

Simpósio de Integração Acadêmica



"Das Montanhas de Minas ao Oceano: Os Caminhos da Ciência para um Futuro Sustentável" SIA UFV 2025

Entre Colônias e Genes: O Mitogenoma da Aranha Social Africana, Stegodyphus dumicola (Araneae: Eresidae)

Luiz Guilherme Pereira Pimentel, Karine Frehner Kavalco, Renan Rodrigues Rocha, Igor Henrique Rodrigues-Oliveira, Iuri Batista da Silva, Rubens Pasa luizpimentelbio@gmail.com

> ODS 15 - Vida Silvestre Pesquisa

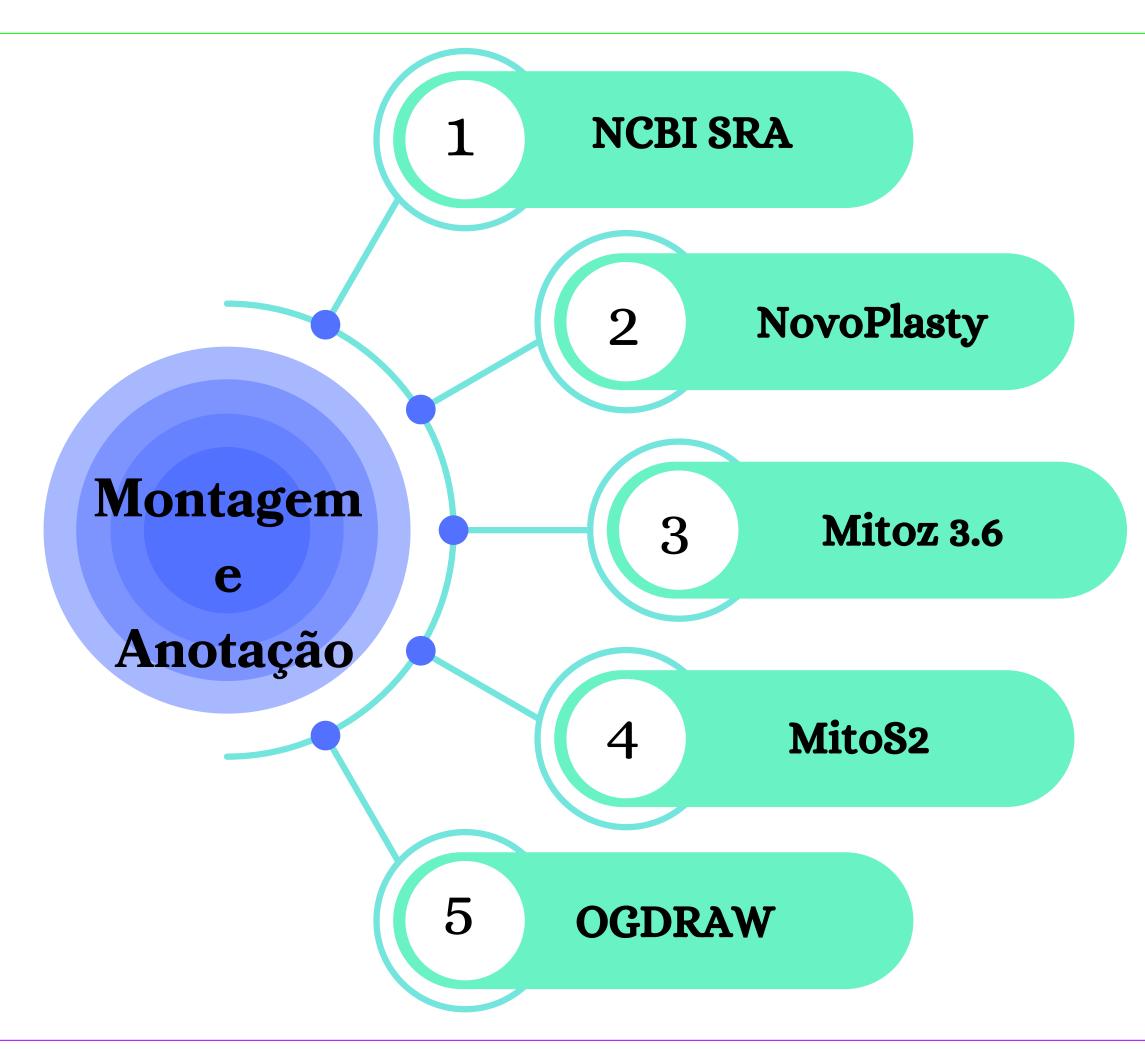
Introdução

Stegodyphus é um gênero de aranhas aveludadas pertencente à família Eresidae. Atualmente, conta com 19 espécies descritas, com ampla distribuição pelo continente africano, sul da Europa, Oriente Médio, Ásia e Brasil. Grande parte das espécies de Stegodyphus são conhecidas por seu incomum hábito de viver em sociedade, como a aranha Stegodyphus dumicola, que vive em grandes colônias compostas principalmente por fêmeas. Esse modo de vida favorece alta endogamia, já que o acasalamento ocorre, em geral, dentro da colônia-mãe, entre indivíduos aparentados, aumentando a probabilidade de mutações genéticas. O genoma mitocondrial, composto por 37 genes, sendo 13 genes codificadores de proteínas (PCG), 22 genes de RNA transportador (tRNA), 2 genes de RNA ribossômico (rRNA) e uma região não codificadora. é uma ferramenta essencial para avaliar a endogamia e ocorrência de mutações em populações, além de ser útil em estudos taxonômicos e ecológicos.

Objetivos

O objetivo deste estudo foi realizar a montagem e descrição do genoma mitocondrial de *S. dumicola*. Sendo o primeiro para o gênero *Stegodyphus*.

Material e Métodos



Resultados

Obtivemos um genoma mitocondrial circular com 14.392 pb, contendo 13 PCGs, 2 rRNAs e 22 tRNAs. O mitogenoma apresentou um conteúdo GC de 24.8%. Os maiores genes foram NADH5, com 1.719 pb, e o COI, com 1.536 pb. Observamos a presença de 23 genes localizados na fita direta e 14 genes na fita complementar. Os códons de início dos treze PCGs são os mesmos encontrados na grande maioria dos mitogenomas de invertebrados. Outra observação é que os genes de tRNA em sua maioria apresentaram uma estrutura truncada distinta da estrutura tradicional em trevo, conforme observado na maioria dos mitogenomas de aracnídeos e outros invertebrados artrópodes. Além disso, grande parte desses tRNAs está entre os genes ND3 e ND5.

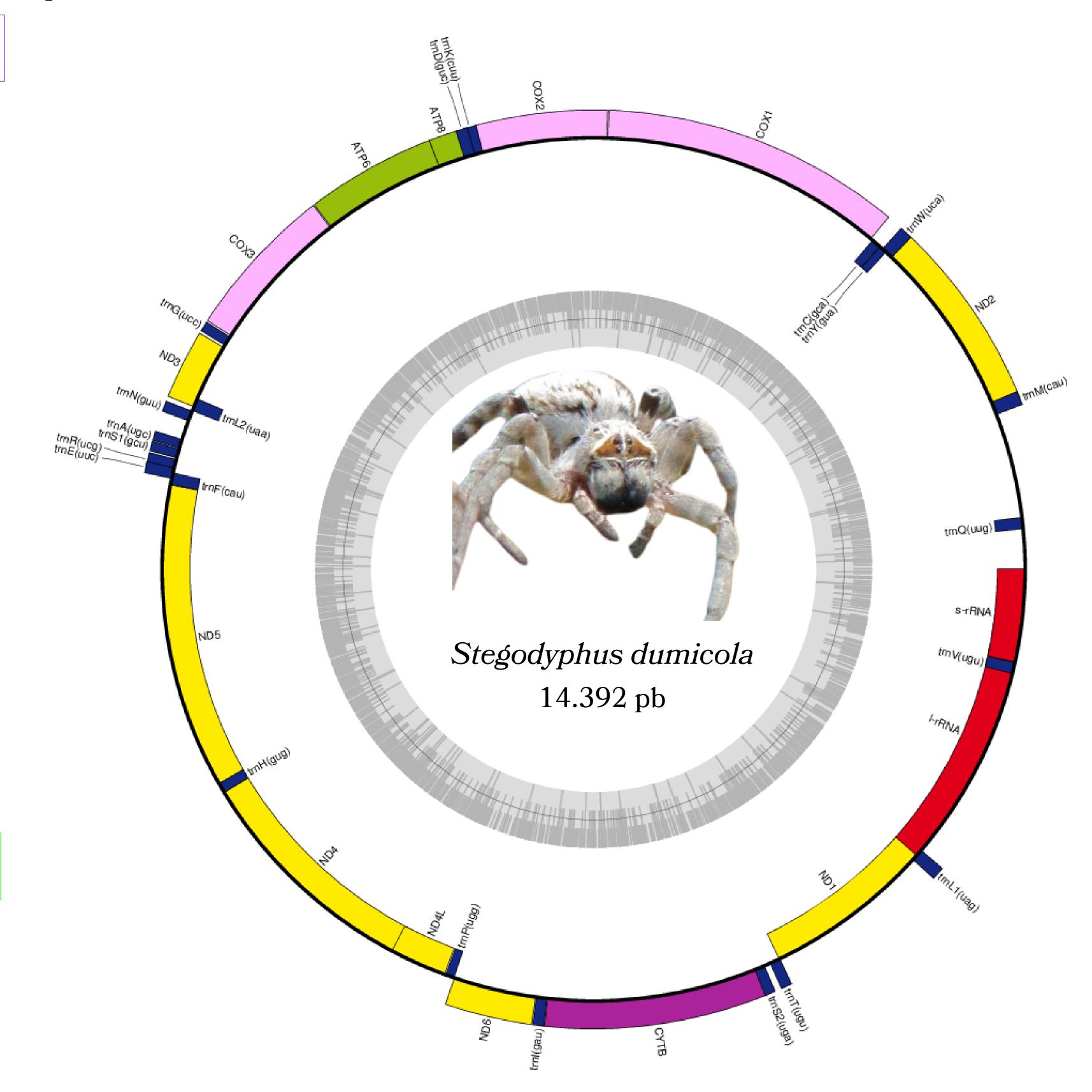


Figura 1. Mapa do genoma mitocondrial. Os genes estão destacados por cores distintas: em amarelo, os genes de NADH desidrogenase; em rosa, os genes de citocromo oxidase; em roxo, o gene de citocromo b; em verde, os genes de ATP sintase subunidades 6 e 8; em vermelho, os genes de RNA ribossomais; e em azul, os genes de tRNA.

Conclusões

Embora o mitogenoma de *S. dumicola* seja muito semelhante ao de demais invertebrados, mais análises são necessárias para averiguar a funcionalidade dos genes de tRNA com a estrutura trincada, sendo que, isso pode ocorrer devido ao alto nível de endogamia entre indivíduos da mesma população, ou por conta de eventos de deleção ou mutações que ocorreram ao longo da evolução do grupo.

Bibliografia

World Spider Catalog (2025), Natural History Museum Bern, online at http://wsc.nmbe.ch, accessed on 07/05/2025. doi: 10.24436/2

JES J., ANNA H., BIANCA D., JUTTA M. S., Mitochondrial DNA distributions indicate colony propagation by single matri-lineages in the social spider Stegodyphus dumicola (Eresidae), Biological Journal of the Linnean Society, Volume 76, Issue 4, August 2002, Pages 591–600, https://doi.org/10.1046/j.1095-8312.2002.00082.x

Foelix, R.F. (2011) Biology of Spiders. 3rd Edition, Oxford University Press, Oxford.

