

RESUMO SIMPLES - GENÉTICA, BIOLOGIA MOLECULAR E
BIOTECNOLOGIA

**OBTENÇÃO DE GENOMAS MITOCONDRIAIS DE ESPÉCIES DE ABELHAS
(INSECTA: HYMENOPTERA) RELACIONADAS A BACIA DO RIO
ARAGUAIA.**

Elen Carolina Ferreira Moura (elen@aluno.ueg.br)

Rhewter Nunes (rhewter@gmail.com)

As abelhas da tribo Meliponini, popularmente conhecidas como abelhas sem ferrão, desempenham papel essencial nos ecossistemas brasileiros, sendo os principais agentes de polinização da maioria das espécies vegetais do país. Além de sua relevância ecológica, produzem mel, geoprópolis e outros derivados utilizados tradicionalmente pela população rural como medicina popular. Caracterizam-se por serem insetos sociais e por possuírem o ferrão atrofiado, o que impossibilita sua utilização, justificando a denominação popular de abelhas sem ferrão. Apresentam colônias organizadas em castas bem definidas e cuidado cooperativo da prole, se distribuindo principalmente em regiões tropicais e subtropicais do planeta, no Brasil ocorrem em todo o território nacional, embora haja variação das espécies conforme a região. Apesar da ausência de ferrão funcional, ao longo do processo evolutivo, desenvolveram diferentes estratégias de defesa, que variam segundo a

espécie, o inimigo e o ecossistema em que vivem. Entre os comportamentos mais conhecidos está a ação de enrolar-se nos cabelos ou pêlos do agressor, aderindo própolis e mordendo-o. A espécie Tataíra (*Oxytrigona tataira*), por exemplo, utiliza suas glândulas mandibulares para liberar ácido fórmico durante a mordida, causando queimaduras na área atacada. Além disso, outras estratégias de proteção incluem a construção de câmaras de ninho falsas, a utilização de entradas camufladas e a emissão de odores desagradáveis para confundir ou repelir predadores. Dentre os recursos genômicos, o genoma mitocondrial (também conhecido como mtDNA) destaca-se como uma ferramenta fundamental em estudos evolutivos, filogeográficos, filogenéticos e na identificação molecular de espécies. Taxonomicamente, os meliponíneos pertencem à subfamília Meliponinae, da família Apidae, que possui 28 resultados de genomas mitocondriais completos no NCBI, destes apenas 3 são para Meliponinae sendo 1 para o gênero *Melipona* e 2 para *Tetragonula*. Neste trabalho, realizamos a montagem do genoma mitocondrial para a espécie *Trigona spinipes* utilizando dados brutos de sequenciamento disponíveis no banco de dados SRA do NCBI. Para isso, utilizamos um conjunto de dados Illumina (número de acesso SRX2888375) com montagem sendo realizada utilizando NOVOPlasty 4.2.1. A anotação foi realizada no programa MitoS2, na plataforma Galaxy (disponível em: <https://usegalaxy.org/>), usando o código genético de invertebrados e como referência a base de dados RefSeq 63 Metazoa. O genoma mitocondrial de *Trigona spinipes* apresentou um tamanho de 15.555pb. Em relação ao conteúdo gênico, *T. spinipes* apresentou um total de 37 genes, dos quais 13 genes são codificadores de proteínas (*nad1*, *nad2*, *nad3*, *nad4*, *nad4l*, *nad5*, *nad6*, *cox1*, *cox2*, *cox3*, *atp8*, *atp6*, *cob*), 22 genes de RNA transportador (tRNA), e dois genes de RNA ribossomal, *rrnS* e *rrnL*. Este estudo apresenta, pela primeira vez, a montagem e anotação do genoma mitocondrial de *Trigona spinipes*, ampliando significativamente o acervo genômico disponível para a tribo Meliponini. Os dados obtidos oferecem subsídios valiosos para análises filogenéticas, filogeográficas e de identificação molecular, favorecendo futuras pesquisas sobre evolução, taxonomia e conservação de abelhas sem ferrão. Além disso, a caracterização genética dessa importante polinizadora contribui para estratégias de manejo e

preservação dos ecossistemas brasileiros, ressaltando a relevância de ampliar o conhecimento genômico de espécies nativas.

Palavras-chave: mitogenoma; abelhas sem ferrão; meliponini; caracterização genética.