

REPRESENTATIVIDADE DAS FORMIGAS-LEÃO DO GÊNERO *MYRMELEON* (NEUROPTERA, MYRMELEONTIDAE) NOS BANCOS DE DADOS GENÉTICOS BOLDSYSTEMS E GENBANK

Bárbara de Castro Ferreira Reis¹
Tatiane do Nascimento Lima^{2*}
Edihanne Gamarra Arguelho³

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. Neste trabalho realizamos: 1) levantamento das sequências do gene COI depositadas nas plataformas de dados Boldsystems e Genbank e 2) análise e conteúdo da produção bibliográfica relaciona as sequências depositadas. Os resultados revelaram que 39 espécies de *Myrmeleon* possuem sequências depositadas. Países como Paquistão, Japão e Estados Unidos são os que possuem maior número de depósitos. A análise dos artigos associados às sequências de DNA depositadas nos bancos genéticos demonstrou que o corpus analisado está estruturado em torno da delimitação de espécies, descrição e caracterização taxonômica de grandes grupos como Neuroptera, Insecta e Arthropoda. Sendo que, apenas 20% dos artigos tem como foco o gênero *Myrmeleon*.

Palavras-chave: Boldsystems, COX1, DNA, Genbank, Myrmeleontidae.

REPRESENTATIVENESS OF ANTLIONS OF THE GENUS *MYRMELEON* (NEUROPTERA, MYRMELEONTIDAE) IN THE BOLDSYSTEMS AND GENBANK GENETIC DATABASES

ABSTRACT: The genus *Myrmeleon* is the second largest in the family Myrmeleontidae, which is the most extensive in the order Neuroptera. Despite its wide distribution, the biology of *Myrmeleon* is poorly studied, making the taxonomic identification of species a challenging task, especially with the lack of specialists in the group. To address these difficulties, the DNA barcoding methodology, which uses the COI gene as a marker, has been adopted for more precise species identification. In this work we carried out the following: 1) a survey of COI gene sequences deposited in the BoldSystems and GenBank data platforms and 2) content analysis of the bibliographic production related to the deposited sequences. The results revealed that 39 species of *Myrmeleon* have deposited sequences. Countries such as Pakistan, Japan, and the United States have the largest number of deposits. The analysis of articles associated with the DNA sequences deposited in the gene banks demonstrated that the analysed corpus is structured around species delimitation, description, and taxonomic characterisation of large groups such as Neuroptera, Insecta, and Arthropoda. However, only 20% of the articles focus on the genus *Myrmeleon*.

Keywords: Boldsystems, COX1, DNA, Genbank, Myrmeleontidae.

¹Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campus de Aquidauana. Aquidauana, MS, Brasil. E-mail: b.castro@ufms.br

²Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campus de Aquidauana. Laboratório de Estudos da Biodiversidade. E-mail: tatiane.lima@ufms.br

³ Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campus de Aquidauana. Laboratório de Biotecnologia. E-mail: edihanne.arguelho@ufms.br *Autor de correspondência.

INTRODUÇÃO

Myrmeleon (Linnaeu, 1767) é considerado o maior gênero da família Myrmeleontidae, a qual 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; 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; 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; STABB, 2005).

Embora sejam insetos muito comuns no território brasileiro, o gênero *Myrmeleon* é pouco estudado (MISSIRIAN et al., 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 et al., 2009). O tamanho do gene COI ou COX1 corresponde a 648 pares de base (pb) de nucleotídeos (HEBERT; 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 e colaboradores (2003) observaram 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 ; GREGORY, 2005; RUBINOFF et al., 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; 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 observar a disponibilidade de espécies de *Myrmeleon* representadas por dados moleculares publicados nos bancos de dados Boldsystems (Barcode of Life Data Systems) e o Genbank (Genetic Sequence Database). E, realizar a análise de conteúdo dos referenciais teóricos que estão relacionados com as sequências do gene COI depositadas em ambas as plataformas.

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®.

Os artigos que estavam relacionados as sequências moleculares depositadas nas bases de do NCBI GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) e Boldsystems (www.boldsystems.org) foram explorados por meio de análise de conteúdo (BARDIN, 2016). Para a análise da produção bibliográfica foram seguidos os seguintes passos: leitura do material; construção de um arquivo de texto (.txt) de maneira a criar um corpus textual a partir dos resumos de cada artigo; exploração do material e categorização; tratamento dos resultados, inferências e interpretação. Para as análises foi utilizado o software Iramuteq versão 0.7 alpha, uma interface do software R para análise textual. Foram geradas a classificação hierárquica descendente e a análise de similitude.

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(66,7%) sequências estão simultaneamente registradas em ambos os bancos de dados. Exclusivamente no Boldsystems e no GenBank foram encontrados 31,9% e 1,27% sequências, respectivamente. A 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.

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 (*Myrmeleon otiosus* (Návas, 1912), *Myrmeleon hyalinus* Olivier, 1811, e *Myrmeleon formicarius* Linnaeus, 1767). *M. otiosus* foi a espécie mais representativa com 52 sequências, seguida de *M. hyalinus* com 49 e *M. formicarius* com 36 (FIGURA 1).

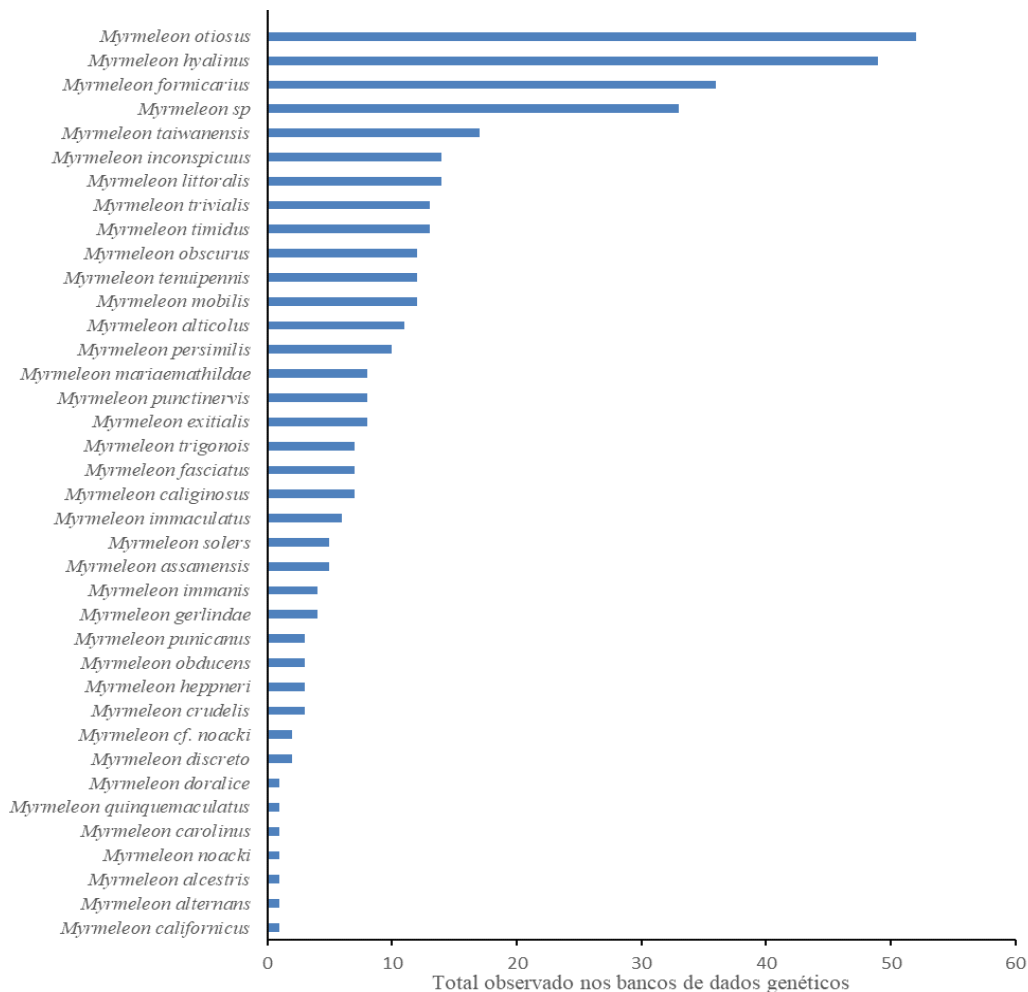


Figura 1 - Quantidade de seqüências genéticas por espécie depositadas nos bancos genéticos Boldsystems e Genbank.

Algumas das seqüências duplicadas em ambos os bancos de dados, apresentaram divergências no registro do táxon. O Boldsystems identifica determinadas seqüências como *M. otiosus*, *Myrmeleon trivialis* (Gerstaecker, 1885) e *Myrmeleon exitialis* Walker, enquanto o GenBank identifica os mesmos registros como *Myrmeleon bore* (Tjeder, 1941) e *Myrmeleon immaculatus* DeGeer, respectivamente. Segundo RATNASINGHAM e HEBERT (2011), em algumas seqüências 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 et al., 2022). Na pesquisa de SEAH (2017), que também analisou os sistemas Bold e Genbank, foram encontradas inconsistências taxonômicas em registros da família Leio gnathidae, sugerindo que poderia ser um problema na “precisão das seqüências depositadas” (SEAH et al., 2017, p. 400). Apenas 9% das seqüências analisadas apresentaram essas divergências no nome das espécies, então, este trabalho considerou a nomenclatura predominante entre as seqüências 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 seqüências) 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 2). 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 et al., 2020; HASSAN et al., 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 2). 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* (Návas, 1914) (LIMA; FARIA, 2007; LIMA; SILVA, 2016; LIMA et al., 2019; De OLIVEIRA et al., 2021; ALGARVE et al., 2022; ABOT et al., 2022), não tem sequências depositadas em nenhum dos bancos de dados. Ademais estudos realizados em áreas de Pantanal no estado do Mato Grosso do Sul e no Cerrado no estado do Maranhão observaram o gênero *Myrmeleon*, mas não houve a descrição taxonômica das espécies (ANDRADE et al., 2024; CRUZ et al., 2021).

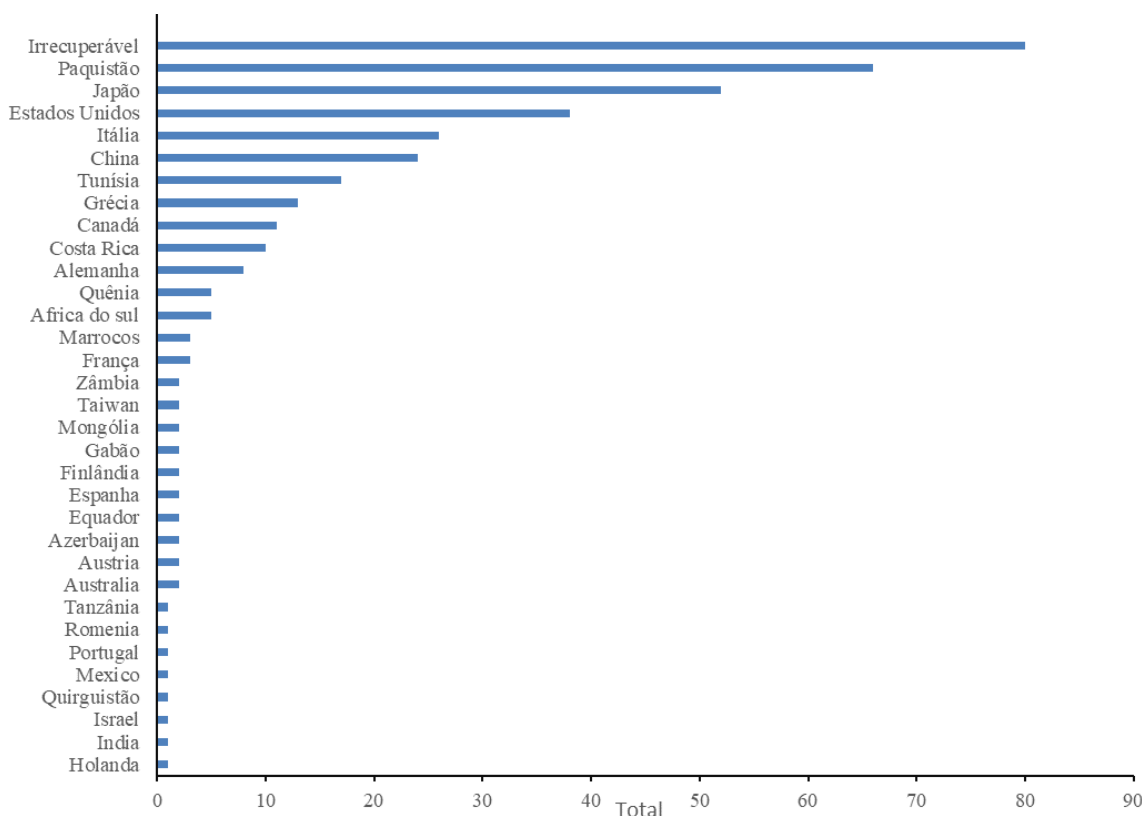


Figura 2 - Gráfico indicando a quantidade de sequências registradas por país nos bancos de dados estudados.

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; 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 et al., (2014); YAN et al., (2014); HEBERT et al., (2016), ZHANG; WANG, (2016); YI (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.

A partir da análise textual dos artigos, que estão associados as sequências de DNA depositadas nos bancos de dados genéticos, emergiram três categorias que foram citadas e relacionadas diversas vezes nos artigos, sendo elas: I) sequenciamento genético com foco no gênero *Myrmeleon*; II) sequenciamento envolvendo vários espécimes da ordem Neuroptera; e III) sequenciamento envolvendo grandes grupos como Insecta e Arthropoda.

Os artigos do grupo I trazem a descrição de uma nova espécie (*Myrmeleon punicanus* n. sp) e a descrição completa do genoma mitocondrial de *Myrmeleon immanis* Walker, 1853. Os artigos que focam no gênero *Myrmeleon* representam apenas 20% das sequências depositadas. Mas se consideramos o gênero *Myrmeleon* em conjunto com Neuroptera (grupo 1 + grupo 2), a representatividade das amostras sobe para 80%.

A classificação hierárquica descendente (FIGURA 3) indica que as palavras foram agrupadas de acordo com sua similitude, formando seis classes. Essas seis classes estão organizadas em dois grupos. No primeiro grupo (colaborando com 36,4% das ocorrências) estão as classes 4 e 6, as quais tratam de núcleos relacionados ao sequenciamento de DNA de grandes grupos (Insecta e Arthropoda). No segundo grupo (colaborando com 63,6% das ocorrências) estão as classes 1, 2 3 e 5, as quais envolvem os artigos que trazem o sequenciamento do grupo Neuroptera e do gênero *Myrmeleon*. As classes finais possuem formas associadas com qui-quadrado superior a 3 e significância inferior a 0,05 ($p < 0,05$).

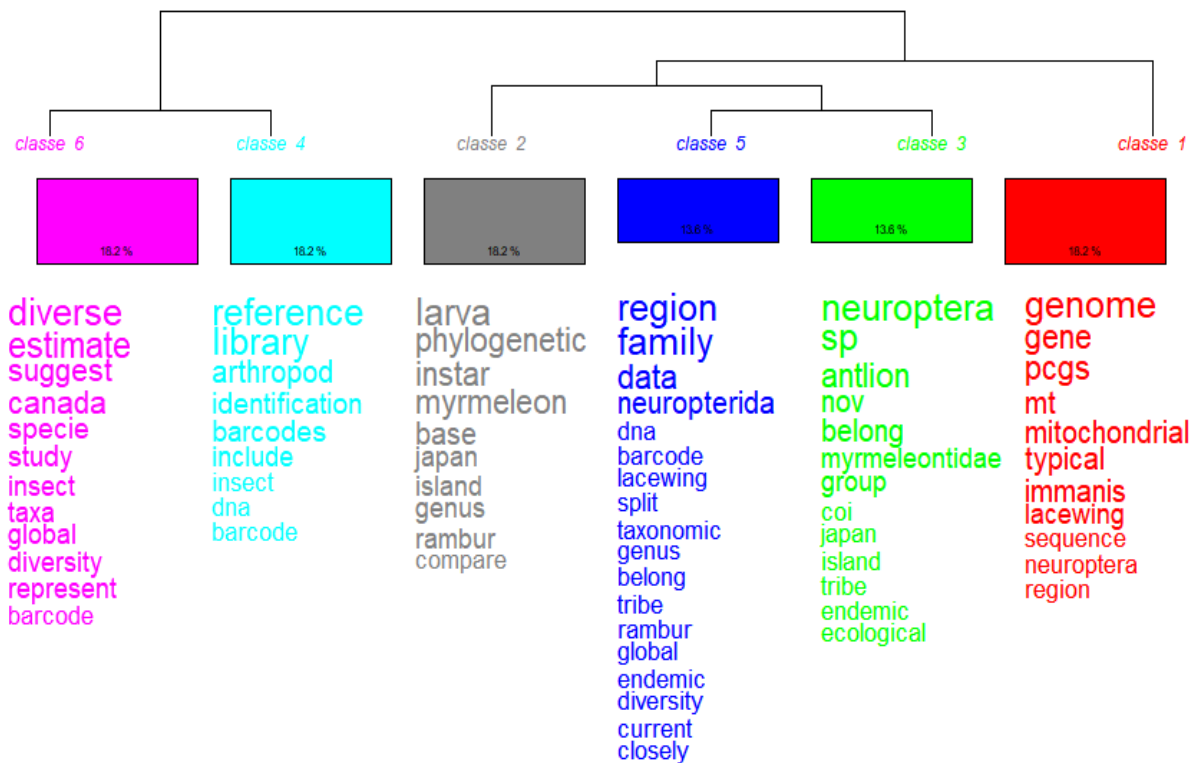


Figura 3 - Dendrograma com a classificação hierárquica das palavras construído a partir da análise de texto dos artigos, que estão associados às sequências de DNA depositadas nos bancos de dados genéticos.

A árvore de similaridade representou graficamente a coocorrência das formas lexicais e a conexão entre elas (FIGURA 4). Na imagem são representadas 11 comunidades, cada uma com a sua palavra destaque que une os ramos. O termo “specie” faz parte do núcleo central da representação da organização dos artigos. Isso indica que todo o corpus analisado está estruturado em torno da temática taxonômica e da delimitação e/ou descrição de espécies. Conectadas fortemente ao núcleo estão as palavras “family”, “group”, “taxonomic”, “record”, “region”, “genus”, “larva”, “male” e “specimen”, o que mais uma vez reforça que o discurso está centrado na descrição taxonômica, classificação e caracterização morfológica de espécies.

A espessura dos ramos entre as comunidades não demonstrou grandes variações, evidenciando proximidade temática e forte articulação discursiva entre os conceitos conectados. Ou seja, os artigos analisados não apresentaram abordagens isoladas, mas uma **integração metodológica**. A análise das conexões e dos agrupamentos revela três dimensões principais articuladas entre si. A dimensão taxonômico-morfológica, representada por termos como “family”, “genus”, “specimen”, “male”, “larva” e “record”, indicando foco na descrição sistemática, comparação morfológica e registros de ocorrência. Dimensão molecular-genética, evidenciada por palavras como “gene”, “sequence”, “mitochondrial”, “COI”, “barcode”, “genome” e “haplotype”, demonstrando uso consistente de ferramentas de biologia molecular, especialmente DNA barcoding e análises filogenéticas. Dimensão filogenética e biogeográfica, representada por termos como “phylogenetic”, “diversity”, “cluster”, “China”, “Japão”, “Canadá”, “Finland” e “Pakistan”, sugerindo diversidade genética e distribuição espacial.

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.

A análise textual dos artigos associados as sequências de DNA depositadas nos bancos de dados genéticos, demonstra que o corpus analisado está estruturado centralmente em torno da delimitação de espécies, descrição e caracterização taxonômica. Entretanto, poucos artigos tem como foco elucidar o grande desafio que envolve a taxonomia do gênero *Myrmeleon*. No Brasil, o grupo das formigas-leão *Myrmeleon* spp carece de estudos que colaborem com a classificação taxonômica e com a construção de chaves de identificação. Em áreas de Cerrado e Pantanal, as formigas-leão são comumente encontradas, mas a classificação taxonômica desses espécimes ainda carece de respostas (CRUZ et al., 2021; ANDRADE et al., 2024).

CONCLUSÃO

A análise integrada dos dados evidencia que, embora o DNA barcoding represente uma ferramenta consolidada e promissora para a identificação de espécies, sua aplicação ao gênero *Myrmeleon* ainda é incipiente e desigual. A baixa representatividade de espécies nos bancos de dados, associada à concentração de sequências em poucos táxons e regiões geográficas específicas, revela lacunas importantes no conhecimento da diversidade do grupo. Ademais, inconsistências taxonômicas entre plataformas e ausência de metadados essenciais (tais como a localidade de coleta e o reduzido número de sequências vinculadas a publicações científicas), reforçam a necessidade de maior rigor na curadoria e validação das informações disponíveis.

Nesse contexto, torna-se evidente a importância de ampliar os esforços de amostragem, sequenciamento e depósito de dados, especialmente em regiões com alta biodiversidade como o Brasil. Investimentos em estudos taxonômicos são fundamentais para consolidar o conhecimento sobre *Myrmeleon*. Dessa forma, será possível não apenas aprimorar a identificação das espécies, mas também contribuir de maneira mais efetiva para estudos de biodiversidade, biogeografia e conservação desse grupo ainda pouco explorado, embora comuns em diversos ecossistemas do Brasil.

AGRADECIMENTOS.

À Fundação Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS/MEC.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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, p. 591-595, 2022.

AKHTAR, S.; ASHFAQ, M.; ZIA, A.; ALI, S. First report and redescription of five species of genus *Myrmeleon* (Neuroptera: Myrmeleontidae) from Pakistan. **Journal of Biodiversity and Environmental Sciences**, v. 13, n. 1, p. 180-190, 2018.

ALGARVE, B. B.; GRACIOLLI, G.; LIMA, T. N. Influence of rainfall regime in the Cerrado biome on the maintenance of traps built by *Myrmeleon brasiliensis* (Navás) (Neuroptera: Myrmeleontidae) larvae and the morphology of adults. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 112, e2022020, 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**, v. 14, n. 1, p. 89-97, 2001.

AZEREDO, A. M. L. **O código de barras da vida baseado no DNA “Barcoding of Life”: considerações e perspectivas**. Brasília, DF: Centro de Gestão e Estudos Estratégicos, p. 1-14, 2005.

ANDRADE, T. T.; MARTINS, L. C. B.; LIMA, T. D. N.; ARAÚJO, V. A. Diversity of Ants (Hymenoptera: Formicidae) Captured by *Myrmeleon* (Neuroptera: Myrmeleontidae) Larvae in a Ecosystem of the Brazilian Cerrado Biome. **International Journal of Zoology and Animal Biology**, v. 7, n. 3, 000583, 2024.

BARDIN, L. *Análise de conteúdo*. São Paulo: Edições, 2011.

BENSON, D. A.; CAVANAUGH, M.; CLARK, K.; KARSCH-MIZRACHI, I.; LIPMAN, D. J.; OSTELL, J.; SAYERS, E. W. **Nucleic Acids Research**, v. 41, n. D1, p. D36-D42, 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.; CONCONE, H. V. B.; CARVALHO-ROCHA, V.; FERRAZ, K. M.P.M.B.; PERES, C. A. The historical ecology of the world’s largest tropical country uniquely chronicled by its municipal coat-of-arms symbology. **Anais da Academia Brasileira de Ciências Anais Da Academia Brasileira De Ciências**, v. 95, e20220746, 2023.

BRAUKMANN, T. W. A.; KUZMINA, M. L.; SILLS, J.; ZAKHAROV, E. V.; HEBERT, P. D. N. Testing the efficacy of DNA barcodes for identifying the vascular plants of Canada. **PLoS One**, v. 10, p. 1-19, 2017.

CALOGERO, G. S.; GIUGA, M.; D’URSO, V.; FERRITO, V.; PAPPALARDO, A. M. First Report of Mitochondrial DNA Copy Number Variation in *Opsius heydeni* (Insecta, Hemiptera, Cicadellidae) from Polluted and Control Sites. **Animals (Basel)**, v. 13, n. 11, p. 1793, 2023.

COSTION, C.; FORD, A.; CROSS, H.; CRAYN, D.; HARRINGTON, M.; LOWE, A. Plant DNA Barcodes Can Accurately Estimate Species Richness in Poorly Known Floras. **PloS one**, v. 6, 2011.

CRUZ, C.; CRUZ, T. F.; ARGUELHO, E. G.; LIMA, T. N. Palafitas: proteção contra as enchentes do pantanal e refúgio para insetos construtores de armadilhas (*Myrmeleon* sp). **Revista Pantaneira**, v. 20, p. 29-39, 2021.

DE-OLIVEIRA-LEITE, V. G.; FLORENCIANO, R. B. A.; ARGUELHO, E. G.; LIMA, T. N. 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, n. 1, p. 200-211, 2009.

FORD, C. S.; AYRES, K. L.; TOOMEY, N.; HAIDER, N.; STAHL, J. V. A.; KELLY, L. J.; WIKSTRÖM, N.; HOLLINGSWORTH, P.; DUFF, R. J.; HOOT, S. B.; COWAN, R. S.; CHASE, M.; WILKINSON, M. J. Selection of candidate coding DNA barcoding regions for use on land plants. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 159, p. 1-11, 2009.

GOTELLI, N. J. Ant lion zones: causes of high-density predator aggregations. **Ecology**, v. 74, n. 1, p. 226-237, 1993.

HASSAN, M. A.; OSWALD, J. D.; ZIA, A.; LIU, X. Neuropterida (Insecta: Megaloptera, Raphidioptera, Neuroptera) of Pakistan: a catalogue and faunistic review. **Zootaxa**, v. 4686, n. 4, p. 497-541, 2019.

HASSAN, M. A.; AKHTAR, S.; ZHENG, Y.; LIU, X. Taxonomic notes on the antlion tribe Palparini Banks (Neuroptera: Myrmeleontidae) from Pakistan. **Zootaxa**, v. 6, 2023.

HASSAN, M. A.; ZHENG, Y.; LIU, X. Taxonomic notes on the antlion tribe Myrmeleontini Latreille (Neuroptera, Myrmeleontidae, Myrmeleontinae) from Pakistan, with description of a new species. **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.; MATSUMOTO, R.; SUGAWARA, H.; LIU, X. Two New Species of *Baliga* (Neuroptera: Myrmeleontidae: Myrmeleontinae) with the Molecular Phylogeny of the tribe Myrmeleontini in Japan. **Revista Japonesa de Entomologia Sistemática**, v. 26, 2020.

HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; WAARD, J. R. 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, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; ZAKHAROV, E. V.; TELFER, A. C.; LEVESQUE-BEAUDIN, V.; MILTON, M. A.; PEDERSEN, S.; JANNETTA, P.; WAARD, J. R. Counting animal species with DNA barcodes: Canadian insects. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 371, 2016.

KERIMOVA, I. G.; KRIVOKHATSKY, V. A.; AYDEMIR, M. N.; AYDEMIR, M. N.; MAMEDOVA, L. N. A DNA barcode library of some Neuroptera from Azerbaijan. **Punjab University Journal of Zoology**, v. 37, 2022.

KOROIVA, R.; PEPINELLI, M.; RODRIGUES, M. E.; ROQUE, F. O.; LORENZ-LEMKE, A. P.; KVIST, S. 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.; ERICKSON, D. L.; SWENSON, N. G.; THOMPSON, J.; URIARTE, M.; ZIMMERMAN, J. K. 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.

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.; HENDRICH, L.; HAUSMANN, A.; HEBERT, P.; HASZPRUNAR, G ; GRUPP, A. Barcoding Fauna Bavarica: 78% da fauna Neuropterida com código de barras!. **PLoS One**, v. 9, 2014.

MORT, M. E.; CRAWFORD, D. J.; ARCHIBALD, J. K.; O'LEARY, T. R.; SANTOS-GUERRA, A. 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.; DE OLIVEIRA, A. V.; FILHO, H. O.; PRIOLI, A. J.; PRIOLI, S. M. A. P. 2022. DNA Barcode is Efficient for Identifying Bat Species. **Journal of Mammal Evolution**, v. 29, p. 63-75, 2022.

NAPOLITANO, J. 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.; BADANO, D. *Myrmeleon punicanus* n. sp., a new pit-building antlion (Neuroptera Myrmeleontidae) from Sicily and Pantelleria. **Bulletin of Insectology**, 65(1):139-148.

Parmentier, I.; Duminil, J.; Kuzmina, M.; Philippe, M.; Thomas, D. W.; Kenfack, D.; Chuyong, G. B.; Cruaud, C.; Hardy, O. J. 2013. How effective are DNA barcodes in the identification of African rainforest trees. **PLoS One**, v. 8, 2012.

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.; SOMERVUO, P.; PENTINSAARI, M.; HEBERT, P. D. N.; AGDA, J.; AHLROTH, P.; ANTONEN, P.; ASPI, J.; BLAGOEV, G.; BLANCO, S.; CHAN, D.; CLAYHILLS, T.; DEWAARD, J.; DEWAARD, S.; ELLIOT, T.; ELO, R.; HAAPALA, S.; HELVE, E.; ILMONEN, J.; HIRVONEN, P.; HO, C.; ITÄMIES, J.; IVANOV, V.; JAKOVLEV, J.; JUSLÉN, A.; JUSSILA, R.; KAHANPÄÄ, J.; KAILA, L.; PEKKAKAITILA, J.; KAKKO, A.; KAKKO, I.; KARHU, A.; KARJALAINEN, S.; KJAERANDSEN, J.; KOSKINEN, J.; LAASONEN, E. M.; LAASONEN, L.; LAINE, E.; LAMPILA, P.; LEVESQUE-BEAUDIN, V.; LU, L.; LÄHTEENARO, M.; MAJURI, P.; MALMBERG, S.; MANJUNATH, R.; MARTIKAINEN, P.; MATTILA, J.; MCKEOWN, J.; METSÄLÄ, P.; MIKLASEVSKAJA, M.; MILLER, M.; MISKIE, R.; MUINONEN, A.; MUKKALA, V. M.; NAIK, S.; NIKOLOVA, N.; NUPPONEN, K.; OVASKAINEN, O.; ÖSTERBLAD, I.; PAASIVIRTA, L.; PAJUNEN, T.; PARKKO, P.; PAUKKUNEN, J.; PENTTINEN, R.; PEREZ, K.; POHJOISMÄKI, J.; PROSSER, S.; RAEKUNNAS, M.; RAHULAN, M.; RANNISTO, M.; RATNASINGHAM, S.; RAUKKO, P.; RINNE, A.; RINTALA, T.; ROMO, S. M.; SALMELA, J.; SALOKANNEL, J.; SAVOLAINEN, R.; SCHULMAN, L.; SIHVONEN, P.; SOLIMAN, D.; SONES, J.; STEINKE, G.; STÅHLS, G.; TABELL, J.; TIUSANEN, M.; VÁRKONYI, G.; VESTERINEN, E. J.; VIITANEN, E.; VIKBERG, V.; VIITASAARI, M.; VILEN, J.; WARNE, C.; WEI, C.; WINQVIST, K.; ZAKHAROV, E.; MUTANEN, M. A molecular-based identification resource for the arthropods of Finland. **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. Levels of COI divergence in Family Leiognathidae using sequences available in GenBank and BOLD Systems: A review on the accuracy of public databases. **AAFL Bioflux**, v. 10, n. 2, 2017.

SOUZA, T. B.; FERREIRA, D. C.; DA SILVA, H. P.; NETTO-FERREIRA, A. L.; VENERE, P. C. 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, p. 275-289, 2002.

STANGE, L. A. **Systematic catalog, bibliography, and classification of the world antlions (Insecta: Neuroptera: Myrmeleontidae)**. Entomological Review, v. 85, n. 4, p. 461-464, 2004.

WARD, D. F. Building a DNA barcode reference collection of Hymenoptera in New Zealand. **Biodiversity Data Journal**, v. 12, e131701, 2004.

YAN, Y.; WANG, Y.; LIU, X.; WINTERTON, S. L.; YANG, D. 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, n. 8, p. 895-908, 2014.

YI, P.; YU, P.; LIU, J.; XU, H.; LIU, X. 2018. A DNA barcode reference library of Neuroptera (Insecta: Neuropterida) from Beijing. **Zookeys**, v. 807, p. 127-147, 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**, v. 27, n. 2, p. 439-40, 2016.