

Genoma de referência de *Brachycephalus pernix* (Anura: Brachycephalidae)

Equipe executora:

Dra. Mariana Pontes – UNICAMP/Instituto Boitatá

Lara Gomes Côrtes – RAN/ICMBio

Sibelle Torres Vilaça – ITV

Dr. Luís Felipe Toledo – UNICAMP

Me. Júnior Nadaline – UFPR/Mater Natura

Dra. Juliane Monteiro – UNESP

Igor Oliveira – Bolsista ICMBio/ITV

Introdução e Contextualização

Este projeto será executado no âmbito de um acordo de cooperação entre o ICMBio e o Instituto Tecnológico Vale (ITV), que busca integrar esforços institucionais para o avanço da pesquisa aplicada à conservação da biodiversidade, promovendo a geração de conhecimento científico de excelência aliado ao fortalecimento de estratégias de gestão e manejo de espécies ameaçadas.

Dentre as espécies ameaçadas no Brasil, os anfíbios do gênero *Brachycephalus* se destacam (Anunciação et al. 2024). Este gênero compreende pequenos anuros endêmicos da Mata Atlântica, reconhecidos por sua distribuição extremamente restrita e elevada vulnerabilidade ambiental (ICMBio 2025). Dentre eles, *Brachycephalus pernix* ocorre exclusivamente no Morro do Anhangava, no Parque Estadual da Serra da Baitaca, Paraná. A espécie é considerada Criticamente em Perigo (CR) no Livro Vermelho da Fauna Ameaçada de Extinção do Estado do Paraná (Pontes et al. 2025; Decreto no 6.040; Paraná 2024), e a nível federal, pelo ICMBio (2025), devido à sua distribuição restrita (<2 km²) e à degradação do hábitat. Apesar de ocorrer em unidade de conservação, sofre pressão do turismo, que ameaça diretamente a qualidade de seu hábitat. Além dessas ameaças, *B. pernix* apresenta desenvolvimento direto, sem fase larval aquática, característica que acentua sua sensibilidade a alterações microclimáticas e a patógenos emergentes (Ribeiro et al. 2019; Moura-Campo et al. 2021), como o fungo quitrídio *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd).

Desta forma, o objetivo deste projeto é realizar o sequenciamento do genoma de referência de *B. pernix*, reduzindo lacunas de conhecimento genético e visando fornecer subsídios científicos para conservação da espécie. Este sequenciamento representa um marco científico, sendo o primeiro genoma completo para a família Brachycephalidae e para o gênero *Brachycephalus* a ser realizado no Brasil e no mundo. Esse recurso permitirá avanços no entendimento da evolução morfológica do grupo, além de fornecer subsídios para a análise de diversidade genética, estrutura e tamanho populacional, informações essenciais para estratégias de manejo e conservação.

Ainda, a proposta está alinhada ao 2º Ciclo do PAN Herpetofauna do Sul (ICMBio), que prevê a ação 2.16: monitorar populações e estudar aspectos da história natural e ecologia de espécies ameaçadas, incluindo *B. pernix*, fornecendo subsídios para estratégias de conservação.

Métodos

Para realizar o sequenciamento, será coletado um indivíduo macho de *B. pernix* em sua localidade tipo (Morro do Anhangava, Parque Estadual da Serra da Baitaca, Quatro Barras – PR). O método de busca será a busca ativa, que será realizada entre os meses de janeiro a março de 2026. Após a coleta do indivíduo, este será imerso em uma solução de MS-222 a 5 g/L para eutanásia. Os tecidos serão coletados e armazenados segundo protocolos do RAN/ICMBio e enviados ao ITV, conforme manual de envio de amostras. Posteriormente, será feita a extração de DNA e RNA de alta qualidade, e então o sequenciamento PacBio HiFi (cobertura 50× e 30×). Por fim, será realizada a montagem e anotação do genoma e transcriptomas, e geração do mitogenoma e análises funcionais.

Referências

- Anunciação PR, Valencia-Zuleta A, Signorelli L, Martins M, Bastos RP, Bataus Y, Guidorizzi CE (2024) Amphibian conservation status in Brazil: spatial patterns, threats, and challenges. *Journal for Nature Conservation*, 79: 126611. <https://doi.org/10.1016/J.JNC.2024.126611>
- ICMBio, 2025. Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade – SALVE. Disponível em: <https://salve.icmbio.gov.br/>. Acesso em: 19 de set. de 2025.

- Moura-Campos D, Greenspan SE, DiRenzo GV, Neely WJ, Toledo LF, & Becker CG. (2021). Fungal disease cluster in tropical terrestrial frogs predicted by low rainfall. *Biological Conservation*, 261, 109246.
- Pontes MR, Santos-Pereira M, Machado IF, Ernetti JR, Campião KM, Alencastro MC, Nadaline J, Oda FH, Guerra V, et al. 2025. Amphibia (Anfíbios). In: *Livro vermelho da fauna ameaçada de extinção do Estado do Paraná*, Leivas PT, editor. Instituto Água e Terra, Paraná, Curitiba, pp. 215–231.
- Ribeiro LP, Carvalho T, Becker CG, Jenkinson TS, Leite DDS, James TY, ... & Toledo, LF (2019). Bullfrog farms release virulent zoospores of the frog-killing fungus into the natural environment. *Scientific reports*, 9 (1), 13422.