

## ASSOCIAÇÃO DE INSTARES LARVAIS E PÓS LARVAIS DE ÁCAROS PARASITENGONA (ACARI: TROMBIDIFORMES) UTILIZANDO DNA BARCODING

**S.G.S. Costa<sup>1,3</sup>, L.F.O. Bernadi<sup>2</sup>, L.C. Gonçalves<sup>1</sup>, L. Quaresma<sup>1,3</sup> & A.R. Pepato<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil;

<sup>2</sup>Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, Brasil; <sup>3</sup>PPG em Zoologia, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil.

A coorte Parasitengona inclui ácaros de relevância ecológica e médica (ex. ácaros aquáticos e larvas da família Trombiculidae) e possui um complexo ciclo de vida, incluindo uma larva parasita, prononinfa e tritoninfa quiescentes, além de deutoninfa e adulto predadores de vida livre. A associação de instares larvais e pós larvais heteromórficos dos Parasitengona requer, a muitas vezes infrutífera, manutenção dos espécimes em laboratório, um método inviável para espécimes preservados em álcool. Entre as espécies de Parasitengona terrestres, menos de 8% tiveram seu ciclo de vida descrito. Nesse estudo, culturas foram mantidas quando possível. Além disso, mais de 800 espécimes de Parasitengona depositados no Centro de Coleções Taxonômicas da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) tiveram seu DNA extraído antes de serem montados em lâminas e 215 espécimes tiveram um fragmento de 570 pares de base do gene mitocondrial COI sequenciado. Estas sequências foram submetidas a análises filogenéticas bayesiana resultando em uma árvore ultra métrica de máxima probabilidade posterior e um conjunto de árvores amostradas ao longo da corrida. As espécies foram aproximadamente delimitadas empregando o bGMYC (*Bayesian Generalized Mixed Yule Coalescent*). Esse método usa dos distintos padrões de ramificação esperados entre divergência interespecífica e diversificação intraespecífica, para distinguir entre processos de especiação e diversificação, traçando uma linha limite entre os dois tipos de eventos em uma árvore ultra métrica. O processo é repetido nas diversas árvores amostradas ao longo da cadeia de Markov e o resultado é uma interface gráfica que reflete a probabilidade posterior das espécies estimadas, levando em consideração a incerteza quanto a topologia e o limite traçado. Até então seis espécies tiveram seu instar larval e pós larval associados, incluindo duas novas espécies, *Lasioerythraeus* sp. nov., e *Leptus* sp. nov.. A extração de DNA não destrutiva de espécimes depositados em nossa coleção se tornou rotineira e com isso as chances de associar novos instares cresce juntamente com nossa coleção de DNA barcoding.

Palavras-chave: ciclo de vida, taxonomia integrativa.

Financiamento: PRPQ-UFMG, ADESITA, CAPES.