MAPEAMENTO FÍSICO DE SÍTIOS rDNA 18S NOS CROMOSSOMOS DA PARASITA SOCIAL *Acromyrmex ameliae* (FORMICIDAE: MYRMICINAE)

Luísa Antônia Campos Barros[1], Hilton Jeferson Alves Cardoso de Aguiar[1], Gisele Amaro Teixeira[2], Danival José de Souza[3], Jacques Hubert Charles Delabie[4], Cléa dos Santos Ferreira Mariano

[1]Universidade Federal do Amapá, Campus Binacional, Oiapoque, Amapá, Brasil (e-mail: luufv@yahoo.com.br
[2]Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa, Minas Gerais, Brasil
[3]Universidade Federal do Tocantins, Campus Gurupi, Minas Gerais, Brasil
[2]Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia

Formigas cortadeiras *Acromyrmex* mostram número cromossômico conservado (2n=38), com exceção da parasita social *A. ameliae* (2n=36), embora exista variação na morfologia cromossômica. Neste estudo mapeamos sítios rDNA 18S e detectamos regiões organizadoras de nucléolo nos cromossomos da parasita. Sítios rDNA foram detectados na região terminal do par st1 colocalizadas com bandas Ag-NOR, similar às outras *Acromyrmex* spp. A localização terminal desses genes parece ser uma condição plesiomórfica no gênero.

Palavras-chave: Citogenética; Evolução cromossômica; Formiga cortadeira; rDNA.

INTRODUÇÃO

O parasitismo social é a coexistência de dois insetos sociais em um mesmo ninho em que uma espécie vive à custa da outra. Em formigas, o parasitismo social já foi reportado em seis subfamílias diferentes com origem independente mais de 30 vezes. A formiga *Acromyrmex ameliae* é parasita social de duas subespécies de formigas cortadeiras *Acromyrmex subterraneus subterraneus* e *A. subterraneus brunneus* (revisão em Rabeling et al. 2019).

O gênero *Acromyrmex* é caracterizado citogeneticamente por apresentar número cromossômico conservado, sobretudo com a criação do novo gênero *Amoimyrmex*, o qual é um grupo irmão das cortadeiras dos gêneros *Atta* e *Acromyrmex* (Cristiano et al. 2020). A única exceção é a parasita *A. ameliae* que apresenta número cromossômico distinto, 2n=36, entre as espécies congenéricas as quais apesentam 2n=38 (Barros et al. 2008).

Estudos citogenéticos moleculares envolvendo o mapeamento de genes ribossomais em formigas têm contribuído para a compreensão da evolução cromossômica e filogenia de diferentes grupos (Teixeira et al., 2021). A detecção de rDNA em formigas cortadeiras tem se mostrado restrito a um par cromossômico nas espécies até então analisadas (Teixeira et al., 2017, 2021). A ampliação de informações citogenéticas moleculares tem se mostrado promissora na melhor compreensão da evolução em Formicidae (Micolino et al., 2019).

Este estudo objetivou detectar regiões organizadoras de nucléolo (Ag-NOR) e sítios de rDNA 18S nos cromossomos da parasita social *A. ameliae*.

MATERIAL E MÉTODOS

Colônias de *A. ameliae* foram coletadas em Paraopeba, MG. Metáfases mitóticas foram obtidas utilizando-se gânglios cerebrais de larvas de acordo com Imai et al. (1988).

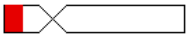
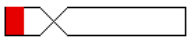
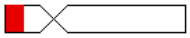
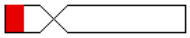
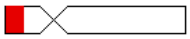
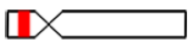
Metáfases foram submetidas à técnica de impregnação com prata pela técnica de Ag-NOR (Howell e Black, 1980). Os genes ribossomais 18S foram detectados por hibridização *in situ* fluorescente (FISH) Pinkel et al., 1986). A sonda 18S utilizada foi amplificada por PCR usando-se os primers 18SF1 (5′–GTC ATA GCT TTG TCT CAA AGA–3′) e 18SR1.1 (5′–CGC AAA TGA AAC TTT AAT CT–3′) (Pereira, 2006) e o DNA genômico da formiga *Camponotus rufipes* (Fabricius, 1775). A sonda rDNA 18S foi marcada de forma indireta usando-se digoxigenina-11-dUTP e o sinal de FISH foi detectado com anti-digoxigenina-rodamina.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Sítios rDNA 18S foram detectados na região terminal do maior par de cromossomos subtelocêntricos (par st1) colocalizados com as marcações de Ag-NOR, mostrando que essas regiões são transcricionalmente ativas. Essa região coincide também com o fluorocromo Cromomicina A_3 (Barros et al., 2008). A relação entre blocos ricos em GC observados utilizando-se o fluorocromo CMA_3 e regiões organizadoras de nucléolo é comum em diferentes organismos (Symonová, 2019) e nosso estudo corrobora essa característica na parasita *A. ameliae*.

A maior parte das espécies de *Acromyrmex* estudadas mostram a presença de sítios de rDNA localizados na região terminal do par st1, assim como observado em *A. ameliae*. A exceção é *A. echinatior*, que apresenta esses genes na região intersticial do braço curto do par st1, devido provavelmente à um rearranjo do tipo inversão envolvendo esses sítios (Tabela 1). A localização de sítios rDNA na extremidade dos cromossomos na maioria das espécies de *Acromyrmex* estudadas sugere que esta seja uma característica plesiomórfica do gênero.

Tabela 1. Mapeameneto físico de sítios rDNA 18S em formigas cortadeiras do gênero *Acromyrmex* no par st1.

Espécies estudadas	Idiograma	
Acromyrmex ameliae		
Acromyrmex aspersus		*
Acromyrmex coronatus		*
Acromyrmex disciger		*
Acromyrmex niger		*
Acromyrmex echinatior		*

*Dados da literatura (revisão em Teixeira et al., 2021)

CONCLUSÃO

Nossos dados são semelhantes aos da maioria das espécies estudadas de *Acromyrmex*. Embora diferenças na fórmula cariotípica sejam observadas entre as espécies de *Acromyrmex*, a localização de sítios rDNA entre as espécies mostra-se conservada.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Programa de Auxílio ao Pesquisador – PAPESQ/UNIFAP/2019 pelo suporte financeiro.

REFERÊNCIAS

Barros LAC, Mariano CSF, Hora RR, Della-Lucia TM, Delabie JHC, Pompolo SG. Abordagem Citogenética do Processo de Especieção da Parasita Social *Acromyrmex ameliae* e das suas hospedeiras *A. subterraneus* e *A. subterraneus brunneus* (Formicidae: Attini). Congresso Brasileiro de Genética, 2008.

Barros LAC, Aguiar HJAC, Mariano CSF, Andrade-Souza V, Costa MA, Delabie JHC, Pompolo SG. Cytogenetic data on six leafcutter ants of the genus *Acromyrmex* Mayr, 1865 (Hymenoptera, Formicidae, Myrmicinae): insights into chromosome evolution and taxonomic implications. Comparative Cytogenetics 10: 229–243, 2016.

Howell WM, Black DA. Controlled silver-staining of nucleolus organizer regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. Experientia 36: 1014 – 1015, 1980.

Imai H, Taylor RW, Crosland MW, Crozier RH. Modes of spontaneous chromosomal mutation and karyotype evolution in ants with reference to the minimum interaction hypothesis. Japanese Journal of Genetics 63: 159–185, 1988.

Micolino R, Cristiano MP, Cardoso DC. Population-Based Cytogenetic Banding Analysis and Phylogenetic Relationships of the Neotropical Fungus-Farming Ant *Trachymyrmex holmgreni* Wheeler, 1925. Cytogenetics and Genome Research 159(3): 151–161, 2019.

Pereira JOP. Diversidade genética da abelha sem ferrão *Melipona quinquefasciata* baseada no sequenciamento das regiões ITS1 parcial e 18S do DNA ribossômico nuclear. Tese, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Brasil, 2006.

Pinkel D, Straume T, Gray JW. Cytogenetic analysis using quantitative, high-sensitivity, fluorescence hybridization. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 83: 2934–2938, 1986.

Rabeling C, Messer S, Lacau S, do Nascimento IC, Bacci M, Delabie JHC. *Acromyrmex fowleri*: a new inquiline social parasite species of leaf-cutting ants from South America, with a discussion of social parasite biogeography in the Neotropical region. Insectes Sociaux. 66 (3), 435–451, 2019.

Symonová, R. Integrative rDNAomics - Importance of the oldest repetitive fraction of the eukaryote genome. Genes 10 (5): 345–360, 2019.

Teixeira GA, Barros LAC, Aguiar HJAC, Pompolo SG Comparative physical mapping of 18S rDNA in the karyotypes of six leafcutter ant species of the genera *Atta* and *Acromyrmex* (Formicidae: Myrmicinae). Genetica 145: 351–357, 2017.

Teixeira GA, Aguiar HJAC, Petitclerc F, Orivel J, Lopes DM, Barros LAC. Evolutionary insights into the genomic organization of major ribosomal

DNA in ant chromosomes. Insect Molecular Biology 30(3): 340–354, 2021.