

***Acromyrmex* Em Detalhes: A Importância De Se Conhecer O Mitogenoma Para Entender A Evolução Das Formigas**

Sousa, Tayanara J¹; Pasa, Rubens²; Menegidio, Fabiano B³; Kavalco, Karine F.⁴; Garcia, Caroline⁵

The Fellowship of the Ring Genomes Consortium ¹ Laboratório de Geocências II; Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, BA, Brasil; ² LaGEEvo - Laboratory of Ecological and Evolutionary Genetics, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Rio Paranaíba, MG, Brasil; ³ Technological Reserach Center, Universidade Mogi das Cruzes (UMG), Mogi das Cruzes, SP, Brasil; ⁴ Institute of Biological Sciences, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil; ⁵ Laboratório de Citogenética, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, BA, Brasil.

E-mail para contato: tayanarajs@gmail.com; rpsa@ufv.br; fabianomenegidio@umc.br; kavalco@ufv.br; carolinegarcia@uesb.edu.br

O gênero *Acromyrmex*, popularmente conhecido como formigas “quenquem” habita a região Neotropical e juntamente com o gênero *Atta*, compõem o grupo das formigas cultivadoras de fungos que são cortadeiras. Formando grandes colônias, são comumente confundidas com as saúvas, atacando vários tipos de culturas e sendo consideradas pragas por agricultores. Estudos moleculares recuperam *Atta* e *Acromyrmex* como grupos irmãos. Embora ainda escassos, estudos do mitogenoma em *Atta* demonstram a presença de grande quantidade de espaçadores intergênicos e rearranjos internos, o que não é comum para outros representantes de Mirmicinae. Diante da ausência de informações sobre a composição do mitogenoma para o gênero *Acromyrmex* e da grande diferença na estrutura dessa molécula para seu grupo irmão *Atta*, nosso trabalho teve como objetivo montar e anotar o mitogenoma das espécies *A. aspersus* e *A. coronatus*, a fim de entender melhor a dinâmica da evolução do DNA mitocondrial em Attini. Para a obtenção dos mitogenomas, foram utilizadas bibliotecas paired-end (SRR15342724 e SRR15342739) obtidas do banco de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information). A montagem foi realizada na plataforma Galaxy Europe utilizando a ferramenta NovoPlasty v4.3.1, com sequências parciais de COI das espécies como SEED (KF500035 e AY265969). A montagem foi conduzida com os parâmetros: comprimento da leitura = 141, tamanho do incerto = 300 e k-mer = 25 ou 39. Posteriormente, a anotação foi realizada utilizando o MITOS2 v2.1.3. O mitogenoma de todas as espécies apresentou, por sua vez, o padrão comum para insetos: 13 genes codificadores de proteínas, 22 tRNAs, 2 rRNAs e uma região não codificadora (D-Loop), mas diferiram em tamanho (19.850pb e 23.098pb) devido à presença de um grande número de espaçadores intergênicos ricos em AT. A ordem e orientação dos genes foram idênticas para todas as



espécies de *Acromyrmex* estudadas e para os mitogenomas disponíveis de Myrmicinae, mas o número e o tamanho das regiões intergênicas foram diferentes entre e dentro delas. A presença de regiões intergênicas ricas em AT foi semelhante ao encontrado para os mitogenomas descritos de *Atta*, sendo bem diferente do observado para o grupo Myrmicinae não-*Atta* e outros grupos de formigas, reforçando ainda mais a relação evolutiva entre *Atta* e *Acromyrmex*. Nosso estudo mostra a importância dos estudos de mitogenomas para alcançar uma melhor compreensão das relações evolutivas e também propomos que a inclusão de regiões codificantes e não codificantes é importante para tornar esta análise mais robusta.

Palavras-chave: DNA mitocondrial. Espaçadores intergênicos. Formigas cortadeiras.

