

Análise Dos Mitogenomas De Espécies De *Apterostigma* (Hymenoptera: Formicidae): Dinâmica Evolutiva E Presença De Espaçadores Intergênicos

Farias, L.D.¹; Pasa, R.²; Menegidio, F.B.³; Kavalco, K.F.⁴; Garcia, Caroline¹

The Fellowship of the Ring Genomes Consortium ¹ Laboratório de Citogenética; Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, BA, Brasil;

²LaGEEvo - Laboratory of Ecological and Evolutionary Genetics, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Rio Paranaíba, MG, Brazil; ³Technological Research Center, University Mogi das Cruzes (UMC), Mogi das Cruzes, SP, Brazil; ⁴Institute of Biological Sciences, Federal University of Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brazil;

E-mail para contato: diasfarias@outlook.com, rpasa@ufv.br, fabianomenegidio@umc.br,
kavalco@ufv.br, carolinegarcia@uesb.edu.br

A tribo Attini reúne as formigas cultivadoras de fungos divididas em duas subtribos: Paleoattini e Neoattini, onde a última reúne as formigas cortadeiras. Os poucos estudos que descreveram a estrutura do DNA mitocondrial de formigas da tribo Attini mostram que as formigas cultivadoras de fungos apresentam espaçadores intergênicos que não são encontrados em outros representantes da tribo que não compõem esse grupo. Dentre os gêneros de Paleoattini, encontra-se *Apterostigma*. Com distribuição Neotropical e composto por 44 espécies, o gênero se destaca entre as formigas cultivadoras de fungos por associar-se com fungos da família Tricholomataceae. Até o momento, não há informações publicadas sobre mitogenomas completos de *Apterostigma*, diante disso, visamos verificar a presença de espaçadores intergênicos e entender melhor a dinâmica da evolução do mitogenoma na tribo Attini. Para tal, montamos e anotamos os mitogenomas de três espécies de *Apterostigma* (*A. auricularitum*, *Apterostigma* sp3 – cf *nanni* e *Apterostigma* sp4 – cf *peruvianum*). Para a obtenção dos mitogenomas foram utilizadas bibliotecas paired-end (SRR5438024, SRR5438021 e SRR5438020) obtidas do banco de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information). A montagem foi realizada na plataforma Galaxy Europe usando a ferramenta NovoPlasty v4.3.1, com sequências parciais de CytB das espécies como SEED. A montagem foi conduzida com os parâmetros: comprimento da leitura = 141, tamanho do inserto = 250 e k-mer = 25. Posteriormente, a anotação foi realizada utilizando o MITOS2 v2.1.3. O mitogenoma de todas as espécies apresentou 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 (15618pb, 15424pb e 15346pb) devido ao tamanho do D-loop e a presença de até dois espaçadores intergênicos que variaram em tamanho entre 58pb e 100pb em *Apterostigma* sp3 e *Apterostigma* sp4. A análise da ordem e orientação dos genes indicam rearranjos envolvendo os tRNAs grupo Y-W-C. A presença de regiões intergênicas ricas em adenina e timina parece ser uma característica de Attini, sendo que gêneros de Paleoattini apresentam menor quantidade de espaçadores em relação a Neoattini. Nosso estudo inicia a investigação do papel dos espaçadores intergênicos na evolução das formigas cultivadoras de fungos propondo que a regiões não codificantes e a investigação de rearranjos internos são importantes ferramentas na elucidação das relações evolutivas dentro do grupo.

Palavras-chave: Attini. DNA mitocondrial. Rearranjo molecular.

