**Caracterização molecular de ácaros da família Trombiculidae obtidos de um gato errante em Lisboa**

Inês L.S. Delgado1,2,3\*, André Pereira1,4,5\*, Brunna Ciobanu1, Marta Videira6, Cátia Marques1,2,3, David W. Ramilo1,2,3

1Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona - Centro Universitário de Lisboa, Lisboa, Portugal

2CIISA – Centro Interdisciplinar de Investigação em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

3Laboratório Associado para a Ciência Animal e Veterinária (AL4AnimalS), Portugal

4Escola Superior de Saúde, Proteção e Bem Estar Animal, Instituto Politécnico da Lusofonia, Lisboa, Portugal

5Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, Lisboa, Portugal

6Casa dos Animais de Lisboa, Estrada Pimenteira, 1300-459 Monsanto, Lisboa, Portugal

\*Autores com a mesma contribuição

**Objetivos:** A forma larvar de algumas espécies de ácaros trombiculídeos (Acari: Trombiculidae) parasitam mamíferos, sendo responsáveis principalmente pelo aparecimento de sinais clínicos dermatológicos. Apesar do seu potencial zoonótico, a caracterização da diversidade genética de ácaros trombiculídeos com importância médica é escassa. O objetivo deste trabalho foi fazer a caracterização molecular de ácaros trombiculídeos obtidos de um gato errante.

**Materiais e métodos:** Seis ácaros da família Trombiculidae foram recolhidos de um gato errante e preservados em álcool a 70%. Após a extração de DNA de cada exemplar utilizando um *kit* comercial, foi amplificado o gene codificante da citocromo C oxidase I (COI) por PCR convencional. Os produtos de reação foram purificados e sequenciados pelo método de Sanger. A diversidade genética foi analisada através de árvores filogenéticas inferidas pelo método de máxima verossimilhança.

**Resultados:** Quando comparadas com as sequências existentes no GenBank, via BLAST®, as sequências COI dos 6 ácaros em análise apresentaram elevada identidade com a sequência de referência de *Neotrombicula vulgaris* [KY888693]. Na árvore filogenética, as sequências obtidas formaram um *cluster* monofilético estável, juntamente com a sequência de referência de *N. vulgaris*. A análise sugere também a existência de diversidade intraespecífica.

**Conclusões:** Este estudo preliminar permitiu aumentar a representatividade de sequências genéticas da espécie de *N. vulgaris* contribuindo para uma mais fácil identificação, em trabalhos futuros, de exemplares capturados em animais e/ou no ser humano*.* Serão também necessários estudos para clarificar a importância clínica desta espécie em gatos e o seu potencial enquanto vetores de agentes infeciosos.

**Palavras-chave:** Trombiculidae; *Neotrombicula vulgaris*; Gato; Citocromo oxidase I.

**Financiamento:** Este trabalho foi financiado pelo projeto de investigação 2021-2022 da FMV-ULusófona (Acrónimo: Trombiculidae). ID, CM e DR são financiados pelo UIDB/00276/2020 e LA/P/0059/2020 da FCT.