



Serviço Público Federal
Ministério da Educação
Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
CAMPUS DE AQUIDAUANA
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - LICENCIATURA**

**LEVANTAMENTO DAS SEQUÊNCIAS COI DE ESPÉCIES DE *Myrmeleon*
(NEUROPTERA) DEPOSITADOS EM BANCOS DE DADOS GENÉTICOS**

BÁRBARA DE CASTRO FERREIRA REIS

**AQUIDAUANA-MS
NOVEMBRO/2025**



**LEVANTAMENTO DAS SEQUÊNCIAS COI DE ESPÉCIES DE *Myrmeleon*
(NEUROPTERA) DEPOSITADOS EM BANCOS DE DADOS GENÉTICOS**

BÁRBARA DE CASTRO FERREIRA REIS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Curso de Licenciatura em Ciências
Biológicas da Universidade Federal de Mato
Grosso do Sul – CPAQ, como requisito parcial
para a obtenção do grau de Licenciado em
Ciências Biológicas. Orientador(a): Profª Drª
Edianne Gamarra Arguelho.

Orientadora: Profª. Drª Edianne Gamarra Arguelho.

Coorientadora: Profª. Drª Tatiane do Nascimento Lima.

AQUIDAUANA-MS

NOVEMBRO/2025



**LEVANTAMENTO DAS SEQUÊNCIAS COI DE ESPÉCIES DE *Myrmeleon*
(NEUROPTERA) DEPOSITADOS EM BANCOS DE DADOS GENÉTICOS**

BÁRBARA DE CASTRO FERREIRA REIS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado
ao Curso de Licenciatura em Ciências
Biológicas da Universidade Federal de Mato
Grosso do Sul – CPAQ, como requisito parcial
para a obtenção do grau de Licenciado em
Ciências Biológicas. Orientadora: Profª Drª
Edihanne Gamarra Arguelho.

.....
Profª Drª Tatiane do Nascimento Lima (Coorientadora) Data

.....
Profª Drª Nayara Fernanda Lisboa Garcia Data

.....
Prof Dr Rogério Rodrigues Faria Data



AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por abrir um caminho onde coloquei os pés.

Sou grata à comunidade acadêmica da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, campus Aquidauana (CPAQ), incluindo professores e técnicos, com destaque para minha orientadora, Prof^a Dr^a Edianne, que acreditou em mim, teve paciência com meu processo de aprendizado e me ajudou a enxergar minha própria capacidade.

Agradeço também às minhas colegas de trabalho, Nara, Adriana e Marina, por toda ajuda e apoio constante, e aos amigos de curso, Nathália, Ana Caroline, Matheus e Bruno, que tornaram essa jornada mais leve e agradável.

Sou profundamente grata ao meu marido, Saullo, que entendeu minhas ausências e sempre me encorajou a estudar, e a minha mãe e ao meu irmão, Simone e Marcus Vinicius, que me apoiaram mesmo à distância.

Homenageio com carinho meu falecido pai, Hamilton Antônio, cuja memória e ensinamentos são meu alicerce.



LEVANTAMENTO DAS SEQUÊNCIAS COI DE ESPÉCIES DE *Myrmeleon* (NEUROPTERA) DEPOSITADOS EM BANCOS DE DADOS GENÉTICOS

Bárbara de Castro Ferreira Reis¹, Tatiane do Nascimento Lima², Edianne Gamarra Arguelho³

¹ Graduanda em Ciências Biológicas – Licenciatura, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – Campus de Aquidauana.

² Docente, Curso de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – Campus de Aquidauana.

³ Docente Orientadora, Curso de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – Campus de Aquidauana. E-mail: edianne.arguelho@ufms.br

Resumo

O gênero *Myrmeleon* é o segundo maior da família *Myrmeleontidae*, que é a mais extensa da ordem Neuroptera. Apesar de sua ampla distribuição, a biologia dos *Myrmeleon* é pouco estudada, tornando a identificação taxonômica das espécies uma tarefa desafiadora, especialmente com a falta de especialistas no grupo. Para abordar essas dificuldades a metodologia de DNA *barcoding*, que usa o gene COI como marcador, tem sido adotada para uma identificação mais precisa de espécies. No entanto, para que o DNA *barcoding* seja eficiente em seu propósito, é necessário que haja uma biblioteca de código de barras disponível para comparação. Atualmente, duas plataformas de dados têm sido utilizadas para essa função: o *Boldsystems* (*Barcode of Life Data Systems*) e o *Genbank* (*Genetic Sequence Database*). Neste contexto, este trabalho realizou uma análise das sequências do gene COI depositadas em ambas as plataformas de dados. Dessa forma, foi realizada uma pesquisa das sequências da região gênica Citocromo C oxidase subunidade I (COI) depositadas nos bancos de dados e coletadas informações quanto ao número de registros, espécie, local de coleta, tamanho da sequência e publicação de trabalhos relacionados. Foram encontrados 391 registros, onde mais da metade estão simultaneamente registradas em ambos os bancos de dados, no entanto, apenas 24% destes dados estão vinculados a artigos publicados. A análise revelou que 39 espécies possuem sequências depositadas, representando 2,5% e países como Paquistão, Japão e Estados Unidos são os que possuem maior número de depósitos para o grupo estudado. O tamanho médio das sequências COI se aproximou do tamanho do gene. O estudo conclui que *Myrmeleon* tem uma baixa representatividade nos bancos de dados sendo necessário estimular mais estudos do grupo, bem como um número maior de depósitos de espécies para a ampliação da biblioteca de referência. Também é necessário o incentivo na publicação dos artigos vinculados aos depósitos registrados.

Palavras-chave: *Genbank*, *Boldsystems*, Formiga-leão, COX1.



SURVEY OF COI SEQUENCES OF MYRMELEON SPECIES (NEUROPTERA) DEPOSITED IN GENETIC DATABASES

Abstract

The genus *Myrmeleon* is the second largest in the family Myrmeleontidae, which is the largest in the order Neuroptera, with approximately 1,522 described species. Despite its wide distribution, the biology of *Myrmeleon* is poorly studied, making taxonomic identification challenging, especially given the lack of experts in the field. To address these challenges, DNA barcoding, which uses COI as a marker, has been adopted for more accurate species identification. For DNA barcoding to be effective, a barcode library is required for comparison. Currently, two data platforms are used for this purpose: Boldsystems (Barcode of Life Data Systems) and Genbank (Genetic Sequence Database). A search of the sequences of the cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene region deposited in the databases was performed, collecting information on the accession number, species, collection site, sequence length, and publication of related works. A total of 391 records were found, more than half of which are simultaneously registered in both databases. However, only 24% of these data are published. The analysis revealed that 39 species have deposited sequences, representing 2.5% and countries such as Pakistan, Japan and the United States are those with the highest number of deposits for the trained group. The average size of exclusively COI sequences was close to the gene's base pair size. The study concludes that *Myrmeleon* is underrepresented in the databases; it is necessary to encourage more species deposits of the group, with an emphasis on publishing these data.

Keywords: Genbank, Boldsystems, ant lion, COX1.



SUMÁRIO

| | |
|------------------------------|----|
| INTRODUÇÃO | 7 |
| METODOLOGIA | 9 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO | 10 |
| CONCLUSÃO | 14 |
| REFERÊNCIAS | 16 |

INTRODUÇÃO

Myrmeleon (Linnaeu, 1767) é considerado o maior gênero da família Myrmeleontidae que é a maior família dentro da ordem Neuroptera. (Stange, 2002; 2004). O gênero possui, aproximadamente 1.522 espécies descritas e tem como principal característica, quando em estágio larval, a construção de armadilhas em forma de funil no solo seco e arenoso, esse tipo de armadilha facilita a captura das presas, que caem e ficam presas dentro do funil (Arnett e Gotelli, 2001; Gotelli, 1993; Napolitano, 1998).

Popularmente conhecidos como formiga-leão, esses insetos são distribuídos por toda região neotropical do planeta. Quando adultos possuem grandes olhos compostos, aparelho bucal mandibulado tipo mastigador, alados e com aspecto morfológico semelhante as libélulas. Na fase reprodutiva, põem seus ovos em solos arenosos, onde as lavas se desenvolvem (New, 1991) constroem as armadilhas em forma de funil, a pulpa forma um casulo e após um mês ocorre a emergência do adulto (Missirian et al., 2006).

Apesar de serem chamados de Formiga-leão, sua dieta não se limita apenas a formigas. Possuem estratégia predatória conhecida como "senta-e-espera", na qual os insetos empregam um alto gasto energético na construção da armadilha e compensam esse investimento selecionando locais que garantam a proteção de suas armadilhas e abundância de alimento (Lima e Silva, 2016). As presas são rapidamente paralisadas e mortas por enzimas digestivas, onde as larvas então se alimentam do conteúdo líquido da presa e em seguida descartam sua carcaça (Dunn e Stabb, 2005).

Embora sejam insetos muito comuns no território brasileiro, o gênero *Myrmeleon* é pouco estudado (Missirian, 2006), o que torna sua identificação taxonômica uma tarefa especialmente difícil. Azeredo (2005) ressalta que a discriminação das espécies não é uma tarefa fácil e pode ser ainda mais difícil quando não há material suficiente para identificação morfológica e quando não existem taxonomistas especializados no gênero estudado.

Com o objetivo de identificar espécies utilizando pequenas sequências de DNA, um grupo de pesquisadores canadenses desenvolveu uma metodologia denominada DNA *barcoding* ou código de barras de DNA (Hebert et al., 2003). O código de barras de DNA proposto pelo grupo, sugere o uso do gene mitocondrial Citocromo C Oxidase subunidade I (COI ou COX1) como base para um sistema global de bioidentificação para animais. A ideia é utilizar sequências de DNA como códigos de barras para identificar diferentes táxons de forma eficiente e sustentável. Essa região gênica foi escolhida, por se tratar de uma região

amplamente distribuída entre os animais, possuir maior gama de sinais filogenéticos do que qualquer outro gene mitocondrial, com várias cópias por célula, por possuir taxa de mutação diferente entre as espécies e baixo polimorfismo ancestral (Hebert et al., 2003; Azeredo, 2005).

Um dos processos metabólicos desenvolvido pelas mitocôndrias é a fosforilação oxidativa, responsável pela respiração e síntese de ATP (Adenosina Trifosfato), suas reações bioquímicas são realizadas por troca de elétrons nos complexos da cadeia respiratória, onde o complexo IV, formada pela enzima citocromo C oxidase, advém da codificação de genes tanto do genoma mitocondrial, especialmente os genes, COX1, COX2 e COX3 quanto do genoma nuclear que codifica as demais subunidades para a montagem do complexo (Fernández-Visarra; Tiranti; Zeviani., 2009). O tamanho do gene COI ou COX1 corresponde a 648 pares de base (pb) de nucleotídeos (Hebert e Gregory., 2005). O número de cópias de DNA mitocondrial por célula, pode variar entre espécies e condições ambientais. Em um estudo realizado com insetos, Calogero et al (2003) observou que indivíduos de uma população controle apresentaram uma média de 119,395 cópias de mtDNA por célula.

Inúmeros estudos têm utilizado, com sucesso, o DNA barcoding na identificação de espécies animais (Hebert et al., 2003; Hebert e Gregory, 2005; Rubinoff; Camaron; Will, 2006; Ford et al., 2009; Mort et al., 2010; Koroiva et al., 2017; Mota et al 2022; Souza et al., 2023). Dessa forma essa metodologia passou a representar uma estratégia promissora para o diagnóstico da biodiversidade (Azeredo, 2005). Costion et al., (2011), consideram que o *DNA barcoding*, tem potencial de oferecer meios alternativos para a identificação de espécies e para estimar a riqueza das áreas estudadas, sem a necessidade de grandes habilidades para a identificação e sem a presença de especialistas em campo, permitindo a identificação das espécies em um tempo mais curto.

Além de contribuírem com a identificação das espécies, o DNA *barcoding* têm sido utilizados em estudos de sistemática, ecologia, biologia evolutiva, conservação e proteção ambiental (Kress et al., 2017). Levantamentos de biodiversidade, utilizando esses marcadores, têm mostrado que eles são eficientes na diferenciação das espécies (Braukmann et al., 2017; Kress et al., 2010; Parmentier et al., 2013; Ward, 2024). Para que o DNA *barcoding* seja eficiente em seu propósito, além da seleção dos marcadores e da obtenção das sequências alvo, para a identificação de espécies utilizando os códigos de barras de DNA, é necessário que haja uma biblioteca de código de barras disponível para comparação. Atualmente, duas plataformas de dados têm sido utilizadas para essa função: o *Boldsystems* (*Barcode of Life Data Systems*) e o *GenBank* (*Genetic Sequence Database*).

O *Boldsystems* (www.boldsystems.org), é uma plataforma gratuita que facilita o armazenamento, análise e divulgação de registros de códigos de DNA *barcoding*. (Ratnasingham et al, 2007). Esse banco de dados foi criado em 2005 e é mantido pelo iBOL (*International Barcode of life*), um projeto da Universidade de Guelph no Canadá em consórcio com outras nações para manter a manutenção de uma biblioteca de referência de código de barras (*Barcode of life Data Systems- BOLD*) com espécies de animais, plantas e fungos (Bhagava e Sharma, 2013). “Atualmente, o BOLD é preenchido exclusivamente com dados de COI [em animais], mas pode suportar outros códigos de barras de gene único ou multigênicos” (Ratnasingham et al, 2007, p.357).

O *GenBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) é uma plataforma também gratuita, ativa desde 1982 com extensa base de dados que compreende sequências de nucleotídeos e proteínas, acessíveis ao público, abrangendo quase 260.000 espécies formalmente descritas. A maioria dessas sequências é submetida por laboratórios individuais (Benson et al, 2012). Faz parte da colaboração internacional de base de dados de sequências moleculares que compreende o Banco de Dados do Japão (DDBJ), o Laboratório Europeu de Biologia Molecular (EMBL) e o banco de genes do Centro Nacional de Informação Biotecnológica dos Estados Unidos (NCBI). O *GenBank* é acessível através do sistema do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), que integra as principais bases de dados de DNA e proteína (NCBI, 2025).

Neste contexto, este trabalho visa verificar o quanto as espécies de *Myrmeleon* estão representadas por dados moleculares disponíveis publicamente em banco de dados.

METODOLOGIA

Foi realizada uma busca das sequências da região gênica Citocromo C Oxidase I depositadas no banco de dados do NCBI *GenBank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) e *Boldsystems* (www.boldsystems.org).

A fim de abranger as sinônimas do gene, foram aplicadas as palavras-chave “*Myrmeleon COI*” e “*Myrmeleon COX1*” na barra de pesquisa das plataformas. Foram analisados todos os depósitos de sequências feitos até 05 de março de 2025. Em cada sequência analisada coletou-se as informações contidas na ficha de depósito (número de registro, espécie, local de coleta, tamanho da sequência, publicação de trabalhos relacionados ao depósito). Foi considerado na análise apenas o registro da sequência no banco de dados, não sendo alvo deste estudo a qualidade da sequência depositada. Os dados coletados foram categorizados e tabulados utilizando o programa Microsoft Office Excel®.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos da análise dos depósitos no *Boldsystems* e *GenBank* revelam informações sobre o perfil das sequências registradas, tamanho das sequências, distribuição geográfica, representatividade das espécies e das publicações dos dados genéticos de *Myrmeleon*.

Os registros do gene COI e COX1 para *Myrmeleon* em dados do *GenBank* e *Boldsystems* juntos totalizaram 391 sequências depositadas, deste total, 261 sequências, ou seja, mais da metade, estão simultaneamente registradas em ambos os bancos de dados (Figura 1). Esta redundância embora seja positiva por mostrar que os bancos compartilham dados entre si, exige cautela, uma vez que somando os dados dos dois bancos sem filtrar as duplicações, pode-se superestimar a quantidade real dos dados depositados.

Figura 1 - Gráfico destacando a quantidade de sequências com registros exclusivos no *Boldsystems*, registros exclusivos no *Genbank* e registros compartilhados em ambos os bancos de dados. Totalizando 391 sequências depositadas.

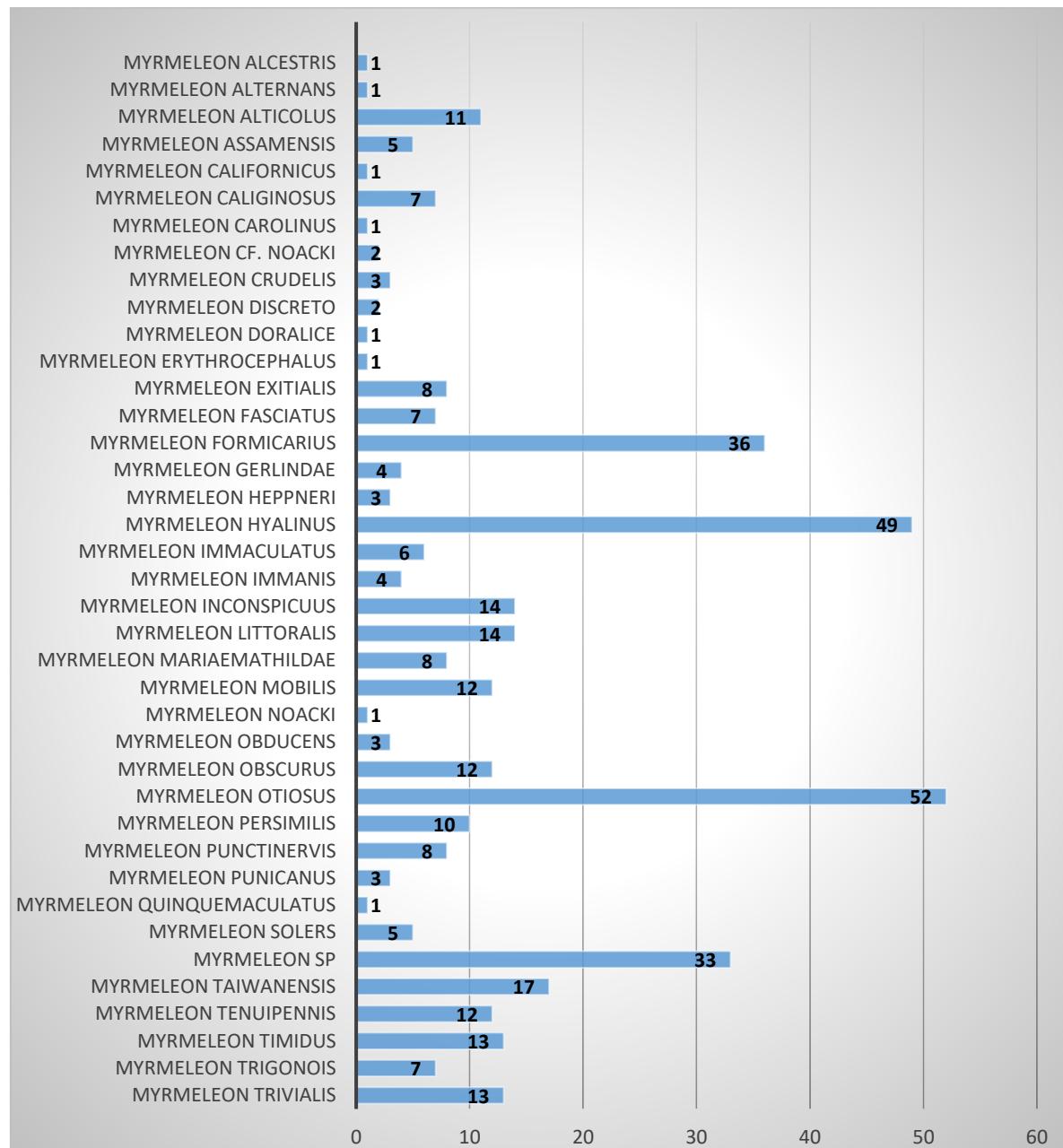


Fonte: Elaborado pelos autores.

Quando comparamos os dois bancos, percebe-se que o *Boldsystems* mantém um número maior de registros próprios com 125 sequências, cumprindo seu papel de guardar as sequências de COI. Porém, o fato de o *Genbank* possuir apenas 1,27% sequências próprias não necessariamente significa que é menos confiável. Na realidade, as sequências que estão simultaneamente presentes em ambos os bancos de dados são, na verdade, dados extraídos pelo *Boldsystems* a partir do *Genbank*. O *Boldsystems* é um banco focado na identificação taxonômica, enquanto o *Genbank* é mais abrangente, guardando sequências genéticas para diversas aplicações em DNA e proteínas (Benson, 2012). Ou seja, os bancos são diferentes em objetivo e forma de organização, não na confiabilidade dos dados.

As sequências analisadas pertencem a 39 espécies, 33 sequências identificaram o organismo somente a nível de gênero, *Myrmeleon* sp (Figura 2). Outras 137 sequências depositadas estão concentradas em apenas três espécies (*M. otiosus*, *M. hyalinus* e *M. formicarius*). *Myrmeleon otiosus* foi a espécie mais representativa com 52 sequências, seguida de *Myrmeleon hyalinus* com 49 e *Myrmeleon formicarius* com 36 (Figura 2).

Figura 2 - Gráfico indicando a quantidade de sequências por espécie depositadas nos bancos de dados pesquisados.



Fonte: Elaborado pelos autores.

Algumas das sequências duplicadas em ambos os bancos de dados, apresentaram divergências no registro do táxon. O *Boldsystems* identifica determinadas sequências como *Myrmeleon otiosus*, *M. trivialis* e *M. exitialis*, enquanto o *GenBank* identifica os mesmos

registros como *M. bore*, *M. wangi* e *M. immaculatus*, respectivamente. Segundo Ratnasingham e Hebert (2011), em algumas sequências do *Boldsystems* pode haver espécimes cuja atribuição taxonômica é incerta. De fato, os taxonomistas parecem não ter chegado em um consenso sobre a descrição de algumas espécies do gênero *Myrmeleon* (Hassan; Zheng; Liu, 2022). No trabalho de Seah (2017), que também analisou os sistemas *Bold* e *Genbank*, foram encontradas inconsistências taxonômicas em registros da família *Leiognathidae*, sugerindo que poderia ser um problema na “precisão das sequências depositadas” (Seah; Ariffin; Tun, 2017, p. 400). Apenas 9% das sequências analisadas apresentaram essas divergências no nome das espécies, então, este trabalho considerou a nomenclatura predominante entre as sequências da tabela.

Considerando que há 1.522 espécies de *Myrmeleon* descritas (Stange, 2004), ter apenas 39 espécies disponibilizadas nos bancos de dados simboliza uma baixa representatividade (2,5%), pode-se dizer que as espécies do gênero estão sendo pouco estudadas no contexto da identificação molecular e que maiores esforços são necessários para a criação de bibliotecas de referência, sobretudo para a identificação utilizando o DNA *barcondig*.

Foram encontrados registros de 35 países, porém em 20,4% (80 sequências) dos depósitos não havia a informação do local de coleta dos espécimes sequenciados, nestes casos, os registros foram classificados como “irrecuperável”.

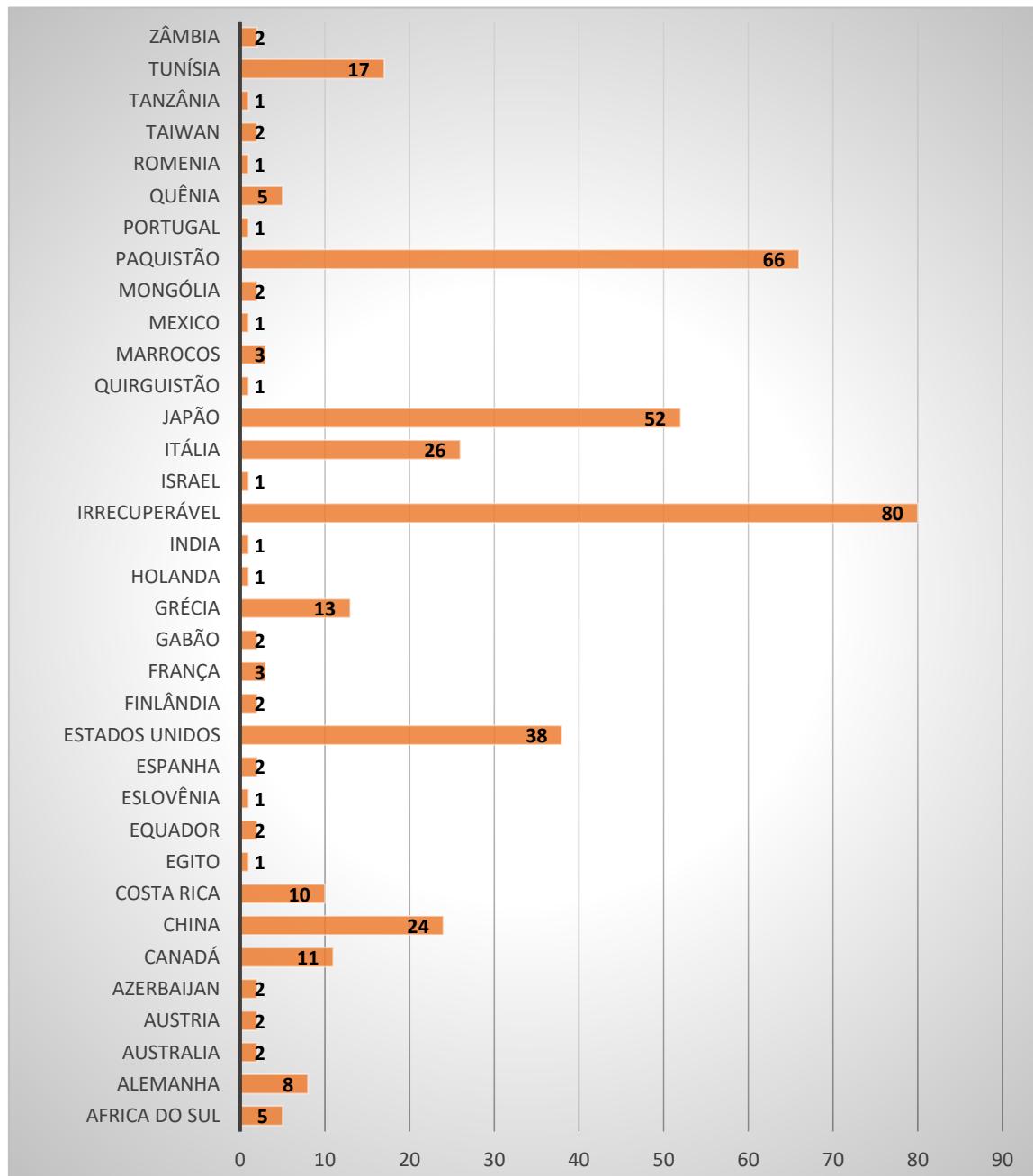
Desconsiderando os registros irrecuperáveis, os países mais significativos foram: Paquistão com 66 depósitos, seguidos por Japão com 52 e Estados Unidos com 38 (Figura 3). O alto índice de depósitos do Paquistão pode ser explicado pelos esforços de cientistas empenhados nas identificações e/ou revisões de espécies regionais de *Myrmeleon* (Akhtar et al., 2018; Hassan et al., 2019; Hassan; Zheng; Liu, 2020; Hassan; Zheng; Liu, 2022; Hassan et al., 2023).

Myrmeleon otiosus e *M. hyalinus* estão entre as cinco espécies recém identificadas no Paquistão descritas por Akhtar et al. (2018). Posteriormente, Hassan et al (2022) fornece uma revisão detalhada de *M. Hyalinus* com mapa de distribuição, notas taxonômicas, estudo molecular e imagens ilustrativas. Já *M. formicarius* e *M. otiosus* foram identificados geneticamente em diversas regiões do Japão por Hayashi et al. (2020). Demonstrando que são espécies bem estudadas nesses países e justificando a quantidade de sequências depositadas.

Considerando que o gênero é cosmopolita (Stange et al., 2002) a maioria das sequências estão na América do Norte, África e partes da Ásia. A América do Sul só tem um país representante, o Equador, com apenas duas sequências (Figura 3). O Brasil, mesmo sendo o país detentor de uma das maiores biodiversidade do mundo (Bogoni et al., 2023), com estudos

ecológicos do grupo, sobretudo da espécie *Myrmeleon brasiliensis* (Lima e Faria, 2007; Lima e Silva, 2016; Lima; Freire; De Lima, 2019; De Oliveira et al., 2021; Algarve; Graciolli; Lima 2022; Abot; Arguelho; Lima, 2022), não tem sequências depositadas em nenhum dos bancos de dados.

Figura 3- Gráfico indicando a quantidade de sequências registradas por país nos bancos de dados estudados.



Fonte: Elaborado pelos autores

O tamanho médio das sequências analisadas foi de 1.531,8 pb. Este valor elevado se deve a algumas sequências corresponderem ao genoma mitocondrial completo, que influenciou

a média geral. Com o objetivo de calcular a média apenas das sequências do segmento COI, foram excluídas aquelas sequências oriundas de genoma completo, obtendo assim, um resultado de 596,25 pb, faixa próxima da média esperada para o segmento do gene COI, de 648 pb (Hebert e Gregory, 2005). Pode ser que a proximidade no tamanho real do gene indique uma boa qualidade das sequências, porém seriam necessários estudos direcionados para saber a qualidade desses dados.

Bancos de dados públicos também armazenam sequências depositadas de forma direta, ou seja, sequências que não estão publicadas, nem associadas a nenhum artigo científico. Apenas 24% das sequências depositadas estão referenciadas e publicadas em 10 trabalhos, são eles: Pantaleoni et al. (2012); Morinière J et al. (2014); Yan et al. (2014); Hebert et al. (2016), Zhang e Wang (2016); Yi P (2018); Hayashi (2020); Roslin et al. (2021); Hassan et al. (2022); Kerimova (2022). Considerando o total de depósitos analisados, o baixo número de sequências referenciadas compromete a confiabilidade dos dados, uma vez que parte das sequências podem não ter passado por processos de validação científica em publicações, como a revisão por pares.

CONCLUSÃO

Este estudo proporcionou uma visão abrangente sobre a representatividade de sequências do gene COI de *Myrmeleon* nos bancos de dados *Boldsystems* e *GenBank*. Os resultados destacaram que *M. otiosus*, *M. hyalinus* e *M. formicarius* são as espécies mais amplamente sequenciada e estudadas. No entanto, a representatividade de espécies nos bancos de dados ainda é pequena. Países como o Paquistão, Japão e Estados Unidos contribuem significativamente com depósitos, porém a grande maioria das sequências não cita a localidade do depósito, sendo tratados como “irrecuperável”.

Apesar de ambos os bancos de dados possuírem sequências depositadas do grupo, estes apresentam poucas sequências publicadas, além disso, identificou-se que a nomenclatura taxonômica nos registros pode divergir entre os repositórios, o que pode complicar a comparação dos dados entre as plataformas.

O tamanho médio de pares de base se aproximou do tamanho real do gene, no entanto, recomenda-se estudos para avaliar a qualidade das sequências depositadas.

A disponibilidade de dados genéticos em bancos de dados embora seja um avanço para os estudos taxonômicos de *Myrmeleon*, é insuficiente em relação ao número de espécies depositadas. O grupo é pouco representado nos bancos de dados, portanto, sugere-se a realização de mais estudos sobre o grupo, com ênfase na importância do sequenciamento e

depósitos das sequências geradas e com a publicação dos dados em artigos e revistas especializadas, assegurando que continuem como recursos valiosos e acessíveis para a comunidade científica.

REFERÊNCIAS

- ABOT, A. R; ARGUELHO, E. G; LIMA, T. N. “Foraging behavior plasticity in antlion larvae *Myrmeleon brasiliensis* (Neuroptera, Myrmeleontidae)”. *International Journal of Tropical Insect Science*, v. 42, 2022.
- AKHTAR, S. et al. “Primeiro relato e redescrição de cinco espécies do gênero *Myrmeleon* (Neuroptera: Myrmeleontidae) do Paquistão”. *Journal of Biodiversity and Environmental Sciences*, v. 13, 2018.
- ALGARVE, B. B.; GRACIOLLI, G; LIMA, T. N. “Influência do regime de chuvas do bioma Cerrado na manutenção das armadilhas de larvas e na morfologia dos adultos de *Myrmeleon brasiliensis* (Navás)(Neuroptera: Myrmeleontidae)”. *Iheringia. Série Zoologia*, v. 112, 2022.
- ARNETT, A. E.; GOTELLI, N. J. “Pit-building decisions of larval antlions: effects of larval age, temperature, food, and population source”. *Journal of Insect Behavior*, New York, v. 14, n. 1, 2001, p. 89–97.
- AZEREDO, A. M. L. **O código de barras da vida baseado no DNA “Barcode of Life”: considerações e perspectivas**. Brasília, DF: Centro de Gestão e Estudos Estratégicos, 2005.
- BENSON, D. A. et al. “GenBank”. *Nucleic Acids Research*, v. 41, 2012.
- BHARGAVA, M.; SHARMA, A. “DNA barcoding in plants: Evolution and applications of in silico approaches and resources”. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 67, n. 3, p. 631–641, 2013.
- BOGONI, J. A. et al. “A ecologia histórica do maior país tropical do mundo, narrada de forma única pela simbologia do seu brasão municipal”. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 95, 2023.
- BRAUKMANN, T. W. et al. “Testing the efficacy of DNA barcodes for identifying the vascular plants of Canada”. *PLoS One*, v. 12, 2017.
- CALOGERO G.S. et al. “First Report of Mitochondrial DNA Copy Number Variation in *Opsius heydeni* (Insecta, Hemiptera, Cicadellidae) from Polluted and Control Sites”. *Animals (Basel)*, v. 13, 2023.

COSTION, Craig et al. “Códigos de barras de DNA de plantas podem estimar com precisão a riqueza de espécies em floras pouco conhecidas”. *PLoS One*, v. 6, 2011.

DE-OLIVEIRA-LEITE, V. G et al. “Trap rebuilding by *Myrmeleon brasiliensis* larvae (Neuroptera: Myrmeleontidae) in response to flooding: the effect of body size”. *Revista de Biología Tropical*, v. 69, 2021.

DUNN, A. K.; STABB, E. V. “Culture-independent characterization of the microbiota of the ant lion *Myrmeleon mobilis* (Neuroptera: Myrmeleontidae)”. *Applied and Environmental Microbiology*, v. 71, n. 12, 2005.

FERNÁNDEZ-VIZARRA, E.; TIRANTI, V; ZEVIANI, M. “Assembly of the oxidative phosphorylation system in humans: what we have learned by studying its defects”. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Molecular Cell Research*, v. 1793, 2009.

FORD, C. S. et al.” Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants”. *Botanical Journal of the Linnean Society*, v. 159, 2009.

GOTELLI, N. J.” Ant lion zones: causes of high-density predator aggregations”. *Ecology*, v. 74, 1993.

HASSAN, M. A. et al. “Neuropterida (Insecta: Megaloptera, Raphidioptera, Neuroptera) of Pakistan: a catalogue and faunistic review”. *Zootaxa*, v. 4686, 2019.

HASSAN, M. A. et al. “Notas taxonômicas sobre a tribo Palparini Banks (Neuroptera: Myrmeleontidae) do Paquistão”. *Zootaxa*, v. 6, 2023.

HASSAN, M. A.; ZHENG, Y; LIU, X. “Notas taxonômicas sobre a tribo de formigas-leão *Myrmeleontini* Latreille (Neuroptera: Myrmeleontidae: Myrmeleontinae) do Paquistão, com descrição de uma nova espécie”. *European Journal of Taxonomy*, v. 831, 2022.

HASSAN, M. A.; ZHENG, Y; LIU, X.” Notas taxonômicas sobre o gênero de formiga-leão *Distoleon* Banks (Neuroptera: Myrmeleontidae) do Paquistão”. *Zootaxa*, v. 4869, n. 3, p. 347–368, 2020.

HAYASHI, F. et al. “Duas novas espécies de *Baliga* (Neuroptera: Myrmeleontidae: Myrmeleontinae) com a filogenia molecular da tribo *Myrmeleontini* no Japão”. *Revista Japonesa de Entomologia Sistemática*, v. 26, 2020.

HEBERT, Paul DN et al . “Biological identifications through DNA barcodes”. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, v. 270, 2003.

HEBERT, P. D.; GREGORY, T. R. “The promise of DNA barcoding for taxonomy”. *Systematic Biology*, v. 54, n. 5, p. 852–859, 2005.

HEBERT, Paul DN et al. “Contagem de espécies animais com códigos de barras de DNA: insetos canadenses”. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 371, 2016.

KERIMOVA, I. G. et al. “A DNA barcode library of some Neuroptera from Azerbaijan”. *Punjab University Journal of Zoology*, v. 37, 2022.

KOROIVA, R. et al. “DNA barcoding of odonates from the Upper Plata basin: database creation and genetic diversity estimation”. *PLoS One*, v. 12, n. 8, 2017.

KRESS, W. J. “Plant DNA barcodes: applications today and in the future”. *Journal of Systematics and Evolution*, v. 55, 2017.

KRESS, W. J. et al. “Advances in the use of DNA barcodes to build a community phylogeny for tropical trees in a Puerto Rican forest dynamics plot”. *PLoS One*, v. 5, 2010.

LINNAEUS, C. von. *Caroli a Linné Systema Naturae*. Tom. I. Pars II. Editio duodecima reformata. 1767.

LIMA, T. N.; FARIA, R. R. “Seleção de microhabitat por larvas de formiga-leão *Myrmeleon brasiliensis* (Návas) (Neuroptera: Myrmeleontidae), em uma reserva florestal, Aquidauana, MS”. *Neotropical Entomology*, v. 36, 2007.

LIMA, T. N.; SILVA, D. C. R. “Effect of energetic cost to maintain the trap for *Myrmeleon brasiliensis* (Neuroptera: Myrmeleontidae) in its development and adult size”. *Brazilian Journal of Biology*, v. 77, n. 1, p. 38–42, 2016.

LIMA, T. N; FREIRE, L. G; DE LIMA, D. C. “Effect of asymmetric competition on distance among *Myrmeleon brasiliensis* (Návas, 1914)(Neuroptera: Myrmeleontidae) larvae”. *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, v. 41, 2019.

MISSIRIAN, G. L. B.; UCHÔA-FERNANDES, M. A.; FISCHER, E. "Development of *Myrmeleon brasiliensis* (Navás) (Neuroptera: Myrmeleontidae), in laboratory, with different natural diets". *Revista Brasileira de Zoologia*, v. 23, n. 4, 2006.

MORINIÈRE, J. et al. "Barcoding Fauna Bavarica: 78% da fauna Neuropterida com código de barras!". *PLoS One*, v. 9, 2014.

MORT, M. E. et al. "Plant DNA barcoding: a test using Macaronesian taxa of *Tolpis* (Asteraceae)". *Taxon*, v. 59, 2010.

MOTA, T.F.M.; Fabin, T.M.; Diamante, N.A et al. "Código de barras de DNA é eficiente na identificação de espécies de morcegos". *Journal Mammal Evol*, 2022.

NAPOLITANO, Joseph F. "Predatory behavior of a pit-making antlion, *Myrmeleon mobilis* (Neuroptera: Myrmeleontidae)". *The Florida Entomologist*, v. 81, 1998.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (NCBI). GenBank. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>. Acesso em: 14 jul. 2025.

NEW, T. R. Neuroptera. In: COMMONWEALTH SCIENTIFIC AND INDUSTRIAL RESEARCH ORGANIZATION. (Org.). **The Insects of Australia: a textbook for students and research workers**. Melbourne: Melbourne University Press, v. 1.1991.

PANTALEONI, R. A. et al. "*Myrmeleon punicanus* n. sp., uma nova formiga-leão construtora de fossas (Neuroptera: Myrmeleontidae) da Sicília e Pantelleria". *Boletim de Insetologia*, v. 65, 2012.

PARMENTIER, I. et al. "How effective are DNA barcodes in the identification of African rainforest trees". *PLoS One*, v. 8, 2013.

RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. "BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>)". *Molecular Ecology Notes*, v. 7, 2007.

RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. "O papel do BOLD no gerenciamento e análise de dados de código de barras: uma resposta". *Molecular Ecology Resources*, v. 11, 2011.

ROSLIN, T. et al. "Um recurso de identificação molecular para os artrópodes da Finlândia". *Molecular Ecology Resources*, v. 22, 2022.

RUBINOFF, D.; CAMERON, S.; WILL, K. “Are plant DNA barcodes a search for the Holy Grail?”. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 21, 2006.

SEAH, Y. G.; ARIFFIN, A. F.; TUN, N.” Níveis de divergência de COI na família Leiognathidae usando sequências disponíveis nos sistemas GenBank e BOLD: uma revisão sobre a precisão de bancos de dados públicos”. *AACL Bioflux*, v. 10, 2017.

SOUZA, T. B. et al. “DNA Barcoding of Pyrrhulina australis (Characiformes: Lebiasinidae) reveals unexpected cryptic diversity in the group”. *Neotropical Ichthyology*, v. 21, 2023.

STANGE, L. A. Family Myrmeleontidae. In: PENNY, N. D. **A guide to the lacewings (Neuroptera) of Costa Rica**. San Francisco: Proceedings of the California Academy of Sciences, 2002. p. 275–289.

STANGE, L. A. **“Systematic catalog, bibliography, and classification of the world antlions (Insecta: Neuroptera: Myrmeleontidae) ”**. Gainesville: American Entomological Institute, 2004.

WARD, D. F. “Construindo uma coleção de referência de código de barras de DNA de Hymenoptera na Nova Zelândia”. *Biodiversity Data Journal* , v. 12, 2024.

YAN, Y. et al. “The first mitochondrial genomes of antlion (Neuroptera: Myrmeleontidae) and split-footed lacewing (Neuroptera: Nymphidae), with phylogenetic implications of Myrmeleontiformia”. *International Journal of Biological Sciences*, v. 10, 2014.

YI, P. et al. “A DNA barcode reference library of Neuroptera (Insecta: Neuropterida) from Beijing”. *Zookeys*, 2018.

ZHANG, J.; WANG, X. “The complete mitochondrial genome of *Myrmeleon immanis* Walker, 1853 (Neuroptera: Myrmeleontidae). *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*”, 2016.

