



UNIVERSIDAD REGIONAL AMAZÓNICA IKIAM

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA VIDA

CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

**Diversidad de peces utilizando ADN ambiental y métodos
convencionales en ecosistemas acuáticos del río Tena, Ecuador.**

Proyecto de investigación previo a la obtención del Título de:

INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA

AUTOR: ARELIZ ANABELLE MAILA PALLASCO

TUTOR: PhD. HUGO MAURICIO ORTEGA ANDRADE

COTUTOR: PhD. FRANCISCO JOSÉ VILLAMARÍN JURADO

Tena – Ecuador

2024

Carrera de Biotecnología

Declaración de derecho de autor, autenticidad y responsabilidad

Tena, 30 de agosto de 2024

Yo, Areliz Anabelle Maila Pallasco con documento de identidad 1721341244, declaro que los resultados obtenidos en la investigación que presento en este documento final, previo a la obtención del título ingeniería en biotecnología, son absolutamente inéditos, originales, auténticos y personales.

En virtud de lo cual, el contenido, criterios, opiniones, resultados, análisis, interpretaciones, conclusiones, recomendaciones y todos los demás aspectos vertidos en el presente documento, son de mi autoría y de mi absoluta responsabilidad.



Areliz Anabelle Maila Pallasco

CI: 1721341244

Carrera de Biotecnología

Autorización de publicación en el repositorio institucional

Tena, 30 de agosto de 2024

Yo, Areliz Anabelle Maila Pallasco, con documento de identidad 1721341244 en calidad de autor/a y titular de los derechos morales y patrimoniales del trabajo de titulación “Diversidad de peces utilizando ADN ambiental y métodos convencionales en ecosistemas acuáticos del río Tena, Ecuador”, de conformidad con el Art. 114 del CÓDIGO ORGÁNICO DE LA ECONOMÍA SOCIAL DE LOS CONOCIMIENTOS, CREATIVIDAD E INNOVACIÓN, reconozco a favor de la Universidad Regional Amazónica Ikiam una licencia gratuita, intransferible y no exclusiva para el uso no comercial de la obra, con fines estrictamente académicos.

Así mismo autorizo a la Universidad Regional Amazónica Ikiam para que realice la publicación de este trabajo de titulación en el Repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el Art. 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior.



Areliz Anabelle Maila Pallasco

CI: 1721341244

Carrera de Biotecnología

Certificado de dirección de trabajo de titulación

Tena, 30 de agosto de 2024

Certifico que el trabajo de titulación: "Diversidad de peces utilizando ADN ambiental y métodos convencionales en ecosistemas acuáticos del río Tena, Ecuador", aprobado bajo el mecanismo de titulación de: artículo, fue realizado por Areliz Anabelle Maila Pallasco, bajo mi dirección.

El mismo ha sido revisado en su totalidad y analizado por la herramienta de verificación de similitud de contenido; por lo tanto, cumple con los requisitos teóricos, científicos, técnicos, metodológicos y legales establecidos por la Universidad Regional Amazónica Ikiam, para su entrega y defensa.



Hugo Mauricio Ortega Andrade

C.I: 1717270811



Francisco José Villamarín Jurado

C.I: 1715280069

AGRADECIMIENTOS

Agradezco profundamente a mis tutores, Mauricio Ortega y Francisco Villamarín por su invaluable orientación en el desarrollo de este trabajo de titulación. También, extendo mi gratitud al grupo de Investigación de Biogeografía y Ecología Espacial por brindarme el conocimiento y apoyo necesario. Asimismo, agradezco al técnico de investigación Walter Quilumbaquin, por su guía y paciencia en el trabajo de laboratorio y a Jonier Merizalde y Karina Quizhpi por su participación en el trabajo de campo y laboratorio.

Estoy infinitamente agradecida con mis padres, América Pallasco y Jorge Maila por apoyarme incondicionalmente en todos mis sueños y ayudarme a alcanzarlos. Además, quiero extender mis más sinceros agradecimientos a mi grupo de amigos, Roy Cerda, Herry Aragón, Lenin Vázquez, Marco Viteri, Dayana Montesdeoca y Nayeli Pineda por brindarme la fuerza y valentía necesaria para culminar mi carrera universitaria. Finalmente, no puedo dejar de mencionar a Pablo Sarango y Denice Arias, quienes me ofrecieron su cariño y apoyo absoluto a lo largo de este proceso.

TABLA DE CONTENIDO

PORTADA

DECLARACIÓN DE DERECHO DE AUTOR, AUTENTICIDAD Y RESPONSABILIDAD	ii
---	----

AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL	iii
---	-----

CERTIFICADO DE DIRECCIÓN DE TRABAJO DE TITULACIÓN	iv
---	----

AGRADECIMIENTOS	v
-----------------------	---

RESUMEN	x
---------------	---

ABSTRACT	xi
----------------	----

INTRODUCCIÓN	1
--------------------	---

MATERIALES Y MÉTODOS	4
----------------------------	---

Sitio de estudio	4
------------------------	---

Permiso de colecta	5
--------------------------	---

Proceso de esterilización	6
---------------------------------	---

Trabajo de campo	6
------------------------	---

Tratamiento e identificación de especímenes	8
---	---

Extracción de ADN y PCR para muestras de tejido	8
---	---

Filtración de muestras ambientales	9
--	---

Extracción de ADN y PCR para muestras ambientales	10
---	----

Preparación de librerías y secuenciación de muestras de tejido y ambientales	10
--	----

Base de datos de referencia del gen ribosomal (16S rRNA)	12
--	----

Bioinformática y análisis estadístico	12
---	----

RESULTADOS	14
------------------	----

Caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos en la MCRT utilizando la técnica de eDNA	14
--	----

Diversidad alfa (α).....	16
Diversidad beta (β)	16
Capacidad de detección de la técnica eDNA y los métodos convencionales para la detección de la diversidad de peces en arroyos de la MCRT	17
Diversidad alfa (α).....	18
DISCUSIÓN	19
Caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos en la MCRT utilizando la técnica de eDNA	19
Capacidad de detección de la técnica eDNA y los métodos convencionales para la detección de peces en arroyos de la MCRT	24
CONCLUSIONES	25
REFERENCIAS	
MATERIAL SUPLEMENTARIO	

INDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Área de estudio en la microcuenca del río Tena (MCRT), Napo, Ecuador.....	5
Figura 2.	Proceso metodológico para la toma de muestras de agua en charcas y ríos	6
Figura 3.	Mapa de calor basado en la frecuencia relativa de las especies encontradas en charcas y ríos	15
Figura 4.	Curvas de rarefacción calculadas con los números de Hill ($q=1$). Muestra la diversidad alfa encontrada en charcas y ríos	16
Figura 5.	Dendrograma basado en el índice de Jaccard para analizar la similitud entre puntos de muestreo según su composición de especies de peces	17
Figura 6.	Diagrama Sankey, ilustra el flujo de ocurrencia de las especies registradas con eDNA y con métodos tradicionales	18
Figura 7.	Curvas de rarefacción construidas a partir de los números de Hill ($q=1$) para evaluar la diversidad alfa registrada con eDNA y métodos tradicionales.....	19

INDICE DE TABLAS

Tabla S1.	Localización geográfica de los sitios de muestreo en la microcuenca del río Tena (MCRT)	9
Tabla S2.	Lista de especies registradas en la microcuenca del río Tena y con sus respectivas secuencias, mismas que se utilizaron para construir la base de datos de referencia local.	11

RESUMEN

Los peces de agua dulce representan una cuarta parte del total de vertebrados en el planeta. En los últimos años, la diversidad de peces ha sido afectada fuertemente por presiones antrópicas. Comprender la diversidad de peces y su distribución en los ecosistemas acuáticos es de vital para la gestión sostenible y la conservación. El uso de la técnica de ADN ambiental (eDNA) en contraste con los métodos convencionales (pesca eléctrica y trampas) muestra ser una alternativa no invasiva y eficiente para la identificación de peces. En el sitio de muestreo se realizaron dos estudios. El primero, centrado en la caracterización de la diversidad de peces con la técnica de eDNA en charcas y ríos, donde se identificaron 34 especies de peces y se encontró mayor diversidad alfa en los ríos. La diversidad beta mostró que existe gran disimilitud en la composición de peces entre charcas y ríos, a pesar de tener especies compartidas. El segundo, basado en la comparación entre la técnica eDNA y los métodos convencionales en arroyos, donde se detectaron 31 especies con eDNA de las que únicamente 12 fueron detectadas por los métodos convencionales. La técnica de eDNA tuvo mayor capacidad de detección. En ambos estudios se encontraron especies invasoras (*Oreochromis niloticus* y *Poecilia* sp.) y especies de baja densidad poblacional (*Synbranchus marmoratus*). En conclusión, la técnica de eDNA ha mostrado ser efectiva para la detección de peces en ecosistemas acuáticos amazónicos.

Palabras clave: ADN ambiental, diversidad de peces, ecosistemas acuáticos, pesca eléctrica, trampas.

ABSTRACT

Freshwater fish represent a quarter of all vertebrates on the planet. In recent years, fish diversity has been strongly affected by anthropogenic pressures. Understanding fish diversity and their distribution in aquatic ecosystems is vital for sustainable management and conservation. The use of the environmental DNA (eDNA) technique in contrast to conventional methods (electrofishing and trapping) shows to be a non-invasive and efficient alternative for fish identification. Two studies were carried out at the sampling site. The first, focused on the characterization of fish diversity with the eDNA technique in ponds and rivers, where 34 species of fish were identified and greater alpha diversity was found in the rivers. Beta diversity showed that there is great dissimilarity in the composition of fish between ponds and rivers, despite having shared species. The second, based on the comparison between the eDNA technique and conventional methods in streams, 31 species were detected with eDNA and of these only 12 were detected by conventional methods. The eDNA technique had greater detection capacity. In both studies, invasive species (*Oreochromis niloticus* and *Poecilia* sp.) and species with low population density (*Synbranchus marmoratus*) were found. In conclusion, the eDNA technique has been shown to be effective for the detection of fish in Amazonian aquatic ecosystems.

Keywords: Aquatic ecosystems, environmental DNA, electrofishing, fish diversity, traps.

“Revista PeerJ - life and environment”

<https://peerj.com/life-environment/>

**Diversidad de peces utilizando ADN ambiental y métodos convencionales en
ecosistemas acuáticos del río Tena, Ecuador.**

Areliz Maila^{*1}

¹Grupo de investigación en Biogeografía y Ecología Espacial, Universidad Regional
Amazónica Ikiam, Parroquia Muyuna, Kilómetro 7 vía a Alto Tena, Ecuador

*arelizsara2000@gmail.com

INTRODUCCIÓN

Los peces de agua dulce representan una cuarta parte del total de vertebrados que existen en el planeta, con cerca de 18.000 especies encontrados en lagos y ríos (Su et al., 2021). Estos peces contribuyen a procesos ecológicos claves en los ecosistemas acuáticos como la generación de biomasa y la regulación de las condiciones del agua y los ciclos de nutrientes (Su et al., 2021). Además desempeñan un papel fundamental en la nutrición humana y como servicios culturales (Villéger et al., 2017; Jiménez-Prado & Valdiviezo-Rivera, 2021). Sin embargo, durante los últimos años, la diversidad de peces en el Neotrópico ha sido afectada fuertemente por la construcción de represas, sobrepesca, introducción de especies no nativas, degradación del hábitat, contaminación de agua y el cambio climático (Castello & Macedo, 2016; Côte et al., 2023; López-Rodríguez et al., 2024). En este sentido, la comprensión de la diversidad de peces y su distribución en los ecosistemas acuáticos es de vital importancia para las prácticas de gestión sostenible y la delimitación de áreas prioritarias para su conservación (Reis et al., 2016; Jézéquel et al., 2020).

El estudio de la diversidad de peces ha incrementado significativamente en la última década (Shaw et al., 2016; Deiner, Yamanaka & Bernatchez, 2021; Gao et al., 2023), debido a la importancia ecológica de los peces y su valor como bioindicadores de la salud de los cuerpos de agua (Pont et al., 2021). Históricamente, el análisis de la diversidad de peces se ha realizado a través de métodos convencionales basados en el registro y colecta de individuos utilizando técnicas de pesca como redes, trampas, pesca eléctrica y encuentros visuales (Tessier et al., 2016; Pottier et al., 2020; Kampouris et al., 2023). Estos métodos pueden ser costosos, requieren un gran esfuerzo de muestreo y tiempo, y es posible que sean inviables en zonas muy remotas (Shaw et al., 2016). Adicionalmente, necesitan un equipo de taxónomos con vasta experiencia en identificación de peces (Yang et al., 2023; Shi et al., 2023). Una alternativa que puede superar potencialmente estos problemas, es el muestreo con ADN ambiental (eDNA, por sus siglas en inglés). El eDNA es una técnica no invasiva, simple, eficiente y altamente

sensible, centrada en el análisis molecular del material genético extraído de muestras ambientales como el agua, el suelo e incluso el aire para detectar especies de interés mediante PCR, código de barras metagenético y secuenciación de alto rendimiento (Barnes & Turner, 2016; Wang et al., 2021).

La técnica de eDNA ha revolucionado el estudio de la diversidad de peces en los ecosistemas acuáticos, y aunque los principios básicos y el flujo de trabajo de barcoding y metabarcoding de ADN se han mantenido constantes, los avances en la secuenciación de alto rendimiento han facilitado enormemente el acceso a los datos de eDNA (Pawlowski et al., 2021). Un claro ejemplo es el equipo de secuenciación MinION de Oxford Nanopore Technologies (ONT) que ha hecho posible el monitoreo de la diversidad de peces a un costo accesible, utilizando equipos, protocolos y reactivos estándar (Maestri et al., 2019; Kasmi et al., 2024). Estas características, también han hecho del eDNA una herramienta prometedora para la identificación y seguimiento de especies invasoras, en peligro de extinción o con baja densidad poblacional (Zhang et al., 2022b; Rishan, Kline & Rahman, 2023). De esta manera, el eDNA ha mostrado ser una técnica ideal para el estudio de la diversidad de peces en zonas con diversos ecosistemas acuáticos y con alta diversidad ictiológica como la Amazonía ecuatoriana (Quilumbaquin et al., 2023).

En Ecuador, la región amazónica conforma aproximadamente el 46,7% del territorio nacional y alberga la mayor diversidad de peces del país (Jiménez-Prado & Valdiviezo-Rivera, 2021). La microcuenca del río Tena (MCRT), ubicada en la provincia de Napo en esta misma región, forma parte del sistema hídrico que alimenta a la cuenca del río Napo, contando con una extensión de 235 km² y con numerosos ecosistemas acuáticos (Hurtado-Pidal et al., 2020; GADM Tena, 2023). La cuenca del río Napo alberga la diversidad de peces de agua dulce más alta del Ecuador, reportando un total de 680 especies (Aguirre et al., 2021). Estos cuerpos de agua no solo son esenciales para mantener la biodiversidad única de la región, sino también para proporcionar servicios ecosistémicos fundamentales, como el suministro de agua dulce y el ciclo de nutrientes a las regiones aguas abajo (Aguirre et al., 2021). Comprender la composición y diversidad

de las comunidades de peces de agua dulce en MCTR es fundamental para proteger estos ecosistemas de agua dulce (Jézéquel et al., 2020).

Dentro de la MCRT existen ecosistemas lénticos y lóticos como las charcas y los ríos respectivamente (GADM Tena, 2023). Estos tienen características hidrológicas, fisicoquímicas y ecológicas distintivas, que proporcionan hábitats favorables para varios taxones de peces (Zhang et al., 2022). Las charcas, aunque cuentan con una conectividad fluvial limitada y tamaño reducido, son ecosistemas esenciales para la diversidad acuática, pues funcionan como escalones para el movimiento de especies a través del paisaje (Hassall, 2014; Harper et al., 2019). Por otro lado, los ríos cuentan con un flujo constante, funcionando como cintas transportadoras de materia orgánica y nutrientes, y son fundamentales en los ciclos biogeoquímicos del ecosistema, así como en la dispersión de las especies (Deiner et al., 2016). En este sentido, el estudio integral de ambos tipos de ecosistemas es imprescindible para capturar una diversidad de peces más completa.

Actualmente, el estudio de la diversidad de peces en la Amazonía ecuatoriana se ha realizado en su mayoría empleando métodos convencionales (Escobar-Camacho, Barriga & Ron, 2015; Nugra Salazar et al., 2016; Escobar-Camacho et al., 2024). Estos métodos podrían resultar invasivos y difíciles de implementar en los diversos ecosistemas acuáticos de la MCRT, además de ser menos efectivos para la identificación de especies raras o invasoras (Gao et al., 2023). En este contexto, la técnica de eDNA puede ser una alternativa más eficiente para la investigación de la ictiofauna en la región amazónica en comparación con el uso de métodos convencionales de muestreo.

Este estudio brinda un precedente de la implementación de la técnica de eDNA para el estudio de la diversidad de peces en los ecosistemas acuáticos de la MCRT, así como el aporte de información acerca de la ictiofauna presente en la zona de estudio. Los objetivos principales son: 1) Identificar la composición de la diversidad de peces que existe en charcas y ríos en la MCTR utilizando la técnica de eDNA y 2) Comparar la capacidad de la técnica de eDNA y los métodos convencionales (pesca eléctrica y trampas) para la detección de peces en arroyos de la MCRT.

MATERIALES Y MÉTODOS

Sitio de estudio

El sitio de muestreo está ubicado en la provincia de Napo al este del Ecuador, dentro de la microcuenca del río Tena (Material suplementario), en la parroquia de Atacapi (0°56'51"S; 77°51'37"W). Está situado en un rango altitudinal que oscila entre los 550 y 720 m.s.n.m. con una precipitación anual de 4600 mm y una temperatura media de 24°C (Ministerio del Ambiente, 2013; GADM Tena, 2023). Se llevaron a cabo dos estudios dentro de esta área. El primero fue la caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos con la técnica de eDNA (Fig. 1). El segundo consistió en comparar la capacidad del eDNA y de los métodos convencionales (pesca eléctrica y trampas) para la detección de la diversidad de peces en arroyos en la MCRT (Fig. 1).

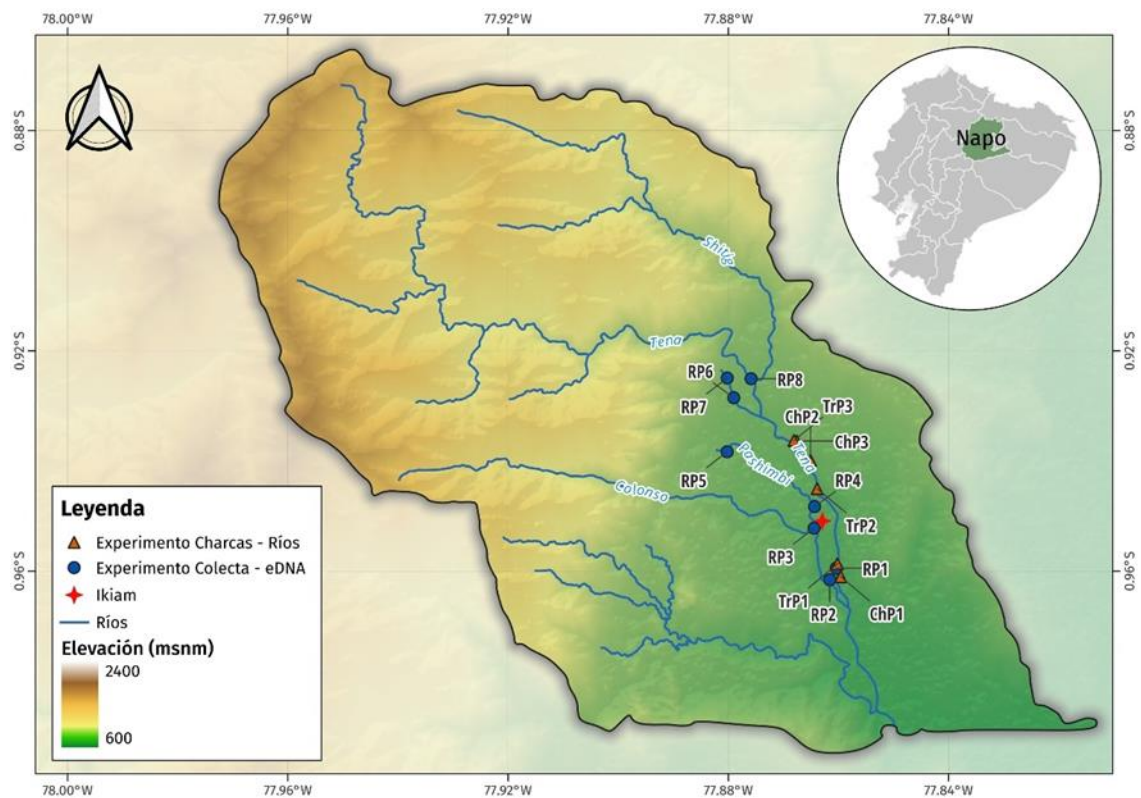


Figura 1. Área de estudio en la microcuenca del río Tena (MCRT), Napo, Ecuador. La caracterización de la diversidad de peces con eDNA, fue realizada en los sitios representados como triángulos (anaranjado). En estos, se realizó el muestreo en 3 charcas (ChP1, ChP2 y ChP3) y en tres transectos del río Tena (TrP1, TrP2 y TrP3). La comparación entre la técnica de eDNA y los métodos convencionales para la detección de peces, fue realizada en ocho arroyos (RP1-RP8) ilustrados como círculos (azul).

Permiso de colecta

Esta investigación se llevó a cabo bajo el Convenio Marco de Acceso a Recursos Genético Nro. MAATE-DBI-CM-2021-0177 emitido por el Ministerio de Ambiente, Agua y Transición Ecológica, dentro del proyecto “Detección de especies clave de fauna (amenazadas, invasoras) y microorganismos (patógenos y microbiota) asociados a ecosistemas acuáticos del Ecuador, con técnicas moleculares de ADN ambiental y metabarcoding”.

Proceso de esterilización

Todo el material utilizado para la colecta de muestras ambientales y el proceso de filtración de agua, tales como: botellas de polietileno de 1L, placas de Petri, pinzas y el sistema de filtración fueron esterilizados antes del muestreo de agua. Este procedimiento empezó con un lavado con detergente y agua. Continuando con un tratamiento de hipoclorito de sodio al 3% durante 3 minutos, seguido de un enjuague con agua destilada por 1 minuto para eliminar los residuos de hipoclorito de sodio y un lavado con etanol al 70% por 3 minutos. Finalmente, se colocó el material en la autoclave a 1,02 atm y 121°C durante 60 minutos. Se realizó la esterilización para cada sitio de muestreo para evitar la contaminación cruzada y eliminar posibles residuos de ADN de muestras anteriores (Gu et al., 2023).

Trabajo de campo

La colecta de muestras ambientales para la caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos utilizando la técnica de eDNA, fue realizada por dos personas durante la mañana, concretamente entre las 8:00 y 10:00 h. (GMT-5). Todos los sitios fueron muestreados una vez al mes, de mayo a julio durante el 2023 (Fig. 1). Se dividieron las charcas y los ríos en tres puntos de colecta con el fin de conseguir una muestra homogénea del sitio de muestreo (Fig. 2) (Valdez-Moreno et al., 2019; Quilumbaquin et al., 2023).

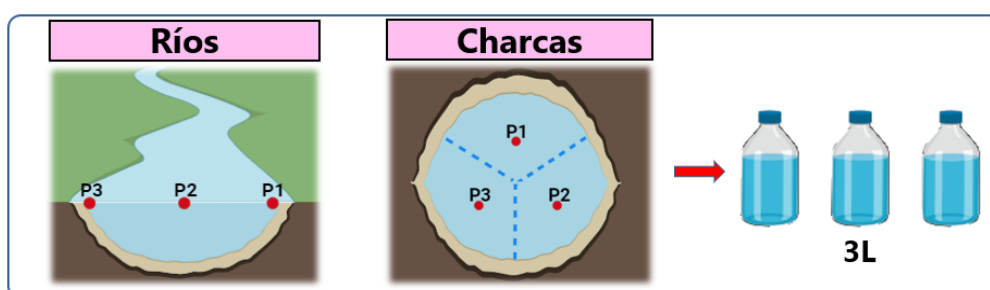


Figura 2. Proceso metodológico para la toma de muestras de agua en charcas y ríos.

Las botellas de polietileno de 1L fueron acondicionadas con 50 ml de agua del lugar antes de la colecta de agua. Este procedimiento se repitió tres veces para eliminar los posibles residuos de hipoclorito de sodio del proceso de esterilización, mismos que podrían ocasionar la degradación del eDNA (Ruan et al., 2022; He et al., 2022). Se colectó un volumen final de 3L de agua en cada punto de muestreo (Fig. 2), cada litro fue colectado realizando un barrido zigzag a una profundidad de 40 cm (Shu, Ludwig & Peng, 2020). Para evitar la contaminación cruzada entre sitios, se utilizó guantes nuevos en cada ocasión y se desinfectó el material de campo con hipoclorito de sodio al 0.5% y después con etanol al 70%. Una botella de 1L con agua ultrapura fue usada como control negativo de transporte. Las muestras ambientales fueron transportadas en contenedores térmicos con hielo para mantener la cadena de frío a una temperatura aproximada de 4°C, con el fin de conservar la integridad del ADN (Maracle et al., 2024).

Las muestras ambientales y los especímenes utilizados para la comparación de la capacidad de la técnica de eDNA y los métodos convencionales para la detección de la diversidad de peces, fueron colectadas durante los meses de julio y agosto del 2023. Se realizó ambos métodos de colecta una sola vez en cada sitio de muestreo (Fig. 1). Para la colecta de especímenes se utilizó electro-pesca y trampas tipo minnow traps. En el caso de la electro-pesca, se empleó la mochila eléctrica E-Fish de 500W, con un voltaje de 250V y un ciclo de trabajo del 10%. El tiempo de colecta fue de 1 hora y 30 minutos, asegurando que el esfuerzo de muestreo sea igual en todos los sitios (Beaumont et al., 2002). Por otro lado, se realizó la instalación de dos trampas en las orillas de 8 los arroyos muestreados (Fig. 1) en lugares con poca corriente, utilizando comida para gato como cebo (RIC, 1997) con una permanencia de 24h. Los especímenes fueron transportados en un contenedor con agua hasta el laboratorio inmediatamente después del muestreo. La colecta de las muestras ambientales y su transporte al laboratorio fueron realizados de la misma forma que en el experimento anterior. Se llevó a cabo esta técnica antes del muestreo con métodos convencionales para no influir en los resultados de eDNA, dado que los métodos basados en captura son invasivos y podrían alterar el ecosistema, modificando así los resultados del eDNA (Shaw et al., 2016b; Fujii et al., 2019).

Tratamiento e identificación de especímenes

Los especímenes colectados fueron procesados en el laboratorio de Biología de la Universidad Regional Amazónica Ikiam (URAI), donde fueron sacrificados mediante shock hipotérmico (Blessing, Marshall & Balcombe, 2010; Carbone, 2014). Posteriormente, fueron descritos con sus características morfológicas y se etiquetaron con un código único de colección científica. Además, se extrajo muestras de tejido muscular de cada individuo, el cual se conservó en microtubos de 2 mL con etanol al 96% y se almacenó a -20°C. La identificación taxonómica de los especímenes se realizó en el Instituto Nacional de Biodiversidad de Ecuador (INABIO) utilizando claves taxonómicas (Galvis et al., 2006; van der Sleen & Albert, 2017) y el catálogo virtual de peces Eschmeyer (van der Laan, Fricke & Eschmeyer, 2024) para corroborar la concordancia de su área de distribución. Y se utilizó la base de datos Fishbase (Froese & Pauly, 2024) para verificar los nombres científicos de los individuos. Todos los especímenes fueron fotografiados e ingresados a la colección científica de ictiología del Laboratorio de Biología Integrativa Ikiam. Cabe destacar que se obtuvo tejido de dos fuentes adicionales: el departamento de ictiología del INABIO que donó el tejido de 20 especies capturadas con métodos convencionales en la cuenca del río Napo y las colecciones de peces de los proyectos en la URAI de donde se tomó el tejido 3 especies capturadas en los alrededores de la universidad.

Extracción de ADN y PCR para muestras de tejido

La extracción de ADN genómico de las muestras de tejido muscular se realizó con el kit de Wizard® Genomic DNA Purification (Promega, Madison, USA). El ADN extraído se cuantificó con el equipo NanoDrop One/One^c Microvolume UV-Vis Spectrophotometer (Thermo Scientific, Waltham, USA). La amplificación del ADN fue realizada para el gen ribosomal 16S (16S rRNA) que genera un amplicón de 600 bp, utilizando los cebadores 16sSar-L-tailed (5'-TTTCTGTTGGTGCTGATATTGC CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3') y 16sSrb-H-tailed (5'-ACTTGCCTGTCGCTCTATCTTC CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3') (Zhang et al., 2022), mismos que fueron sintetizados con el adaptador para

secuenciación con tecnología Nanopore (secuencia en negrita). El volumen final para la reacción de PCR fue de 15 μ L y estuvo conformada por 1X de FastGene® Taq 2x Ready Mix (NIPPON Genetics EUROPE, Düren, Germany), agua libre de nucleasas, 0.4 μ M del marcador 16sSar-L-tailed, 0.4 μ M 16sSrb-H-tailed, 50ng/ μ L de albúmina de suero bovino (BSA) (Invitrogen, Carlsbad, USA) y 50 ng/ μ L del ADN genómico extraído. El perfil térmico utilizado fue: denaturación inicial a 95°C por 5 minutos, seguido de 30 ciclos a 95°C por 30s, 59°C por 30s y 72°C por 45s, finalizando con la extensión final a 72°C por 5 minutos. La visualización de los productos PCR se realizó en un gel de agarosa al 2% con el sistema de electroforesis GELATO™ (MiniPCR, Cambridge, USA). En este proceso, se utilizó el tinte SYBR™ Safe DNA Gel Stain (Invitrogen, Carlsbad, USA) y el ladder FastGene 100 bp DNA Marker (NIPPON Genetics EUROPE, Düren, Germany).

Filtración de muestras ambientales

La filtración de las muestras ambientales fue realizada en el Laboratorio de Biología Molecular y Bioquímica de la URAI, aproximadamente 3 horas después de ser colectadas. Antes de este proceso, las muestras de cada sitio fueron homogenizadas en una botella de polietileno esterilizada, obteniendo un volumen final de 3L. Las muestras de agua y controles negativos fueron filtrados con un sistema de filtración de vidrio (Merck®) conectado a una bomba de vacío (GAST) y membranas de nitrocelulosa (PORAFIL® NC) con un poro de 0.45 μ m y 47 mm de diámetro. Las muestras fueron filtradas hasta saturar los filtros, en el caso de las charcas el filtro se saturó después de los 600 mL, mientras que en las muestras de los ríos se filtró el litro completo, obteniendo un total de 3 filtros por cada sitio de muestreo. Los filtros fueron cortados en pequeñas partes, dentro de una caja de Petri estéril y se almacenaron en microtubos de 2mL a -20°C. El sistema de filtrado se esterilizó antes de filtrar cada muestra nueva de agua para evitar la contaminación cruzada entre sitios de muestreo (Shu, Ludwig & Peng, 2020). Todas las muestras de agua de ambos experimentos fueron procesadas una vez terminado el trabajo de campo.

Extracción de ADN y PCR para muestras ambientales

La extracción de ADN de las muestras ambientales se realizó siguiendo el protocolo de extracción de ADN metagenómico ambiental (eDNA) desarrollado en el proyecto “DNA-based monitoring for assessing the effect of invasive species on aquatic communities in the Amazon basin of Ecuador” de la URAI (Material Suplementario) (Baetens, 2019; Quilumbaquin et al., 2023). El ADN metagenómico se purificó con el Agencourt AMPure XP beads (Beckman Coulter, USA) y se cuantificó utilizando el equipo NanoDrop One/One^c Microvolume UV-Vis Spectrophotometer (Thermo Scientific, Waltham, EE. UU.). La amplificación del ADN fue realizada para el gen ribosomal 16S (16S rRNA) que genera un amplicón de 300 bp utilizando los cebadores Vert 16S eDNA F1 (5'-TTTCTGTTGGTGCTGATATTGC AGACGAGAAGACCCYDTGGAGCTT-3') y Vert 16S eDNA R1 (5'-ACTTGCCTGTCGCTCTATCTTC GATCCAACATCGAGGTCGTAA-3') (Vences et al., 2016) que fueron sintetizados con el adaptador para la secuenciación con tecnología Nanopore (secuencia en negrita). El volumen final para la reacción PCR fue de 15 µL y estuvo conformada por 1X de FastGene[®] Taq 2x Ready Mix (NIPPON Genetics EUROPE, Düren, Germany) agua libre de nucleasas, 0.4 µM del marcador Vert 16S eDNA F1, 0.4 µM Vert 16S eDNA R1, 50ng/µL de albúmina de suero bovino (BSA) (Invitrogen, Carlsbad, USA) y 50 ng/µL del ADN metagenómico extraído. El perfil térmico utilizado fue: denaturación inicial a 94°C por 3 minutos, seguido de 30 ciclos a 94°C por 30s, 58°C por 60s y 72°C por 90s, finalizando con la extensión final a 72°C por 10 minutos. La visualización de los productos PCR se realizó de la misma forma que las muestras de ADN genómico.

Preparación de librerías y secuenciación de muestras de tejido y ambientales

Todos los productos PCR de las muestras de tejido y ambientales fueron seleccionadas para la preparación de librerías, ya que presentaron una banda clara y definida. Cabe destacar que los controles negativos de transporte no amplificaron para ninguna muestra. Este proceso se realizó de manera individual para evitar la contaminación cruzada. Primero se realizó la PCR barcoding, siguiendo el protocolo Ligation sequencing

amplicons - PCR barcoding (SQK-LSK109 with EXP-PBC096), empleando el Ligation Sequencing Kit (SQK-LSK109) y el PCR Barcoding Expansion Pack 1-96 (EXP-PBC096, ONT, Oxford UK). El volumen final de la reacción fue de 12µL, y estuvo conformado por 0.5µL de PCR barcode (BC1-BC96), 5µL de producto PCR y 7µL LongAmp Taq 2X Master Mix (New England BioLabs, Ipswich, MA, USA). Para anclar los barcodes a cada muestra se utilizó el siguiente perfil térmico: denaturación inicial a 95°C por 3 minutos, seguido de 15 ciclos a 95°C por 15s, 62°C por 15s y 65°C por 30s, la extensión final a 65°C por 10 minutos y el enfriamiento a 4°C. Después, se realizó un pool con todas las muestras amplificadas tomando 7µL de cada una y se purificó con Agencourt AMPure XP beads (Beckman Coulter, USA). La concentración de ADN en la librería se diluyó a 1 µg en 50 µl de agua libre de nucleasas. Finalmente, la reparación de ADN y la ligación de adaptadores se realizó con NEBNext FFPE DNA Repair Mix (M6630), NEBNext Ultra II End repair / dA-tailing Module (E7546) y el NEBNext Quick Ligation Module (E6056) (todos de New England BioLabs, Ipswich, MA, USA).

Se emplearon dos celdas de flujo diferentes en la secuenciación: la celda flongle FLO-FLG001 R10.4.1 para la librería generada a partir de las muestras de tejido, y la celda FLO-MIN106 R9.4.1 para la librería de muestras ambientales. Antes de la secuenciación, las celdas de flujo se acondicionaron por 15 minutos a temperatura ambiente y se colocó el Flow Cell Priming Kit (EXP-FLP002) conteniendo 1000 uL FB y 30 uL de FTL para la celda FLO-MIN106, y 117uL de FB y 3uL de FTL para la celda FLG001. Después, se inyectó el buffer de carga en las celdas, con un volumen final de 30 uL para la celda FLG001 conformado por 15 uL de Sequencing Buffer (SQB), 10 uL de Loading Beads (LB) y 20 Fmoles de librería de ADN en 5 uL. Mientras que para la celda FLO-MIN106 se utilizó un volumen final del 75 uL del buffer de carga, con 37.5 uL SQB, 25.5 uL de LB y 35 Fmoles de librería de ADN en 12 uL.

La secuenciación se realizó con el equipo MinION Mk1C de Oxford Nanopore Technologies. El secuenciador utilizó el software MinKNOW v23.04.8 (ONT) que integra el programa Guppy v6.5.7 (ONT) para el proceso de basecalling (High-accuracy model, 450 bps), filtrado de lecturas con calidad >8 y demultiplexación de las secuencias por

barcode. Los tiempos de secuenciación fueron de 20h y 24h para las muestras de tejido y muestras ambientales respectivamente. Al finalizar el proceso de secuenciación, se limpiaron las celdas de flujo con el Flow Cell Wash Kit (EXP-WSH004) y se almacenaron a 4°C.

Base de datos de referencia del gen ribosomal (16S rRNA).

Se construyó la base de referencia del gen 16S rRNA con las secuencias generadas a partir de los tejidos provenientes de: colectas realizadas en este estudio, proyectos de investigación de la URAI y del Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO). Estas secuencias representan a 31 especies de peces registradas en la provincia de Napo. A esta base se adicionaron las secuencias de todos los vertebrados disponibles en el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI) para el gen 16S. Aunque la base de datos fue diseñada principalmente para detectar peces, se incluyeron secuencias de mamíferos (excepto *Homo sapiens*), anfibios, reptiles y aves para que funcionen como filtros de clasificación de grupos taxonómicos no pertenecientes a peces (Quilumbaquin et al., 2023). Se incluyó manualmente solo una secuencia de *Homo sapiens* con el fin de no adicionar información innecesaria. Por último, la base de referencia fue sometida a un proceso de limpieza, donde se verificó que la descripción taxonómica estuviera correcta y que cada secuencia tuviera un identificador único. En total la base de referencia contuvo 478224 secuencias de vertebrados del gen ribosomal 16S.

Bioinformática y análisis estadístico

Para el análisis bioinformático se utilizaron los archivos fastQ generados en este estudio y los que fueron generados en la investigación de (Quilumbaquin et al., 2023) durante los años del 2020 y 2021 provenientes de los mismos puntos de muestreo. Los archivos Raw Fast5 fueron transformados a formato FastQ mediante el proceso de basecalling realizado por el software Guppy v6.5.7. Todos los archivos FastQ fueron procesados de manera independiente utilizando la terminal del Linux. Estos, fueron descomprimidos y concatenados para poder visualizar la calidad y tamaño de las lecturas con el paquete

NanoPlot v1.43.0 (<https://github.com/wdecoster/NanoPlot>) (De Coster & Rademakers, 2023). Luego, se eliminaron los adaptadores de la tecnología Oxford Nanopore con la herramienta Porechop v0.2.4 (<https://github.com/rrwick/Porechop>). Después, los archivos fueron filtrados con calidad $Q > 12$ con el paquete NanoFilt v2.8.0 (<https://github.com/wdecoster/nanofilt>) (De Coster et al., 2018).

Se utilizaron distintas herramientas para agrupar y formar secuencias consenso de las muestras de tejido y ambientales. Para las secuencias de las muestras de tejido, se empleó el paquete NGSpeciesID v0.3.0 (<https://github.com/ksahlin/NGSpeciesID>) (Sahlin, Lim & Prost, 2021) y para las secuencias de las muestras ambientales se utilizó el paquete Amplicon_sorter (https://github.com/avierastr/amplicon_sorter) (Vierstraete & Braeckman, 2022). La asignación taxonómica de las secuencias consenso (Unidad Taxonómica Operativa Molecular - MOTUs) se realizó con el algoritmo BLAST+ v2.15.0 (<https://anaconda.org/bioconda/blast>), con este se buscó coincidencias entre las MOTUs de las muestras de eDNA y las secuencias de la base de referencia, considerando el porcentaje de identidad, la longitud de alineación, el valor e y la puntuación de bits. La asignación a nivel de especie se realizó con un porcentaje de similitud mayor al 97% y a nivel de género entre 90% y 96% de identidad (Antich et al., 2021). Todas las lecturas menores a 90% de similitud fueron descartadas.

El análisis estadístico se realizó únicamente con el software R v4.3.2 (R Core Team, 2023). La frecuencia relativa de las especies de peces en charcas y ríos se ilustró en un mapa de calor generado con el paquete ComplexHeatmap (<https://github.com/jokergoo/ComplexHeatmap>) (Gu, Eils & Schlesner, 2016). Por otro lado, para visualizar las especies y las familias detectadas por la técnica de eDNA y métodos convencionales se realizó un diagrama de Sankey con el paquete networkD3 (<https://www.r-graph-gallery.com/sankey-diagram.html>). El análisis de la diversidad alfa y la construcción de las curvas de rarefacción se realizó con el índice de Chao-Shannon utilizando el paquete iNext (<https://github.com/JohnsonHsieh/iNEXT>) (Hsieh, Ma & Chao, 2016). Este permite estimar la diversidad de especies utilizando los números de Hill haciendo que el tamaño de las muestras sea comparable (Chao et al., 2014).

(Hsieh, Ma & Chao, 2016). Para evaluar la diversidad beta se calculó el índice de Jaccard y se realizó un dendrograma con el paquete VEGAN (<https://github.com/vegandevs/vegan>). Este mostró el patrón de similitud entre los ecosistemas respecto a su composición de peces (Calderón-Patrón, Moreno & Zuria, 2012).

RESULTADOS

Caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos en la MCRT utilizando la técnica de eDNA

Las muestras de eDNA de charcas y ríos generaron un total de 7 016 654 lecturas correspondientes a los muestreos de los años 2020, 2021 y 2023. Después del proceso bioinformático de limpieza, se obtuvo un total de 1 262 997 lecturas con asignación taxonómica correspondiente a peces (MOTUs).

Las MOTUs corresponden a 34 especies pertenecientes a 16 familias y 23 géneros dentro de la clase Actinopterygii. En ríos se encontraron 34 especies de las cuales 20 también tuvieron presencia en las charcas, evidenciando mayor número de especies en ríos. En ambos ecosistemas las familias reportadas con más frecuencia fueron Characidae y Loricariidae. Por otro lado, en el caso de los ríos las más frecuentes fueron Characidae, Loricariidae, Heptapteridae, Cichlidae y Astroblepidae, mientras que en las charcas fueron Erythrinidae y Synbranchidae. Además, todos los géneros fueron detectados en ambos ecosistemas, a excepción de *Poecilia*, *Colossoma*, *Trichomycterus*, *Ancistrus*, *Hypostomus*, *Cetopsorhamdia*, *Ctenobrycon* y *Melanocharacidium*.

Se detectaron especies compartidas entre ambos ecosistemas (Fig. 3), así como también algunas especies que solo pudieron ser identificadas a nivel de género, principalmente correspondientes a la familia Astroblepidae. También se encontraron especies invasoras

como *Oreochromis niloticus* (tilapia) y *Poecilia* sp, mismas que fueron identificadas en ambos ecosistemas. *O.nilotucus* tuvo presencia en todos los sitios de muestreos, mientras que *Poecilia* sp. se identificó únicamente en los ríos en los sitios TrP2 y TrP3.

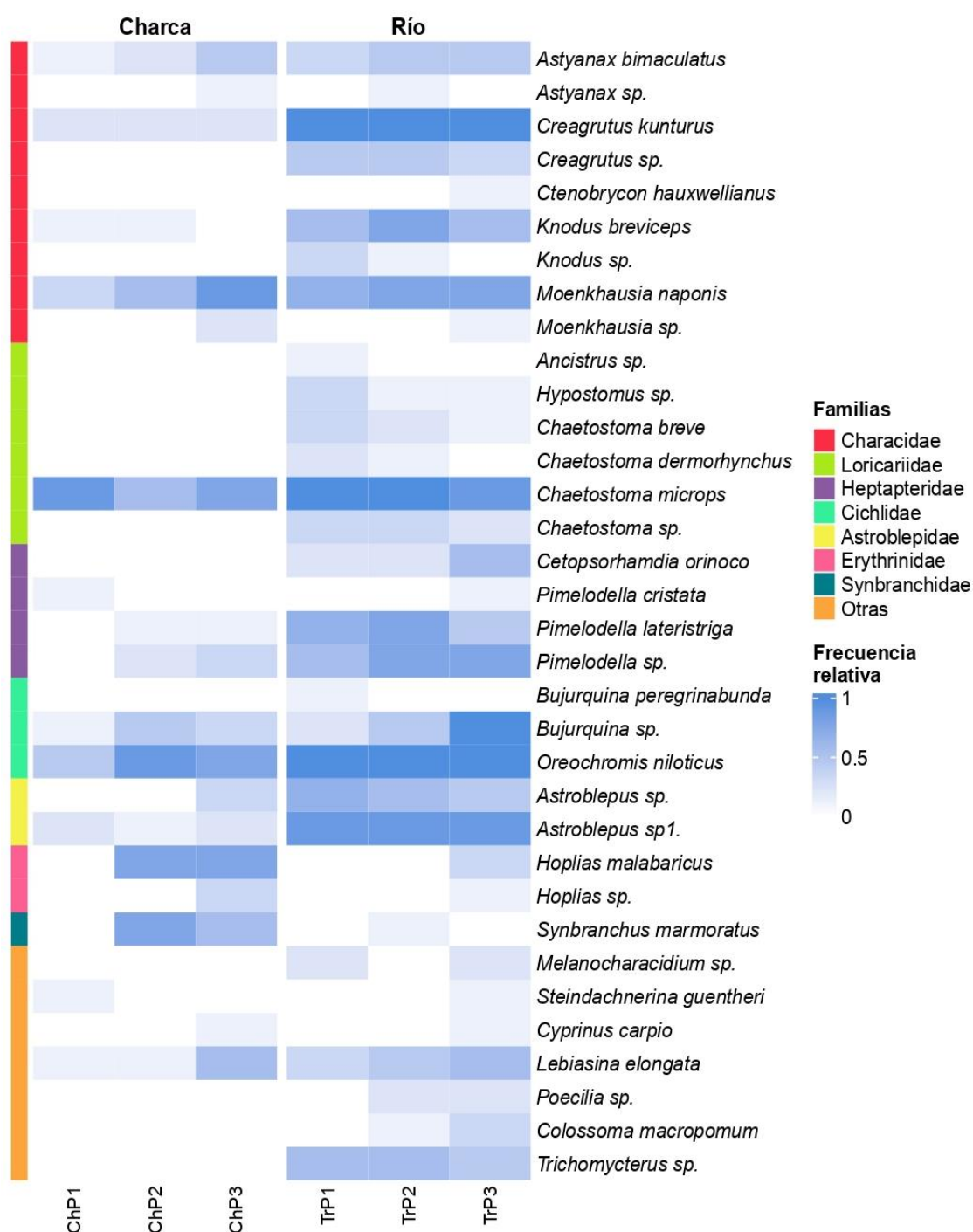


Figura 3. Mapa de calor basado en la frecuencia relativa de las especies encontradas en charcas y ríos. Colores más cálidos corresponden a menor frecuencia de ocurrencia de las especies en los ecosistemas de charcas (izquierda) y río (derecha).

Diversidad alfa (α)

Los valores del índice de Chao-Shannon obtenidos con un 95 % de confianza, para charcas y para ríos, fueron de 14.8 y 24.1 respectivamente, evidenciando una mayor diversidad de especies en los ríos. Las curvas de rarefacción para los dos ecosistemas no alcanzaron niveles estables en los 27 eventos de muestreo.

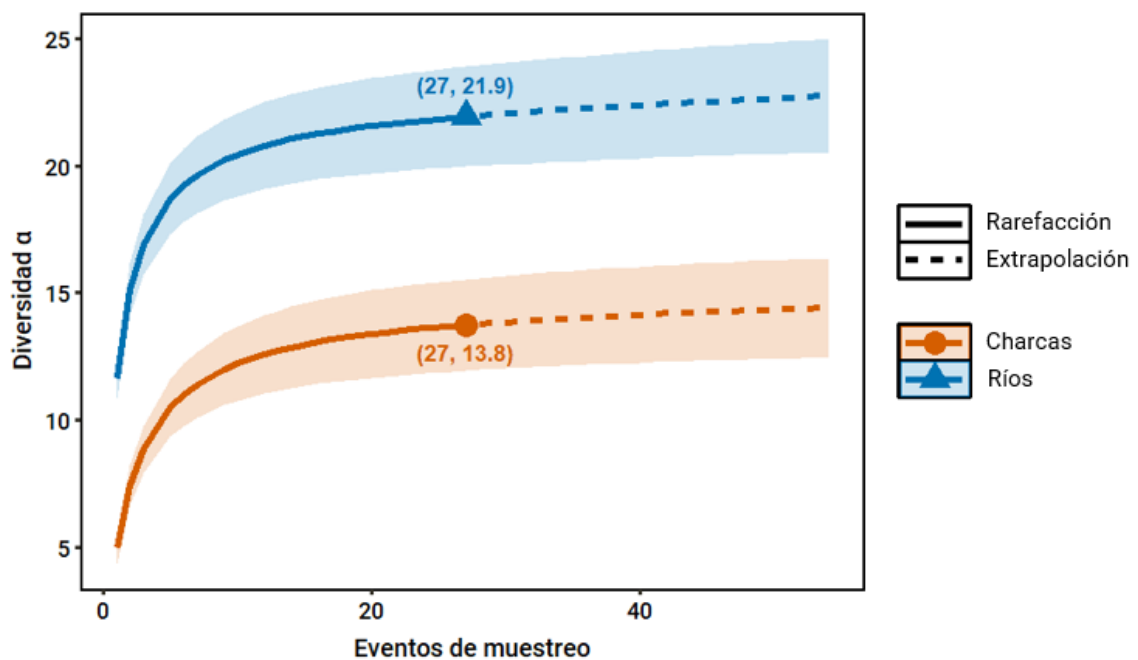


Figura 4. Curvas de rarefacción calculadas con los números de Hill ($q=1$). Muestra la diversidad alfa encontrada en charcas (naranja) y ríos (azul).

Diversidad beta (β)

El dendrograma del índice de Jaccard muestra la similitud que existe entre los puntos de colecta en cuanto a su composición de especies. A pesar de compartir algunas especies de peces, los puntos de muestreo se agrupan según el tipo de ecosistema y se puede evidenciar una diferencia marcada entre la composición de especies en charcas y ríos (Fig. 5).

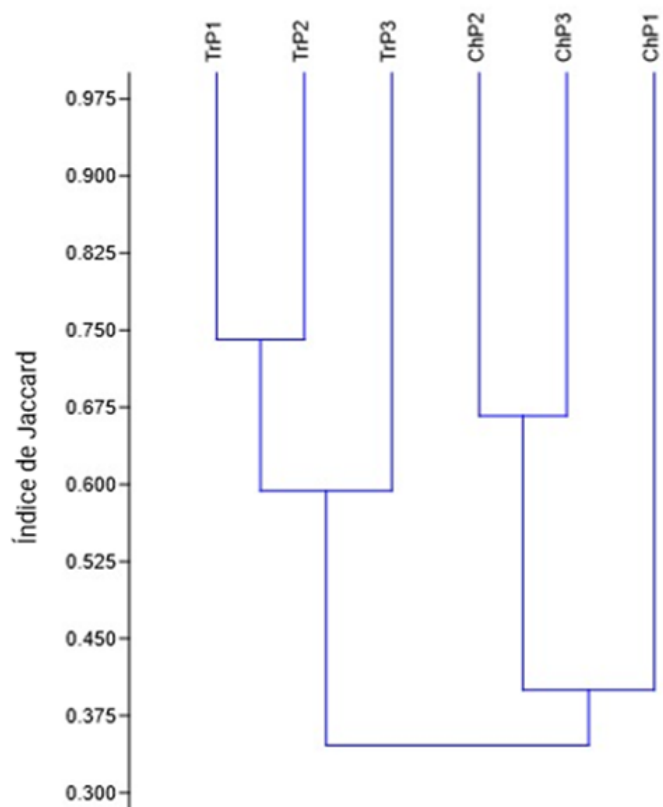


Figura 5. Dendrograma basado en el índice de Jaccard para analizar la similitud entre puntos de muestreo según su composición de especies de peces. Los puntos codificados como TrP corresponden a ríos y ChP corresponden a charcas.

Capacidad de detección de la técnica eDNA y los métodos convencionales para la detección de la diversidad de peces en arroyos de la MCRT

Ambos métodos, en conjunto, detectaron un total 31 especies, de las cuales todas fueron identificadas por eDNA y de estas 12 fueron detectadas también por los métodos convencionales. En total se registraron 12 familias, siendo Characidae la más diversa, donde 7 especies fueron identificadas únicamente con eDNA y 5 con ambos métodos. Seguida de la familia Heptapteridae, donde se detectaron 5 especies con eDNA y de estas, 3 con ambos métodos.

Mediante la técnica de eDNA se encontró especies de baja densidad poblacional como *Synbranchus marmoratus* y especies invasoras como *O.niloticus*, esta última fue detectada en todos los puntos de muestreo a excepción de RP5, RP6 y RP8. Es necesario mencionar que estas especies solo pudieron ser identificadas con la técnica de eDNA y no por los métodos convencionales.

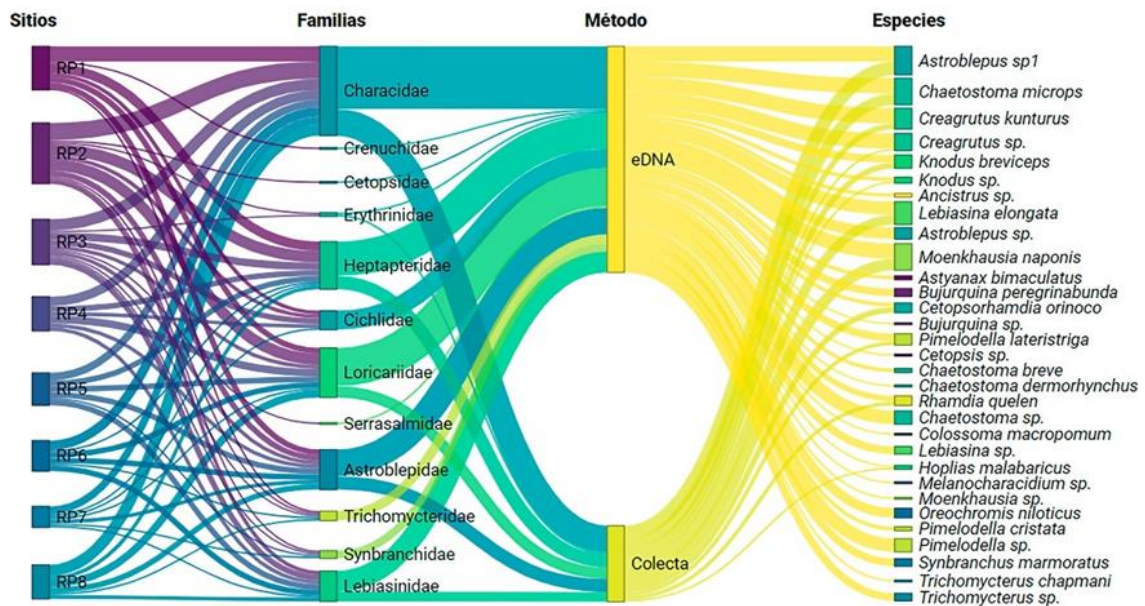


Figura 6. Diagrama Sankey, ilustra el flujo de ocurrencia de las especies registradas con eDNA y con métodos tradicionales.

Diversidad alfa (α)

El valor del índice de Chao-Shannon para la diversidad detectada con la técnica de eDNA fue de 29.1 y para los métodos tradicionales de 13.4, mostrando que el enfoque basado en eDNA es capaz de capturar una mayor diversidad en la muestra. La curva de rarefacción generada para la técnica de eDNA muestra una mayor riqueza de especies en comparación a la curva obtenida para los métodos convencionales. Las curvas para ambos métodos no alcanzaron el punto de saturación.

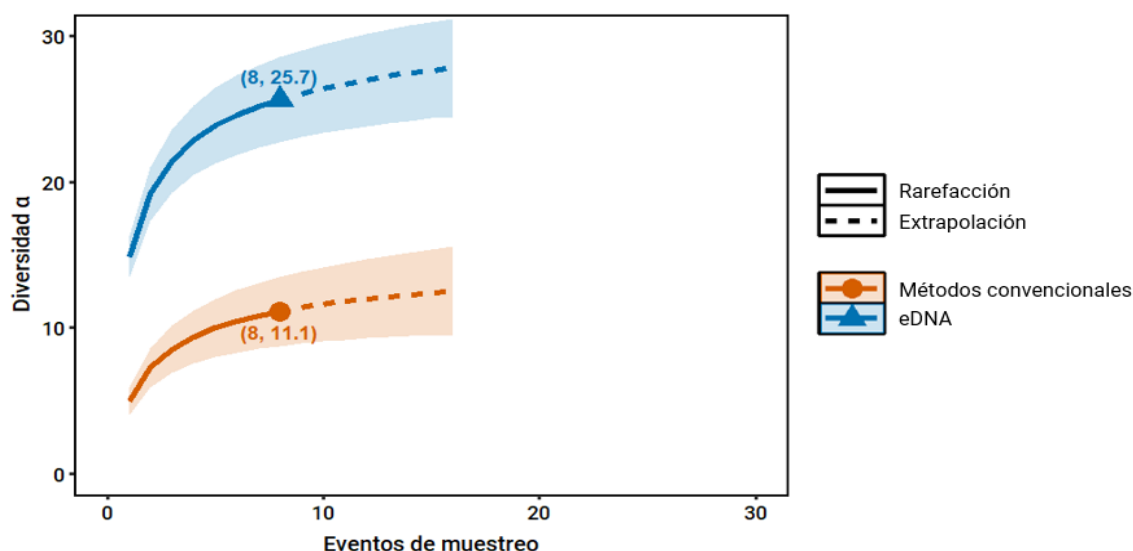


Figura 7. Curvas de rarefacción construidas a partir de los números de Hill ($q=1$) para evaluar la diversidad alfa registrada con eDNA y métodos tradicionales.

DISCUSIÓN

Caracterización de la diversidad de peces en charcas y ríos en la MCRT utilizando la técnica de eDNA

En los últimos años, el estudio de la diversidad acuática basado en eDNA ha incrementado exponencialmente (Valdez-Moreno et al., 2019; Hsu, Chen & Denis, 2023; Qian et al., 2023a; Jiang et al., 2024). En Ecuador esta técnica ha sido empleada para la caracterización de la ictiofauna marina en la región litoral (Willette et al., 2021), para el monitoreo de crustáceos invasores en la región andina (Riascos et al., 2018) y para la detección de anfibios en la Amazonía ecuatoriana (Quilumbaquin et al., 2023). A pesar de que la técnica de eDNA ha demostrado ser eficiente para la detección de varias especies animales en diversos ecosistemas acuáticos del país, no se ha utilizado ampliamente para analizar la diversidad de peces en zonas específicas como la MCRT. La investigación de Quilumbaquin et al., 2023 proporciona evidencia de un registro valioso de ictiofauna en la zona de estudio, razón por la que en este estudio se

incluyeron sus datos de secuenciación con el fin de realizar un análisis más completo de la diversidad de peces.

Se registraron 1 262 997 MOTUs correspondientes a peces, mismas que en algunos casos solo pudieron ser identificadas a nivel de género. Esto podría ser ocasionado por la falta de tejido de especies nativas de la microcuenca para secuenciar e ingresar a la base de referencia del gen 16S. En este sentido, es crucial intensificar los esfuerzos por llenar los vacíos en la base de referencia, con el fin de aumentar la precisión y confiabilidad de la identificación taxonómica utilizando eDNA (Pawlowski et al., 2021; Wang et al., 2021). Las especies que solo pudieron ser identificadas a nivel de género en su mayoría pertenecen a la familia Astroblepidae. Esto podría explicarse por el alto nivel de endemismo y diversidad críptica reportados dentro de la familia (Schaefer et al., 2011). Esta situación dificultó particularmente la identificación morfológica de la especie, ya que las características físicas observables como los patrones de pigmentación pueden ser resultado de contribuciones complejas de múltiples fuentes intrínsecas y extrínsecas, como la ontogenia, el dimorfismo sexual y la variación geográfica (Schaefer et al., 2011; Hernández-Zapata et al., 2018).

Las familias más frecuentes encontradas en charcas y ríos fueron Characidae y Loricariidae (Fig. 3), lo que es consistente con la distribución conocida de peces en la Amazonía ecuatoriana, donde los grupos Characiformes y Siluriformes representan el 85% de las especies de peces (Jiménez-Prado & Valdiviezo-Rivera, 2021). Durante el estudio, se identificaron 34 especies de peces en los ríos, de las cuales únicamente 20 fueron reportadas en las charcas, mostrando un mayor número de ictiofauna en los ríos. La diversidad alfa, que mide la diversidad de especies dentro de un ecosistema específico, enfocándose en la riqueza y la equitatividad, fue calculada con el índice de Chao-Shannon, obteniendo valores de 24.1 y 14.8 para ríos y charcas respectivamente (Fig. 4), lo que evidencia que los ríos son ecosistemas más diversos en especies de peces que las charcas.

La mayor diversidad de peces en los ríos puede deberse principalmente a la conectividad de su red fluvial, que permite el intercambio de organismos y nutrientes, facilitando el desarrollo geomorfológico, el acceso a hábitats adicionales y el mantenimiento de un ecosistema estable (Reid, Reid & Thoms, 2016). La conectividad dentro de las redes fluviales influye directamente en la dinámica y el ensamblaje de comunidades de peces, así como el mantenimiento de su diversidad biológica (Shao et al., 2019). Estas características hacen posible que los ríos tengan un área de drenaje más amplia que las charcas, por lo que son capaces de transportar y dispersar grandes cantidades de eDNA hasta 2 km agua abajo desde su punto de liberación al ambiente. Esto también resulta en una acumulación significativa de diversidad en muestras de agua pertenecientes a ríos (Deiner et al., 2016; Qian et al., 2023).

En contraste, la baja diversidad de peces en charcas podría deberse principalmente a las características hidrológicas, fisicoquímicas y ecológicas propias de este ecosistema, que ocasionan una conectividad fluvial limitada y las somete a condiciones más extremas, como mayor fluctuación de la temperatura, alteración brusca del pH y alta exposición a la luz UV (Hassall, 2014). Estas características influyen en la composición de peces en el ecosistema y también han sido reportadas como factores que afectan la tasa de eliminación y degradación del eDNA, lo que puede afectar a la cantidad de eDNA en las muestras ambientales de las charcas (Harper et al., 2019; Wang et al., 2021).

También se encontró que los ecosistemas lénticos y lóticos de este estudio comparten algunas especies. Sin embargo, la diversidad beta, que mide la similitud en la composición de especies entre dos hábitats diferentes, ilustrada en un dendrograma a partir del índice de Jaccard (Fig. 5), muestra una marcada diferencia en la composición comunitaria de peces entre charcas y ríos. Esto indica que, a pesar de algunas coincidencias, la comunidad de peces en los ríos es distinta a la de las charcas. Los factores que pudieron haber influido en la presencia de especies compartidas son la conectividad y cercanía entre ambos ecosistemas, ya que las charcas pueden ser alimentadas tanto por la escorrentía superficial como por el agua de los ríos adyacentes, misma que vuelve al caudal de los ríos (Jane et al., 2015; Shao et al., 2019). Esta dinámica

no solo facilita el intercambio de agua, sino también el transporte de eDNA, permitiendo que se disperse y se encuentre en múltiples ambientes acuáticos (Deiner et al., 2016). Por esta razón, es importante considerar que la detección del eDNA puede no reflejar la ubicación real de la especie (Jane et al., 2015; Qian et al., 2023).

Además, se encontraron especies que, por su fisiología y ecología, pertenecen a un solo ecosistema, a pesar de que la técnica de eDNA las detectó tanto en charcas como en ríos. En particular, los géneros *Chaetostoma*, *Ancistrus* (Familia Loricariidae) y *Astroblepus* (Astroblepidae) habitan aguas corrientes y oxigenadas, poseen una forma corporal bastante hidrodinámica, con el hocico achatado y una eficiente ventosa bucal que les permite adherirse a las rocas en caudales con alta velocidad (Galvis et al., 2006; Hernández-Zapata et al., 2018). Por el contrario, los géneros *Hypostomus* (Loricariidae), *Synbranchus* (Synbranchidae) y *Hoplias* (Erythrinidae) habitan ecosistemas lénticos y casi anóxicos como las charcas. Especialmente, la especie *Synbranchus marmoratus* y *Hoplias malabaricus* son capaces de respirar aire atmosférico y pueden sobrevivir en terrenos altamente pantanosos (Galvis et al., 2006; Jiménez-Prado & Valdiviezo-Rivera, 2021). En la investigación también se han registrado especies que utilizan a las charcas para movilizarse a través del paisaje urbanizado tales como las pertenecientes a la familia Characidae (Hassall, 2014). Esto podría ser otra explicación a la presencia de especies compartidas en ambos ecosistemas. En este contexto, es de vital importancia conocer las características ecológicas de los peces de la zona, esto ayudará a hacer una estimación más cercana de la diversidad (Quilumbaquin et al., 2023).

El eDNA ha mostrado ser una herramienta prometedora para la detección temprana de especies invasoras y de baja densidad poblacional, debido a su nivel de sensibilidad en la identificación de material genético poco abundante (Harper et al., 2019). Este ha sido utilizado ampliamente para el monitoreo de especies de peces invasores como la carpa asiática en Estados Unidos (Jerde et al., 2013) o el pez luna azul en Japón (Takahara, Minamoto & Doi, 2013). En este estudio se encontraron especies invasoras durante el muestreo con la técnica de eDNA, tales como *O. niloticus* y *Poecilia* sp, mismas que pueden causar perturbaciones en los ecosistemas acuáticos.

La especie *O. niloticus* es considerada una especie invasora debido a la perturbación que causa en las poblaciones de peces nativos, al ser un competidor directo por los recursos y modificar el hábitat donde se encuentra (Jácome et al., 2019; Aguirre et al., 2021). La presencia de *O. niloticus* en las muestras de eDNA en ambos ecosistemas acuáticos podría deberse a la presencia de piscinas de tilapia distribuidas dentro de la MCRT y a la conectividad hidrológica que tienen ambos ambientes. Esta dinámica del agua hace posible que el eDNA se transporte y disperse hacia más ecosistemas desde el punto en donde el eDNA es liberado (Deiner et al., 2016). Por ello, es importante considerar que con el eDNA no solo se pueden detectar especies del lugar de muestreo, sino también especies aledañas a la zona de investigación (Jane et al., 2015; Zhang et al., 2022). Aunque la presencia de *O. niloticus* en las muestras ambientales, no signifique necesariamente que la especie invasora se encuentre libre en los ecosistemas acuáticos, pone en alerta a cerca de la gestión de desechos de las piscinas y control de la posible introducción de especies invasoras hacia el ecosistema (Celi & Villamarín, 2020).

Por otro lado, los Poecílidos no nativos, mejor conocidos como Guppys, han sido introducido principalmente como especies ornamentales, son especies invasoras con gran capacidad de colonización y competitividad por alimentos. Esta especie ha sido implicada incluso en cambios morfológicos en poblaciones de peces afectadas por su presencia (Prado et al., 2020; Aguirre et al., 2021). El género *Poecilia* ha sido detectado en baja frecuencia únicamente en los ríos (Fig. 3). Esto podría deberse posiblemente a su reducida densidad poblacional en la zona de estudio, aunque en otros lugares de la Amazonía ecuatoriana como el río Napo y sistemas lacustres de Limoncocha y Cuyabeno, ya se han detectado por métodos convencionales especies como *Poecilia caucana* y *Poecilia reticulata* (Nugra Salazar et al., 2016; Jiménez-Prado et al., 2020; Aguirre et al., 2021). En este sentido, el enfoque de eDNA puede contribuir al monitoreo efectivo de especies invasoras y con baja densidad poblacional como parte de las estrategias de protección y cuidado de la ictiofauna nativa de los ecosistemas acuáticos amazónicos (Rishan, Kline & Rahman, 2023).

Capacidad de detección de la técnica eDNA y los métodos convencionales para la detección de peces en arroyos de la MCRT

En esta investigación se realizó un estudio comparativo entre la técnica con eDNA y métodos convencionales. Ambos enfoques han sido utilizados ampliamente para estudiar la diversidad de peces en ecosistemas acuáticos de agua dulce, obteniendo resultados favorables (Shaw et al., 2016; Nakagawa et al., 2018; Hallam et al., 2021). Así también, se ha demostrado que el uso de múltiples técnicas de muestreo puede generar información más completa y detallada de la diversidad de especies (Hsu, Chen & Denis, 2023). Combinando ambos métodos, se registraron 31 especies de peces, cuya distribución tiene correspondencia con las reportadas en el área de estudio (Barriga, 2012; Tonella et al., 2023). La técnica de eDNA detectó todas las especies de peces registradas por los métodos convencionales utilizados (12 especies), y a su vez identificó 19 especies adicionales que no fueron encontradas en la colecta manual (Fig. 7).

Los valores de la diversidad alfa obtenidos con el índice de Chao-Shannon para la técnica de eDNA (29.1) y para métodos tradicionales (13.4) (Fig. 7), muestran que el enfoque con eDNA puede captar mayor diversidad de especies. Esto podría deberse a que la técnica de eDNA tiene una mayor cantidad de ADN en las muestras ambientales, por lo que se visualiza una comunidad más variada y heterogénea (Shaw et al., 2016). Por otro lado, la reducida detectabilidad de especies de los métodos convencionales, podría estar relacionado con el sesgo de estos métodos ante la temporalidad de las especies, comportamiento de huida, esfuerzo de muestreo, prevalencia, tamaños poblacionales y el microhábitat ocupado (Shaw et al., 2016; Yang et al., 2023). Cabe mencionar que las curvas de rarefacción para ambos métodos no alcanzan su punto de saturación, lo que sugiere que al aumentar el de esfuerzo de muestreo se podrían encontrar más especies para ambos enfoques de muestreo (Fig. 7).

También se registró la presencia de especies invasoras como *O. niloticus* con el método eDNA, sin embargo, no fue capturada durante los muestreos con métodos tradicionales. Esto podría deberse a la presencia de piscinas de tilapia distribuidas a lo largo de la zona de muestreo así como a la dinámica propia del eDNA que hace posible su dispersión en los ecosistemas acuáticos (Jane et al., 2015; Jácome et al., 2019). Por otro lado, no capturar *O. niloticus* con los métodos convencionales, no sugiere que estos sean menos efectivos, sino más bien, evidencia que *O. niloticus* aún no se encuentra distribuida en gran medida en los ríos. Sin embargo, estos resultados ponen en alerta a la protección y conservación del hábitat en cuanto a la presencia de especies invasoras (Celi & Villamarín, 2020). En este sentido, el enfoque basado en eDNA ha mostrado ser una herramienta eficiente para la detección de especies invasoras siendo más sensible a la detección de especies con bajo número poblacional.

CONCLUSIONES

La técnica de eDNA demostró ser una herramienta efectiva para la caracterización de la diversidad de peces en ecosistemas lóticos y lénticos de la MCRT. Sin embargo, algunas MOTUs solo pudieron ser identificadas a nivel de género debido a la falta de referencias en la base de datos del gen 16S para especies endémicas. Este hallazgo subraya la importancia de ampliar las bases de referencia genéticas para mejorar la precisión y confiabilidad de la identificación taxonómica.

En el estudio de la caracterización de la diversidad de peces con eDNA, la técnica permitió detectar 34 especies pertenecientes a 16 familias y 23 géneros, encontrando mayor diversidad de peces en los ríos que en las charcas. Estas diferencias pueden atribuirse a las características hidrológicas, fisicoquímicas y ecológicas propias de cada ecosistema. Entre ellos, la red de conectividad fluvial, cambios bruscos de temperatura, pH y exposición a la luz UV. Estas se encuentran implicadas tanto en la composición de la diversidad de peces como en la acumulación y dispersión del eDNA.

En el estudio comparativo entre el enfoque basado eDNA y los métodos convencionales se detectó un total de 31 especies con ambos métodos. Todas estas especies fueron identificadas en las muestras de eDNA y solo 12 de ellas fueron detectadas por métodos convencionales. Esto indicó que el eDNA ofrece una visión más completa de la diversidad de especies y puede complementarse con métodos tradicionales para mejorar la evaluación de la biodiversidad.

En ambos estudios se encontraron especies invasoras como *O. niloticus* y *Poecilia* sp., y especies con baja densidad poblacional como *Synbranchus marmoratus*. La detección de estas especies resalta la sensibilidad del enfoque con eDNA y su potencial para la gestión y conservación de la biodiversidad acuática

REFERENCIAS

- Aguirre WE, Alvarez-Mieles G, Anaguano-Yancha F, Burgos Morán R, Cucalón RV, Escobar-Camacho D, Jácome-Negrete I, Jiménez Prado P, Laaz E, Miranda-Troya K, Navarrete-Amaya R, Nugra Salazar F, Revelo W, Rivadeneira JF, Valdiviezo Rivera J, Zárate Hugo E. 2021. Conservation threats and future prospects for the freshwater fishes of Ecuador: A hotspot of Neotropical fish diversity. *Journal of Fish Biology* 99:1158–1189. DOI: 10.1111/jfb.14844.
- Antich A, Palacin C, Wangenstein OS, Turon X. 2021. To denoise or to cluster, that is not the question: optimizing pipelines for COI metabarcoding and metaphylogeography. *BMC Bioinformatics* 22:177. DOI: 10.1186/s12859-021-04115-6.
- Baetens D. 2019. Ecological monitoring of amphibian breeding ponds in the Flemish Ardennes: from hand net to eDNA /
- Barnes MA, Turner CR. 2016. The ecology of environmental DNA and implications for conservation genetics. *Conservation Genetics* 17:1–17. DOI: 10.1007/s10592-015-0775-4.
- Barriga R. 2012. Lista de Peces de Agua dulce e Intermareales del Ecuador.
- Beaumont W, Taylor A, Lee M, Welton J. 2002. Guidelines for Electric Fishing Best Practice.
- Blessing JJ, Marshall JC, Balcombe SR. 2010. Humane killing of fishes for scientific research: a comparison of two methods. *Journal of Fish Biology* 76:2571–2577. DOI: 10.1111/j.1095-8649.2010.02633.x.
- Calderón-Patrón JM, Moreno CE, Zuria I. 2012. La diversidad beta: medio siglo de avances. *Revista mexicana de biodiversidad* 83:879–891. DOI: 10.7550/rmb.25510.
- Carbone L. 2014. Chapter 11 - Euthanasia and Laboratory Animal Welfare. In: Bayne K, Turner PV eds. *Laboratory Animal Welfare*. American College of Laboratory Animal Medicine. Boston: Academic Press, 157–169. DOI: 10.1016/B978-0-12-385103-1.00011-7.
- Castello L, Macedo MN. 2016. Large-scale degradation of Amazonian freshwater ecosystems. *Global Change Biology* 22:990–1007. DOI: 10.1111/gcb.13173.
- Celi JE, Villamarín F. 2020. Freshwater ecosystems of Mainland Ecuador: diversity, issues and perspectives. *Acta Limnologica Brasiliensia* 32:e106. DOI: 10.1590/S2179-975X3220.
- Chao A, Gotelli NJ, Hsieh TC, Sander EL, Ma KH, Colwell RK, Ellison AM. 2014. Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: a framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological Monographs* 84:45–67. DOI: 10.1890/13-0133.1.
- Côte J, Poulet N, Blanc L, Grenouillet G. 2023. Disentangling the effects of different human disturbances on multifaceted biodiversity indices in freshwater fish. *Ecological Applications* 33:e2845. DOI: 10.1002/eap.2845.

- De Coster W, D'Hert S, Schultz DT, Cruts M, Van Broeckhoven C. 2018. NanoPack: visualizing and processing long-read sequencing data. *Bioinformatics* 34:2666–2669. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty149.
- De Coster W, Rademakers R. 2023. NanoPack2: population-scale evaluation of long-read sequencing data. *Bioinformatics* 39:btad311. DOI: 10.1093/bioinformatics/btad311.
- Deiner K, Fronhofer EA, Mächler E, Walser J-C, Altermatt F. 2016. Environmental DNA reveals that rivers are conveyor belts of biodiversity information. *Nature Communications* 7:12544. DOI: 10.1038/ncomms12544.
- Deiner K, Yamanaka H, Bernatchez L. 2021. The future of biodiversity monitoring and conservation utilizing environmental DNA. *Environmental DNA* 3:3–7. DOI: 10.1002/edn3.178.
- Escobar-Camacho D, Barriga R, Ron SR. 2015. Discovering Hidden Diversity of Characins (Teleostei: Characiformes) in Ecuador's Yasuní National Park. *PLOS ONE* 10:e0135569. DOI: 10.1371/journal.pone.0135569.
- Escobar-Camacho D, Rosero-López D, Ruiz-Urigüen M, Barragán KS, Carpintero-Salvador N, Daza JR, Aldous A, Benítez S, Tear T, Encalada AC. 2024. Mercury in aquatic ecosystems of two indigenous communities in the Piedmont Ecuadorian Amazon: evidence from fish, water, and sediments. *Ecotoxicology*. DOI: 10.1007/s10646-024-02764-w.
- Froese R, Pauly D. 2024. FishBase.
- Fujii K, Doi H, Matsuoka S, Nagano M, Sato H, Yamanaka H. 2019. Environmental DNA metabarcoding for fish community analysis in backwater lakes: A comparison of capture methods. *PLOS ONE* 14:e0210357. DOI: 10.1371/journal.pone.0210357.
- GADM Tena. 2023. Plan de ordenamiento territorial (PDOT) 2021-2023 Tena.
- Galvis G, Mojica J, Duque S, Castellanos C, Sánchez Duarte P, Arce H. M, Gutiérrez-Cortés A, Jimenez-Segura L, Santos-Acevedo M, Vejarano S, Arbeláez F, Prieto Piraquive E, Leiva M. 2006. *Peces del medio Amazonas, Región de Leticia*.
- Gao H, Qu W, Ren Z, Zhang B, Liu J, Duan Z. 2023. Fish communities and diversity in river ecosystems on the Qinghai-Tibet Plateau revealed by environmental DNA (eDNA) method. *Ecological Indicators* 156:111185. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.111185.
- Gu S, Deng Y, Wang P, Li C, Shi D, Wang S. 2023. Assessing riverine fish community diversity and stability by eDNA metabarcoding. *Ecological Indicators* 157:111222. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.111222.
- Gu Z, Eils R, Schlesner M. 2016. Complex heatmaps reveal patterns and correlations in multidimensional genomic data. *Bioinformatics* 32:2847–2849. DOI: 10.1093/bioinformatics/btw313.
- Hallam J, Clare EL, Jones JJ, Day JJ. 2021. Biodiversity assessment across a dynamic riverine system: A comparison of eDNA metabarcoding versus traditional fish surveying methods. *Environmental DNA* 3:1247–1266. DOI: 10.1002/edn3.241.
- Harper LR, Buxton AS, Rees HC, Bruce K, Brys R, Halfmaerten D, Read DS, Watson HV, Sayer CD, Jones EP, Priestley V, Mächler E, Múrrica C, Garcés-Pastor S, Medupin C, Burgess K, Benson G, Boonham N,

- Griffiths RA, Lawson Handley L, Hänfling B. 2019. Prospects and challenges of environmental DNA (eDNA) monitoring in freshwater ponds. *Hydrobiologia* 826:25–41. DOI: 10.1007/s10750-018-3750-5.
- Hassall C. 2014. The ecology and biodiversity of urban ponds. *WIREs Water* 1:187–206. DOI: 10.1002/wat2.1014.
- He W, Xu D, Liang Y, Ren L, Fang D. 2022. Using eDNA to assess the fish diversity and spatial characteristics in the Changjiang River-Shijiu Lake connected system. *Ecological Indicators* 139:108968. DOI: 10.1016/j.ecolind.2022.108968.
- Hernández-Zapata M, Ochoa-Orrego LE, Jiménez-Segura LF, Hernández-Zapata M, Ochoa-Orrego LE, Jiménez-Segura LF. 2018. Métodos de ADN Barcode revelan diversidad de especies de *Astroblepus* en la cuenca del río Porce, Colombia. *Actualidades Biológicas* 40:59–71. DOI: 10.17533/udea.acbi.v40n108a06.
- Hsieh TC, Ma KH, Chao A. 2016. iNEXT: an R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). *Methods in Ecology and Evolution* 7:1451–1456. DOI: 10.1111/2041-210X.12613.
- Hsu T-HT, Chen W-J, Denis V. 2023. Navigating the scales of diversity in subtropical and coastal fish assemblages ascertained by eDNA and visual surveys. *Ecological Indicators* 148:110044. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.110044.
- Hurtado-Pidal J, Acero Triana JS, Espitia-Sarmiento E, Jarrín-Pérez F. 2020. Flood Hazard Assessment in Data-Scarce Watersheds Using Model Coupling, Event Sampling, and Survey Data. *Water* 12:2768. DOI: 10.3390/w12102768.
- Jácome J, Quezada Abad C, Sánchez Romero O, Pérez JE, Nirchio M. 2019. Tilapia en Ecuador: paradoja entre la producción acuícola y la protección de la biodiversidad ecuatoriana. *Revista Peruana de Biología* 26:543–550. DOI: 10.15381/rpb.v26i4.16343.
- Jane SF, Wilcox TM, McKelvey KS, Young MK, Schwartz MK, Lowe WH, Letcher BH, Whiteley AR. 2015. Distance, flow and PCR inhibition: e DNA dynamics in two headwater streams. *Molecular Ecology Resources* 15:216–227. DOI: 10.1111/1755-0998.12285.
- Jerde CL, Chadderton WL, Mahon AR, Renshaw MA, Corush J, Budny ML, Mysorekar S, Lodge DM. 2013. Detection of Asian carp DNA as part of a Great Lakes basin-wide surveillance program. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 70:522–526. DOI: 10.1139/cjfas-2012-0478.
- Jézéquel C, Tedesco PA, Bigorne R, Maldonado-Ocampo JA, Ortega H, Hidalgo M, Martens K, Torrente-Vilara G, Zuanon J, Acosta A, Agudelo E, Barrera Maure S, Bastos DA, Bogotá Gregory J, Cabeceira FG, Canto ALC, Carvajal-Vallejos FM, Carvalho LN, Cella-Ribeiro A, Covain R, Donascimento C, Dória CRC, Duarte C, Ferreira EJG, Galuch AV, Giarrizzo T, Leitão RP, Lundberg JG, Maldonado M, Mojica JI, Montag LFA, Ohara WM, Pires THS, Pouilly M, Prada-Pedrerros S, de Queiroz LJ, Rapp Py-Daniel L, Ribeiro FRV, Ríos Herrera R, Sarmiento J, Sousa LM, Stegmann LF, Valdiviezo-Rivera J, Villa F, Yunoki T, Oberdorff T. 2020. A database of freshwater fish species of the Amazon Basin. *Scientific Data* 7:96. DOI: 10.1038/s41597-020-0436-4.

- Jiang P, Xu Y, Zhang S, Xu S, Cai Y, Yang Y, Chen Z, Li M. 2024. Advancing fish diversity monitor in degraded marine ecosystem with environmental DNA approach: Unveiling hidden riches. *Ecological Indicators* 160:111893. DOI: 10.1016/j.ecolind.2024.111893.
- Jiménez-Prado P, Valdiviezo-Rivera J. 2021. *LIBRO DIVERSIDAD DE PECES EN ECUADOR*.
- Jiménez-Prado P, Vásquez F, Rodríguez-Olarte D, Taphorn D, Jiménez-Prado P, Vásquez F, Rodríguez-Olarte D, Taphorn D. 2020. Effects of the invasive species *Poecilia gillii*(Cyprinodontiformes: Poeciliidae) on *Pseudopoecilia fria* in coastal rivers of the Choco region, Ecuador. *Revista de Biología Tropical* 68:122–138. DOI: 10.15517/rbt.v68i1.36000.
- Kampouris TE, Pappou S, Erga Z, Kouloumperis V, Batjakas IE. 2023. Assessing the fish fauna diversity and abundance at Aegean and Ionian seas, with emphasis on certain NIS fish species via Scientific diving and Visual Census. *PLOS ONE* 18:e0294770. DOI: 10.1371/journal.pone.0294770.
- Kasmi Y, Neumann H, Haslob H, Blancke T, Möckel B, Postel U, Hanel R. 2024. Comparative analysis of bottom trawl and nanopore sequencing in fish biodiversity assessment: The sylt outer reef example. *Marine Environmental Research* 199:106602. DOI: 10.1016/j.marenvres.2024.106602.
- López-Rodríguez A, Meerhoff M, D'Anatro A, de Ávila-Simas S, Silva I, Pais J, Teixeira de Mello F, Reynalte-Tataje DA, Zaniboni-Filho E, González-Bergonzoni I. 2024. Longitudinal changes on ecological diversity of Neotropical fish along a 1700 km river gradient show declines induced by dams. *Perspectives in Ecology and Conservation* 22:186–195. DOI: 10.1016/j.pecon.2024.03.003.
- Maestri S, Cosentino E, Paterno M, Freitag H, Garces JM, Marcolungo L, Alfano M, Njunjić I, Schilthuisen M, Slik F, Menegon M, Rossato M, Delledonne M. 2019. A Rapid and Accurate MinION-Based Workflow for Tracking Species Biodiversity in the Field. *Genes* 10:468. DOI: 10.3390/genes10060468.
- Maracle SR, Tournayre O, Windle MJS, Cormier E, Schwartz K, Wylie-Arbic M, Rundle E, Perron MA, Francis A, Loughheed SC. 2024. Nearshore fish diversity changes with sampling method and human disturbance: Comparing eDNA metabarcoding and seine netting along the Upper St. Lawrence River. *Journal of Great Lakes Research*:102317. DOI: 10.1016/j.jglr.2024.102317.
- Ministerio del Ambiente. 2013.Sistema de Clasificación de Ecosistemas de Ecuador Continental. *Available at <https://es.scribd.com/document/263151462/Sistema-de-clasificacion-de-ecosistemas-de-Ecuador-continental-pdf>* (accessed May 9, 2024).
- Nakagawa H, Yamamoto S, Sato Y, Sado T, Minamoto T, Miya M. 2018. Comparing local- and regional-scale estimations of the diversity of stream fish using eDNA metabarcoding and conventional observation methods. *Freshwater Biology* 63:569–580. DOI: 10.1111/fwb.13094.
- Nugra Salazar F, Benítez MB, Zarate E, Fernández de Córdova J, Celi JE. 2016.PECES comunes del Río Napo y sistemas lacustres de LIMONCOCHA Y CUYABENO. *Available at <https://es.scribd.com/document/363254616/811-ecuador-peces-de-cuyabeno-pdf>*.
- Pawlowski J, Bonin A, Boyer F, Cordier T, Taberlet P. 2021. Environmental DNA for biomonitoring. *Molecular Ecology* 30:2931–2936. DOI: 10.1111/mec.16023.

- Pont D, Valentini A, Rocle M, Maire A, Delaigue O, Jean P, Dejean T. 2021. The future of fish-based ecological assessment of European rivers: from traditional EU Water Framework Directive compliant methods to eDNA metabarcoding-based approaches. *Journal of Fish Biology* 98:354–366. DOI: 10.1111/jfb.14176.
- Pottier G, Beaumont WR, Marchand F, Le Bail P, Azam D, Rives J, Vigouroux R, Roussel J. 2020. Electrofishing in streams of low water conductivity but high biodiversity value: Challenges, limits and perspectives. *Fisheries Management and Ecology* 27:52–63. DOI: 10.1111/fme.12384.
- Prado PJJ, Vásquez F, Rodríguez-Olarte D, Taphorn D. 2020. Efectos de la especie invasora (Cyprinodontiformes: Poeciliidae) sobre *Pseudopoecilia fria* en ríos costeros de la región del Chocó, Ecuador. *Revista de Biología Tropical* 68:122–138. DOI: 10.15517/rbt.v68i1.36000.
- Qian M-M, Wang Z-Y, Zhou Q, Wang J, Shao Y, Qiao Q, Fan J-T, Yan Z-G. 2023. Environmental DNA unveiling the fish community structure and diversity features in the Yangtze River basin. *Environmental Research* 239:117198. DOI: 10.1016/j.envres.2023.117198.
- Quilumbaquin W, Carrera-Gonzalez A, Van Der Heyden C, Ortega-Andrade HM. 2023. Environmental DNA and visual encounter surveys for amphibian biomonitoring in aquatic environments of the Ecuadorian Amazon. *PeerJ* 11:e15455. DOI: 10.7717/peerj.15455.
- R: The R Project for Statistical Computing. Available at <https://www.r-project.org/> (accessed June 5, 2024).
- Reid MA, Reid MC, Thoms MC. 2016. Ecological significance of hydrological connectivity for wetland plant communities on a dryland floodplain river, MacIntyre River, Australia. *Aquatic Sciences* 78:139–158. DOI: 10.1007/s00027-015-0414-7.
- Reis RE, Albert JS, Di Dario F, Mincarone MM, Petry P, Rocha LA. 2016. Fish biodiversity and conservation in South America. *Journal of Fish Biology* 89:12–47. DOI: 10.1111/jfb.13016.
- Riascos L, Geerts AN, Oña T, Goethals P, Cevallos-Cevallos J, Vanden Berghe W, Volckaert FAM, Bonilla J, Muylaert K, Velarde E, Boets P, Van der heyden C. 2018. DNA-based monitoring of the alien invasive North American crayfish *Procambarus clarkii* in Andean lakes (Ecuador). *Limnologia* 70:20–25. DOI: 10.1016/j.limno.2018.02.002.
- RIC. 1997. *Fish Collection Methods and Standards*. Vancouver.
- Rishan ST, Kline RJ, Rahman MS. 2023. Applications of environmental DNA (eDNA) to detect subterranean and aquatic invasive species: A critical review on the challenges and limitations of eDNA metabarcoding. *Environmental Advances* 12:100370. DOI: 10.1016/j.envadv.2023.100370.
- Ruan H-T, Wang R-L, Li H-T, Liu L, Kuang T-X, Li M, Zou K-S. 2022. Effects of sampling strategies and DNA extraction methods on eDNA metabarcoding: A case study of estuarine fish diversity monitoring. *Zoological Research* 43:192–204. DOI: 10.24272/j.issn.2095-8137.2021.331.
- Sahlin K, Lim MCW, Prost S. 2021. NGSpeciesID: DNA barcode and amplicon consensus generation from long-read sequencing data. *Ecology and Evolution* 11:1392–1398. DOI: 10.1002/ece3.7146.

- Schaefer SA, Chakrabarty P, Geneva AJ, Sabaj Pérez MH. 2011. Nucleotide sequence data confirm diagnosis and local endemism of variable morphospecies of Andean astroblepid catfishes (Siluriformes: Astroblepidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* 162:90–102. DOI: 10.1111/j.1096-3642.2010.00673.x.
- Shao X, Fang Y, Jawitz JW, Yan J, Cui B. 2019. River network connectivity and fish diversity. *Science of The Total Environment* 689:21–30. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.06.340.
- Shaw JLA, Clarke LJ, Wedderburn SD, Barnes TC, Weyrich LS, Cooper A. 2016. Comparison of environmental DNA metabarcoding and conventional fish survey methods in a river system. *Biological Conservation* 197:131–138. DOI: 10.1016/j.biocon.2016.03.010.
- Shi Y, Wang S, Lin X, Li H, Li A, Fan J. 2023. Unraveling fish diversity and assembly patterns in a temperate river: Evidence from environmental DNA metabarcoding and morphological data. *Ecological Indicators* 156:111111. DOI: 10.1016/j.ecolind.2023.111111.
- Shu L, Ludwig A, Peng Z. 2020. Standards for Methods Utilizing Environmental DNA for Detection of Fish Species. *Genes* 11:296. DOI: 10.3390/genes11030296.
- Su G, Logez M, Xu J, Tao S, Villéger S, Brosse S. 2021. Human impacts on global freshwater fish biodiversity. *Science (New York, N.Y.)* 371:835–838. DOI: 10.1126/science.abd3369.
- Takahara T, Minamoto T, Doi H. 2013. Using Environmental DNA to Estimate the Distribution of an Invasive Fish Species in Ponds. *PLOS ONE* 8:e56584. DOI: 10.1371/journal.pone.0056584.
- Tessier A, Descloux S, Lae R, Cottet M, Guedant P, Guillard J. 2016. Fish Assemblages in Large Tropical Reservoirs: Overview of Fish Population Monitoring Methods. *Reviews in Fisheries Science & Aquaculture* 24:160–177. DOI: 10.1080/23308249.2015.1112766.
- Tonella LH, Ruaro R, Daga VS, Garcia DAZ, Vitorino OB, Lobato-de Magalhães T, Dos Reis RE, Di Dario F, Petry AC, Mincarone MM, de Assis Montag LF, Pompeu PS, Teixeira AAM, Carmassi AL, Sánchez AJ, Giraldo Pérez A, Bono A, Datovo A, Flecker AS, Sanches A, Godinho AL, Matthiensen A, Peressin A, Hilsdorf AWS, Barufatti A, Hirschmann A, Jung A, Cruz-Ramírez AK, Braga Silva A, Cunico AM, Saldanha Barbosa A, de Castro Barradas A, Rêgo ACL, Franco ACS, Costa APL, Vidotto-Magnoni AP, Ferreira A, Kassner Filho A, Nobile AB, Magalhães ALB, da Silva AT, Bialecki A, Dos Santos Marocolo Gomes AC, Nobre AB, Casimiro ACR, Angulo Sibaja A, Dos Santos AAC, de Araújo ÁR, Frota A, Quirino BA, Ferreira BM, Albuquerque BW, Meneses BA, Oliveira BT, Torres Parahyba Campos BA, Gonçalves BB, Kubiak BB, da Silveira Prudente B, de Araujo Passos Pacheco BG, Nakagawa BK, do Nascimento BTM, Maia C, Cantagallo Devids C, Rezende CF, Muñoz-Mendoza C, Peres CA, de Sousa Rodrigues Filho CA, de Lucena CAS, Fernandes CA, Kasper CB, Donascimento C, Emidio C, Carrillo-Moreno C, Machado C, Pera C, Hartmann C, Pringle CM, Leal CG, Jézéquel C, Harrod C, da Rosa CA, Quezada-Romegialli C, Pott CM, Larentis C, Nascimento CAS, da Silva Gonçalves C, da Cunha CJ, Pisicchio CM, de Carvalho DC, Galiano D, Gomez-Uchida D, Santana DO, Salas Johnson D, Petsch DK, de Freitas DTH, Bailly D, Machado DF, de Carvalho DR, Topan DH, Cañas-Rojas D, da Silva D, Freitas-Souza D, Lima-Júnior DP, Piscor D, Moraes DP,

Viana D, Caetano DLF, Gubiani ÉA, Okada EK, do Amaral EC, Brambilla EM, Cunha ER, Kashiwaqui EAL, Rocha EA, Barp EA, da Costa Fraga E, D’Bastiani E, Zandonà E, Dary EP, Benedito E, Barba-Macías E, Calvache Uvidia EV, Fonseca FL, Ferreira FS, Lima F, Maffei F, Porto-Foresti F, Teresa FB, de Andrade Frehse F, Oliveira FJM, da Silva FP, de Lima FP, do Prado FD, Jerep FC, Vieira FEG, Gertum Becker F, de Carvalho FR, Ubaid FK, Teixeira FK, Provenzano Rizzi F, Severo-Neto F, Villamarín F, de Mello FT, Keppeler FW, de Avila Batista G, de Menezes Yazbeck G, Tesitore G, Salvador GN, Soteroruda Brito GJ, Carmassi GR, Kurchevski G, Goyenola G, Pereira HR, Alvez HJFS, do Prado HA, Pinho HLL, Sousa HL, Bornatowski H, de Oliveira Barbosa H, Tobes I, de Paiva Affonso I, Queiroz IR, Vila I, Negrete IVJ, Prado IG, Vitule JRS, Figueiredo-Filho J, Gonzalez JA, de Faria Falcão JC, Teixeira JV, Pincheira-Ulbrich J, da Silva JC, de Araujo Filho JA, da Silva JFM, Genova JG, Giovanelli JGR, Andriola JVP, Alves J, Valdiviezo-Rivera J, Brito J, Botero JIS, Liotta J, Ramirez JL, Marinho JR, Birindelli JLO, Novaes JLC, Hawes JE, Ribolli J, Rivadeneira JF, Schmitter-Soto JJ, Assis JC, da Silva JP, Dos Santos JS, Wingert J, Wojciechowski J, Bogoni JA, Ferrer J, Solórzano JCJ, Sá-Oliveira JC, Vaini JO, Contreras Palma K, Orlandi Bonato K, de Lima Pereira KD, Dos Santos Sousa K, Borja-Acosta KG, Carneiro L, Faria L, de Oliveira LB, Resende LC, da Silva Ingenito LF, Oliveira Silva L, Rodrigues LN, Guarderas-Flores L, Martins L, Tonini L, Braga LTMD, Gomes LC, de Fries L, da Silva LG, Jarduli LR, Lima LB, Gomes Fischer L, Wolff LL, Dos Santos LN, Bezerra LAV, Sarmiento Soares LM, Manna LR, Duboc LF, Dos Santos Ribas LG, Malabarba LR, Brito MFG, Braga MR, de Almeida MS, Sily MC, Barros MC, do Nascimento MHS, de Souza Delapieve ML, Piedade MTF, Tagliaferro M, de Pinna MCC, Yáñez-Muñoz MH, Orsi ML, da Rosa MF, Bastiani M, Stefani MS, Buenaño-Carriel M, Moreno MEV, de Carvalho MM, Kütter MT, Freitas MO, Cañas-Merino M, Cetra M, Herrera-Madrid M, Petrucio MM, Galetti M, Salcedo MÁ, Pascual M, Ribeiro MC, Abelha MCF, da Silva MA, de Araujo MP, Dias MS, Guimaraes Sales N, Benone NL, Sartor N, Fontoura NF, de Souza Trigueiro NS, Álvarez-Pliego N, Shibatta OA, Tedesco PA, Lehmann Albornoz PC, Santos PHF, Freitas PV, Fagundes PC, de Freitas PD, Mena-Valenzuela P, Tufiño P, Catelani PA, Peixoto P, Ilha P, de Aquino PDPU, Gerhard P, Carvalho PH, Jiménez-Prado P, Galetti PM, Borges PP, Nitschke PP, Manoel PS, Bernardes Perônico P, Soares PT, Piana PA, de Oliveira Cunha P, Plesley P, de Souza RCR, Rosa RR, El-Sabaawi RW, Rodrigues RR, Covain R, Loures RC, Braga RR, Ré R, Bigorne R, Cassemiro Biagioni R, Silvano RAM, Dala-Corte RB, Martins RT, Rosa R, Sartorello R, de Almeida Nobre R, Bassar RD, Gurgel-Lourenço RC, Pinheiro RFM, Carneiro RL, Florido R, Mazzoni R, Silva-Santos R, de Paula Santos R, Delariva RL, Hartz SM, Brosse S, Althoff SL, Nóbrega Marinho Furtado S, Lima-Junior SE, Lustosa Costa SY, Arrolho S, Auer SK, Bellay S, de Fátima Ramos Guimarães T, Francisco TM, Mantovano T, Gomes T, Ramos TPA, de Assis Volpi T, Emiliano TM, Barbosa TAP, Balbi TJ, da Silva Campos TN, Silva TT, Occhi TVT, Garcia TO, da Silva Freitas TM, Begot TO, da Silveira TLR, Lopes U, Schulz UH, Fagundes V, da Silva VFB, Azevedo-Santos VM, Ribeiro V, Tibúrcio VG, de Almeida VLL, Isaac-Nahum VJ, Abilhoa V, Campos VF, Kütter VT, de Mello Cionek V, Prodócimo V, Vicentin W, Martins WP, de Moraes Pires WM,

- da Graça WJ, Smith WS, Dáttilo W, Aguirre Maldonado WE, de Carvalho Rocha YGP, Suárez YR, de Lucena ZMS. 2023. NEOTROPICAL FRESHWATER FISHES: A dataset of occurrence and abundance of freshwater fishes in the Neotropics. *Ecology* 104:e3713. DOI: 10.1002/ecy.3713.
- Valdez-Moreno M, Ivanova NV, Elías-Gutiérrez M, Pedersen SL, Bessonov K, Hebert PDN. 2019. Using eDNA to biomonitor the fish community in a tropical oligotrophic lake. *PLOS ONE* 14:e0215505. DOI: 10.1371/journal.pone.0215505.
- van der Laan R, Fricke R, Eschmeyer WN. 2024. CAS - Eschmeyer's Catalog of Fishes: Species. Available at <https://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>
- van der Sleen P, Albert J. 2017. *Field Guide to the Fishes of the Amazon, Orinoco, and Guianas*.
- Vences M, Lyra ML, Perl RGB, Bletz MC, Stanković D, Lopes CM, Jarek M, Bhuju S, Geffers R, Haddad CFB, Steinfartz S. 2016. Freshwater vertebrate metabarcoding on Illumina platforms using double-indexed primers of the mitochondrial 16S rRNA gene. *Conservation Genetics Resources* 8:323–327. DOI: 10.1007/s12686-016-0550-y.
- Vierstraete AR, Braeckman BP. 2022. Amplicon_sorter: A tool for reference-free amplicon sorting based on sequence similarity and for building consensus sequences. *Ecology and Evolution* 12:e8603. DOI: 10.1002/ece3.8603.
- Villéger S, Brosse S, Mouchet M, Mouillot D, Vanni MJ. 2017. Functional ecology of fish: current approaches and future challenges. *Aquatic Sciences* 79:783–801. DOI: 10.1007/s00027-017-0546-z.
- Wang S, Yan Z, Hänfling B, Zheng X, Wang P, Fan J, Li J. 2021. Methodology of fish eDNA and its applications in ecology and environment. *Science of The Total Environment* 755:142622. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.142622.
- Willette DA, Navarrete-Forero G, Gold Z, Lizano AMD, Gonzalez-Smith L, Sotil G. 2021. Characterizing Industrial and Artisanal Fishing Vessel Catch Composition Using Environmental DNA and Satellite-Based Tracking Data. *Foods* 10:1425. DOI: 10.3390/foods10061425.
- Yang J, Zhang L, Mu Y, Zhang X. 2023. Small changes make big progress: A more efficient eDNA monitoring method for freshwater fish. *Environmental DNA* 5:363–374. DOI: 10.1002/edn3.387.
- Zhang J, Deng Q, Liu X, Wu M, Ma Z, Shaw P-C, Zhang Y, Cao H. 2022a. Molecular Identification of Commercial Fish Maws by DNA Sequencing of 16S rRNA and Cytochrome c Oxidase I Genes. *Journal of Food Protection* 85:1439–1445. DOI: 10.4315/JFP-22-121.
- Zhang S, Zheng Y, Zhan A, Dong C, Zhao J, Yao M. 2022b. Environmental DNA captures native and non-native fish community variations across the lentic and lotic systems of a megacity. *Science Advances* 8:eabk0097. DOI: 10.1126/sciadv.abk0097.

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Tabla S1. Localización geográfica de los sitios de muestreo en la microcuenca del río Tena (MCRT).

CÓDIGO	LOCALIDAD	LATITUD	LONGITUD
ChP1	Charcas	-0.961	-77.860
ChP2		-0.940	-77.865
ChP3		-0.936	-77.868
TrP1	Transecto de río	-0.959	-77.860
TrP2		-0.945	-77.864
TrP3		-0.936	-77.868
RP1	Atacapi	-0.959	-77.860
RP2	Colonso (chuquitos)	-0.962	-77.862
RP3	Colonsito	-0.952	-77.864
RP4	Pashimbi (puente ikiam)	-0.948	-77.864
RP5	Pashimbi (alto tena)	-0.938	-77.880
RP6	Unión pashimbi chico + sisayacu	-0.929	-77.879
RP7	Sisayacu	-0.925	-77.880
RP8	Tena (shitig)	-0.925	-77.876

Protocolos de extracción de ADN de muestras de tejido muscular o hepático

La extracción de ADN genómico de tejido se realizó en el Laboratorio de biología molecular, con el kit Wizard® Genomic DNA Purification de Promega. El área destinada a la extracción fue esterilizada con etanol al 70% para evitar la contaminación cruzada con muestras anteriores. Los volúmenes mencionados a continuación se emplearon para una sola muestra. Primero, se preparó una solución de 120 µl de EDTA 0.5 M (pH=8) y 500 µl de Nucleic Lysis Solution (ENLS) para refrigerarla. Se utilizó entre 5-10 mg de muestra, misma que fue colocada en un microtubo de 1.5 mL y se añadió 300 µl de la solución preparada previamente (ENLS). Después las muestras fueron maceradas utilizando un micropistilo estéril. Después, se añadió 300 µl más de ENLS y se homogenizó por vortex. Se añadió 17.5 µl de proteinasa K y se incubó overnight a 50 °C. Si la muestra no se ha digerido por completo, se puede considerar colocar 17.5 µL de proteinasa K adicionales. Una vez cumplido el proceso de incubación, se colocaron las muestras a temperatura ambiente por 5 minutos y se añadió 3 µl de RNase Solution. Posteriormente, se

incubó por 30 minutos a 37 °C, se dejó reposar a temperatura ambiente por 5 minutos. Se añadió 200 µl de Protein Precipitation Solution y se homogenizó mediante vortex por 20 segundos. Después, las muestras fueron colocadas en un bloque frío por 5 minutos y se centrifugaron a 16 000 xg durante 5 minutos. Se retiró el sobrenadante en un tubo de 1.5 mL nuevo y se descartó el pellet. Se añadió 600 µl de isopropanol frío y se homogenizó invirtiendo el microtubo, para luego centrifugar a 16 000 xg por 2 minutos. Se descartó el sobrenadante y se añadió 600 µL de etanol al 70 % para lavar y precipitar el ADN. Se centrifugó nuevamente a 16 000 xg por 2 minutos y se descartó el etanol. Las muestras fueron colocadas sobre una toalla para secar todo el etanol. Finalmente, el ADN se rehidrató con 50 µl de DNA rehydration solution, se homogenizó completamente la muestra y se almacenó a 4 °C.

Extracción de ADN de muestras ambientales (agua)

La extracción de ADN metagenómico de filtros fue realizada de acuerdo al protocolo de Baetens, 2019 con ciertas modificaciones. Los filtros fueron cortados en pequeños trozos con bisturí, tijeras y pinzas previamente esterilizadas. Los trozos de los filtros se colocaron en un microtubo de 2 mL. Luego, se añadió 300 µL de Extraction buffer y se maceró empleando un micropistilo. Se añadió nuevamente 300 µL de Extraction buffer y 2.5 µL de solución proteinase K 20 µg/ml y se realizó un vortex fuerte por 2 minutos y se incubó overnight a 55 °C. Después, se colocó las a temperatura ambiente durante 5 min, se añadió 175 µL de MPC Protein Precipitation Reagent y se hizo vortex por 20 segundos. Se centrifugó a 14 000 rpm durante 12 minutos a 4 °C y se colocó en un bloque frío por 1 minutos. Luego se transfirió el sobrenadante a un microtubo de 1.5mL y se añadió 3 µL de solución RNase (5 mg/mL). Se homogenizó por pipeteo y se invirtió el tubo 25 veces. Después, se incubó a 37°C durante 10 min y se dejó reposar por 5 minutos a temperatura ambiente. Posteriormente, se centrifugó a 14 000 rpm por 6 minutos a 4 °C y se transfirió el sobrenadante a un microtubo de 1.5 mL, misma que se colocó en un bloque frío, añadiendo 500 µL de isopropanol frío e invirtiendo el tubo 30-40 veces. Se centrifugó a 14000 rpm a 4°C durante 11 min y se decantó el isopropanol y luego se añadió 500 µL de etanol al 70%. El tubo fue invertido para lavar el pellet cuidadosamente y se centrifugó a 14000 rpm durante 3 min para después descartar el etanol. Las muestras de ADN se dejaron secar overnight. Finalmente, se rehidrató el ADN añadiendo 40 µL de MilliQ esterilizada, este se homogenizó y almacenó el eDNA a -20°C o -80°C si el almacenamiento es a largo plazo.

Tabla S2. Lista de especies registradas en la microcuenca del río Tena y con sus respectivas secuencias, mismas que se utilizaron para construir la base de datos de referencia local.

Especie	Código	Fecha de colecta	Secuencia
<i>Creagrutus kunturus</i>	FVJ_EC_0018	15/5/2020	CCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCCGCCCCCCAA AAACATCGCCGCAAAACATCGCCTCCTGCAAAAAT CAATGTATAAGAGGTCTACCTGCCAGTGACATT AAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCTAAG GTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATGAAGACCTG TATGAATGGTGGAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCT TTTCAGGTCAATGAAATTGATCTGCCGTGCAGAA GCGGACATAAAAAATACAAGACGAGAAGACCCTTT GGAGCTTAAGACACAAGGTCAACTATGTCAAAAA TTCCATAAACGGAAATGAAACAAAATACCAACTG ACCAAAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGGGAA AACAAAGCCCCATGTGGAATGGGTTAAACCTAA AACCACGAGGGACACCTCTAAGTCACAGAATATCT GACCAAAAGATCCGGCACTTAAGCCGATCAACGA ACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCT CCAAGAGTCCATATCGACAAGGGGGTT
<i>Lebiasina elongata</i>	FVJ_EC_0020	16/5/2020	CCTGTTTATCAAAAACATCGCCTGCAAAAACATCGC CTCCTGCAAAAATCAACACATAGGAGGTCTGCCT GCCAGTGACTTTAAGTTAAATGGCCGCGGTATTT TGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTT AAATGAAGACCTGTATGAATGGCAAGACGAGGGC TTAACTGTCTCCTTTTCTGGTCAATGAAATTGATC TACCCGTGCAGAAGCGGGTATAAAAATACAAGAC GAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACTAACCA ACTGTGTCAATGCTTTCAACAAAAAATTAACCTA AACATACCTGGTCTACGTCTTCGGTTGGGGCGACC GCGGGGGAAAACAAAGCCCCATGTGGTACAGG GCTTAAACCTTTAACCAAGAAAGACATCTCTAAGT CTCAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGCCAGGG CCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACA GCGCAATCCTTTCCAAGAGTCCATATCGACGAAAG GGTT
<i>Moenkausia naponis</i>	FVJ_EC_0169	3/8/2023	AACCTTTTATGTTTATTGCCGCTGGTTTATCAAAA CATCGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTC CTACCTGCCAGTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGT ATTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTC TTTAAATAAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATAATTATACAAG ACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGT CATCTATGTTAAAAACCCCTAACAAAAGGAACAAA ACAAAATAGCAACTGACCAGTGTCTTCGGTTGGG GCGACCACGGGGAAAATAAATCCCCATGTGGAG TGGGAAATCTCTAAAACACGAGGTACACCTCTA AGTCACAGAACTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTT GACCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAA CAGCGCAATCCCCTTTGAGAGTCCTTATCGACAAG GGGGTT

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0170	3/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT T
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0171	3/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATTCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAA CCAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAG TAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT TTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATG GTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGA TTAAAGTCCT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0172	3/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTAAGCCCGTGAGAAGCGGGTATACTAATACA AGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAA ACCAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAA GTAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCG CGGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTT AAACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCA CAGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCC GACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGC GCAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGG TTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAAT GGTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACG ATTAAAGTCCT

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0173	3/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT T
<i>Rhamdia quelen</i>	FVJ_EC_0174	3/8/2023	CAATTAATAACTGATTGCTGTGCGTACAGCACCGC CGCATTGTAAACCTTTCTGTTATTGCCGCTGTTTA TCCAAAAACATGGCCTCCTGCAAACCACAATGTAT AGGAGGTCTTACCTGCCAGTGACAAGTTTAAACG GCCGCGGTATTTTGACCGTGCGAAGGTAGCGCAA TCACTTGTCTTTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGT AGAACGAGGGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAAGTCA ATGAAATTGATCTGCCGTGCAGAAGCGGGCATG CTAATACAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTTAG ATGTAAGATCACCTATGTCAAGACTAACTAAATTA AGATAAACTAAATAGTAAATGATCCTAATCTTTGT TGGGGCGACACGGGAAAAAGAAAGCTCCCATG AGGATTGGGAATATTTACCCAAAACCAAGAAAGA CACTTCTAAGTCACAGAATATCTGACCTTACAGATC CGGCTTAAATGCCGATCAACGGACCAAGTTACCTT AGGGATAACAGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATA TCGACAAGGGGGTT
<i>Pimelodella lateristriga</i>	FVJ_EC_0175	3/8/2023	ACATCCGGACAGTGATACTTTAACCTTTCTGTTACC TGATATTGCCGCCCTGTTTATCAAAAACATGGCCTC CTGCAAACCCCGACGTATAGGAGGTCTCACCTGCC CAGTGACAAAGTTTTAACGGCCGCGGTATTTTGACC GTGCGAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTTTTAAATG AAGACCTGTATGAATGGTAGAACGAGGGCTTAAC TGTCTCCCTTTCAAGTCAATGAAATTGATCTGCC GTGCAGAAGCGGGCATACAAATACAAGACGAGAA GACCCTTTGGAGCTTTAGACATAAGACCACCTATG TCAAGGATAATAAAATAAATCAAATAAATAGTAA CTGGTCCTAGTCTTTTGTGGGGCGACCGGGGAA AAAGAAAGCTCCACGAAGAACGGGGCACCACCC TGAAACCAAGAAAGACATTTCAAGTCACAGAATA TCTGACTTTAAAGACCCGGCTATTATGCCGATCAA CGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATC CCCTCCAGAGGCCATATCGACGAGGGGGTT

<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0176	3/8/2023	TTTGTGCCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGCA AAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAGTG ACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTG CTAAGGTAGCGCAATCACTTGCTCTTTAAATGAAG ACCTGTATGAATGGTGGAACGAGGGCTTAACTGT CTCCCTTTTCAGGTCACTGAAATGATCTGCCCCGT GCAGAAGCGGACATAGAAATACAAGACGAGAAG ACCTTTGGAGCTTAAGACGCAAGGTCAACTATGT CAAAGACTCCTGTGAAGGGAGATAGAACAAAATA TAACTGACCAAAGTCTTCGTTGGGGCGACCGCG GGGGAAAACAAAGCCCCATGTGGAGTGGGGTA ATACCTAAAACCACGAGGGACACCTTAAGTCACA GAACATCTGACCAAAGATCCGGCACTTAAGCCG ATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCG CAATCCCTCCAAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT
<i>Cetopsorhamdia orinoco</i>	FVJ_EC_0177	3/8/2023	GGCCTCCTGCAAACCACTATGTATAGGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACAAGTTTTAACGGCCGCGGTATT TTGACCGTGCGAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTT TAAATGAAGACCTGTATGAATGGTAGAACGAGGG CTTAACTGTCTCCCCCTTCAAGTCAATGAAATTGGT CTGCCCCGTGCAGAAACGGGCATGAACATAACA CGAGAAGACCCTTTGGAGCTTTAGATATCAGGCTA CCTATGTCAAGACATAAACAAAATAAACTAAATAG CCATTAGCCTAAATCTTTTGTGGGGCGACCGCG GAAAAAGAAAGCTCCACGAGGACTGGGTATAAG CCCAAACCAAGAAAGACATTTCCAAGTCACAGAA CTTCTGACCTTTGAGATCCGGCTAACCACCGACCA ACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAAT CCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0178	3/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCGTGCAGAAACGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAG GGT

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0179	3/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCGTGCAGAAGCGGACATAAATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGA CCAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAAATAAC TAAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCG ACCACGGGAAAAAACAAACTCCCATGTAGACAG GGAAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAA GAAACAGAACTTCTGACTATAAAGACCCGGCCATA AGCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAA CAGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAG GGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCC TAATGGTGACGCCGTATTAAGGGTTCGTTTGTTCT AACGATTAAAGTCCT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0180	3/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCGTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAAATAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAAACTCCCATGTAGACAGG GAAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGGT
<i>Rhamdia quelen</i>	FVJ_EC_0181	7/8/2023	CTTCTGTTGGATGCTGCCGCCCTGTTTATCAAAAAAC ATGGCCTCCTGCAAACCACAATGTATAGGAGGTCT TACCTGCCCAGTGACAAGTTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCGAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTAGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTCAAGTCAATGAAATTG ATCTGCCCCGTGCAGAAGCGGGCATGCTAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTTAGATGTAAGA TCACCTATGTCAAGACTAACTAAATTAAGATAAAC TAAATAGTAAATGATCCTAATCTTTGTTGGGGCG ACCACGGGAAAAAGAAAGCTCCCATGAGGATTGG GAATATTTACCCAAAACCAAGAAAGACACTTCTAA GTCACAGAATATCTGACCTTACAGATCCGGCTTAA ATGCCGATCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATA ACAGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAA GGGGGT

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0182	7/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGTT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0183	7/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAA TGGTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAAC GATTAAAGTCCT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0184	7/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATCAACGTATAAGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAATT GATCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAGAAATACA AGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACGCAAG GTCAACTATGTCAAAGACTCCTGTGAAGGGAGAT AGAACAAAATATTAAGTACCAAGTCTTCGGTTG GGGCGACCGCGGGGAAAAACAAGCCCCATGT GGAGTGGGGTAATACCTAAAACACGAGGGACAC CTCTAAGTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGG CACTTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGG GATAACAGCGCAAATCCCCTCCAAGAGTCCATATC GACAAGGGGT

<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0185	7/8/2023	TGCAAGTGTCTCTCGCAACCTTCCTGTTTATCTG TTTATCCGCCTGTTTATCAAAAAACATCGCCTCC TGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCC AGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTATTTGAC CGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAAT GAAGACCTGTATGAATGGTGAACGAGGGCTTAA CTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAATTGATCTGCC CGTGCAGAAGCGGACATAGAAATACAAGACGAGA AGACCTTTGGAGCTTAAGACGCAAGGTCAACTAT GTCAAAGACTCCTGTGAAGGGAGATAGAACAAAA TATTAAGTACCAAAGTCTTCGGTTGGGGCGACCG CGGGGGAAAAACAAAGCCCCATGTGGAGTGGGG TAATACCTAAAACACGAGGGACACCTTAAGTCA CAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGCACTTAAGCC GATCAACGAACCAAGTTACCTAGGGATAACAGC GCAATCCCCTCCAAGAGTCCATATCGACAAGGGG GTT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0186	7/8/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAACGAG GGCTTAAGTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAATT GATCTGCCCGTGCAGAAGCGGACATAGAAATACA AGACGAGAAGACCTTTGGAGCTTAAGACGCAAG GTCAACTATGTCAAAGACTCCTGTGAAGGGAGAT AGAACAAAATATTAAGTACCAAAGTCTTCGGTTG GGGCGACCGCGGGGGAAAAACAAAGCCCCATGT GGAGTGGGGTAATACCTAAAACACGAGGGACAC CTTAAGTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGG CACTTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGG GATAACAGCGCAATCCCCTCCAAGAGGTCCATATC GACAAGGGGT
<i>Creagrus sp.</i>	FVJ_EC_0187	7/8/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAAGAGGTCCTAC CTGCCCAGTGACATAGTTTAACGGCCGCGGTATCC TGACCGTGCTAAGGTAGCGTAATCACTTGCTTTT AAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAACGAGGGC TTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAATGAAATTGATC TGCCCGTGCAGAAGCGGGCATAAAAAACAAGAC GAGAAGACCTTTGGAGCTTGAGATACAAGATCA ACTATGTCAAAACCTAATTAACAGAAATAAAACA AAATACCAATTGATCAGAGTCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGGAAAAAGCCCCATGTGGAATGGGT ATACCTTAAACACGAGAGACACCTTAAGTCACA GAATATCTGACCAAAAGATCCGGCACTCGAGCCG ATCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTTCAAGAGCCCATATCGACAAGGGGGT T

<i>Creagrutus sp.</i>	FVJ_EC_0188	7/8/2023	CCGCAGCCCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGC AAAATCAATGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAGTG ACATAGTTTAACGGCCGCGGTATCCTGACCGTGCT AAGGTAGCGTAATCACTTGCTTTTAAATGAAGAC CTGTATGAATGGTGAACGAGGGCTTAAGTGTCTC CCTTTTCAGGTCAATGAAATTGATCTGCCCGTGCA GAAGCGGGCATAAAAATACAAGACGAGAAGACCC TTTGGAGCTTGAGATACAAGATCAACTATGTCAAA ACCCTAATTAACAGAAATAAAACGAAATACCAATT GATCAGAGTCTTCGGTTGGGGCGACACGGGGAA AAAAGCCCCCATGTGGAATGGGTAATACCTTAAAC CACGAGAGACACCTCTAAGTCACAGAATATCTGAC CAAAAGATCCGGCACTCGAGCCGATCAACGGACC AAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTTCA AGAGCCCATATCGACAAGGGGT
<i>Creagrutus sp.</i>	FVJ_EC_0189	7/8/2023	GGTCTGAACTCAGATCACGTAGGACTTTAATTCCG TTGAACAAACGAACCCTAATAGCGGCTGCATGCTG ATATTGCCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGC AAAATCAATGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAGTG ACATAGTTTAACGGCCGCGGTATCCTGACCGTGCT AAGGTAGCGTAATCACTTGCTTTTAAATGAAGAC CTGTATGAATGGTGAACGAGGGCTTAAGTGTCTC CCTTTTCAGGTCAATGAAATTGATCTGCCCGTGCA RAAGCGGGCATAAAAATACAAGACGAGAAGACCC TTTGGAGCTTGAGATACAAGATCAACTATGTCAAA ACNCTAATTAACAGAAATAAAACAAAATACCAATT GATCAGAGTCTTCGGTTGGGGCGACACGGGNGA AAAAAGCCCCCATGTGGAATGGGTAATACCTTAA CCACGAGAGACACCTCTAAGTCACAGAATATCTGA CCAAAAGATCCGGCACTCGAGCCGATCAACGGAC CAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTTC AAGAGCCCATATCGACAA
<i>Lebiasina elongata</i>	FVJ_EC_0190	7/8/2023	ACCCCTTCGTCGATATGGACTCTTGGAAGGATTG CGCTGTTATCCCTAGGGTAACTTGGTTCGTTGATC GGCCCTGGGCCGGATCTTTTGGTCAGATGTTCTGA GACTTAGAGATGTCTTTCTTGGTTAAAGGTTTAAG CCCTGTACCACATGGGGGCTTTGTTTTCCCCGCG GTCGCCCCAACCGAAGACGTAGACCAGGTATGTTT AGTTTAATTTTTTTGTTGAAAGCATTGACACAGTTG GTTGTTAGTCTTAAGCTCAAAGGGTCTTCTCGTCT TGATTTTTTATACCCGCTTCTGCACGGGTAGATCAA TTTCATTGACCAGAAAAAGGAGACAGTTAAGCCCT CGTCTTGCCATTATACAGGTCTTCATTTAAAGAC AAGTGATTGCGCTACCTTAGCACGGTCAAAATACC GCGGCCATTTAACTTAAAGTCACTGGGCAGGCAG GACCTCCTATGTGTTGATTTTTGCAGGAGGCGATG TTTTTGATAAACAGGC

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0192	7/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCGTGCGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0193	7/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG GATCTACCGTGCGAAGCGGGTATACTAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CCAACACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAG TAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGT TACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATGG TGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGAT TAAAGTCCT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0194	7/8/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCGTGCGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGT

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0195	7/8/2023	ACCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCCGCAAAAAT CAATATATAGGAGGTCTTGCTGCCAGTGACTAT AAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCAAA GGTAGCGCAATCACTTGTCTTTTAAATGAAGACCT GTATGAATGGTGAAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCC CACTCTAGTCAATGAAATTGATCTACCCGTGCAGA AGCGGGTATACTAATACAAGACGAGAAGACCCTT TGGAGCTTAAGACAAAAACCACTACGTCAAAA GTCCTAAAACTAAACCAAGTAGCACTGGTCTTAG TCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGGAGAAAGCAAA CTCCATGCGGACTGGGTAAACCCCTAAACTAA GAGAGACATCTCCAAGGCACAGAACATCTGACCA AAAAGATCCGGCTTCATGCCGACCAACGGACCAA GTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTTCCAG AGTCCATATCGACAAGGGGGT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0196	7/8/2023	CCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGCAAAAATCA ACGTATAAGAGGTCTACCTGCCAGTGACATTAA GTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCTAAGGT AGCGCAATCACTTGTCTTTTAAATGAAGACCTGTA TGAATGGTGGAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTT TCAGGTCAAGTAAATTGATCTGCCGTGCAGAAGC GGACATACAAATACAAGACGAGAAGACCCTTTGG AGCTTAAGACGCAAGGTCAACTATGTCAAAGACTC CTGTGAAGGGAGATAGAACAAATATTAAGTAC CAAAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGGGAAAA CAAAGCCCCATGTGGAGTGGGGTAATACCTAA ACACGAGGGACACCTCTAAGTACAGAACATCTG ACCAAAAGATCCGGCACTTAAGCCGATCAACGAA CCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTC CAAGAGTCCATATCGACAAGGGGT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0197	7/8/2023	CATCCTGTTGGAAAGTATTGCCGCCCTGTTTATCAA AAACATCGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAAGAG GTCCTACCTGCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCC GCGGTATTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCAC TTGTCTTTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGA ACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTTTCAGGTCAAGT AAATTGATCTGCCGTGCAGAAGCGGACATAGAA ATACAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGAC GCAAGGTCAACTATGTCAAAGACTCCTGTGAAGG GAGATAGAACAAATATTAAGTACCAAAGTCTTC GGTTGGGGCGACCGCGGGGAAAAACAAAGCCCC CATGTGGAGTGGGGTAATACCTAAAACACGAGG GACACCTCTAAGTACAGAACATCTGACCAAAAGA TCCGGCACTTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACC CTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTCAAGAGTCCA TATCGACAAGGGGGTT

<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0198	7/8/2023	CCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGCAAAAATCA ACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAGTGACATTAA GTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCTAAGGT AGCGCAATCACTTGCTTTTAAATGAAGACCTGTA TGAATGGTGGAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTT TCAGGTCAGTGAAATTGATCTGCCGTGCAGAAGC GGACATAGAAATACAAGACGAGAAGACCTTTGG AGCTTAAGACGCAAGGTCAACTATGTCAAAGACTC CTGTGAAGGGAGATAGAACAAAATATTAAGTAC CAAAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGGGAAAA CAAAGCCCCATGTGGAGTGGGGTAATACCTAAA ACACGAGGGACACCTCTAAGTACAGAACATCTG ACCAAAAGATCCGGCACTTAAGCCGATCAACGAA CCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTC CAAGAGTCCATATCGACAAGGGGT
<i>Moenkhausia naponis</i>	FVJ_EC_0199	22/7/2023	CAGCCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGCAAA AATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAGTGAC TTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCAAA GGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATAAGACCT GTATGAATGGTGAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCC CTTCTGATCAGTGAAATTGATCTACCCGTGCAGAA GCGGGTATAATTATACAAGACGAGAAGACCTAT GGAGCTTTAGACATAAAGTCATCTATGTTAAAAAC CCCTAACAAAAGGAACAAAACAAAATAGCAACTG ACCAAGTGTCTTCGGTTGGGGCGACACGGGGAAA ATAAATCCCCCATGTGGAGTGGGAAATCTCCTAAA ACACGAGGTACACCTCTAAGTACAGAACTTCTG ACCAAAAGATCCGGCACTTGACCGATCAACGAACC AAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTTCG AGAGTCCTTATCGACAAGGGGT
<i>Moenkhausia naponis</i>	FVJ_EC_0200	22/7/2023	TCTGTTCCACCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTG CAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCAG TGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTG CAAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATAAAG ACCTGTATGAATGGTGAACGAGGGCTTAAGTGTCT TCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGATCTACCCGTGC AGAAGCGGGTATAATTATACAAGACGAGAAGACC CTATGGAGCTTTAGACATAAAGTCATCTATGTTAA AAACCCCTAACAAAAGGAACAAAACAAAATAGCA ACTGACCAAGTGTCTTCGGTTGGGGCGACACGGG GAAAATAAATCCCCCATGTGGAGTGGGAAATCTCC TAAACACGAGGTACACCTCTAAGTACAGAACT TCTGACCAAAAGATCCGGCACTTGACCGATCAACG AACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAATCCCC TTCGAGAGTCCTTATCGACAAGGGGT

<i>Moenkhausia naponis</i>	FVJ_EC_0201	22/7/2023	TTGTTATCAAAAACATCGCCTCCTGCAAAAATCAA CGTATAAAAGTCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCC TGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCC AGTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCG TGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATAA AGACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGGCTTAACT GTCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGATCTACCCG TGCAGAAGCGGGTATAATTATACAAGACGAGAAG ACCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGTCATCTATGT TAAAAACCCCTAACAAAAGGAACAAAACAAAATA GCAACTGACCAAGTGTCTTCGGTTGGGGCGACCAC GGGGAAAATAAATCCCCATGTGGAGTGGGAAAT CTCCTAAAACCACGAGGTACACCTTAAGTCACAG AACTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTTGACCGATC AACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAA TCCCCTTCGAGAGTCCTTATCGACAAGGGGT
<i>Moenkhausia naponis</i>	FVJ_EC_0202	22/7/2023	CCTGTTTATCCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCT GCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCCCCA GTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGT GCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATAAA GACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGGCTTAACTG TCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGATCTACCCG GCAGAAGCGGGTATAATTATACAAGACGAGAAGA CCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGTCATCTATGTT AAAAACCCCTAACAAAAGGAACAAAACAAAATAG CAACTGACCAAGTGTCTTCGGTTGGGGCGACCACG GGGAAAATAAATCCCCATGTGGAGTGGGAAATC TCCTAAAACCACGAGGTACACCTTAAGTCACAGA ACTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTTGACCGATCA ACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAAT CCCCTTCGAGAGTCCTTATCGACAGGGGGT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0203	22/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT T

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0204	22/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT T
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0205	22/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATAACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAAC CAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAGT AGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT T
<i>Pimelodella lateristriga</i>	FVJ_EC_0206	22/7/2023	AGGACTTTAATCGTTGAACAAACGAACCCCTAATA GCGGCTGCACCATTAGGATGTCCTGATCCAACATC GAGGTCGTAAACCCCTCGTCGATATGGCCTCTGG GAGGGGATTGCGCTGTTATCCCTAGGGTAACTTG GTCCGTTGGATCGGCATAATAGCCGGGTCTTTAAA GTCAGATATTCTGTGACTTGGAATGTCTTTCTTG GTTTCAGGGTGGTGCCCGTTCTTCGTGGGAGCTT TTTTTCCCGCGGTCGCCCCAACAAAAGACTAGGA CCAGTTACTATTTAGTTTGATTTATTTTATTATCCTT GACATAGGTGGTCTTATGTCTAAAGCTCCAAAGGG TCTTCTCGTCTTGATTTGTATGCCCGCTTCTGCAC GGGCAGATCAATTTCACTGACTTGAAAGGGGAGA CAGTTAAGCCCTCGTTCTACCATTCATACAGGTCTT CATTTAAAAGACAAGTGATTGCGCTACCTTCGCAC GGTCAAAATACCGCGCCGTTAAAACCTTGCACTG GGCAGGTGAGACCTCTATACGTCGGGGTTTGCA GGAGGCC

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0207	22/7/2023	AATTTTGACTAACCTTTTCTGTTGGTGCTTTTGCCG CCTGTTTATCCAAAAACATCGCCTCCTGCAAAATTC AACATATAGGAGGTCTTACCTGCCAGTGACTACA AGTTAAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAG GTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATGAAGACCTG TATGAATGGTTAAACGAGGGCCTAACTGTCTCCCC ATTCCAGTCAATGAAATTGATCTGCCCCTGCAGAA GCGGACATAAATATACAAGACGAGAAGACCCCTTT GGAGCTTAAGATAAAAGACCAATTATGTCAATAAC CCCTATAAGAAAAATAAACTAAATAACCGCTGGTCC AAATCTTCGGTTGGGGCGACCACGGGAAAAAACA AAACTCCCATGTAGACAGGGAAAAATCCCTAAAAC CAAGAGAGACATCTCTAAGAAACAGAACTTCTGAC TATAAAGACCCGGCCATAAGCCGACCAACGAACC AAGTTACCAAGGGATAACAGCGCAATCCCTTCC AGAGTCCATATCGACAAGGGGGTT
<i>Lebiasina elongata</i>	FVJ_EC_0215	22/7/2023	AATTTTGACTAACCTTTTCTGTTGGTGCTTTTGCCG CCTGTTTATCCAAAAACATCGCCTCCTGCAAAATTC AACATATAGGAGGTCTTACCTGCCAGTGACTACA AGTTAAACGGCCGCGGTATTCTGACCGTGCAAAG GTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATGAAGACCTG TATGAATGGTTAAACGAGGGCCTAACTGTCTCCCC ATTCCAGTCAATGAAATTGATCTGCCCCTGCAGAA GCGGACATAAATATACAAGACGAGAAGACCCCTTT GGAGCTTAAGATAAAAGACCAATTATGTCAATAAC CCCTATAAGAAAAATAAACTAAATAACCGCTGGTCC AAATCTTCGGTTGGGGCGACCACGGGAAAAAACA AAACTCCCATGTAGACAGGGAAAAATCCCTAAAAC CAAGAGAGACATCTCTAAGAAACAGAACTTCTGAC TATAAAGACCCGGCCATAAGCCGACCAACGAACC AAGTTACCAAGGGATAACAGCGCAATCCCTTCC AGAGTCCATATCGACAAGGGGGTT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0216	22/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCGTGAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAAATCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCAAGGGGATAAC AGCGCAATCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGTT

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0218	22/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGGT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0220	22/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCT AATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTC ACGATTAAAGTCCT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0222	22/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAA CCAACCTACGTCAAAAGTCTAAAACTAAACCAAG TAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT TTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATG GTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGA TTAAAGTCCT

<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0223	22/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATCTATCCCGTGAGAAGCGGGTATACTAATACAA GACGAGAAGACCCCTTGGAGCTTAAGACAAAAAA CCAACTACGTCAAAAGTCCTAAAACTAAACCAAG TAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT TTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATG GTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGA TTAAAGTCCT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0226	8/8/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGA GGGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAAT TGATCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAGAAATAC AAGACGAGAAGACCCCTTGGAGCTTAAGACGCAA GGTCAACTATGTCAAAGACTCCTGTGAAGGGAGA TAGAACAAAAATTAAGTACCAAAAGTCTTCGGTT GGGGCGACCGCGGGGAAAACAAAGCCCCCATG TGGAGTGGGGTAATACCTAAAACACGAGGGACA CCTCTAAGTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCG GCACTTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAG GGATAACAGCGCAATCCCCTCCAAGAGTCCATATC GACAAGGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG ACATCCTAATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGT TTGTTCAACGATTAAAGTCCT
<i>Knodus breviceps</i>	FVJ_EC_0227	8/8/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTAC CTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTAT TTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTT TTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAGG GCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAGAAATACAAG ACGAGAAGACCCCTTGGAGCTTAAGACGCAAGGT CAACTATGTCAAAGACTCCTGTGAAGGGAGATAG AACAAAAATTAAGTACCAAAAGTCTTCGGTTGGG GCGACCGCGGGGAAAACAAAGCCCCCATGTGGAG TGGGGTAATACCTAAAACACGAGGGACACCTCT AAGTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGCACT TAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGGGATA ACAGCGCAATCCCCTCCAAGAGTCCATATCGACAA GGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCC TAATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTC AACGATTAAAGTCCT

<i>Cetopsorhamdia orinoco</i>	FVJ_EC_0231	8/8/2023	GGCCTCCTGCAAACCACTATGTATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACAAGTTTAAACGGCCGCGGTATT TTGACCGTGCGAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTTT TAAATGAAGACCTGTATGAATGGTAGAACGAGGG CTTAACTGTCTCCCCCTTCAAGTCAATGAAATTGGT CTGCCCCTGCAGAAACGGGCATGAACATACAAGA CGAGAAGACCCCTTTGGAGCTTTAGATATCAGGCTA CCTATGTCAAGACATAAAACAAAATAAACTAAATAG CCATTAGCCTAAATCTTTTGTGGGGCGACCGCGG GAAAAAGAAAGCTCCACGAGGACTGGGTATAAG CCCAAAACCAAGAAAGACATTTCCAAGTCACAGAA CTTCTGACCTTTGAGATCCGGCTAACCAACCGACCA ACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCGCAAT CCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGTTTAC GACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATGGTGC AGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGATTAA AGTCCT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0232	8/8/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAAATCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCT AATGGTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTC ACGATTAAAGTCCT
<i>Creagrus kuntutur</i>	FVJ_EC_0235	14/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATCAATGTATAAGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAATGAAATTG ATCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAAAAATACAA GACGAGAAGACCCCTTTGGAGCTTAAGACACAAGG TCAACTATGTCAAAAATCCCATAAACGGAAATGA AACAAAATACCAACTGACCAAAGTCTTCGGTTGGG GCGACCGCGGGGAAAAACAAAGCCCCCATGTGGA ATGGGTTAAACCTAAAACACGAGGGACACCTCTA AGTCACAGAATATCTGACCAAAAGATCCGGCACTT AAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGGGATA ACAGCGCAATCCCCTCAAGAGTCCATATCGACAA GGGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACAT CCTAATGGTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGT TCAACGATTAAAGTCCT

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0237	14/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCGTGAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAACAAAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCTAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCT AATGGTGACCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCA ACGATTAAAGTCCT
<i>Chaetostoma microps</i>	FVJ_EC_0243	14/7/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATATATAGGAGGTCTTG CCTGCCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCCACTCTAGTCAATGAAATTG ATTCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATACTAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAA CCAACCTACGTCAAAAGTCTAAAACTAAACCAAG TAGCACTGGTCTTAGTCTTCGGTTGGGGCGACCGC GGGAGAAAGCAAAGCTCCCATGCGGACTGGGTTA AACCCCTAAAACTAAGAGAGACATCTCCAAGGCAC AGAACATCTGACCAAAAAGATCCGGCTTCATGCCG ACCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCG CAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGGGGGT TTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATG GTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTCAACGA TTAAAGTCCT
<i>Creagrutus kunturus</i>	FVJ_EC_0246	14/7/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAATGAAATTG ATCTGCCCGCCTGCAGAAGCGGACATAAAAAATA CAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACACA AGGTCAACTATGTCAAAAATCCCATAAACGGAAA TGAAACAAAAATCAAACTGACCAAAGTCTTCGGTT GGGGCGACCGCGGGGAAAAACAAAGCCCCATG TGGAATGGGTAAACCTAAACACAGGGGACAC CTCTAAGTCACAGAATATCTGACCAAAAGATCCGG CACTTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGG GATAACAGCGCAATCCCCTCAAGAGTCCATATCG ACAAGGGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGG ACATCCTAATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGT TTGTTCAACGATTAAAGTCCT

<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0251	14/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCGTGAGAAGCGGACATAAATATACAAG ACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGAC CAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAATAAACT AAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCGA CCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAGG GAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAAG AAACAGAACTTCTGACTATAAGACCCGGCCATAA GCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTTCAGAGTCCATATCGACAAGG GGT
<i>Astroblepus sp1</i>	FVJ_EC_0252	14/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATTCAACATATAGGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACTACAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTCTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTTAAACGAGG GCCTAACTGTCTCCCCATTCCAGTCAATGAAATTGA TCTGCCCGGTGAGAAGCGGACATAAATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGA CCAATTATGTCAATAACCCCTATAAGAAAAATAAC TAAATAACCGCTGGTCCAAATCTTCGGTTGGGGCG ACCACGGGAAAAAACAACCTCCCATGTAGACAG GGAAAATCCCCTAAAACCAAGAGAGACATCTCTAA GAAACAGAACTTCTGACTATAAAGACCCGGCCATA AGCCGACCAACGAACCAAGTTACCCAAGGGATAA CAGCGCAATCCCCTTCAGAGTCCATATCGACAAG GGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCC TAATGGTGAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTTC AACGATTAAAGTCCT
<i>Moenkhausia naponis</i>	FVJ_EC_0257	20/7/2023	CGCCTCCTGCAAAATCAACGTATAAGAGGTCTTA CCTGCCAGTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATT TTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTTT TAAATAAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGG CTTAACTGTCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGAT CTACCCCGTGAGAAGCGGGTATAATTATACAAGA CGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGTC ATCTATGTTAAAAACCCCTAACAAAAGGAACAAAA CAAAATAGCAACTGACCAAGTCTTCGGTTGGGGC GACCACGGGGAAAAATAAATCCCCCATGTGGAGTG GGAAATCTCCTAAAACACGAGGTACACCTCTAAG TCACAGAACTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTTGA CCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACA GCGCAATCCCCTTCGAGAGTCCTTATCGACAAGGG GGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTA ATGGTGAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTCAA CGATTAAAGTCCT

<i>Hoplias malibaricus</i>	FVJ_EC_0259	20/7/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAGGAGGTCTG CCTGCCCAGTGACTATTAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTC TTTAAATGAGGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAAGTGTCTCCCTTCCAATCAGTGAAATTGA TCTGCCCGTGCAGAAGCGGGCATAAACATACAAG ACGAGAAGACCCCTTGGAGCTTAAGATACTTTAAT CATCTGTGTTAAACCCCTTATAAAAAGGATTAAAC AAAACAGCACCTGATTATTATCTTCGGTTGGGGCG ACCGCGGGGGAAAAACAAAGCCCCATGTGGAATG GGAATATCCTACACCTAGAAAGACATTTCTAAG TCACAGAACTTCTGACCAAAAGATCCGGCCTCACG GGCCGAACAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAA CAGCGCAATCCTCTTTAAGAGTTCATATCGACAAG TGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCC TAATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTCA AACGATTAAAGTCCT
<i>Synbranchus marmoratus</i>	HMOA_2375	21/3/2023	CGCCTCTTGTTCCCTAATATAAGAGGTCCCGCTG CCCCTGACTATATGTTAATGGCCACGGTATCCTA ACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCATTTGTCTTCTAA TTAAAGACCTGTATGAATGGCATAACGAGAGCTTA CCTGTCTCCTCTTTAAAGTCAATAAAATTGATCTCC CCGTGCAGAAGCGGAGGTGTATACATAAGACGAG AAGACCCTGTGGAGCTTCAGGCACTAAAATATATG TACATTACACAAGTACACCCCTATTTCAACGCCTTC GGTTGGGGCGACCAAGGAGAATTAATCAACCCCC ACGTGGAATAGAAGTACTCCTTCTCAAACCAAGAG CTACAACCTAATCATTAGAAGTCTAACCATAACA TAAAGACCCGGCAACGCCGATCTACGAACAAAGTT ACCCAGGGATAACAGCGCAATCCCTTTAAGAGC CCATATCGACAAGGGGGTTACGACCTCGATGTTG GATCAGGACACCCCAATGGTGATCCGTTATTAAA GGTTCGTTTGTTCAACGATTAAAGTCCT
<i>Astyanas bimaculatus</i>	I_4413	22/3/2023	CGCCTCCTGCAAGATCAATGTATAGGAGGTCTAC CTGCCCAGTGATTAATTAACGGCCGCGGTATTTT GACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTTTTAA ATAAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGGCTT AACTGTCTCCTTTTCTGATCAGTGAAATTGATCTA CCCGTGCAGAAGCGGGCATAAAAATACAAGACGA GAAGACCCTATGGAGCTTAAGACACAAGATCATCT ATGTTAAAAAACCCCAATTAAGGGGACGAAACAA AACAGCAATTGATCAGCGTCTTCGGTTGGGGCGA CTGCGGGGGAAAACTAATCCCCATGCGGAATGG AATATAATTCTAAAACCATGAGGCACACCTCTAAG TCACAGAACTTCTGACCAATGATCCGGAAATTA CCGATCAGCGGACCAAGTTACCCTAGGGATAAC AGCGCAATCCCTCCAAGAGTCCATATCGACAAGG GGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTA ATGGTGACCGCTATTAAGGGTTCGTTTGTTCAA CGATTAAAGTCCT

<i>Hypostomus hemiochlidon</i>	I_4417	23/3/2023	CGCCTCCCGCAAAAATCAATGTATTGGAGGTCCTG CCTGCCAGTGACTATAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATAAAGACCTGTATGAATGGTGGAAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCCCTTCTAGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATAATAATACAA GACGAGAAGACCCCTTGGAGCTTAAGATAAAAGA CCAACATGTCAAAAGTCTAAAAAAGACTAAACC TAATAACTGGTCCTAATCTTCGGTTGGGGTGAC CACGGGAGAAAACAAAGCTCCCATGCGGATTGGG GTAATCCCTAAATCTAAGAAAGACATCTCTAAGA CGCAGAACATCTGACCATAAAGATCCGGCTACATG CCGACCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACA GCGCAAATCCCCTTCCAGAGTCCATATCGACAAGG GGT
<i>Pygocentrus nattereri</i>	I_4418	24/3/2023	AGCGAACCTTTCTCTGGAAAAAGGATATTGCCGCC TGTTTATCAAAAAAACATCGCCTCCTGCCAAAT CAATGTATAGGAGGTCCTGCCTGCCAGTGACAAT CAGTTAAACGGCCGCGGTATTTGACCGTGCTAAG GTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATGAGGACCTG TATGAATGGCGAAACGAGGGCTTAACTGTCTCCTT TTCCAGTCAATGAAATTGATCTGCCGTGCAGAA GCGGGCATACCTATACAAGACGAGAAGACCCCTT GGAGCTTAAGATAAAAGGTCAACTAGGTCAAGAG CCCAAATAAATTTGAACTAAACAAACAGCCAACTG ACCACTATCTTCGTTGGGGCGACACGGGGGAA AACAAAGCCCCGCGTAGAATGGGGATCACACCC TAAACCAAGAGGGACACCTCTAAGTCACAGAAC ATCTGACTAAACAGATCCGGCCAACAAGCCGATCA ACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAAT CCCCTCAAGAGTTCATATCGACAAGGGGGTT
<i>Serrasalmus rhombeus</i>	I_4419	25/3/2023	AACCTTTCTTGTTGGTGTGACGCGCTTTATCAAAAA CATATTGCCGCTGTTTATCAAAAAACATCGCCTCC TGCAAAAATCAATGTATAGGAGGTCCTGCCTGCCC AGTGACAATCAGTTAAACGGCCGCGGTATTTGAC CGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAAT GAGGACCTGTATGAATGGCGAAACGAGGGCTTAA CTGTCTCCTTTTCCAGTCAATGAAATTGATCTGCC CGTGCAGAAGCGGGCATGCCTATACAAGACGAGA AGACCTTTGGAGCTTAAGATAAAAGGTCAACTAG GTCAAGAGCCCAAATAAATTTGAACTAAACAAACA GCCAACTGACCTCTATCTTCGTTGGGGCGACCAC GGGGAGAAACAAAGCCCCGCGTAGAGTGGGGAT CACACCCTAAACCAAGAGGGACACCTCTAAGCCA CAGAACATCTGACTAAACAGATCCGGCCAACAAG CCGATCAACGGACCAAGTTACCCTAGGGATAACA GCGCAATCCCCTCAAGAGTTCATATCGACAAGGG GGTT

<i>Potamorhina altamazonica</i>	I_4420	26/3/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAACGTATAGGAGGTCCTG CCTGCCCAGTGACAACTAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTCTCCAGTCAATGAAATTG ATCTGCCCCTGCAGAAGCGGGCATAAATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAG CCAACGTGTCAAAAATTTAAACAAAAATAAACTA AACAAAACAGCAACTGGCCAGCGTCTTCGGTTGG GGCGACCGCGGGGGAAAAAAAAGCCCCACGTG GAATGGGAAAACTCTAAACTAAGAGAGACAT CTCTAAGCCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGG CCCACAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGG GATAACAGCGCAATCCTTTCCAAGAGTCCATATCG ACGAGAGGGTT
<i>Leporinus friderici</i>	I_4421	27/3/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAGGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACTATTAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGTAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTCTCTGGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATAAGAATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAG CCAACCGTGTTAAAAGCCCCTAATAAAAAATAGGCT AAACAAAGCAGAAACTGGCCAACGTCTTCGGTTG GGGCGACCACGGGGAAAAATAAAGCCCCATGTGG ATTGGGAAAACTCTAAACCAAGAGACACATCTC TAAGTAACAGAACATCTGACCTAAGATCCGGCCC ACAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGA TAACAGCGCAATCCTCTTCAAGAGTTCATATCGAC AAGAGGGTT
<i>Roeboides myersi</i>	I_4422	28/3/2023	CGCCTCTTGCAATATCAAAATATAAGAAGGTCTTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAGCTGTCTCCCTTTTAGGTCAATGAAATTG ATCTGTCCGTGCAGAAGCGGACATAAATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACATAAAG CCAATTACGTCAATAACCTCTTTAAATGAGAACAA AACAAAGTAACAACTGACCAATGTCTTCGGTTGGG GCGACCACGGGGAAAAACAAGCCCCATGTGGAC TGGGACAACCTAAAACCAAGAGGGACACCTCTAA GTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGTATTTT AACCGATCAACGAACCTAAGTTACCCTAGGGATAAC AGCGCAATCCCCTCCAAGAGTCCATATCGACAAGG GGT

<i>Crenichla cincta</i>	I_4424	29/3/2023	CGCCTCTTGCAATACCGCCAATAAGAGGTCCAGCC TGCCCCGTGACTATATGTTAAACGGCCGCGGTATT TTAACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTTT TAAATGAAGACCCGTATGAATGGCACCACGAGGG CTTGACTGTCTCCTTTTTCTGTCAATGAAATTGAT CTCCCCGTGCAGAAGCGGGGATAAACACATAAGA CGAGAAGACCCTGTGGAACCTTAAGGCCCTAAGCA GATTATATAAAACAACCATGAATAACTGAAAAACC CCATTAAACCCCTGCCACATATGCCTTTGGTTGGG GCGACCATGGGGAAATAAAAAACCCCCACGCGGA CTAGGAGAATAACATTTACCTCTACAACCCAGG GCTACAGCCCTAAGTAACAGAACATCTGACCTACT CTTGATCCGGCACAGGCCGATCAACGAACCCAGCT ACCCAGGGATAACAGCGCAATCCCCTCCAGAGC CCATATCGACGAGGGGGTT
<i>Apteronotus albitrons</i>	I_4425	30/3/2023	AAACTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGTTTATCA AAAAACATCGCCTCCTGCAAAAAACAATACATAGGA GGTCCCGCCTGCCACTGACTCTGTGTTTAACGGC CGCGGTATTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCA CTTGTTTCATAAATTGAAACCCGTATGAATGGCAA GACGAAGGCTTAAGTGTCTCCCTTTAGGTGAGT GAAATTGATCTGCCCGTGAAGAAGCGGACATACTT ATACAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGAC TTAAACCAACTGTGTAACAGACTAATTACCTTTAGT CAAACCTAAACCTTGCACTGGCCTACGTCTTCGGTT GGGGCGACACGGAGAAAAACAAAGCCTCCGCGC AGAATAGGAAAAATATTCCTTGAACCAAGAGAGA CATCTCTAAGCCACAGAACATCTGACTAAAACAGA CCCGGGTTTAACACCCGATTAACGAACCAAGTTAC CCTAGGGATAACAGCGCAATCCCCTCCAGAGCCC TTATCGACAAGGGGGTT
<i>Pteryglichtys pardalis</i>	I_4427	31/3/2023	CAACCTTTCTGTCTGGAAAGTTGATATTGCCCTGTT TATCAAAAACATCGCCTCCCGCAAAAATCAATGTA TAGGAGGTCTGCCTGCCAGTGACTATAAGTTAA ACGGCCGCGGTATTTTGACCGTGCAAAGGTAGCG CAATCACTTGTCTTTAAATGAAGACCTGTATGAAT GGTGGAACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTTCTAG TCAATGAAATTGATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTA TAATAATACAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTA AGACAAAAGACCAACTATGTCAAAAGTCCTAAAAA AGACTAAACCAAATAGCTCTGGTCCTAATCTTCGG TTGGGGTGACCACGGGAGAAAAACAAAGCTCCCAT GCGGACTGGGATATTTCTAAAACTAAGAGAGAC ATCTCTAAGACACAGAACATCTGACCATAAAGATC CGGCTACATGCCGACCAACGGACCAAGTTACCTA GGGATAACAGCGCAATCCCCTCCAGAGTCCATAT CGACAAGGGGGTT

<i>Steindachnerina bimaculata</i>	I_4430	1/4/2023	CAACATCGCCTCCTGCAAGATCAATATATAGGAGG TCCTGCCTGCCCAGTGACAACCTGTAAACGGCCG CGGTATTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACT TGCTTTTAAATGAGGACCTGTATGAATGGCGGAA CGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTCTCCCGTCAATGA AATTGATCTGCCGTGCAGAAGCGGGCATATATAT GCAAGACGAGAAGACCTTTGGAGCTTAAGACAA AAAGCCAACCATGTCAAAAATCCAAATAAAATGAA ATTAAACAAAACAACAACCTGGCCAACGCTTCGGT TGGGGCGACCGCGGGGAAAACAAAGCCCCAC GTGGAACGGGATAATTCCTAAACCAAGAGAGA CATCTCTAAGCCACAGAACATCTGACCAAAAGATC CGGCCACAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCT AGGGATAACAGCGCAATCCCTCCAAGAGTTCATA TCGACGAGAGGGT
<i>Curimata aspera</i>	I_4431	2/4/2023	TTATCCTGAAACCTTTTAACCTTTTTCAAAAAGTGA TATTGCTGCCTGTTTATCAAAAACATCGCCTCCTGC AAGATCAATATATAGGAGGTCTGCCTGCCCAGTG ACAACCTGTAAACGGCCGCGGTATTTTGACCGTG CTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTTTAAATGAGG ACCTGTATGAATGGCGGAACGAGGGCTTAAGTGT CTCCCTTCTCCCGTCAATGAAATTGATCTGCCGTG CAGAAGCGGGCATATATATGCAAGACGAGAAGAC CCTTTGGAGCTTAAGACAAAAAGCCAACCATGTCA AAAATCCAAATAAAATGAAATTAAACAAAACAACA ACTGGCCAACGTCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGG GGAAAACAAAGCCCCACGTGGAACGGGATAATT TCCTAAACCAAGAGAGACATCTCTAAGCCACAGA ACATCTGACCAAAAGATCCGGCCACAAGCCGATC AACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAA TCCCTCCAAGAGTTCATATCGACGAGAGGGT
<i>Aequidens tetramerus</i>	I_4446	3/4/2023	CGCCTCTTGAAACACTTAAGTATAAGAGGTCCCGC CTGCCAGTGACTATAAGTTCAACGGCCGCGGTAT TTTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGTCTT TTAAATGAAGGCCTGTATGAATGGCACCACGAGG GCTTAACTGTCTCCTTTTCTGTCAATGAAATTGA TCTCCCGTGCAGAAGCGGGGATTTAACATAAGA CGAGAAGACCCTATGGAGCTTCAGGCTCCAGAAC AGACTATGTAAACACCCTCCACAAAAGACAAAA CTTATTAGGCCCTGTTCAATGCCTTTGGTTGGGG CGACCGCGGGGAAACAAAAACCCCATATGGAC CGGGAGCACAAACCCCTCCACAACCCAGAGCAAC AACTCTAAGTAACAGTACATCTGACCAACAAATGA TCCGGCACAGCCGATCAACGGACCGAGTTACCCTA GGGATAACAGCGCAATCAATCCCTTCTAGAGCCC TTATCGACAAGGGT

<i>Hoplias malibaricus</i>	I_4472	4/4/2023	GAACCTTTCTGTTGATATTGCCGCTGTTTATCAAA AAACATCGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAGGAG GTCCTACCTGCCAGTGACTATTAGTTAAACGGCC GCGGTATTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCAC TTGTCCTTTAAATGAGGACCTGTATGAATGGTGGA ACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCCCTCCAATCAATG AAATTGATCTGCCGTGCAGAAGCGGACATAAAC ATACAAGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGAT ACTTTAATCATCTGTGTTTAACCCCTCATAAAAAGG ATTAAACAAAACAGCACCTGATTATTATCTTCGGTT GGGGCGACCGCGGGGGAAAACAAAGCCCCCATG TGGAATGGGAAATATCCTACAACTAGAAAGACA TTTCTAAGTCACAGAAGTTCTGACCAAAAGATCCG GCCTCACAGGCCGAACAACGAACCAAGTTACCCTA GGGATAACAGCGCAATCCTCTTTAAGAGTTCATAT CGACAAGTGGGTT
<i>Prochilodus nigricaus</i>	I_4473	5/4/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAAGAGGTCCTG CCTGCCAGTGACTATTAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTCTCCAGTCAATGAAATTG ATCTGCCGTGCAGAAGCGGGCATATATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACAAAAGG CCAACCGTGTTAAAGACCCAAATAAATGAAGTCA AACAAAACAGCAACTGACCAGCGTCTTCGGTTGG GGCGACCACGGGAAAATAAGCCCCCATGTGGA ACGGGGTAATCCCTAAAATAAGAGAGACATCTCT AAGCCACAGAATATCTGACCAAAAGATCCGGCCTA CCAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTTAGGGATA ACAGCGCAATCCCCTCAAGAGTTCATATCGACGA GAGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATC CTAATGGTGCAGCCGCTATTAAGGGTTCGTTTGT CAACGATTAAAGTCT
<i>Ctenobrycon hauxwellianus</i>	I_4493	6/4/2023	CTCAACCTTTCCTGTATTACCCTGCCTGTTTATCAA AAAAAACATCGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAG GAGGTCCTGCCTGCCAGTGACTAAATTAACGGC CGCGGTATTTTGACCGTGCAAAGGTAGCGTAATCA CTTGTTTTTAAATAAAGACCTGTATGAATGGTGA AACGAGGGCTTAAGTGTCTCCCTTTTTGATCAGT GAAATTGATCTGCCGTGCAGAAGCGGGCATTTAC CTACAAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTAAGAC AATATAATCAACTGACACCCCTCCCCCTCAAAAA GGTATAAAGCAAAGCAGTAAGTATTAATGTCTTC GGTTGGGGCGACCACGGGGAAAAAATCCCCCAC GTGGAGTGGGATTTATCCTAAAACCACGAGGCAC ACCTCTAAGTCACAGAACCTCTGACCAAAAGATCC GGCAACTTAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCTA GGGATAACAGCGCAATCCCCTCCAAGAGTCCATAT CGACAAGGGGGTTTA

<i>Tetragonopterus argenteus</i>	I_4494	7/4/2023	CGCCTCTTGCAAAAATCAAAGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGATATTTGATTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTTAGGTCAGTGAAATTG ATCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATACATATACAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACATAAAG TCAACTATGTCAAAAATCTCAACAAATGAGAAATA AACAAAATAACAACCTGACCAGCGTCTTCGGTTGGG GCGACCGCGGGGAAAACCAAGCCCCATGTGGAA TGGGTTACAAACCTAAAACCATGAGAGACACCTCT AAGCCACAGAATTTCTGACCAAAAGATCCGGCATA CTGCCGATCAACGGACCAAGTTACCTAGGGATAA CAGCGCAATCCCCTCCAAGAGTTCATATCGACAAG GGGT
<i>Moenkhausia dichroua</i>	I_4529	8/4/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACATTAAGTTAAACGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTGTCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGTGGAACGAG GGCTTAACTGTCTCCCTTTTCAGGTCAGTGAAATT GATCTGCCCCTGCAGAAGCGGACATAATAATACA AGACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACACAGG GTCAACTATGTCAAAAATTCCTATTAATGGTAATA AAACAAAATATTAACCTGACCAAAGTCTTCGGTTGG GGCGACCGCGGGGAAAGCAAAGCCCCATGTGG AATGGGATAAAACCTAAAACACGAGGGACACCT CTAAGTCACAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGCA CCTAAGCCGATCAACGAACCAAGTTACCTAGGGA TAACAGCGCAATCCCCTCCAAGAGTCCATATCGAC AAGGGGGTT
<i>Leporinus fasciatus</i>	I_4623	9/4/2023	AAACCCTGTTTATCAAAAACATATTGCCGCTGTTT ATCAAAAAAAAAAAAAACATCGCCTCCTGCAAAAA TCAATGTATAGGAGGTCCACCTGCCAGTGACTA TTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTGACCGTGCTAA GGTAGCGCAATCACTTGTCTTTTAAATGAAGACCT GTATGAATGGTATAACGAGGGCTTAACGTCTCCC TTCTCCAGTCAATGAAATTGATCTACCCGTGCAGA AGCGGGTATAAAAATACAAGACGAGAAGACCCTT TGGAGCTTAAGACAAAAAGCCAACCGTGTTAAAA GCCCCAGCAAAATTAGGCTAAACAAAACAGCAA CTGGCCAACGTCTTCGGTTGGGGCGACCGCGGGG GAAAACAAAGCCCCATGTGGACTGGGAATTTTCC TAAACTAAGAGATACATCTCTAAGTCACAGAACA TCTGACCTATAGATCCGGCCCGTCAAGCCGATCAA CGAACCAAGTTACCTAGGGATAACAGCGCAATCC TCTCAAGAGTCCATATCGACAAGAGGGTT

<i>Moenkhausia comma</i>	I_4668	10/4/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAATGTATAAGAGGTCCTA CCTGCCCAGTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATT TTGACCGTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTT TAAATAAAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGG CTTAAGTGTCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGAT CTACCCGTGCAGAAGCGGGTATAATTATACAAGAC GAGAAGACCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGTCAT CTATGTTAAAAACCCCTAATAAAAGGAACAAAACA AAATAGCAACTGACCAGTGTCTTCGGTTGGGGCG ACCACGGAGGAAAAATAATCCCCACGTGGAGTG GGAAATCTCCTAAAAACGAGGTACACCTCTAAG TCACAGAATTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTTAG CCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACA GCGCAATCCCCTTCGAGAGTTCTTATCGACAAGGG GGTT
<i>Lebiasina elongata</i>	IKIAM_0026	11/4/2023	CGCCTCCTGCAAAAATCAACATAGGAGGTCCTG CCTGCCCAGTGACTTTAAGTTAAATGGCCGCGGTA TTTTGACCGTGCTAAGGTAGCGCAATCACTTGCT TTTAAATGAAGACCTGTATGAATGGCAAGACGAG GGCTTAAGTGTCTCCTTTTTCTGGTCAATGAAATTG ATCTACCCGTGCAGAAGCGGGTATAAAAAATAAA GACGAGAAGACCCTTTGGAGCTTAAGACTAACAA CCAAGTGTGCAATGCTTTCAACAAAAAAATTA CTAAACATACCTGGTCTACGTCTTCGGTTGGGGCG ACCGCGGGGGAAAAACAAAGCCCCATGTGGTACA GGGCTTAAACCTTTAACCAAGAAAGACATCTCTAA GTCTCAGAACATCTGACCAAAAGATCCGGCCAG GGCCGATCAACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAA CAGCGCAATCCTTTCAAGAGTCCATATCGACGAA AGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCC TAATGGTGACGCCGCTATTAAAGGGTTCGTTTGTT AACGATTAAAGTCCT
<i>Moenkhausia naponis</i>	IKIAM_0027	12/4/2023	CTGCAAAAATCAACGTATAAGAGGTCCTACCTGCC CAGTGACTTAGTTAAACGGCCGCGGTATTTTGACC GTGCAAAGGTAGCGCAATCACTTGCTTTTAAATA AAGACCTGTATGAATGGTGAAACGAGGGCTTAAC TGCTCCCCCTTCTGATCAGTGAAATTGATCTACCCC GTGCAGAAGCGGGTATAATTATACAAGACGAGAA GACCCTATGGAGCTTTAGACATAAAGTCATCTATG TAAAAACCTAACAAAAGGAACAAAACAAAATA GCAACTGACCAGTGTCTTCGGTTGGGGCGACAC GGGGAAAATAAATCCCCATGTGGAGTGGGAAAT CTCCTAAAACACGAGGTACACCTTAAGTCACAG AACTTCTGACCAAAAGATCCGGCACTTGACCGATC AACGAACCAAGTTACCCTAGGGATAACAGCGCAA TCCCCTTCGAGAGTCCTTATCGACAAGGGGGTTTA CGACCTCGATGTTGGATCAGGACATCCTAATGGTG CAGCCGCTATTAAAGGGTTCGTTTGTCAACGATTA AAGTCCT