



**IDENTIFICAÇÃO MORFOLOGIA E MOLECULAR DE ÁCAROS DA FAMÍLIA  
MACROCHELIDAE (ACARI: MESOSTIGMATA) PRESENTES EM FEZES DE OVINOS DO  
MUNICÍPIO DE NOVA ODESSA – SP**

Guilherme Santos **Rodrigues**<sup>1</sup>; Karina Araujo dos **Anjos**<sup>2</sup>; Deborah Mirela **Romano**<sup>3</sup>; Fernanda Calvo **Duarte**<sup>4</sup>; Marcia Cristina **Mendes**<sup>5</sup>

**Nº 24812**

**RESUMO** – A identificação de ácaros da família Macrochelidae tem sido realizada com base nas características morfológicas e moleculares. Morfologicamente, esses ácaros são caracterizados por suas formas distintas e estruturas anatômicas, sendo detalhes cruciais para a distinção entre espécies. Os dados moleculares possuem um poder comparativo muito abrangente, pois todos os organismos vivos compartilham da mesma organização do material genético, fornecendo informações sobre a relação evolutiva entre diferentes organismos. Este estudo tem como objetivo a identificação de ácaros da família Macrochelidae presente em esterco de ovinos por meio de caracteres morfológicos e molecular através do gene mitocondrial COX I (Citocromo Oxidase I), que é amplamente utilizado para o barcoding de espécies. Amostras de esterco de ovinos foram coletadas em pastos, mantidos no Instituto de Zootecnia de Nova Odessa. A obtenção dos ácaros foi feita por meio de funil de Berlese, sendo parte dos ácaros mantidos em álcool etílico 95º e a outra parte foi utilizada para criação para posterior estudo molecular. A extração do DNA é uma etapa fundamental, como método eficaz a perfuração do tegumento, onde uma agulha fina é utilizada para perfurar o exoesqueleto do ácaro, permitindo a liberação do material genético sem a necessidade de destruir o espécime, sendo vantajosos pois preserva o ácaro para futuras análises morfológicas. O DNA amplificado é então sequenciado, gerando dados que foram comparados com bancos de dados genéticos para identificar as espécies. A análise filogenética dessas sequências permitiu a construção de árvores filogenéticas, ilustrando as relações evolutivas entre as espécies da família Macrochelidae.

**Palavras-chaves:** Ácaros Macrochelidae, Identificação morfológica, Dados moleculares, Gene mitocondrial COX I, Extração de DNA, Árvores filogenéticas.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciências Biológicas, UNIP, São Paulo-SP; guilherme.pibic@gmail.com

2 Doutoranda, Pós – Graduação: Sanidade, Segurança Alimentar e Ambiental no Agronegócio, Instituto Biológico, São Paulo-SP.

3Mestre, Pós – Graduação: Sanidade, Segurança Alimentar e Ambiental no Agronegócio, Instituto Biológico, São Paulo-SP.

4 Pesquisador do Instituto Biológico, São Paulo-SP.

5 Orientador: Pesquisador do Instituto Biológico, São Paulo-SP; marcia.mendes@sp.gov.br



**ABSTRACT** – *The identification of mites from the Macrochelidae family has been carried out based on morphological and molecular characteristics. Morphologically, these mites are characterized by their distinct shapes and anatomical structures, with details being crucial for species differentiation. Molecular data has a very broad comparative power, as all living organisms share the same organization of genetic material, providing information about the evolutionary relationship between different organisms. This study aims to identify Macrochelidae mites present in sheep manure through morphological and molecular characters using the mitochondrial gene COX I (Cytochrome Oxidase I), which is widely used for species barcoding. Samples of sheep manure were collected in pastures and maintained at the Instituto de Zootecnia de Nova Odessa. Mites were obtained using a Berlese funnel, with part of the mites preserved in 95% ethanol and the other part used for breeding for subsequent molecular study. DNA extraction is a crucial step, with a method effective for puncturing the tegument, where a fine needle is used to pierce the mite's exoskeleton, allowing the release of genetic material without destroying the specimen, which is advantageous as it preserves the mite for future morphological analyses. The amplified DNA is then sequenced, generating data that were compared with genetic databases to identify the species. Phylogenetic analysis of these sequences allowed the construction of phylogenetic trees, illustrating the evolutionary relationships among species of the Macrochelidae family.*

**Keywords:** Macrochelidae mites, Morphological identification, Molecular data, Mitochondrial gene COX I, DNA extraction and Phylogenetic trees.