



CONSTRUÇÃO DE UMA BIBLIOTECA GENÔMICA DE ORGANISMOS AQUÁTICOS AMAZÔNICOS ATRAVÉS DE SEQUENCIAMENTO DE DNA DE ÚLTIMA GERAÇÃO

Raphael Ligeiro¹, Luciano Fogaça de Assis Montag¹, Thaísa Sala Michelin¹, Ricardo Koroiva², Ândrea Kely Campos Ribeiro dos Santos³, Caio Santos Silva³, Fabiane Barral Sampaio¹, Sara Rikeley Paulino Monteiro¹, Leandro Juen¹,

¹ Universidade Federal do Pará, Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Belém, Pará. Brasil

² Universidade Federal da Paraíba, Laboratório de Ecologia Molecular e Taxonomia Integrativa, Rio Tinto, Paraíba. Brasil

³ Universidade Federal do Pará, Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Belém, Pará. Brasil

E-mail: ligeirobio@gmail.com

Os sistemas aquáticos estão sob crescente pressão devido aos impactos antropogênicos, com consequente e rápida perda de biodiversidade. Assim, estimativas robustas e atualizadas da diversidade de espécies são necessárias para que os pesquisadores possam descrever e monitorar essas perdas de forma eficaz e propor soluções efetivas para a conservação. Entre as ferramentas mais modernas de identificação e levantamento de espécies aquáticas estão as abordagens de análises genéticas, tais como *DNA barcoding*, *environmental DNA* e *meta-barcoding*. Essas técnicas são consideradas rápidas e de baixo custo, quando comparadas às avaliações convencionais. No entanto, para a eficiente aplicação desses métodos em regiões tropicais, particularmente em biomas megadiversos e com vastas lacunas de conhecimento sobre as espécies como a Amazônia, faz-se necessário o estabelecimento de robustas bibliotecas genômicas, contendo os dados genéticos das espécies aquáticas. Assim, o objetivo deste trabalho foi implementar um método de sequenciamento de DNA de última geração (*next-generation DNA sequencing*) para medir a biodiversidade de peixes, odonatos e macrófitas aquáticas em riachos amazônicos, com base no sequenciamento dos genomas completos e mitocondriais (mtDNA). Como resultados até o momento, sequenciamos e montamos o genoma completo de três espécies aquáticas; um peixe (*Hyphessobrycon heterorhabdus*, Ulrey, 1894), uma libélula (*Chalcopteryx rutilans*, Rambur, 1842) e uma macrófita (*Apalanthe granatensis*,



Humb. & Bonpl.), todas espécies de especial interesse econômico ou ecológico. Os genomas mitocondriais das referidas espécies de peixe e libélula foram sequenciados, montados, anotados e publicados. Adicionalmente, já houve o sequenciamento dos genomas mitocondriais de mais 40 espécies de peixes, 30 de libélulas e 20 de macrófitas. Os resultados deste trabalho são de suma importância para a diminuição de lacunas de conhecimento sobre o genoma de espécies amazônicas, deste modo favorecendo o futuro uso de ferramentas de avaliação baseadas em DNA em riachos dessa região.

Palavras-chave: *Riachos; peixes; libélulas; macrófitas*