4	421	-	3
TSAM	SANA 1	Santo Anastácio	SP	21	58	37,1	51	39	10,1	443	4	-
TSAM	SANA 2	Santo Anastácio	SP	21	58	20,6	51	39	6,2	432	-	3
TSAM	SANA 3	Santo Anastácio	SP	21	58	17,7	51	39	32,3	438	2	-
TSAM	SANA 4	Santo Anastácio	SP	21	58	42,6	51	39	25,8	441	2	3
TSAM	SANA 5	Santo Anastácio	SP	21	58	38,0	51	38	52,4	440	-	3
TSAM	SANA 6	Santo Anastácio	SP	21	58	30,3	51	38	29,0	441	-	3
TSAM	SAND 1	Sandovalina	SP	22	27	14,3	51	45	40,6	399	-	3
TSAM	TARAB 1	Tarabai	SP	22	18	12,1	51	33	16,5	465	-	3
TSAM	TARAB 2	Tarabai	SP	22	18	12,6	51	33	58,2	463	-	2
TSAM	TSAM 1	Teodoro Sampaio	SP	22	32	12,3	52	10	39,1	351	-	1 (c)
TSAM	TSAM 11	Teodoro Sampaio	SP	22	34	14,8	52	11	0,8	322	-	1
TSAM	TSAM 14	Teodoro Sampaio	SP	22	32	16,3	52	10	49,5	353	-	1 (c)
TSAM	TSAM 15	Teodoro Sampaio	SP	22	32	0,3	52	10	31,7	360	-	5 (c)
TSAM	TSAM 16	Teodoro Sampaio	SP	22	31	56,7	52	10	27,0	352	-	3 (c)
TSAM	TSAM 17	Teodoro Sampaio	SP	22	31	50,1	52	9	49,4	335	2	2
TSAM	TSAM 18	Teodoro Sampaio	SP	22	32	18,1	52	9	33,4	319	-	2
TSAM	TSAM 19	Teodoro Sampaio	SP	22	31	27,7	52	10	19,0	365	-	2
TSAM	TSAM 2	Teodoro Sampaio	SP	22	37	12,0	52	10	14,9	270	1	7 (n)
TSAM	TSAM 20	Teodoro Sampaio	SP	22	34	30,8	52	10	44,1	304	2	-
TSAM	TSAM 4	Teodoro Sampaio	SP	22	31	52,3	52	10	42,3	363	1	-
TSAM	TSAM 5	Teodoro Sampaio	SP	22	31	41,5	52	10	47,1	384	-	3
TSAM	TSAM 6	Teodoro Sampaio	SP	22	31	26,4	52	10	7,9	351	-	1
TSAM	TSAM 8	Teodoro Sampaio	SP	22	31	4,6	52	18	59,5	349	-	1 (n)

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM	TOTAL
N	46	44	48	57	57	46	49	38	22	45	36	45	24	42	35	43	45	722
H_1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
H_5	41	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	41
H_6	0	0	0	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30
H_7	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16
H_8	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_9	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_10	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
H_11	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
H_12	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
H_14	0	0	0	0	0	15	44	35	17	26	19	25	17	0	0	0	0	198
H_15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	12
H_16	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	7
H_17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
H_18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
H_19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
H_20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	1	1	0	0	0	0	0	11
H_21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H_22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	24	25	0	49
H_23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3
H_24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	8
H_25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H_26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H_27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H_28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
H_29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2
H_30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
H_31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0	11
H_32	0	0	47	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0					

H_69	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3
H_70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	5
H_71	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
H_72	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
H_73	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

Apêndice B-2. Valores de diversidade genética e de taxa de neutralidade de mutações para todas as populações de *Tetragonisca angustula*. N: número amostral; NH: número de haplótipos; $h \pm DP$: diversidade haplotípica e seu desvio padrão; $\pi \pm DP$: diversidade nucleotídica e seu desvio-padrão. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

População	N	NH	$h \pm DP$	$\pi \pm DP$
TERE	46	5	0,20676 $\pm$ 0,0791	0,008725 $\pm$ 0,007982
RESE	44	3	0,39429 $\pm$ 0,0722	0,006503 $\pm$ 0,00665
PASQ	48	2	0,04167 $\pm$ 0,0395	0,000631 $\pm$ 0,001848
ANGR	57	7	0,64223 $\pm$ 0,0492	0,036872 $\pm$ 0,022496
IGRA	57	5	0,68734 $\pm$ 0,0321	0,015322 $\pm$ 0,011586
SSEB	46	3	0,47826 $\pm$ 0,0519	0,007466 $\pm$ 0,007235
IBEL	49	3	0,19048 $\pm$ 0,0718	0,003556 $\pm$ 0,004652
GUAP	38	3	0,15220 $\pm$ 0,0769	0,007048 $\pm$ 0,007013
ICOM	22	4	0,39827 $\pm$ 0,1219	0,040666 $\pm$ 0,025097
APIA	45	6	0,62525 $\pm$ 0,0683	0,015152 $\pm$ 0,01155
GUAR	36	6	0,63651 $\pm$ 0,0609	0,02328 $\pm$ 0,015872
BLUM	45	8	0,62828 $\pm$ 0,0623	0,012672 $\pm$ 0,010211
SJOS	24	5	0,49275 $\pm$ 0,1165	0,008399 $\pm$ 0,007952
PRUD	42	5	0,30197 $\pm$ 0,0888	0,004839 $\pm$ 0,005577
PUNI	35	5	0,50588 $\pm$ 0,0902	0,008607 $\pm$ 0,007969
FOZI	43	9	0,63234 $\pm$ 0,0739	0,015722 $\pm$ 0,011867
TSAM	45	9	0,71616 $\pm$ 0,0584	0,017937 $\pm$ 0,013022

Apêndice B-3. Valores de D_{est} obtidos nas comparações entre populações de *Tetragonisca angustula* a partir dos haplótipos mitocondriais. Valores negativos são considerados zero (0,000). Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	0,000																
RESE	0,405	0,000															
PASQ	1,000	1,000	0,000														
ANGR	0,991	1,000	1,000	0,000													
IGRA	1,000	1,000	1,000	0,763	0,000												
SSEB	1,000	1,000	1,000	1,000	0,857	0,000											
IBEL	0,954	0,952	1,000	1,000	0,977	0,233	0,000										
GUAP	1,000	1,000	0,958	1,000	0,978	0,253	-0,009	0,000									
ICOM	0,970	1,000	0,972	1,000	0,978	0,263	0,004	-0,002	0,000								
APIA	0,851	0,843	1,000	0,932	0,977	0,258	0,014	0,023	0,008	0,000							
GUAR	0,962	0,959	0,893	1,000	0,982	0,356	0,071	0,056	0,032	0,052	0,000						
BLUM	0,957	0,954	0,987	1,000	0,982	0,338	0,043	0,032	0,019	0,036	0,047	0,000					
SJOS	1,000	1,000	1,000	1,000	0,905	0,197	-0,004	0,001	0,000	0,014	0,075	0,055	0,000				
PRUD	1,000	1,000	0,484	1,000	1,000	1,000	0,989	1,000	0,972	1,000	0,945	0,998	1,000	0,000			
PUNI	0,988	1,000	1,000	0,970	0,984	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,978	1,000	0,000		
FOZI	0,987	1,000	1,000	0,974	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,981	1,000	0,028	0,000	
TSAM	1,000	1,000	0,047	0,999	0,989	0,984	0,986	0,938	0,964	0,986	0,882	0,970	0,983	0,584	1,000	1,000	0,000

Apêndice B-4. Número médio de diferenças entre sequências do DNA mitocondrial entre populações de *Tetragonisca angustula*. Valores absolutos (abaixo da diagonal) e porcentagem (acima da diagonal). Em negrito estão os valores absolutos intrapopulacionais. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	0,576	0,703	0,847	0,767	0,786	0,931	0,830	0,868	0,817	0,837	0,879	0,819	0,881	0,983	3,112	3,040	0,872
RESE	5,684	0,429	1,083	1,002	1,022	1,166	1,065	1,103	1,103	1,061	1,114	1,102	1,116	1,219	3,092	3,020	1,102
PASQ	6,847	8,748	0,042	0,667	0,691	0,826	0,735	0,761	0,666	0,775	0,725	0,778	0,781	0,147	2,881	2,809	0,085
ANGR	6,195	8,096	5,389	2,434	0,415	0,638	0,557	0,575	0,613	0,567	0,603	0,597	0,588	0,803	3,082	3,010	0,692
IGRA	6,352	8,254	5,582	3,351	1,011	0,757	0,661	0,694	0,720	0,723	0,713	0,710	0,707	0,827	3,306	3,234	0,716
SSEB	7,522	9,423	6,673	5,152	6,117	0,493	0,101	0,115	0,276	0,155	0,196	0,147	0,122	0,962	3,207	3,135	0,847
IBEL	6,706	8,605	5,939	4,499	5,341	0,818	0,235	0,044	0,202	0,083	0,123	0,074	0,051	0,871	3,118	3,046	0,760
GUAP	7,010	8,911	6,152	4,648	5,605	0,932	0,355	0,465	0,219	0,097	0,138	0,089	0,065	0,897	3,116	3,044	0,786
ICOM	6,605	8,909	5,384	4,952	5,815	2,233	1,635	1,768	2,684	0,251	0,277	0,235	0,227	0,803	3,132	3,059	0,701
APIA	6,762	8,572	6,264	4,584	5,839	1,251	0,673	0,787	2,028	1,000	0,174	0,127	0,105	0,911	3,098	3,026	0,800
GUAR	7,104	9,005	5,854	4,873	5,765	1,581	0,990	1,116	2,242	1,405	1,537	0,168	0,146	0,861	3,064	2,992	0,754
BLUM	6,617	8,905	6,288	4,824	5,733	1,185	0,600	0,721	1,901	1,025	1,354	0,836	0,097	0,914	3,148	3,076	0,803
SJOS	7,118	9,019	6,313	4,748	5,713	0,987	0,414	0,529	1,837	0,847	1,181	0,781	0,554	0,917	3,152	3,080	0,806
PRUD	7,945	9,846	1,188	6,487	6,680	7,771	7,037	7,251	6,491	7,363	6,956	7,386	7,411	0,319	3,011	2,939	0,226
PUNI	25,148	24,984	23,278	24,906	26,713	25,909	25,196	25,178	25,303	25,035	24,757	25,435	25,465	24,329	0,568	0,116	2,900
FOZI	24,566	24,402	22,695	24,324	26,131	25,327	24,613	24,595	24,720	24,450	24,174	24,852	24,883	23,746	0,941	1,038	2,828
TSAM	7,048	8,905	0,688	5,591	5,784	6,844	6,141	6,354	5,667	6,466	6,093	6,487	6,514	1,823	23,435	22,852	1,184

Apêndice B-5. Locos utilizados na amplificação de microssatélites em 722 indivíduos de *Tetragonisca angustula*. N_a : número de alelos; N_e : número efetivo de alelos; H_o : taxa de heterozigose observada; H_e : taxa de heterozigose esperada.

Loco	N_a	N_e	H_o	H_e
Tang03	7	2,7	0,396	0,628
Tang11	31	11,7	0,801	0,915
Tang12	24	11,5	0,760	0,913
Tang17	17	4,2	0,528	0,761
Tang29	33	11,2	0,819	0,911
Tang57	23	8,7	0,729	0,885
Tang60	21	11,0	0,835	0,909
Tang65	24	2,5	0,414	0,599
Tang68	5	2,4	0,450	0,576
Tang70	5	2,8	0,467	0,642
Tang77	15	6,5	0,781	0,845
Média	18,6	6,8	0,634	0,780
Erro-padrão	3,0	1,2	0,055	0,043

Apêndice B-6. Tamanho (pb) e frequência dos alelos encontrados na amplificação de 11 locos microssatélites em populações de *Tetragonisca angustula*. N: número de indivíduos genotipados. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

Loco	Alelo/N	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM	TOTAL
	N	46	44	48	57	57	46	49	38	22	45	36	45	24	42	35	43	45	722
Tang03	217	0,011							0,039						0,107				0,009
	219	0,641	0,784	1,000	0,474	0,509	0,424	0,194	0,303	0,341	0,400	0,542	0,589	0,458	0,893			0,933	0,513
	221		0,045		0,298	0,404	0,413	0,541	0,382	0,250	0,333	0,292	0,244	0,375		0,900	0,779	0,044	0,305
	223	0,261	0,068		0,053		0,087	0,082	0,184	0,409	0,267	0,167	0,167	0,167		0,100	0,198		0,116
	225	0,022	0,091		0,175	0,009	0,076	0,184	0,092								0,023		0,045
	227	0,054				0,079													0,010
	229	0,011	0,011															0,022	0,003
Tang11	166																0,023		0,001
	176	0,076	0,034	0,010	0,026														0,010
	178	0,011	0,068		0,018														0,006
	180	0,011	0,034	0,073	0,123		0,033		0,013		0,044	0,028				0,014	0,012		0,026
	182	0,022	0,125	0,167	0,132	0,167	0,239	0,214	0,039	0,205	0,122	0,306	0,222	0,104	0,012	0,300	0,453	0,033	0,166
	184	0,120	0,011	0,219	0,114		0,054	0,020	0,276	0,182	0,122	0,083	0,156	0,146	0,155	0,586	0,291	0,189	0,150
	186	0,141	0,125	0,125	0,026	0,044			0,039		0,067	0,125	0,067	0,083	0,060	0,014	0,093	0,078	0,064
	188	0,033	0,091		0,009		0,011		0,026				0,011				0,047	0,022	0,015
	190	0,087	0,159		0,044		0,054		0,013	0,045	0,011		0,033	0,063					0,029
	192	0,033	0,057		0,018	0,044	0,065	0,173	0,039	0,318	0,111	0,069	0,011	0,083		0,029		0,033	0,055
	194	0,011	0,080	0,042	0,035	0,070	0,120		0,105		0,056	0,042	0,122				0,012	0,011	0,044
	196	0,011	0,023	0,104	0,070	0,132	0,033		0,079		0,144	0,028	0,067	0,042	0,107	0,057	0,035	0,089	0,064
	198	0,033	0,034	0,042	0,079	0,237	0,043	0,031	0,171	0,091		0,014	0,056	0,021	0,107		0,012	0,144	0,069
	200	0,141	0,102	0,083	0,061	0,132	0,087	0,112	0,066		0,067	0,028	0,067	0,063	0,250		0,012	0,133	0,088
	202	0,033	0,023	0,073		0,079	0,054	0,153	0,026		0,044	0,028		0,083	0,060			0,156	0,050
	204		0,034	0,031	0,044	0,044	0,087	0,071	0,053	0,114	0,022	0,083	0,011	0,125	0,036		0,012	0,022	0,042
	206	0,054		0,031	0,079	0,035	0,043	0,143	0,026		0,033	0,042	0,033	0,042	0,167			0,056	0,049
	208	0,065			0,018	0,009	0,043	0,020			0,044	0,069	0,044		0,012			0,022	0,021
	210	0,087			0,035		0,011	0,020			0,033	0,014	0,011		0,012			0,011	0,015
	212				0,009			0,020	0,013			0,028							0,004

	188		0,125		0,009		0,022				0,033	0,042	0,011			0,086	0,023		0,020
	190	0,022	0,136		0,079	0,175	0,228	0,082	0,303	0,023	0,289	0,111	0,244	0,375		0,729	0,791	0,022	0,202
	192		0,011		0,018		0,033	0,204	0,026	0,136	0,078	0,014	0,011			0,171	0,151		0,047
	194		0,034						0,026		0,011	0,028	0,067	0,021			0,012		0,011
	196		0,057	0,010	0,044		0,011	0,031	0,066	0,045	0,022	0,264	0,089	0,021					0,036
	198	0,054	0,034			0,009	0,076	0,306	0,079	0,045	0,144	0,292	0,189	0,271	0,167			0,044	0,094
	200	0,098	0,080	0,302	0,053	0,096		0,153	0,145	0,205	0,122	0,069	0,100	0,063	0,214		0,012	0,122	0,107
	202	0,130	0,080	0,417	0,070	0,140	0,011	0,031	0,092	0,250	0,033	0,014	0,044	0,083	0,048			0,244	0,099
	204	0,076	0,102	0,115	0,123	0,140	0,076	0,041	0,039	0,136	0,111		0,033		0,083			0,089	0,073
	206	0,250	0,057	0,073	0,053	0,026	0,022		0,053	0,091	0,011	0,056	0,078	0,042				0,022	0,048
	208	0,076	0,057	0,021	0,096		0,174		0,079		0,022	0,028	0,056	0,063	0,095			0,022	0,048
	210	0,087	0,045	0,010	0,035			0,051	0,092		0,044		0,011	0,042	0,012				0,026
	212	0,033			0,044		0,098				0,011		0,011		0,060			0,022	0,018
	214	0,076			0,044	0,009	0,043				0,022	0,014	0,022		0,083			0,067	0,024
	216				0,070	0,035	0,011					0,014	0,011	0,021	0,119			0,111	0,025
	218	0,011	0,023		0,044	0,009	0,087			0,068	0,022	0,042	0,011		0,036			0,033	0,022
	220		0,102		0,140	0,088	0,011	0,010			0,011				0,048			0,033	0,031
	222	0,022			0,026	0,123	0,011	0,082					0,011					0,022	0,021
	224					0,009	0,033	0,010											0,003
	226					0,026	0,033												0,004
	228		0,011			0,018	0,022									0,014		0,011	0,005
	230	0,043				0,009												0,022	0,005
	232	0,011																	0,001
	234		0,011			0,026													0,003
	236											0,014							0,001
	240					0,009													0,001
	250					0,009													0,001
	252					0,035													0,003
	254					0,009													0,001
Tang57	158															0,886	0,744	0,022	0,089
	160																0,012		0,001
	180	0,011				0,140	0,043									0,086	0,093		0,024
	182					0,026										0,029	0,023		0,005
	186	0,022	0,216		0,079		0,043												0,024
	188		0,011		0,026						0,022						0,012		0,005
	190	0,022	0,034		0,044			0,071	0,026				0,022	0,063					0,017
	192	0,065	0,114	0,167	0,044		0,109	0,500	0,263	0,114	0,300	0,194	0,322	0,313	0,012				0,143
	194	0,033	0,091	0,042	0,026		0,065	0,337	0,053	0,045	0,111	0,153	0,078	0,167	0,036			0,033	0,073
	196	0,109	0,114	0,208	0,184	0,254	0,033	0,051	0,276	0,455	0,156	0,194	0,256	0,083	0,357			0,333	0,176
	198	0,163	0,080	0,250	0,281		0,130	0,020	0,158	0,205	0,333	0,250	0,200	0,167	0,250			0,233	0,159
	200	0,141	0,170	0,031	0,158	0,167	0,391		0,184	0,159	0,067	0,167	0,089	0,167	0,095		0,023	0,044	0,120
	202	0,239	0,136	0,063	0,114	0,281	0,163	0,020	0,039			0,014	0,022	0,042	0,024		0,047	0,056	0,084
	204	0,087	0,023	0,135	0,009	0,105	0,022					0,014	0,011		0,083		0,035	0,178	0,046
	206	0,022		0,063	0,018										0,083		0,012	0,067	0,017
	208	0,054			0,009	0,018				0,023		0,014			0,036			0,033	0,011
	210		0,011		0,009	0,009													0,002
	212	0,011																	0,001
	214	0,011		0,042															0,003
	216	0,011																	0,001
	218														0,012				0,001
	220														0,012				0,001
	232										0,011								0,001
Tang60	125																0,012		0,001
	131						0,011	0,031				0,014							0,003
	133		0,011	0,010	0,035	0,193	0,022		0,013			0,014	0,089	0,063					0,030
	135	0,109	0,102		0,088	0,009				0,159	0,044	0,069	0,011						0,033
	137	0,043	0,114		0,044	0,035	0,054	0,020	0,224		0,133	0,083	0,111	0,042				0,056	0,057

	139	0,065	0,080	0,063	0,114		0,174	0,041	0,237	0,114	0,311	0,347	0,167	0,208	0,012	0,014	0,023	0,022	0,110
	141	0,076	0,205	0,010	0,096		0,261	0,031	0,171	0,159	0,122	0,042	0,011	0,021	0,048	0,057	0,023	0,078	0,081
	143	0,022	0,125	0,021	0,088	0,044	0,033	0,173	0,171	0,136	0,133	0,014	0,078	0,042	0,131	0,071	0,012	0,044	0,078
	145	0,293	0,068	0,156	0,140	0,132	0,141	0,082	0,066	0,114	0,122	0,097	0,122	0,125	0,226	0,057	0,047	0,156	0,129
	147	0,098	0,045	0,167	0,088	0,079	0,033	0,020	0,066	0,159	0,033	0,139	0,111	0,146	0,369	0,243	0,116	0,311	0,125
	149		0,011	0,156	0,079	0,018	0,011	0,184	0,013	0,159	0,033	0,153	0,222	0,229	0,202	0,286	0,488	0,267	0,140
	151	0,098	0,034	0,073	0,114	0,009	0,054	0,286	0,013		0,033		0,033	0,021		0,086	0,140	0,011	0,064
	153	0,022	0,045	0,188	0,026	0,079	0,120	0,031	0,026		0,033	0,014	0,022	0,042	0,012	0,071	0,047	0,044	0,051
	155	0,098	0,023	0,156	0,053	0,044	0,033	0,020					0,011	0,021		0,100	0,058	0,011	0,039
	157		0,057		0,026	0,132		0,061						0,042		0,014	0,012		0,023
	159	0,054	0,057			0,061		0,020					0,011				0,023		0,015
	161	0,011	0,011			0,114	0,033												0,012
	163						0,022					0,014							0,002
	165		0,011			0,035													0,003
	167				0,009	0,018													0,002
	175	0,011																	0,001
Tang65	188	0,207	0,125		0,044													0,011	0,025
	190	0,348	0,239	0,260	0,263	0,009	0,098	0,010		0,068	0,011				0,417			0,322	0,130
	192	0,109	0,125		0,132	0,333	0,261	0,041		0,045								0,044	0,075
	194	0,022	0,011	0,042	0,044	0,009	0,011	0,102				0,069		0,229		0,071	0,070		0,035
	196	0,130	0,398	0,698	0,465	0,649	0,630	0,847	0,987	0,841	0,989	0,931	0,989	0,750	0,548	0,029	0,081	0,611	0,613
	198	0,163	0,102		0,026				0,013	0,045			0,011		0,036				0,024
	200				0,026												0,023		0,003
	202																0,023		0,001
	204																0,035		0,002
	206															0,043			0,002
	210																0,023		0,001
	212															0,029	0,023		0,003
	214																0,081		0,005
	216															0,029	0,070	0,011	0,006
	218	0,022														0,086	0,198		0,017
	220															0,271	0,093		0,019
	222															0,157	0,128		0,015
	224													0,021		0,043	0,012		0,003
	226															0,057	0,047		0,006
	228															0,100	0,023		0,006
	230															0,043	0,023		0,003
	232															0,043	0,023		0,003
	234																0,012		0,001
	238																0,012		0,001
Tang68	247			0,010															0,001
	249	0,620	0,477	0,781	0,386	0,281	0,500	0,776	0,539	0,500	0,544	0,681	0,589	0,688	0,821	0,014		0,911	0,534
	251	0,370	0,477	0,208	0,614	0,719	0,478	0,204	0,461	0,500	0,444	0,306	0,367	0,313	0,143	0,100	0,151	0,067	0,358
	253	0,011	0,045				0,022	0,020			0,011	0,014	0,044		0,036	0,857	0,837	0,022	0,105
	255															0,029	0,012		0,002
Tang70	221																	0,011	0,001
	223	0,467	0,398	0,344	0,439	0,351	0,304	0,633	0,197	0,409	0,133	0,069	0,022	0,021	0,262	0,329	0,186	0,433	0,307
	225	0,239	0,250	0,021	0,211	0,500	0,663	0,347	0,724	0,386	0,833	0,917	0,967	0,979	0,036	0,571	0,767	0,044	0,472
	227	0,261	0,330	0,583	0,246	0,149	0,033	0,020	0,079	0,205	0,022	0,014	0,011		0,667	0,100	0,047	0,500	0,201
	229	0,033	0,023	0,052	0,105						0,011				0,036			0,011	0,019
Tang77	239			0,031					0,013		0,022								0,004
	241	0,011																	0,001
	243		0,045																0,003
	245			0,031			0,011				0,011								0,003
	247		0,045		0,009		0,065		0,171	0,091	0,044		0,022	0,021				0,011	0,025

	249	0,109	0,045	0,125	0,167	0,377	0,130	0,418	0,079	0,136	0,233	0,389	0,200	0,208	0,048	0,086	0,140	0,011	0,175
	251	0,098	0,159	0,260	0,316	0,044	0,076	0,133	0,066	0,023	0,156	0,056	0,078	0,229	0,179	0,400	0,256	0,089	0,155
	253	0,174	0,307	0,146	0,140	0,184	0,098	0,051	0,118	0,136	0,100	0,194	0,267	0,292	0,429	0,243	0,209	0,567	0,212
	255	0,261	0,148	0,094	0,281	0,219	0,261	0,041	0,355	0,250	0,211	0,167	0,200	0,063	0,155	0,157	0,163	0,144	0,188
	257	0,065	0,080	0,292	0,053	0,158	0,196	0,173	0,066	0,205	0,111	0,069	0,067	0,021	0,083	0,086	0,163	0,067	0,117
	259	0,163	0,034	0,010	0,026	0,018	0,141	0,184	0,039		0,056	0,097	0,033	0,063	0,048	0,014	0,070	0,089	0,066
	261	0,109	0,023	0,010	0,009		0,022			0,159	0,033	0,028	0,067			0,014		0,022	0,026
	263	0,011	0,068						0,053		0,011		0,044	0,083	0,036				0,016
	265		0,045						0,039					0,021					0,006
	267									0,011		0,022		0,024					0,003

Apêndice B-7. Informações sobre a diversidade genética obtida a partir dos locos microssatélites em populações de *Tetragonisca angustula*. N: número de indivíduos genotipados; Na: número médio de alelos por loco; Nar: número médio de alelos por loco depois da rarefação (22 indivíduos); Ne: número efetivo de alelos; H_O : taxa de heterozigose observada; H_E : taxa de heterozigose esperada. PLP: porcentagem de locos polimórficos. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

		N	Na	Nar	Ne	H_O	H_E	PLP
TERE	Média	46	10,818	9,070	5,873	0,759	0,770	100,00%
	Erro-padrão	0	1,606	1,275	0,867	0,038	0,045	
RESE	Média	44	10,727	9,450	6,809	0,762	0,773	100,00%
	Erro-padrão	0	1,652	1,398	1,184	0,051	0,054	
PASQ	Média	48	6,818	6,020	4,041	0,644	0,626	90,91%
	Erro-padrão	0	1,086	0,969	0,719	0,084	0,082	
ANGR	Média	57	10,909	8,970	6,250	0,740	0,769	100,00%
	Erro-padrão	0	1,923	1,472	1,241	0,041	0,041	
IGRA	Média	57	7,909	6,500	4,610	0,671	0,682	100,00%
	Erro-padrão	0	1,713	1,261	0,884	0,063	0,057	
SSEB	Média	46	9,545	8,050	4,822	0,713	0,712	100,00%
	Erro-padrão	0	1,691	1,316	0,828	0,055	0,050	
IBEL	Média	49	6,909	6,110	3,678	0,638	0,636	100,00%
	Erro-padrão	0	1,156	0,979	0,610	0,064	0,061	
IGPE	Média	38	7,545	6,750	4,037	0,667	0,637	100,00%
	Erro-padrão	0	1,303	1,127	0,652	0,087	0,080	
ICOM	Média	22	5,636	5,640	3,747	0,649	0,659	100,00%
	Erro-padrão	0	0,691	0,691	0,571	0,059	0,054	
APIA	Média	45	8,909	7,350	4,636	0,632	0,634	100,00%
	Erro-padrão	0	1,734	1,404	0,976	0,088	0,086	
GUAR	Média	36	8,000	7,020	4,057	0,596	0,611	100,00%
	Erro-padrão	0	1,520	1,283	0,775	0,090	0,084	
BLUM	Média	45	9,000	7,380	4,652	0,549	0,594	100,00%
	Erro-padrão	0	1,963	1,477	0,976	0,108	0,102	

SJOS	Média	24	7,455	7,290	4,425	0,485	0,604	100,00%
	Erro-padrão	0	1,522	1,485	0,986	0,082	0,092	
PRUD	Média	42	7,182	6,350	3,763	0,604	0,621	100,00%
	Erro-padrão	0	1,135	0,970	0,689	0,062	0,070	
PUNI	Média	35	5,909	5,370	2,853	0,478	0,513	100,00%
	Erro-padrão	0	1,013	0,937	0,612	0,075	0,072	
FOZI	Média	43	8,091	6,590	3,227	0,484	0,555	100,00%
	Erro-padrão	0	1,449	1,149	0,818	0,055	0,064	
TSAM	Média	45	8,636	7,220	4,106	0,564	0,616	100,00%
	Erro-padrão	0	1,330	1,128	0,830	0,077	0,081	
TOTAL	Média	42,471	8,235	7,125	4,446	0,626	0,648	99,47%
	Erro-padrão	0,670	0,361	0,288	0,212	0,018	0,017	0,53%

Apêndice B-8. Valores de D_{est} obtidos nas comparações entre populações de *Tetragonisca angustula* a partir dos locos de microssatélites. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	SSEB	IBEL	GUAP	ICOM	APIA	GUAR	BLUM	SJOS	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	0,000																
RESE	0,111	0,000															
PASQ	0,257	0,246	0,000														
ANGR	0,133	0,084	0,215	0,000													
IGRA	0,286	0,245	0,353	0,169	0,000												
SSEB	0,234	0,190	0,322	0,126	0,108	0,000											
IBEL	0,394	0,380	0,365	0,272	0,221	0,153	0,000										
GUAP	0,301	0,252	0,317	0,203	0,151	0,080	0,190	0,000									
ICOM	0,209	0,215	0,228	0,149	0,170	0,123	0,200	0,087	0,000								
APIA	0,276	0,251	0,252	0,165	0,139	0,075	0,154	0,024	0,105	0,000							
GUAR	0,292	0,294	0,231	0,214	0,171	0,105	0,163	0,088	0,126	0,041	0,000						
BLUM	0,262	0,225	0,196	0,195	0,157	0,102	0,207	0,048	0,122	0,032	0,025	0,000					
SJOS	0,306	0,257	0,216	0,206	0,193	0,116	0,137	0,072	0,170	0,039	0,034	0,013	0,000				
PRUD	0,262	0,236	0,118	0,259	0,404	0,398	0,427	0,333	0,221	0,371	0,284	0,240	0,288	0,000			
PUNI	0,653	0,603	0,581	0,514	0,575	0,518	0,540	0,491	0,529	0,509	0,584	0,488	0,415	0,627	0,000		
FOZI	0,675	0,614	0,599	0,555	0,545	0,447	0,505	0,479	0,536	0,444	0,471	0,409	0,380	0,688	0,017	0,000	
TSAM	0,261	0,230	0,076	0,260	0,296	0,365	0,372	0,311	0,234	0,339	0,288	0,211	0,220	0,019	0,601	0,666	0,000

APÊNDICE C – Material suplementar da seção Resultados – *Bombus morio*

Apêndice C-1. Número e frequência de haplótipos encontrados em 24 populações de *Bombus morio*. N: número de indivíduos. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM	TOTAL
N	20	27	23	47	60	16	5	54	51	12	5	28	21	21	20	20	20	21	57	49	26	17	23	16	659
H_1	1	0	0	2	9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13
H_2	13	0	3	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	23
H_3	3	3	1	6	15	3	2	7	6	8	5	8	6	9	1	3	5	3	9	6	1	1	4	0	115
H_4	1	4	4	0	0	0	0	6	10	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	29
H_5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_7	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
H_8	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	7
H_9	0	3	3	4	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22
H_10	0	1	3	3	4	2	1	7	3	0	0	5	3	0	0	2	0	3	0	0	0	0	3	0	40
H_11	0	0	0	2	0	1	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
H_12	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	4	2	1	0	0	0	11
H_13	0	6	0	2	0	0	0	4	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	17
H_14	0	4	4	3	2	0	0	1	2	0	0	2	0	0	1	1	0	3	6	3	2	3	6	0	43
H_15	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_16	0	0	0	2	3	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	0	12
H_17	0	0	2	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
H_18	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	6
H_19	0	0	0	2	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
H_20	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_21	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_22	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
H_23	0	0	0	1	0	0	0	3	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8
H_24	0	0	0	1	0	0	0	5	3	0	0	2	0	0	0	1	0	0	4	10	0	0	0	0	26
H_25	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
H_26	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	9
H_27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	3	4	1	0	0	0	11
H_28	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	2
H_29	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	0	0	0	4
H_30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
H_31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	1	0	0	0	0	5

H_32	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0		3
H_33	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0		1
H_34	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0		1
H_35	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0		1
H_36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	8	0	0	1	3	0	1	0		15	
H_37	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0		2	
H_38	0	0	0	0	1	1	0	5	6	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	2	0	1	0		18	
H_39	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0		3	
H_40	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0		1
H_41	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		7
H_42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0		2
H_43	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_45	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_47	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		2
H_48	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_49	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_50	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_51	0	0	0	0	0	0	0	4	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		10
H_52	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0		2
H_53	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		2
H_54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	0	2	0	2	1	0	0	0	0		11
H_56	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	3	0	2	0	1	0	0	0		11
H_57	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		3
H_58	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		3
H_59	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	0	2	0	0	0	7	0	0	0	0	0		12
H_61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		2
H_62	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_63	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_64	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_65	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0		3
H_66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1
H_67	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0		3
H_68	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0		2
H_69	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		1

[illegible]

Apêndice C-2. Valores de diversidade genética e de taxa de neutralidade de mutações para todas as populações de *Bombus morio*. N: número amostral; NH: número de haplótipos; $h \pm DP$: diversidade haplotípica e seu desvio padrão; $\pi \pm DP$: diversidade nucleotídica e seu desvio-padrão. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

População	N	NH	$h \pm DP$	$\pi \pm DP$
TERE	20	6	0,5737 $\pm$ 0,1219	0,0318 $\pm$ 0,0211
RESE	27	11	0,9031 $\pm$ 0,0296	0,0447 $\pm$ 0,0273
PASQ	23	10	0,9130 $\pm$ 0,0281	0,0494 $\pm$ 0,0299
ANGR	47	23	0,9584 $\pm$ 0,0123	0,0540 $\pm$ 0,0315
IGRA	60	14	0,8701 $\pm$ 0,0234	0,0414 $\pm$ 0,0251
IANC	16	10	0,9167 $\pm$ 0,0493	0,0587 $\pm$ 0,0353
ITMD	5	4	0,9000 $\pm$ 0,1610	0,0333 $\pm$ 0,0262
SSEB	54	16	0,9301 $\pm$ 0,0121	0,0490 $\pm$ 0,0290
IBEL	51	16	0,9153 $\pm$ 0,0177	0,0492 $\pm$ 0,0291
IBUZ	12	4	0,5606 $\pm$ 0,1540	0,0346 $\pm$ 0,0234
IVIT	5	1	0,0000 $\pm$ 0,0000	0,0000 $\pm$ 0,0000
GUAP	28	15	0,8942 $\pm$ 0,0432	0,0441 $\pm$ 0,0202
ICOM	21	10	0,8905 $\pm$ 0,0461	0,0462 $\pm$ 0,0284
ICAR	21	10	0,8095 $\pm$ 0,0801	0,0373 $\pm$ 0,0239
APIA	20	14	0,9632 $\pm$ 0,0255	0,0530 $\pm$ 0,0319
GUAR	20	15	0,9684 $\pm$ 0,0254	0,0466 $\pm$ 0,0287
IMEL	20	6	0,7789 $\pm$ 0,0646	0,0216 $\pm$ 0,0157
BLUM	21	12	0,9429 $\pm$ 0,0269	0,0448 $\pm$ 0,0277
SJOS	57	17	0,9330 $\pm$ 0,0135	0,0488 $\pm$ 0,0288
ISCA	49	16	0,8988 $\pm$ 0,0207	0,0480 $\pm$ 0,0285
PRUD	26	16	0,9477 $\pm$ 0,0267	0,0416 $\pm$ 0,0258
PUNI	17	7	0,8750 $\pm$ 0,0443	0,0407 $\pm$ 0,0259
FOZI	23	12	0,9012 $\pm$ 0,0414	0,0429 $\pm$ 0,0266
TSAM	16	3	0,2417 $\pm$ 0,1353	0,0176 $\pm$ 0,0138

Apêndice C-3. Valores de D_{est} obtidos nas comparações entre populações de *Bombus morio* a partir dos haplótipos mitocondriais. Valores negativos são considerados zero (0,000). Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	0,000																							
RESE	0,831	0,000																						
PASQ	0,648	0,007	0,000																					
ANGR	0,608	0,067	0,013	0,000																				
IGRA	0,675	0,336	0,295	0,130	0,000																			
IANC	0,720	0,200	0,205	-0,014	0,089	0,000																		
ITMD	0,714	0,347	0,295	0,050	-0,143	-0,107	0,000																	
SSEB	0,767	0,036	0,068	0,036	0,282	0,047	0,192	0,000																
IBEL	0,761	0,035	0,086	0,054	0,303	0,054	0,215	-0,035	0,000															
IBUZ	0,728	0,319	0,325	0,169	0,018	0,076	-0,189	0,211	0,202	0,000														
IVIT	0,744	0,669	0,671	0,484	0,161	0,360	-0,038	0,557	0,554	-0,001	0,000													
GUAP	0,730	0,036	0,028	0,016	0,181	0,077	0,065	0,019	0,064	0,170	0,464	0,000												
ICOM	0,647	0,042	0,014	0,005	0,168	0,066	0,027	0,046	0,080	0,169	0,464	-0,068	0,000											
ICAR	0,487	0,452	0,366	0,169	0,043	0,121	-0,199	0,332	0,345	0,006	0,110	0,233	0,190	0,000										
APIA	0,594	0,063	0,073	0,078	0,422	0,185	0,457	0,056	0,066	0,412	0,751	0,062	0,080	0,421	0,000									
GUAR	0,795	0,160	0,250	0,062	0,146	-0,052	-0,016	0,067	0,090	0,132	0,385	0,014	0,047	0,219	0,127	0,000								
IMEL	0,618	0,249	0,328	0,179	0,177	0,112	0,069	0,151	0,152	0,087	0,251	0,123	0,151	0,149	0,158	0,025	0,000							
BLUM	0,819	-0,004	0,007	0,044	0,298	0,138	0,179	0,029	0,076	0,311	0,636	-0,044	-0,040	0,373	0,062	0,081	0,234	0,000						
SJOS	0,594	0,085	0,126	0,055	0,260	0,096	0,203	0,064	0,090	0,243	0,543	0,012	0,017	0,307	0,039	0,028	0,109	0,038	0,000					
ISCA	0,797	0,162	0,261	0,142	0,281	0,068	0,199	0,097	0,120	0,250	0,513	0,071	0,124	0,350	0,142	0,000	0,103	0,127	0,023	0,000				
PRUD	0,784	0,087	0,206	0,185	0,362	0,196	0,334	0,098	0,102	0,305	0,593	0,077	0,108	0,439	0,057	0,053	0,078	0,094	0,052	0,084	0,000			
PUNI	0,787	0,107	0,117	0,265	0,537	0,426	0,615	0,204	0,219	0,529	0,848	0,156	0,185	0,581	0,083	0,343	0,313	0,128	0,207	0,286	0,140	0,000		
FOZI	0,837	0,042	0,114	0,139	0,291	0,175	0,247	0,061	0,085	0,243	0,532	-0,001	0,034	0,377	0,063	0,067	0,094	0,016	0,062	0,102	0,004	0,086	0,000	
TSAM	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,972	0,848	1,000	0,000

Apêndice C-4. Número médio de diferenças entre sequências do DNA mitocondrial entre populações de *Bombus morio*. Valores absolutos (abaixo da diagonal) e porcentagem (acima da diagonal). Em negrito estão os valores absolutos intrapopulacionais. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	1,905	0,499	0,492	0,485	0,462	0,546	0,433	0,554	0,549	0,447	0,333	0,456	0,381	0,377	0,500	0,474	0,357	0,461	0,419	0,476	0,461	0,524	0,488	2,065
RESE	3,969	2,681	0,355	0,375	0,357	0,398	0,344	0,361	0,362	0,329	0,303	0,336	0,378	0,355	0,376	0,366	0,291	0,347	0,377	0,379	0,344	0,347	0,339	2,385
PASQ	3,909	2,826	2,964	0,387	0,365	0,414	0,358	0,380	0,383	0,341	0,312	0,353	0,395	0,363	0,395	0,392	0,315	0,365	0,399	0,404	0,375	0,370	0,362	2,383
ANGR	3,854	2,979	3,073	3,240	0,374	0,426	0,361	0,407	0,409	0,350	0,302	0,368	0,399	0,364	0,413	0,395	0,312	0,377	0,400	0,404	0,384	0,384	0,373	2,376
IGRA	3,672	2,841	2,903	2,970	2,482	0,398	0,296	0,402	0,404	0,300	0,216	0,343	0,372	0,313	0,407	0,373	0,275	0,365	0,382	0,376	0,379	0,364	0,356	2,383
IANC	4,341	3,162	3,288	3,387	3,166	3,525	0,373	0,415	0,416	0,364	0,322	0,388	0,432	0,390	0,427	0,409	0,327	0,396	0,430	0,425	0,409	0,390	0,382	2,437
ITMD	3,440	2,733	2,843	2,868	2,353	2,962	2,000	0,378	0,379	0,241	0,126	0,310	0,326	0,259	0,386	0,336	0,223	0,328	0,348	0,335	0,376	0,363	0,321	2,360
SSEB	4,407	2,867	3,024	3,233	3,193	3,296	3,007	2,942	0,366	0,351	0,345	0,362	0,417	0,395	0,392	0,393	0,324	0,370	0,412	0,411	0,373	0,377	0,358	2,454
IBEL	4,361	2,881	3,041	3,255	3,214	3,308	3,012	2,911	2,955	0,350	0,343	0,365	0,419	0,395	0,391	0,394	0,322	0,373	0,414	0,413	0,376	0,378	0,360	2,450
IBUZ	3,550	2,614	2,707	2,785	2,386	2,896	1,917	2,787	2,779	2,076	0,157	0,305	0,334	0,277	0,364	0,330	0,226	0,323	0,343	0,338	0,355	0,340	0,312	2,406
IVIT	2,650	2,407	2,478	2,404	1,717	2,563	1,000	2,741	2,725	1,250	0,000	0,256	0,258	0,174	0,340	0,270	0,138	0,282	0,280	0,270	0,329	0,311	0,268	2,335
GUAP	3,629	2,671	2,806	2,925	2,728	3,085	2,464	2,878	2,905	2,423	2,036	2,648	0,354	0,325	0,370	0,349	0,267	0,333	0,358	0,360	0,343	0,348	0,328	2,361
ICOM	3,026	3,009	3,143	3,169	2,959	3,432	2,590	3,314	3,334	2,655	2,048	2,818	2,771	0,333	0,407	0,363	0,278	0,353	0,359	0,388	0,361	0,390	0,364	2,271
ICAR	2,995	2,824	2,888	2,896	2,487	3,104	2,057	3,141	3,137	2,202	1,381	2,580	2,649	2,238	0,385	0,352	0,235	0,343	0,346	0,345	0,367	0,364	0,338	2,269
APIA	3,973	2,987	3,143	3,287	3,238	3,397	3,070	3,120	3,112	2,892	2,700	2,939	3,238	3,060	3,179	0,389	0,306	0,376	0,402	0,407	0,373	0,381	0,367	2,402
GUAR	3,770	2,909	3,120	3,139	2,967	3,250	2,670	3,122	3,132	2,625	2,150	2,775	2,883	2,798	3,090	2,795	0,267	0,345	0,367	0,375	0,344	0,350	0,335	2,390
IMEL	2,842	2,317	2,504	2,479	2,189	2,603	1,770	2,572	2,562	1,800	1,100	2,125	2,214	1,869	2,435	2,120	1,295	0,273	0,279	0,277	0,286	0,287	0,259	2,297
BLUM	3,664	2,755	2,903	2,999	2,901	3,152	2,610	2,945	2,964	2,567	2,238	2,651	2,807	2,726	2,990	2,745	2,171	2,686	0,358	0,372	0,341	0,351	0,327	2,339
SJOS	3,328	2,999	3,171	3,181	3,033	3,422	2,765	3,276	3,288	2,730	2,228	2,850	2,854	2,754	3,192	2,918	2,218	2,849	2,926	0,375	0,361	0,382	0,361	2,327
ISCA	3,782	3,011	3,209	3,214	2,993	3,381	2,661	3,265	3,285	2,685	2,143	2,860	3,084	2,741	3,239	2,981	2,203	2,958	2,978	2,880	0,378	0,380	0,360	2,393
PRUD	3,663	2,731	2,980	3,051	3,017	3,248	2,992	2,967	2,988	2,821	2,615	2,728	2,872	2,921	2,965	2,738	2,277	2,711	2,871	3,006	2,498	0,335	0,333	2,348
PUNI	4,168	2,756	2,939	3,053	2,894	3,099	2,882	2,998	3,008	2,701	2,471	2,763	3,101	2,894	3,029	2,785	2,282	2,793	3,035	3,020	2,665	2,441	0,341	2,431
FOZI	3,876	2,692	2,875	2,964	2,827	3,038	2,548	2,849	2,864	2,482	2,130	2,604	2,890	2,689	2,915	2,667	2,063	2,600	2,869	2,863	2,644	2,708	2,573	2,384
TSAM	16,413	18,961	18,943	18,887	18,942	19,375	18,762	19,507	19,474	19,125	18,563	18,768	18,051	18,039	19,094	19,000	18,262	18,598	18,501	19,022	18,668	19,327	18,954	1,058

Apêndice C-5. Locos utilizados na amplificação de microssatélites em 659 indivíduos de *Bombus morio*. *Na*: número de alelos; *Ne*: número efetivo de alelos; *H_O*: taxa de heterozigose observada; *H_E*: taxa de heterozigose esperada.

Loco	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>H_O</i>	<i>H_E</i>
Bm1	21	7,2	0,807	0,861
Bm3	12	5,7	0,807	0,823
Bm4	20	5,1	0,791	0,803
Bm5	10	3,9	0,736	0,740
Bm7	4	1,7	0,402	0,420
Bm9	8	3,0	0,660	0,670
Bm10	11	3,7	0,687	0,728
Bm11	26	12,2	0,901	0,918
Bm12	9	2,1	0,492	0,528
Bm13	10	3,8	0,715	0,738
Bm17	17	4,0	0,672	0,751
Bm18	18	9,0	0,780	0,888
BT01	12	4,2	0,736	0,764
BT06	19	8,2	0,842	0,878
Média	14,1	5,3	0,716	0,751
Erro-padrão	1,6	0,8	0,036	0,037

Apêndice C-6. Tamanho (pb) e frequência dos alelos encontrados na amplificação de 14 locos microssatélites em populações de *Bombus morio*. N: número de indivíduos genotipados. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

Loco	Alelo/N	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM		TOTAL	
	N	20	27	23	47	60	16	5	54	51	12	5	28	21	21	20	20	20	21	57	49	26	17	23	16		659	
BM1	187	0,025																									0,001	
	189																			0,009							0,001	
	191				0,011														0,024								0,002	
	195		0,037	0,065	0,032	0,033	0,063		0,120	0,098	0,083		0,036	0,119	0,024	0,075	0,050	0,050	0,071	0,018	0,041	0,077		0,065			0,053	
	196																								0,031		0,001	
	197	0,350	0,148	0,087	0,191	0,233	0,188	0,400	0,194	0,176	0,167	0,100	0,179	0,238	0,143	0,225	0,225	0,250	0,167	0,202	0,194	0,231	0,235	0,196	0,031		0,197	
	198																									0,250	0,006	
	199	0,025	0,130	0,261	0,223	0,142	0,156	0,200	0,139	0,206	0,125		0,125	0,143	0,143	0,200	0,200	0,025	0,095	0,096	0,122	0,269	0,088	0,130	0,063		0,146	
	200																									0,094	0,002	
	201	0,200	0,204	0,239	0,266	0,242	0,250	0,200	0,148	0,186	0,208	0,500	0,268	0,238	0,190	0,250	0,175	0,300	0,262	0,228	0,143	0,115	0,294	0,152	0,313		0,216	
	202																									0,219	0,005	
	203	0,100	0,148	0,130	0,032	0,067			0,111	0,088	0,083	0,300	0,125	0,071	0,071	0,100	0,150	0,125	0,095	0,070	0,082	0,058	0,059	0,174			0,088	
	205	0,075	0,037	0,087	0,043	0,075	0,094		0,056	0,049	0,083		0,071	0,024	0,024		0,050		0,048	0,035	0,010			0,043			0,042	
	207			0,022	0,032	0,042	0,063	0,100	0,009	0,020	0,167		0,071	0,071	0,119	0,075	0,025	0,050		0,053	0,061	0,077		0,022			0,041	
	209	0,175	0,130		0,074	0,067	0,063	0,100	0,139	0,118	0,083		0,054	0,071	0,262	0,050	0,075	0,200	0,095	0,237	0,306	0,077	0,118	0,087			0,124	
	211	0,050	0,148	0,065	0,053	0,092	0,125		0,056	0,039			0,036	0,024			0,050		0,095	0,018	0,010	0,038	0,206	0,109			0,052	
	213		0,019	0,022	0,043				0,028	0,020		0,100	0,018		0,024	0,025				0,026		0,038		0,022			0,016	
	215					0,008							0,018							0,009	0,031						0,005	
	219																		0,048								0,002	
	221																					0,019					0,001	
	235			0,022																							0,001	
BM3	216								0,009								0,025		0,024								0,002	
	218	0,175	0,148	0,152	0,202	0,242	0,063	0,100	0,148	0,167	0,125		0,179	0,071	0,095	0,225	0,175	0,150	0,071	0,184	0,082	0,192	0,176	0,174			0,155	
	220	0,025	0,056		0,074	0,058	0,094		0,028	0,029			0,018	0,048	0,024	0,050	0,075	0,125	0,048	0,053	0,041	0,019		0,043			0,042	
	222			0,022				0,100							0,024		0,025										0,003	
	236	0,075	0,037	0,022	0,011	0,017			0,019				0,018	0,048						0,009	0,010	0,019			0,063		0,014	
	238	0,150	0,222	0,217	0,309	0,258	0,219	0,200	0,241	0,363	0,250	0,400	0,196	0,262	0,310	0,250	0,200	0,300	0,405	0,430	0,531	0,250	0,206	0,196	0,250		0,296	
	240	0,125	0,204	0,196	0,170	0,092	0,344	0,300	0,194	0,137	0,250		0,286	0,262	0,214	0,175	0,225	0,200	0,238	0,167	0,153	0,250	0,294	0,391	0,344		0,200	
	242	0,150	0,130	0,065	0,074	0,117	0,094	0,200	0,093	0,059	0,208		0,107	0,095	0,048	0,100	0,075	0,175	0,095	0,044	0,041	0,038		0,043	0,156		0,084	
	244	0,150	0,074	0,087	0,096	0,125	0,063		0,093	0,118	0,083	0,500	0,054	0,095	0,095	0,050	0,025		0,024	0,053	0,041	0,096	0,059		0,125		0,080	
	246	0,150	0,111	0,174	0,032	0,075	0,094	0,100	0,139	0,118	0,083	0,100	0,107	0,071	0,143	0,100	0,075	0,050	0,095	0,061	0,071	0,096	0,265	0,130			0,097	
	248		0,019	0,065	0,032	0,017	0,031		0,037	0,010			0,036	0,024	0,048	0,050	0,100				0,031	0,038		0,022	0,031		0,025	
	250														0,024											0,031		0,002
BM4	230	0,075	0,019	0,043		0,033				0,010																	0,008	
	232	0,025		0,022																				0,022			0,002	
	234		0,019			0,008																					0,002	
	252																								0,022		0,001	
	256				0,011	0,008																	0,029	0,022	0,063		0,005	
	258			0,022	0,021	0,033	0,063	0,100	0,037	0,049	0,042		0,018	0,071	0,095	0,025	0,150	0,050	0,071	0,044	0,041	0,038	0,059				0,040	
	260	0,050	0,056	0,109	0,117	0,075	0,063		0,037	0,059	0,042		0,089	0,048	0,071	0,050	0,100	0,100	0,048	0,114	0,051	0,173	0,118	0,109	0,063		0,078	
	262	0,125	0,056	0,152	0,117	0,217	0,188	0,200	0,083	0,118	0,167	0,300	0,107	0,119	0,119	0,150	0,100	0,100	0,143	0,061	0,092	0,173	0,088	0,196	0,188		0,127	
	264	0,375	0,333	0,217	0,351	0,233	0,313	0,200	0,370	0,343	0,333	0,400	0,429	0,310	0,429	0,275	0,250	0,400	0,310	0,395	0,429	0,173	0,441	0,283	0,281		0,335	
	266	0,225	0,352	0,304	0,160	0,208	0,188	0,100	0,185	0,235	0,333		0,179	0,143	0,214	0,375	0,300	0,150	0,310	0,202	0,204	0,308	0,176	0,217	0,063		0,219	

	268	0,025	0,130	0,043	0,117	0,092	0,094	0,100	0,185	0,147	0,083	0,200	0,071	0,238	0,048	0,075	0,025	0,175	0,024	0,061	0,133	0,058	0,029	0,087	0,188		0,104
	270	0,075	0,037		0,043		0,031	0,300	0,065	0,029		0,100	0,036	0,071	0,024	0,050			0,071	0,070	0,020	0,038	0,029	0,043			0,038
	272			0,022	0,011	0,008			0,009				0,018				0,025			0,026	0,031		0,029		0,094		0,012
	274	0,025		0,043	0,021	0,025	0,031		0,019	0,010			0,018						0,024	0,009		0,019					0,012
	276			0,022	0,011				0,009				0,036					0,025		0,009		0,019					0,006
	278				0,011																						0,001
	280																0,050			0,009							0,002
	288																							0,031			0,001
	296																							0,031			0,001
	302				0,011	0,058	0,031																				0,007
BM5	248																							0,022			0,001
	266																							0,022			0,001
	268	0,200	0,296	0,239	0,404	0,292	0,219	0,400	0,222	0,284	0,250	0,100	0,357	0,262	0,286	0,225	0,375	0,300	0,214	0,219	0,224	0,385	0,324	0,413	0,594		0,291
	270	0,425	0,315	0,261	0,234	0,367	0,375	0,400	0,370	0,284	0,375	0,100	0,357	0,357	0,333	0,400	0,375	0,375	0,452	0,491	0,469	0,385	0,206	0,261	0,219		0,356
	272	0,150	0,222	0,283	0,181	0,192	0,250	0,100	0,222	0,157	0,250	0,800	0,143	0,214	0,262	0,200	0,100	0,125	0,190	0,158	0,184	0,135	0,235	0,152	0,063		0,187
	274	0,100	0,056	0,043	0,128	0,083	0,094	0,100	0,111	0,186	0,125		0,089	0,119	0,071	0,075	0,125	0,050	0,095	0,105	0,082	0,096	0,235	0,130	0,031		0,103
	276	0,125	0,093	0,065	0,043	0,058	0,031		0,074	0,088			0,054	0,048	0,048	0,100	0,025	0,150	0,048	0,018	0,041				0,063		0,053
	278																								0,031		0,001
	296		0,019	0,109	0,011		0,031																				0,006
	300					0,008														0,009							0,002
BM7	159	0,475	0,333	0,326	0,266	0,283	0,313	0,300	0,259	0,255	0,208	0,200	0,214	0,262	0,095	0,250	0,275	0,250	0,167	0,184	0,153	0,250	0,265	0,304	0,094		0,247
	162	0,475	0,648	0,674	0,660	0,692	0,625	0,700	0,685	0,706	0,750	0,800	0,768	0,714	0,881	0,725	0,725	0,725	0,833	0,781	0,816	0,731	0,647	0,652	0,906		0,720
	165	0,050	0,019		0,074	0,025	0,063		0,056	0,039	0,042		0,018	0,024		0,025		0,025		0,035	0,031	0,019	0,088	0,043			0,033
	168														0,024												0,001
BM9	144				0,011																						0,001
	146				0,011															0,026	0,020				0,031		0,005
	154														0,024	0,025								0,022			0,002
	160	0,200	0,074	0,087	0,106	0,100	0,219	0,300	0,157	0,147	0,167		0,161	0,095	0,167	0,200	0,275	0,150	0,190	0,158	0,184	0,096	0,088	0,109	0,031		0,142
	162	0,475	0,444	0,326	0,426	0,308	0,188	0,200	0,315	0,324	0,375	0,700	0,232	0,476	0,286	0,350	0,300	0,250	0,286	0,316	0,265	0,423	0,382	0,413	0,750		0,348
	164	0,325	0,426	0,587	0,415	0,508	0,500	0,500	0,454	0,382	0,458	0,300	0,482	0,381	0,405	0,350	0,350	0,475	0,429	0,430	0,459	0,404	0,500	0,348	0,188		0,429
	166		0,056		0,032	0,083	0,094		0,074	0,147			0,125	0,048	0,119	0,075	0,075	0,100	0,095	0,070	0,071	0,077	0,029	0,109			0,072
	184																	0,025									0,001
BM10	224														0,024												0,001
	236								0,010																		0,001
	238	0,025			0,011								0,018					0,050									0,004
	240	0,200	0,185	0,261	0,138	0,142	0,219	0,100	0,241	0,147	0,292	0,400	0,304	0,333	0,190	0,200	0,150	0,175	0,143	0,184	0,143	0,212	0,265	0,196	0,031		0,190
	242	0,300	0,481	0,304	0,213	0,367	0,219	0,200	0,324	0,431	0,458		0,339	0,310	0,310	0,450	0,375	0,425	0,286	0,404	0,439	0,288	0,206	0,435	0,219		0,349
	244	0,225	0,315	0,348	0,426	0,342	0,438	0,600	0,278	0,343	0,250	0,600	0,232	0,333	0,310	0,225	0,300	0,225	0,262	0,281	0,245	0,269	0,441	0,239	0,688		0,318
	246	0,250	0,019	0,065	0,202	0,108	0,094	0,100	0,102	0,059			0,107	0,024	0,119	0,050	0,075	0,125	0,286	0,114	0,163	0,154	0,088	0,130	0,063		0,113
	248			0,022	0,011	0,042	0,031		0,056	0,010					0,024		0,075		0,024	0,009		0,077					0,019
	250														0,024	0,025	0,025			0,009	0,010						0,004
	258															0,025											0,001
	262															0,025											0,001
BM11	152		0,019		0,032	0,025							0,018				0,025		0,024								0,008
	154	0,050	0,056		0,085	0,025	0,031	0,100	0,037	0,039	0,042		0,161	0,190	0,119	0,100	0,075	0,025	0,048	0,123	0,061		0,088	0,065			0,064

	156				0,011	0,017						0,400																0,005
	158	0,050	0,037	0,022	0,032	0,050	0,031		0,093	0,029	0,042	0,200	0,018	0,024	0,048		0,050		0,024	0,018	0,051	0,115	0,029	0,109				0,043
	160		0,019		0,011	0,008			0,009	0,020						0,025			0,024	0,009	0,020			0,022				0,009
	162	0,025	0,037	0,022	0,032	0,008	0,063		0,056	0,039	0,083		0,018			0,025				0,009	0,010	0,038		0,043				0,023
	164				0,011	0,025				0,020							0,025			0,035	0,031							0,011
	166	0,050	0,093	0,109	0,021	0,033		0,100	0,037	0,039	0,042			0,024	0,024			0,025		0,009	0,020	0,058	0,029	0,087				0,032
	168	0,075	0,037		0,021	0,033			0,046	0,059			0,018	0,048	0,048	0,050	0,050	0,050	0,071	0,088	0,112	0,058				0,094		0,048
	170		0,111	0,065	0,138	0,142	0,156	0,200	0,176	0,098	0,208	0,300	0,125	0,167	0,190	0,200	0,225	0,150	0,143	0,105	0,133	0,173	0,147	0,130	0,031		0,137	
	172	0,150	0,148	0,087	0,138	0,150	0,094		0,083	0,157	0,167		0,232	0,143	0,119	0,150	0,225	0,175	0,262	0,149	0,153	0,096	0,029	0,109	0,063		0,139	
	174	0,100	0,111	0,152	0,096	0,067	0,156	0,100	0,093	0,049	0,083		0,107	0,048	0,095	0,075	0,125	0,175	0,095	0,158	0,143	0,096	0,147	0,087	0,250		0,108	
	176	0,150	0,074	0,087	0,117	0,125	0,063	0,100	0,046	0,137	0,167		0,107	0,143	0,048	0,075	0,025	0,125	0,143	0,044	0,071	0,058	0,118	0,065	0,219		0,094	
	178	0,050	0,130	0,065	0,053	0,050	0,125	0,100	0,056	0,088	0,042		0,018	0,071	0,143	0,100	0,050	0,050	0,071	0,079	0,041	0,077	0,029	0,109	0,094		0,069	
	180			0,087	0,043	0,125	0,031	0,200	0,046	0,049			0,071	0,071		0,050	0,075	0,025	0,048	0,026	0,020	0,019	0,059	0,022	0,031		0,046	
	182	0,075	0,093	0,174	0,064	0,017	0,063		0,074	0,059		0,100	0,018		0,095	0,050	0,050	0,050		0,018	0,031	0,115	0,265	0,065	0,094			0,059
	184	0,075	0,037	0,043	0,021	0,025	0,094	0,100	0,046	0,049	0,042		0,054	0,024	0,048	0,025		0,075	0,024	0,053	0,051	0,058	0,029	0,043	0,031		0,042	
	186			0,043		0,017	0,031		0,009	0,039			0,018			0,025		0,075		0,026		0,019				0,063		0,016
	188	0,075			0,032	0,042			0,028	0,020	0,042			0,024	0,024				0,024	0,018	0,020		0,029					0,019
	190			0,022	0,021	0,008	0,063		0,056	0,010	0,042		0,018							0,035	0,031	0,019		0,043	0,031			0,020
	192													0,024														0,001
	198	0,075			0,011	0,008																						0,004
	204				0,011																							0,001
	206			0,022					0,009																			0,002
	208																0,025											0,001
	218																0,025											0,001
BM12	223												0,018	0,024														0,002
	231				0,011	0,017			0,009						0,048	0,025												0,005
	233	0,725	0,704	0,826	0,681	0,650	0,594	0,200	0,639	0,667	0,750	0,300	0,643	0,595	0,714	0,625	0,700	0,650	0,643	0,561	0,582	0,808	0,794	0,783	0,719			0,662
	235	0,050	0,093	0,043	0,074	0,050	0,063	0,200	0,102	0,118	0,125	0,200	0,071	0,119	0,119	0,150	0,075	0,250	0,119	0,088	0,102	0,058		0,087			0,090	
	237	0,075	0,148	0,109	0,149	0,150	0,250	0,300	0,157	0,098	0,125	0,500	0,143	0,167	0,071	0,075	0,100	0,025	0,190	0,158	0,133	0,038	0,147	0,022	0,188		0,131	
	239	0,150	0,056	0,022	0,064	0,125	0,094	0,300	0,083	0,118			0,125	0,071	0,048	0,125	0,100	0,075	0,024	0,158	0,133	0,096	0,029	0,109			0,095	
	241				0,011				0,009					0,024			0,025		0,024	0,035	0,051		0,029		0,094		0,014	
	243					0,008																					0,001	
	249				0,011																						0,001	
BM13	226				0,011													0,025				0,019					0,002	
	228																			0,010							0,001	
	230	0,225	0,185	0,239	0,181	0,183	0,063	0,100	0,241	0,196	0,167	0,200	0,232	0,238	0,095	0,175	0,100	0,150	0,167	0,219	0,224	0,327	0,176	0,261	0,031		0,196	
	232	0,175	0,074	0,174	0,117	0,158	0,125		0,046	0,088	0,208		0,125	0,143	0,143	0,150	0,150	0,150	0,262	0,149	0,163	0,192	0,088	0,065	0,094		0,131	
	234	0,325	0,444	0,283	0,404	0,425	0,531	0,700	0,500	0,431	0,500	0,200	0,446	0,452	0,476	0,475	0,325	0,500	0,238	0,368	0,378	0,346	0,500	0,478	0,781		0,426	
	236	0,125	0,037	0,065	0,096	0,050	0,094	0,200	0,111	0,147	0,083	0,400	0,054	0,095	0,095	0,025	0,175	0,100	0,190	0,132	0,163	0,077	0,118	0,043	0,094		0,105	
	238	0,100	0,222	0,217	0,128	0,150	0,156		0,083	0,118	0,042	0,200	0,125	0,071	0,190	0,125	0,200	0,075	0,143	0,123	0,051	0,019	0,088	0,152			0,118	
	240	0,050	0,037	0,022	0,043	0,008	0,031		0,019	0,010			0,018			0,050	0,025			0,009	0,010	0,019					0,016	
	242																0,025						0,029				0,002	
	250				0,021	0,025				0,010																		0,005
BM17	211	0,050	0,093	0,065	0,074	0,067	0,094	0,100	0,065	0,049	0,042		0,089	0,024	0,048	0,100	0,075	0,025	0,024		0,020	0,077	0,118	0,022	1,000		0,077	
	213	0,625	0,630	0,587	0,521	0,450	0,469	0,400	0,500	0,480	0,583	0,400	0,393	0,452	0,500	0,350	0,325	0,500	0,476	0,544	0,490	0,423	0,353	0,391			0,470	
	215				0,043	0,083			0,056	0,020				0,071	0,095	0,075		0,050		0,018	0,010	0,019		0,022			0,030	
	217								0,028		0,042							0,025		0,070	0,041	0,019		0,022			0,014	

	219		0,056		0,064	0,025	0,156	0,100	0,037	0,049	0,083		0,018	0,095	0,024	0,050	0,075		0,024	0,018	0,010			0,022			0,034
	221	0,025	0,074	0,152	0,074	0,100			0,102	0,108			0,107	0,143	0,071	0,075	0,125	0,075	0,214	0,105	0,194	0,077	0,088	0,174			0,102
	223	0,075	0,019	0,022	0,021	0,008	0,063		0,028	0,069	0,042		0,018	0,095		0,050	0,075		0,024	0,018	0,061	0,096		0,152			0,039
	225		0,037	0,022	0,011	0,008			0,046	0,039	0,042		0,054			0,025	0,050		0,071	0,061	0,031	0,038	0,088	0,065			0,032
	227	0,100		0,043	0,032	0,042	0,063	0,100	0,037	0,059	0,042	0,100	0,018	0,024	0,024	0,050	0,025	0,075	0,048	0,044		0,135	0,088	0,022			0,042
	229	0,075	0,074	0,065	0,032	0,100	0,094		0,037	0,049			0,089	0,024	0,071	0,100	0,025	0,125	0,024	0,053	0,020	0,038		0,043			0,052
	231			0,043	0,011		0,031		0,009	0,010			0,036		0,024		0,050				0,010						0,009
	233	0,025	0,019		0,043	0,067		0,100	0,028	0,049			0,036	0,024	0,048		0,075	0,050	0,024	0,018	0,041	0,019		0,043			0,033
	235					0,008			0,019		0,125	0,500		0,024			0,025	0,050		0,048	0,018	0,031					0,017
	237				0,064	0,042	0,031	0,200	0,009	0,010			0,054		0,095	0,075		0,050		0,018	0,020	0,038	0,059	0,022			0,028
	239	0,025			0,011								0,054	0,024			0,025			0,018	0,020		0,206				0,014
	241									0,010			0,036			0,025	0,025		0,024			0,019					0,005
	243																0,025										0,001
BM18	161		0,019	0,022	0,138	0,033			0,009	0,010										0,009	0,031						0,019
	165					0,008													0,048								0,002
	167	0,025	0,056	0,130	0,128	0,142	0,188		0,204	0,118	0,292	0,100	0,071	0,190	0,048	0,075	0,075	0,300	0,167	0,123	0,143	0,154	0,147	0,196	0,125		0,137
	169		0,093	0,043	0,032	0,050	0,031		0,065	0,078	0,167		0,089	0,190	0,048		0,100	0,050	0,119	0,079	0,041	0,058	0,088	0,022	0,031		0,063
	171	0,250	0,167	0,152	0,202	0,167	0,094	0,200	0,185	0,216	0,208	0,300	0,232	0,095	0,262	0,100	0,100	0,025	0,095	0,149	0,122	0,308	0,235	0,152	0,156		0,171
	173	0,300	0,222	0,109	0,096	0,192	0,250		0,130	0,137			0,214	0,214	0,071	0,325	0,175	0,175	0,190	0,149	0,112	0,096	0,176	0,152	0,438		0,164
	175		0,074	0,109	0,117	0,075	0,094	0,200	0,074	0,118	0,167	0,400	0,071	0,024	0,119	0,150	0,075	0,050	0,095	0,079	0,122	0,115	0,029	0,174	0,125		0,096
	177		0,037	0,065	0,085	0,058	0,031	0,100	0,019	0,039			0,036	0,024	0,119	0,100	0,075	0,150		0,079	0,061	0,038	0,059		0,125		0,055
	179	0,275	0,111	0,174	0,085	0,117	0,156	0,200	0,102	0,167	0,083	0,200	0,054	0,024	0,119	0,100	0,150	0,100	0,119	0,088	0,041	0,019	0,059	0,043			0,101
	181	0,025	0,111	0,043	0,043	0,108	0,063		0,102	0,078	0,083		0,107	0,095	0,143	0,050	0,175	0,125	0,071	0,079	0,133	0,115	0,088	0,109			0,090
	183	0,025	0,019	0,065	0,032	0,008			0,019	0,020			0,018			0,025	0,025					0,029	0,065				0,015
	185		0,037	0,043	0,011	0,017	0,063		0,028				0,036	0,119	0,024					0,070	0,051	0,077					0,028
	187		0,056	0,022			0,031			0,010			0,036			0,025				0,018	0,051			0,065			0,014
	189																			0,026							0,002
	191	0,025				0,025			0,037	0,010					0,024				0,024	0,009	0,010			0,022			0,011
	193	0,025		0,022	0,032			0,300	0,028							0,050			0,024	0,009		0,019	0,059				0,014
	195												0,036	0,024	0,024		0,050	0,025	0,048	0,035	0,082		0,029				0,017
	197	0,050																									0,002
BT01	162	0,200	0,296	0,348	0,266	0,375	0,313	0,300	0,444	0,294	0,208	0,200	0,357	0,357	0,405	0,400	0,425	0,375	0,333	0,404	0,367	0,192	0,471	0,196	0,125		0,336
	164	0,175	0,204	0,130	0,255	0,175	0,313	0,300	0,176	0,245	0,292	0,400	0,250	0,333	0,286	0,325	0,350	0,325	0,190	0,263	0,276	0,308	0,206	0,304	0,625		0,257
	166	0,150	0,167	0,217	0,277	0,192	0,125	0,300	0,213	0,245	0,208	0,100	0,250	0,143	0,167	0,100	0,175	0,175	0,238	0,158	0,184	0,288	0,147	0,239	0,125		0,198
	168	0,350	0,222	0,217	0,117	0,200	0,125		0,102	0,088	0,167		0,089	0,095	0,095	0,075	0,050	0,075	0,095	0,105	0,092	0,077	0,118	0,196	0,125		0,126
	170			0,022	0,021		0,031	0,100	0,009	0,049		0,300		0,024								0,019		0,043			0,014
	172	0,025	0,074	0,043	0,011	0,017	0,031		0,028	0,029	0,042					0,025						0,038					0,016
	176																			0,010	0,019						0,002
	178	0,075	0,037	0,022	0,032	0,017	0,031			0,010	0,083		0,018		0,024	0,050		0,025	0,024	0,009							0,017
	180								0,009				0,018	0,024					0,024	0,009	0,020	0,019					0,006
	182	0,025			0,021	0,025			0,019	0,039			0,018		0,024	0,025		0,025	0,095	0,044	0,020	0,019	0,059	0,022			0,024
	184						0,031								0,024					0,009	0,031						0,005
	186																					0,019					0,001
BT06	153												0,018														0,001
	157					0,008							0,018			0,025				0,009	0,010	0,019	0,029	0,022			0,006
	159	0,075	0,019	0,022	0,032	0,042			0,037	0,049			0,018	0,024	0,048	0,025	0,025				0,019		0,022	0,219			0,028
	161	0,125	0,167	0,109	0,191	0,183	0,156		0,111	0,088	0,042		0,143	0,095	0,119	0,150	0,325	0,175	0,238	0,228	0,224	0,077	0,088	0,174	0,063		0,155

	163	0,250	0,185	0,152	0,213	0,242	0,313	0,200	0,278	0,275	0,292	0,100	0,214	0,262	0,286	0,175	0,200	0,150	0,286	0,298	0,327	0,231	0,324	0,217	0,188		0,248
	165		0,037	0,087	0,085	0,083	0,031	0,400	0,120	0,127	0,125		0,107	0,214	0,119	0,175	0,150	0,075	0,095	0,088	0,071	0,038	0,206	0,152	0,031		0,100
	167	0,050	0,093	0,152	0,043	0,083	0,125	0,100	0,083	0,010	0,083	0,300	0,071	0,071	0,048	0,100	0,025	0,075	0,024	0,026	0,082	0,077		0,043			0,063
	169	0,050	0,019	0,065	0,011	0,008	0,031		0,028	0,039	0,042			0,048		0,025				0,053	0,020	0,058	0,029	0,022			0,025
	171	0,100	0,130	0,130	0,149	0,058	0,063		0,157	0,127	0,042		0,089	0,024	0,095	0,050	0,050	0,125	0,119	0,105	0,061	0,212	0,059	0,109	0,250		0,105
	173	0,050	0,056	0,087	0,053	0,025		0,100	0,019	0,059			0,089	0,024	0,024	0,050	0,100	0,100	0,048	0,035	0,051	0,058	0,088	0,087	0,094		0,051
	175	0,025	0,019		0,021	0,033	0,063	0,100	0,028	0,020	0,083		0,089	0,048	0,071		0,050	0,025	0,048			0,058					0,027
	177	0,025		0,022			0,031		0,028	0,010	0,042			0,024	0,024			0,025	0,024	0,009	0,010			0,043	0,063		0,014
	179	0,050	0,037	0,043	0,064	0,092	0,031		0,009	0,029				0,048	0,024	0,025	0,025	0,025		0,035					0,063		0,030
	181	0,100	0,093	0,065	0,043	0,050			0,009	0,098	0,083		0,089	0,048		0,050			0,048	0,044	0,020	0,019					0,041
	183	0,025	0,074	0,022	0,032	0,017			0,009	0,029			0,036			0,050	0,025		0,024	0,009		0,019		0,043			0,019
	185	0,025	0,037	0,043	0,043	0,025	0,031	0,100	0,065	0,010	0,083	0,500	0,018	0,048	0,048	0,050		0,150	0,024	0,053	0,082	0,058	0,147	0,022	0,031		0,051
	187	0,050			0,021	0,008	0,063		0,009	0,020	0,083	0,100				0,025		0,075	0,024		0,020			0,043			0,017
	189		0,019			0,008	0,031								0,024						0,010	0,019	0,029				0,005
	191		0,019			0,033	0,031		0,009	0,010				0,024	0,071	0,025	0,025			0,009	0,010	0,038					0,014

Apêndice C-7. Informações sobre a diversidade genética obtida a partir dos locos microssatélites em populações de *Bombus morio*. N: número de indivíduos genotipados; Na: número médio de alelos por loco; Nar: número médio de alelos por loco depois da rarefação (5 indivíduos); Ne: número efetivo de alelos; H_O : taxa de heterozigose observada; H_E : taxa de heterozigose esperada. PLP: porcentagem de locos polimórficos. Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

Pop		N	Na	Nar	Ne	H_O	H_E	PLP
TERE	Média	20	7,286	4,648	4,689	0,711	0,731	100,00%
	Erro-padrão	0	0,892	0,381	0,664	0,036	0,036	
RESE	Média	27	7,714	4,612	4,893	0,730	0,723	100,00%
	Erro-padrão	0	1,013	0,420	0,754	0,051	0,040	
PASQ	Média	23	7,929	4,726	5,087	0,730	0,723	100,00%
	Erro-padrão	0	1,035	0,450	0,757	0,053	0,049	
ANGR	Média	47	9,786	4,788	5,034	0,707	0,745	100,00%
	Erro-padrão	0	1,228	0,368	0,743	0,039	0,035	
IGRA	Média	60	9,429	4,745	5,072	0,723	0,747	100,00%
	Erro-padrão	0	1,374	0,376	0,697	0,041	0,036	
IANC	Média	16	7,500	4,859	4,643	0,759	0,742	100,00%
	Erro-padrão	0	0,830	0,359	0,568	0,040	0,030	
ITMD	Média	5	4,714	4,714	3,773	0,757	0,693	100,00%
	Erro-padrão	0	0,425	0,425	0,386	0,060	0,035	
SSEB	Média	54	9,143	4,742	5,041	0,726	0,744	100,00%
	Erro-padrão	0	1,253	0,372	0,757	0,037	0,035	
IBEL	Média	51	8,786	4,716	4,991	0,716	0,745	100,00%
	Erro-padrão	0	1,223	0,365	0,717	0,041	0,036	
IBUZ	Média	12	6,000	4,482	4,203	0,720	0,700	100,00%
	Erro-padrão	0	0,777	0,402	0,543	0,060	0,041	
IVIT	Média	5	3,286	3,286	2,606	0,714	0,581	100,00%
	Erro-padrão	0	0,221	0,221	0,195	0,058	0,037	
GUAP	Média	28	8,429	4,742	4,731	0,732	0,737	100,00%
	Erro-padrão	0	1,047	0,368	0,569	0,038	0,038	
ICOM	Média	21	7,714	4,653	4,537	0,677	0,735	100,00%
	Erro-padrão	0	0,934	0,360	0,514	0,048	0,034	
ICAR	Média	21	7,643	4,684	4,504	0,724	0,714	100,00%
	Erro-padrão	0	0,816	0,362	0,566	0,051	0,047	
APIA	Média	20	8,071	4,852	4,808	0,689	0,742	100,00%
	Erro-padrão	0	0,986	0,379	0,621	0,046	0,035	
GUAR	Média	20	7,571	4,766	4,779	0,729	0,740	100,00%
	Erro-padrão	0	0,900	0,383	0,535	0,041	0,039	

IMEL	Média	20	6,857	4,532	4,328	0,696	0,721	100,00%
	Erro-padrão	0	0,718	0,333	0,533	0,035	0,035	
BLUM	Média	21	7,571	4,661	4,551	0,738	0,728	100,00%
	Erro-padrão	0	0,906	0,355	0,524	0,048	0,042	
SJOS	Média	57	9,286	4,599	4,672	0,748	0,729	100,00%
	Erro-padrão	0	1,211	0,349	0,695	0,039	0,036	
ISCA	Média	49	8,786	4,553	4,545	0,729	0,719	100,00%
	Erro-padrão	0	1,140	0,350	0,706	0,038	0,039	
PRUD	Média	26	8,286	4,698	4,784	0,695	0,727	100,00%
	Erro-padrão	0	1,040	0,397	0,632	0,043	0,045	
PUNI	Média	17	6,357	4,388	4,066	0,744	0,706	100,00%
	Erro-padrão	0	0,760	0,337	0,450	0,038	0,038	
FOZI	Média	23	7,714	4,696	4,922	0,689	0,733	100,00%
	Erro-padrão	0	0,963	0,399	0,722	0,041	0,041	
TSAM	Média	16	5,500	3,734	3,220	0,518	0,558	92,86%
	Erro-padrão	0	0,769	0,432	0,520	0,070	0,070	
TOTAL	Média	27,458	7,557	4,578	4,520	0,713	0,715	99,70%
	Erro-padrão	0,867	0,208	0,072	0,125	0,009	0,008	0,30%

Apêndice C-8. Valores de D_{est} obtidos nas comparações entre populações de *Bombus morio* a partir dos locos de microssatélites. Valores negativos são considerados zero (0,000). Ver Materiais e Métodos para o significado dos códigos das populações.

	TERE	RESE	PASQ	ANGR	IGRA	IANC	ITMD	SSEB	IBEL	IBUZ	IVIT	GUAP	ICOM	ICAR	APIA	GUAR	IMEL	BLUM	SJOS	ISCA	PRUD	PUNI	FOZI	TSAM
TERE	0,000																							
RESE	0,001	0,000																						
PASQ	0,014	-0,001	0,000																					
ANGR	0,021	0,002	0,013	0,000																				
IGRA	0,021	0,001	0,005	0,004	0,000																			
IANC	0,022	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000																		
ITMD	0,048	0,016	0,013	0,000	0,002	-0,001	0,000																	
SSEB	0,026	0,002	0,006	0,011	0,007	0,000	0,001	0,000																
IBEL	0,019	0,000	0,011	0,000	0,004	0,002	0,002	0,001	0,000															
IBUZ	0,005	0,000	0,002	0,000	0,000	-0,003	0,000	-0,001	-0,001	0,000														
IVIT	0,241	0,231	0,201	0,154	0,226	0,164	0,098	0,205	0,167	0,168	0,000													
GUAP	0,023	0,000	0,007	0,002	0,001	0,000	0,001	0,002	0,001	0,000	0,212	0,000												
ICOM	0,031	0,004	0,020	0,003	0,005	0,000	0,000	0,000	0,001	-0,004	0,144	0,000	0,000											
ICAR	0,028	0,000	0,009	0,001	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	-0,001	0,188	0,000	0,000	0,000										
APIA	0,022	0,000	0,004	0,002	0,000	-0,001	0,000	0,001	0,000	0,000	0,240	-0,001	0,000	0,000	0,000									
GUAR	0,047	0,002	0,011	0,010	0,003	0,000	0,002	0,008	0,004	0,002	0,230	0,000	0,002	0,000	-0,005	0,000								
IMEL	0,019	0,003	0,026	0,005	0,008	0,000	0,004	0,004	0,005	0,000	0,213	0,000	0,002	0,001	0,000	0,005	0,000							
BLUM	0,015	0,003	0,011	0,006	0,001	0,000	0,018	0,004	0,001	0,000	0,194	0,000	0,001	0,002	0,001	-0,001	0,001	0,000						
SJOS	0,025	0,015	0,031	0,015	0,012	0,003	0,019	0,009	0,008	0,006	0,202	0,003	0,009	0,000	0,004	0,007	0,001	0,000	0,000					
ISCA	0,037	0,031	0,053	0,028	0,024	0,009	0,031	0,010	0,015	0,005	0,216	0,010	0,015	0,000	0,012	0,012	0,002	0,000	-0,003	0,000				
PRUD	0,028	0,008	0,004	0,007	0,024	0,006	0,003	0,002	0,009	0,000	0,224	0,006	0,013	0,002	0,004	0,006	0,021	0,023	0,037	0,038	0,000			
PUNI	0,056	0,013	0,009	0,012	0,017	0,002	0,003	0,005	0,015	0,013	0,189	0,002	0,006	0,002	0,026	0,022	0,028	0,019	0,019	0,041	0,025	0,000		
FOZI	0,025	0,000	0,011	0,002	0,007	0,000	0,001	0,000	0,001	0,000	0,203	0,000	0,002	0,003	0,000	0,000	0,009	0,006	0,026	0,019	0,000	0,011	0,000	
TSAM	0,163	0,127	0,170	0,098	0,157	0,082	0,106	0,157	0,133	0,127	0,219	0,134	0,098	0,134	0,143	0,171	0,106	0,168	0,168	0,179	0,132	0,129	0,108	0,000