



Mapeando necessidades: oportunidades para a utilização de ferramentas genéticas e genômicas na conservação da biodiversidade brasileira

Cintia Povill¹

 <https://orcid.org/0000-0001-8494-8939>

Silvia Britto Barreto¹

 <https://orcid.org/0000-0001-8780-1959>

Izabela Santos Mendes¹

 <https://orcid.org/0000-0001-6028-9633>

Danielle Luna-Lucena¹

 <https://orcid.org/0000-0002-1492-236X>

Roberta Pacheco Damasceno¹

 <https://orcid.org/0000-0003-2948-9826>

Ana Carolina D'Oliveira Pavan¹

 <https://orcid.org/0000-0002-0653-6186>

Amanda Ferreira Vidal²

 <https://orcid.org/0000-0003-4180-9925>

Daniel Luis Zanella Kantek³

 <https://orcid.org/0000-0001-9558-1503>

Diego de Medeiros Bento⁴

 <https://orcid.org/0000-0002-3773-8290>

Emanuel Bruno Neuhaus²

 <https://orcid.org/0000-0002-5966-7585>

Gisele Lopes Nunes²

 <https://orcid.org/0000-0003-3994-5135>

Henrique Vieira Figueiró²

 <https://orcid.org/0000-0002-8368-7156>

Lara Gomes Côrtes⁵

 <https://orcid.org/0000-0001-9918-7589>

Luanne Helena Augusto Lima⁶

 <https://orcid.org/0000-0002-5366-7410>

Sibelle Torres Vilaca²

 <https://orcid.org/0000-0002-6887-4703>

Alexandre Aleixo^{2*}

 <https://orcid.org/0000-0002-7816-9725>

* Contato principal

Amely Branquinho Martins^{7*}

 <https://orcid.org/0000-0002-1200-4872>

* Contato principal

¹ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Instituto Tecnológico Vale – Desenvolvimento Sustentável/ITV, Brasil. <cintiapbio@gmail.com, silvia.barreto@itv.org, izabelasatosmendes@gmail.com, danielle.lucena@pq.itv.org, roberta.damasceno@pq.itv.org, ana.pavan@pq.itv.org>.

² Instituto Tecnológico Vale – Desenvolvimento Sustentável/ITV, Brasil. <amanda.vidal@itv.org, emanuel.neuhaus@pq.itv.org, gisele.nunes@itv.org, henrique.figueiro@pq.itv.org, Sibelle.Vilaca@itv.org, alexandre.aleixo@itv.org>.

³ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Aquáticos/CMA, Brasil. <daniel.kantek@icmbio.gov.br>.

⁴ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Cavernas/CECAV, Brasil. <diego.bento@icmbio.gov.br>.

⁵ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Répteis e Anfíbios/RAN, Brasil. <lara.cortes@icmbio.gov.br>.

⁶ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Carnívoros/CENAP, Brasil. <luannelima@gmail.com>.

⁷ Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/ICMBio, Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Primatas Brasileiros/CPB, Brasil. <amely.martins@icmbio.gov.br>.

Recebido em 29/11/2024 – Aceito em 06/04/2025

Como citar:

Povill C, Barreto SB, Mendes IS, Luna-Lucena D, Damasceno RP, Pavan AC, Vidal AF, Kantek DLZ, Bento DM, Neuhaus EB, Nunes GL, Figueiró HV, Côrtes LG, Lima LHA, Vilaca ST, Aleixo A, Martins AB. Mapeando necessidades: oportunidades para a utilização de ferramentas genéticas e genômicas na conservação da biodiversidade brasileira. Biodivers. Bras. [Internet]. 2025; 15(2): 60-78. doi: 10.37002/biodiversidadebrasileira.v15i1.2579

Palavras-chave: Código de barras de DNA; DNA ambiental; espécies ameaçadas; genomas de referência.

RESUMO – A conservação da biodiversidade, especialmente em regiões megadiversas como o Brasil, enfrenta desafios que exigem a implementação de abordagens inovadoras. Nesse contexto, foi firmado um acordo de parceria entre o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio)



e o Instituto Tecnológico Vale (ITV), denominado GBB – Genômica da Biodiversidade Brasileira, com o objetivo de aplicar ferramentas genéticas e genômicas em estudos de conservação, monitoramento e manejo de espécies brasileiras. Para a identificação de espécies-alvo e projetos-piloto, foi realizado um levantamento de demandas de conservação junto aos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs) e unidades de conservação (UCs) do ICMBio. A partir das demandas dos CNPcs, foram identificados 278 pré-projetos abrangendo vertebrados (76,0%), invertebrados (17,4%) e plantas (6,6%). Esses pré-projetos contemplam os quatro subeixos do GBB, sendo 27 em ‘código de barras de DNA’, 65 em ‘DNA metabarcoding’, 157 em ‘genômica de espécies de interesse para a conservação’ e 29 em ‘genômica de espécies de interesse para a bioeconomia’. As UCs, por sua vez, apresentaram 419 demandas envolvendo vertebrados (62,5%), plantas (27,5%) e invertebrados (10%). Os principais interesses das UCs se referem à análise de estrutura populacional, conectividade e tamanho efetivo populacional. Adicionalmente, foram identificadas sinergias entre as demandas dos CNPcs e entre CNPcs e UCs, o que pode facilitar a priorização de projetos. Esses resultados representam uma importante fonte de informações para subsidiar o delineamento dos próximos passos do GBB e para direcionar as pesquisas genéticas sobre as espécies brasileiras, impulsionando a inovação na conservação da biodiversidade.

Mapping needs: opportunities for the use of genetic and genomic tools in the conservation of the Brazilian biodiversity

Keywords: DNA barcoding; environmental DNA; threatened species; reference genomes.

ABSTRACT – Biodiversity conservation, especially in megadiverse regions like Brazil, faces challenges that require the implementation of innovative approaches. In this context, a partnership agreement was signed between the Chico Mendes Institute for Biodiversity Conservation (ICMBio) and the Vale Institute of Technology (ITV), named GBB – Genomics of Brazilian Biodiversity, aiming to develop genetic and genomic tools for the conservation, monitoring, and management of Brazilian species. For the identification of target species and pilot projects, a survey of conservation demands was conducted with the National Research and Conservation Centers (CNPcs) and conservation units (UCs) of ICMBio. From the demands of the CNPcs, 278 pre-projects were identified covering vertebrates (76.0%), invertebrates (17.4%), and plants (6.6%). These pre-projects encompass the four GBB hubs, with 27 in ‘DNA barcode’, 65 in ‘DNA metabarcoding’, 157 in ‘genomics of species of conservation interest’, and 29 in ‘genomics of species of interest for bioeconomy’. The UCs, in turn, presented 419 demands involving vertebrates (62.5%), plants (27.5%), and invertebrates (10%). The main interests of the UCs relate to the analysis of population structure, connectivity, and effective population size. Additionally, synergies were identified between the demands of the CNPcs and between CNPcs and UCs, which can facilitate prioritizing projects. Our results represent an important source of information to support the delineation of GBB’s next steps and to guide genetic research on Brazilian species, driving innovation in biodiversity conservation.

Mapeo de necesidades: oportunidades para la utilización de herramientas genéticas y genómicas en la conservación de la biodiversidad brasileña

Palabras clave: Código de barras de ADN; ADN ambiental; especies amenazadas; genomas de referencia.

RESUMEN – La conservación de la biodiversidad, especialmente en regiones megadiversas como Brasil, enfrenta desafíos que exigen la implementación de enfoques innovadores. En este contexto, se ha firmado un acuerdo de colaboración entre el Instituto Chico Mendes de Conservación de la Biodiversidad (ICMBio) y el Instituto Tecnológico Vale (ITV), denominado GBB – Genómica de la Biodiversidad Brasileña, con el objetivo de desarrollar herramientas genéticas

y genómicas para la conservación, monitoreo y manejo de especies brasileñas. Para la identificación de especies objetivo y proyectos piloto, se realizó un levantamiento de demandas de conservación con los Centros Nacionales de Investigación y Conservación (CNPcs) y unidades de conservación (UCs) del ICMBio. A partir de las demandas de los CNPCs, se identificaron 278 preproyectos que abarcan vertebrados (76,0%), invertebrados (17,4%) y plantas (6,6%). Estos preproyectos abarcan los cuatro subejos del GBB, con 27 en 'código de barras de ADN', 65 en 'ADN metabarcoding', 157 en 'genómica de especies de interés para la conservación' y 29 en 'genómica de especies de interés para la bioeconomía'. Las UCs, a su vez, presentaron 419 demandas que involucran vertebrados (62,5%), plantas (27,5%) e invertebrados (10%). Los principales intereses de las UCs se relacionan con el análisis de la estructura poblacional, la conectividad y el tamaño efectivo de la población. Además, se identificaron sinergias entre las demandas de los CNPCs y entre los CNPCs y las UCs, lo que puede facilitar la priorización de proyectos. Estos resultados representan una fuente importante de información para respaldar la delineación de los próximos pasos del GBB y guiar la investigación genética sobre especies brasileñas, impulsando la innovación en la conservación de la biodiversidad.

Introdução

O Brasil destaca-se mundialmente por sua rica biodiversidade, abrigando mais de 118.000 espécies animais e cerca de 46.000 espécies de plantas e fungos. Isso representa aproximadamente 15-20% do total de espécies conhecidas do planeta [1]. Além dessa megabiodiversidade, o país também é detentor de uma variedade de ecossistemas, presentes nos seis distintos domínios morfoclimáticos e em uma ampla zona marinha que engloba o mar territorial, a plataforma continental marinha e a Zona Econômica Exclusiva (ZEE) [1]. Ademais, o Brasil destaca-se pela diversidade cultural e sociodiversidade, com mais de 240 povos indígenas e inúmeras comunidades tradicionais, como caixaras, quilombolas, seringueiros e ribeirinhos, que detêm um considerável conhecimento acerca do manejo e conservação da biodiversidade [2].

Diante da riqueza de recursos naturais, como a maior floresta tropical do mundo (Amazônia) e a maior reserva de água doce (~12% do total mundial), o Brasil possui um papel de protagonista nas ações que visam a integridade e sustentabilidade desses recursos para as atuais e futuras gerações [3]. Contudo, essa expressiva diversidade de organismos também se reflete no número de espécies ameaçadas. Recentemente, o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) divulgou uma lista com a avaliação do grau de ameaça de 15.648 espécies de animais, das quais 344 foram classificadas como Quase Ameaçadas (NT), 468 como Vulneráveis (VU), 425 como Em Perigo

(EN) e 360 como Criticamente em Perigo (CR) [4]. Adicionalmente, 1.327 espécies foram classificadas como Dados Insuficientes (DD), devido à carência de informações científicas adequadas para fazer a avaliação do seu risco de extinção.

Algumas espécies da fauna e flora demonstram uma notável capacidade de adaptação e resiliência diante das modificações ambientais resultantes do crescimento populacional e desenvolvimento humano. No entanto, muitas outras não conseguem se adaptar a mudanças tão rápidas e destrutivas [5]. Esse é especialmente o caso de espécies endêmicas, com distribuição restrita e altamente especializadas em um único tipo de ambiente, o que as torna extremamente sensíveis a mudanças ambientais abruptas. No Brasil, um estudo revelou que até o ano de 2007 eram conhecidas um total de 522 espécies endêmicas, incluindo 59 de mamíferos, 176 de aves, 71 de anfíbios e 216 de répteis [6]. Além disso, constatou-se que o número de espécies de angiospermas (plantas com flores) endêmicas ainda não descritas pode aumentar em cerca de 10% a 50%, enquanto, em certos grupos de vertebrados, esse número variou entre 15% (anfíbios), 6% (mamíferos) e 1% (aves) [7]. Para peixes de água doce neotropicais, estimativas apontam que as espécies não descritas podem representar de 34% a 42% do total para a região; em contrapartida, para peixes marinhos, tais estimativas não são possíveis principalmente devido à falta de taxonomistas e à grande quantidade de áreas ainda pouco exploradas na costa Sul-americana [8].

Um levantamento sobre registros de espécies brasileiras de vertebrados (aves, mamíferos e anuros), artrópodes (abelhas, aranhas, milípedes, ortópteros, libélulas, mariposas e dípteros) e angiospermas (Asteraceae, Bromeliaceae, Fabaceae, Melastomataceae, Myrtaceae, Orchidaceae, Poaceae e Rubiaceae) mostrou que aproximadamente 55% dessas espécies não se encontram em áreas de proteção ambiental. Além disso, é importante destacar que muitas das espécies endêmicas também não são abrangidas por essas áreas. O Pampa e o Pantanal se destacam como as regiões com o menor número de espécies endêmicas ou não protegidas em áreas ambientais [9].

Tendo em vista um cenário que aponta para a sexta extinção em massa, com cerca de 32% das espécies de vertebrados experimentando declínios populacionais significativos [10], medidas eficazes e ações direcionadas para conter a degradação ambiental tornam-se urgentes, assegurando assim a preservação da biodiversidade e o equilíbrio dos ecossistemas. Apesar do reconhecimento da importância da diversidade genética em todos os níveis biológicos, o uso da genética e genômica é ainda incipiente nos esforços de conservação [11], resultando em uma lacuna entre a geração de dados e sua aplicação efetiva. Assim, embora o número de estudos que empregam genômica na pesquisa da biodiversidade esteja em crescimento [12], sua utilização efetiva na preservação da biodiversidade ainda é pouco explorada, permanecendo a genômica ainda uma ferramenta subutilizada em estudos de monitoramento e manejo, por exemplo.

O uso de informações moleculares é essencial para compreender aspectos cruciais, como diversidade genética, estrutura e conectividade populacional, relações filogenéticas, identificação de linhagens, estimativas de introgressão e hibridização e reconstrução da história demográfica das espécies [13]. Apesar de se destacar globalmente pela megabiodiversidade, o Brasil, assim como os demais países do Sul Global, enfrenta disparidades significativas com relação aos países do Norte Global em termos de acesso a tecnologias, financiamento e treinamento na geração e análise de dados genômicos, aumentando a importância de se promover equidade nesse campo. Segundo Hotaling [14], até 2021, apenas 16 genomas de animais depositados no banco de dados públicos GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) haviam sido montados e submetidos por instituições sul-americanas; e em apenas 749 dos 3.278 genomas depositados em

bancos de dados públicos têm contribuições de países do Sul Global, mesmo esses sendo detentores da maioria dos *hotspots* [15] e da maior biodiversidade do planeta.

Uma abordagem molecular interdisciplinar que tem sido utilizada na identificação de espécies é a análise do DNA ambiental (do inglês, *environmental DNA* ou eDNA) [16]. O eDNA é o material genético disperso no ambiente e obtido por meio da análise de amostras ambientais (e.g., água, solo, ar e sedimento). A abordagem do DNA *metabarcoding* permite a detecção de fragmentos de DNA de múltiplas espécies simultaneamente, representando uma abordagem não-invasiva e aplicável em estudos de monitoramento da biodiversidade nativa, bem como de espécies exóticas e invasoras [17]. Dessa forma, o uso dessa metodologia possibilita o planejamento de estratégias de manejo e conservação da biodiversidade de forma rápida e eficaz [18]. Entretanto, no Brasil, o uso de abordagens baseadas em eDNA para monitorar a biodiversidade é incipiente, principalmente pela falta de incentivo governamental para adoção de novas tecnologias [19][20].

Desde a ratificação da Convenção da Diversidade Biológica [21], em 1992, a pauta sobre a conservação da biodiversidade reconhece, dentre outros aspectos, a relevância das informações genéticas. Porém, apenas recentemente a discussão foi expandida para incorporar indicadores de manutenção da diversidade genética e potencial adaptativo de todas as espécies, e não apenas aquelas de relevância agrícola [21]. Nesse sentido, durante a 15ª Conferência das Nações Unidas (COP15) foi estabelecido o novo Marco de Biodiversidade Pós-2020, também conhecido como Marco Global da Biodiversidade de Kunming-Montreal [22]. Este marco incorpora três indicadores genéticos para avaliar o avanço em direção às metas globais de conservação: (1) o número de populações com tamanho populacional efetivo (N_e) indicando diminuição ou redução populacional; (2) a proporção de populações mantidas dentro de espécies; e (3) o número de espécies e populações nas quais a diversidade é monitorada por métodos baseados em DNA. Esses indicadores genéticos podem ser abordados por meio de métodos moleculares, sobretudo utilizando dados genômicos.

Embora diversos estudos genômicos voltados à conservação da biodiversidade brasileira tenham sido conduzidos por pesquisadores e instituições nacionais, utilizando informações genômicas e genéticas de ponta [23][24], o Brasil, enquanto

país megadiverso, ainda apresenta uma significativa lacuna no conhecimento sobre sua biodiversidade. De fato, muitas espécies ainda não possuem nenhum dado genético depositado em bancos de dados públicos [25]. Essa lacuna também se estende a aspectos fundamentais, como a conectividade entre populações e a distribuição e diversidade de espécies, por exemplo. Além disso, uma parte significativa da fauna e flora permanece desconhecida, com algumas espécies potencialmente ameaçadas.

Nesse contexto, e considerando a necessidade de intensificar os esforços para a conservação da biodiversidade, capacitar os servidores do ICMBio no uso de ferramentas genéticas e genômicas, além de posicionar o Brasil como protagonista na produção de genomas de referência e na expansão da aplicação de dados genéticos e genômicos voltados à conservação da biodiversidade brasileira, surgiu o Acordo “Genômica da Biodiversidade Brasileira

(GBB)” [26]. O GBB é um acordo de parceria para Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação [27] firmado entre o ICMBio e o Instituto Tecnológico Vale (ITV), e representa o primeiro consórcio nacional de genômica e a primeira iniciativa institucional no ICMBio voltada para o mapeamento genômico de espécies. O objetivo geral do GBB é aplicar ferramentas genômicas para apoiar as ações do ICMBio nos âmbitos da conservação, monitoramento e manejo da biodiversidade brasileira, incluindo as espécies de interesse bioeconômico, e no monitoramento e manejo de espécies exóticas ou invasoras. Para atender esse objetivo geral, o GBB está estruturado em dois eixos principais: (1) DNA ambiental - com os subeixos de (a) Código de barras de DNA e (b) Metagenômica/Metabarcoding; e (2) Genômica, com os subeixos de (a) Espécies de interesse para a conservação e (b) Espécies de interesse para a bioeconomia (Figura 1).

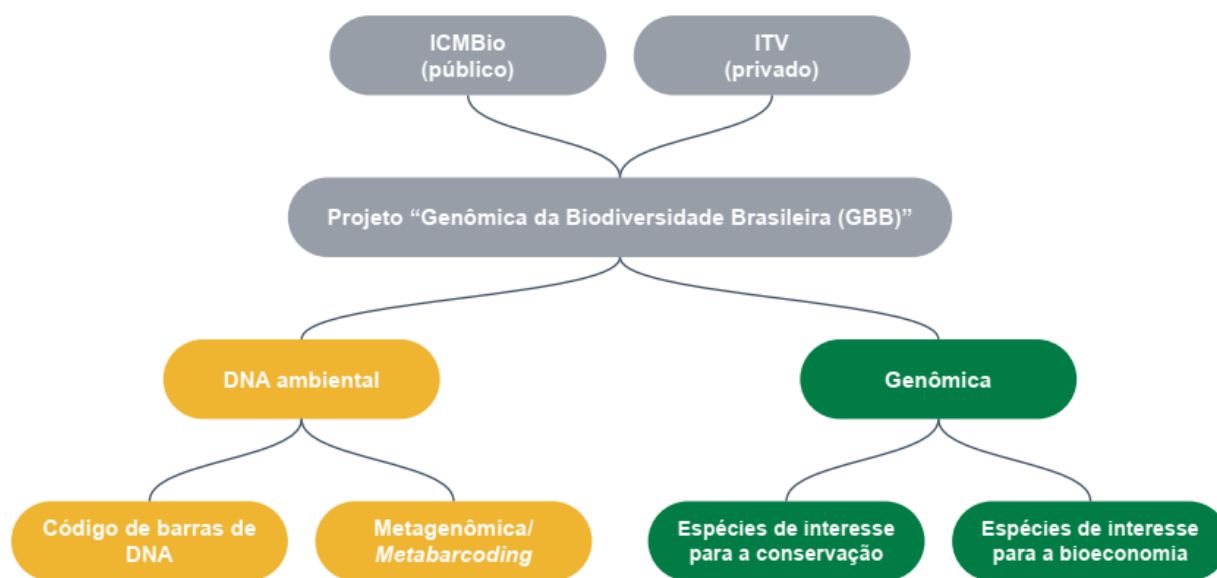


Figura 1 – Estrutura do Projeto “Genômica da Biodiversidade Brasileira (GBB)”, um acordo de parceria para Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação [27] entre o ICMBio e o ITV, em dois eixos (DNA ambiental e Genômica) e quatro subeixos (Código de barras de DNA; Metagenômica/Metabarcoding; Espécies de interesse para a conservação; e Espécies de interesse para a bioeconomia).

Para atingir seus objetivos, o GBB visa atender às demandas de conservação relacionadas às espécies-alvo dos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPCs) do ICMBio, especialmente aquelas contempladas em Planos de Ação Nacionais (PANs), bem como espécies

de interesse das unidades de conservação (UCs) federais. Vale destacar que o ICMBio é responsável pela coordenação da avaliação do risco de extinção e estratégias de conservação da fauna brasileira, enquanto o Jardim Botânico do Rio de Janeiro é encarregado das estratégias de conservação da flora

ameaçada [28][29]. As UCs federais fazem parte do Sistema Nacional de Unidades de Conservação (SNUC) e são responsáveis pela proteção e gestão direta das áreas naturais sob sua jurisdição [30]. Atualmente, o ICMBio é responsável pela gestão de 344 UCs distribuídas em todos os biomas brasileiros [31]. Os CNPCs, por sua vez, são responsáveis por coordenar a execução das atividades de pesquisa científica e monitoramento para conservação da biodiversidade, do patrimônio espeleológico e da sociobiodiversidade, especialmente nas UCs federais, contribuindo com a elaboração do diagnóstico científico do risco de extinção de espécies da fauna brasileira [31]. Desta forma, a partir da riqueza de informações proporcionada pelo uso de ferramentas genéticas e genômicas, o projeto GBB irá fornecer subsídios para a tomada de decisões e concepção de estratégias eficazes na conservação da biodiversidade em todos os biomas do Brasil. Para isso, estabeleceu-se uma ambiciosa meta de produzir, até 2027, pelo menos 80 genomas de referência de alta qualidade e 1.000 genomas de resequenciamento, visando análises populacionais, e geração de cerca de 1.600 códigos de barras (mitogenomas/plastomas) para auxiliar na identificação de espécies.

Diante disso, o presente estudo teve como objetivo identificar, junto aos CNPCs e UCs gerenciadas pelo ICMBio, demandas de conservação envolvendo espécies de vertebrados, invertebrados e plantas ameaçadas de extinção, com dados insuficientes (DD), exóticas invasoras e aquelas ligadas às cadeias produtivas da bioeconomia. A partir dessas demandas, foram indicadas as ferramentas genéticas e genômicas mais adequadas que poderiam auxiliar na conservação dessas espécies, incluindo a geração de mitogenomas e plastomas, genomas de referência, genomas populacionais e uso de amostras ambientais para detectar a presença de espécies por meio da análise do eDNA. Os produtos gerados a partir desse levantamento estão apresentados neste trabalho e foram validados durante as atividades desenvolvidas no *I Workshop do GBB: definindo espécies e projetos-piloto*, realizado no Centro de Formação em Conservação da Biodiversidade (ACADEBio), em Iperó, SP, em setembro de 2023. Participaram do *Workshop* especialistas do ICMBio, especialmente representantes dos CNPCs, das UCs e das coordenações da Diretoria de Pesquisa, Avaliação e Monitoramento da Biodiversidade (DIBIO), além da equipe do ITV.

Material e Métodos

Para realizar o levantamento de demandas de conservação de interesse do ICMBio que poderiam ser auxiliadas pelo uso de ferramentas genéticas e genômicas, foram realizados dois tipos de consulta: (1) reuniões virtuais e preenchimento de planilhas de consulta pelos pontos focais e equipes dos CNPCs (o modelo da planilha encontra-se no Anexo 1); e (2) envio de formulário on-line para 338 UCs federais (número de UCs estabelecidas até a data de envio dos formulários) por meio do Sistema Eletrônico de Informações (SEI) do ICMBio. O modelo do formulário encontra-se no Anexo 2.

Levantamento de demandas junto aos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação

A planilha de consulta individual a cada CNPC foi elaborada de modo a reunir informações sobre as demandas de conservação, avaliar a viabilidade do uso de dados genéticos ou genômicos no atendimento a essas demandas e fornecer uma contextualização para a indicação das espécies ou comunidades biológicas. Foram levantadas, ainda, informações que pudessem ser usadas como critérios de priorização, como o *status* de ameaça das espécies, a sua inserção em algum PAN, além da disponibilidade de amostras.

Para o preenchimento das planilhas, foram contatados os pontos focais dos 14 CNPCs sob responsabilidade do ICMBio: Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Aves Silvestres (CEMAVE); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Répteis e Anfíbios (RAN); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Carnívoros (CENAP); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Primatas Brasileiros (CPB); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Cavernas (CECAV); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Aquática Continental (CEPTA), com abrangência em todo o território Nacional, exceto a região Amazônica; Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Amazônica (CEPAM); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade do Cerrado e Restauração Ecológica (CBC); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Marinha do Sudeste e Sul (CEPSUL); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação das Tartarugas Marinhas e da Biodiversidade Marinha do Leste (TAMAR); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de

Mamíferos Aquáticos (CMA); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Marinha do Nordeste (CEPENE); Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Marinha do Norte (CEPNOR); e Centro Nacional de Pesquisa e Conservação da Sociobiodiversidade Associada a Povos e Comunidades Tradicionais (CNPT). Além disso, com o objetivo de aumentar a representatividade de espécies da flora, uma representante do projeto “Flora do Brasil” foi convidada a participar da pesquisa, preenchendo uma planilha com as demandas de conservação envolvendo espécies de plantas.

Entre os dias 01 de agosto e 19 de setembro de 2023, foram conduzidas discussões acerca das demandas individuais de cada CNPC durante as reuniões virtuais da equipe do GBB com as respectivas equipes dos CNPCs. Essas discussões foram baseadas nas contextualizações e demais informações fornecidas pelos pontos focais, com o objetivo de preencher as planilhas de consulta e identificar a abordagem genética/genômica mais apropriada para cada demanda. Após o preenchimento das planilhas, foram feitas buscas no banco de dados públicos do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) e do *Genomes on a Tree* (GoaT, <https://goat.genomehubs.org>) para verificar a disponibilidade de dados genéticos e/ou genômicos para cada espécie indicada, de forma a categorizá-las como: (1) sem dados; (2) apenas marcadores moleculares individuais, como fragmentos de genes mitocondriais ou plastidiais; (3) genoma organelar completo (mitocondrial ou plastidial); ou (4) genoma completo (WGS, *Whole Genome Sequencing*).

Em seguida, foi realizado um diagnóstico geral das demandas de cada CNPC, assim como a consolidação dessas demandas na forma de pré-projetos, a fim de nivelar, organizar, sistematizar e delimitar de maneira mais clara e concisa os objetivos de cada demanda e permitir a posterior comparação entre CNPCs. Essa comparação foi realizada com o objetivo de identificar sinergias relacionadas às espécies ou comunidades indicadas e a presença de demandas circunscritas a uma mesma região geográfica. Desta forma, os interesses compartilhados poderiam gerar projetos mais amplos que conjugassem esforços para a sua execução. Quando essas sinergias foram detectadas precocemente durante o levantamento, houve oportunidade de discussão dessas demandas em reuniões com representantes dos CNPCs interessados.

Para evitar a perda de informações e facilitar a associação entre as demandas levantadas pelos CNPCs e os pré-projetos sugeridos, cada demanda recebeu um código único que identificava o CNPC e o número da demanda (e.g., CEPAM1, RAN1, CENAP1, etc.), e esse código está listado tanto nas planilhas de demandas dos CNPCs organizadas em pré-projetos (Anexo 3) quanto na lista contendo os pré-projetos, espécies e comunidades compartilhadas entre CNPCs (Anexo 4).

Levantamento de demandas junto às unidades de conservação

No contexto das UCs, o levantamento de demandas de conservação que poderiam se beneficiar do uso de ferramentas genéticas e genômicas foi realizado através de um formulário de consulta às equipes das 338 UCs federais (estabelecidas até aquela data) sob a gestão do ICMBio por meio dos Núcleos de Gestão Integrada (NGIs), utilizando o sistema SEI, com um prazo de preenchimento de três semanas (de 25 de agosto a 15 de setembro de 2023). O formulário contemplava questões envolvendo: (1) espécies ameaçadas de extinção; (2) espécies com dados insuficientes; (3) espécies exóticas invasoras; (4) espécies relacionadas às cadeias produtivas da bioeconomia; e (5) uso de amostras ambientais para detectar a presença de espécies por meio do eDNA. Os representantes puderam assinalar múltiplas demandas relativas à sua unidade e também havia espaços para a contextualização das problemáticas, indicação das espécies e adição de outras demandas não previamente listadas. Com base nas respostas recebidas, foi elaborada uma planilha para consolidar as demandas das UCs.

A planilha com a consolidação das demandas das UCs também registrou sinergias entre UCs e CNPCs, com base em espécies (ou grupos taxonômicos mais inclusivos), demandas e/ou regiões geográficas de comum interesse. A identificação dessas sinergias teve como objetivo identificar possíveis projetos passíveis de desenvolvimento em parceria, facilitando sobretudo o estabelecimento de unidades/áreas para a coleta de amostras e outros dados.

Resultados e Discussão

Demandas dos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação

Ao todo, foram realizadas 32 reuniões (~60h) via plataforma on-line (*Microsoft Teams*), que resultaram no preenchimento de 15 planilhas: 14 dos CNPCs e uma de espécies da flora, uma vez que o ICMBio não é o órgão responsável pela análise do risco de extinção das espécies vegetais e, por isso, o levantamento aqui realizado demandou especialistas na flora para indicação de alvos. Nessas planilhas, observou-se uma elevada heterogeneidade no número de demandas listadas e de informações fornecidas, o que pode estar associada aos CNPCs e equipes com maior familiaridade com ferramentas genéticas/genômicas. No entanto, isso também ressalta a necessidade de todos os CNPCs ampliarem o uso dessas ferramentas para abordar a diversidade e complexidade dos dados e questões apresentadas. Para apoiar essa ampliação, o GBB tem promovido oficinas, workshops e cursos teóricos e práticos voltados à capacitação de servidores do ICMBio no uso dessas ferramentas, visando ampliar sua aplicação e recomendação no planejamento e na implementação de ações voltadas à conservação.

Devido à grande quantidade e diversidade de demandas levantadas pelos CNPCs, fez-se necessário consolidá-las na forma de pré-projetos, o que resultou na identificação de 278 propostas que contemplam espécies da fauna e da flora (Anexo 3). O grupo de maior interesse dos CNPCs e, por isso, com uma maior quantidade de demandas, foi o grupo dos vertebrados, sendo contemplados em 76% dos pré-

projetos (com predominância de peixes *Osteichthyes* e mamíferos). Espécies de invertebrados e da flora foram contemplados em um menor número de pré-projetos: 17,6% e 6,6%, respectivamente (Figura 2).

Em menor proporção, também foram sugeridos estudos visando o monitoramento de patógenos que causam doenças em vertebrados. O resultado do levantamento das demandas é compatível com o fato de que a maioria dos CNPCs tem como espécies-alvo para conservação aquelas pertencentes ao grupo dos vertebrados, sendo que essa predominância pode ser atribuída a diversos fatores. Primeiramente, os vertebrados têm sido historicamente mais estudados em áreas como ecologia, comportamento animal e fisiologia, o que resulta em uma maior disponibilidade de informações sobre essas espécies [32]. Ademais, a Instrução Normativa ICMBio nº 9/2020, que disciplina as diretrizes e procedimentos para a Avaliação do Risco de Extinção das Espécies da Fauna Brasileira, determina que sejam avaliadas todas as espécies de vertebrados com ocorrência conhecida no Brasil, enquanto apenas parte das espécies de invertebrados devem ser avaliadas, selecionadas considerando sua importância ecológica, econômica, social e o conhecimento taxonômico sobre o grupo. Além disso, mais de 70% das espécies brasileiras de vertebrados estão categorizadas como ameaçadas de extinção [4]. Assim, como o processo de avaliação do risco de extinção da fauna, conduzido pelo ICMBio, subsidia diversas outras ações para conservação (como os PANs, manejo para conservação, dentre outros), e a maioria das espécies avaliadas são de vertebrados, compreende-se que o resultado do levantamento corrobora os processos institucionais do ICMBio voltados à conservação da biodiversidade brasileira.

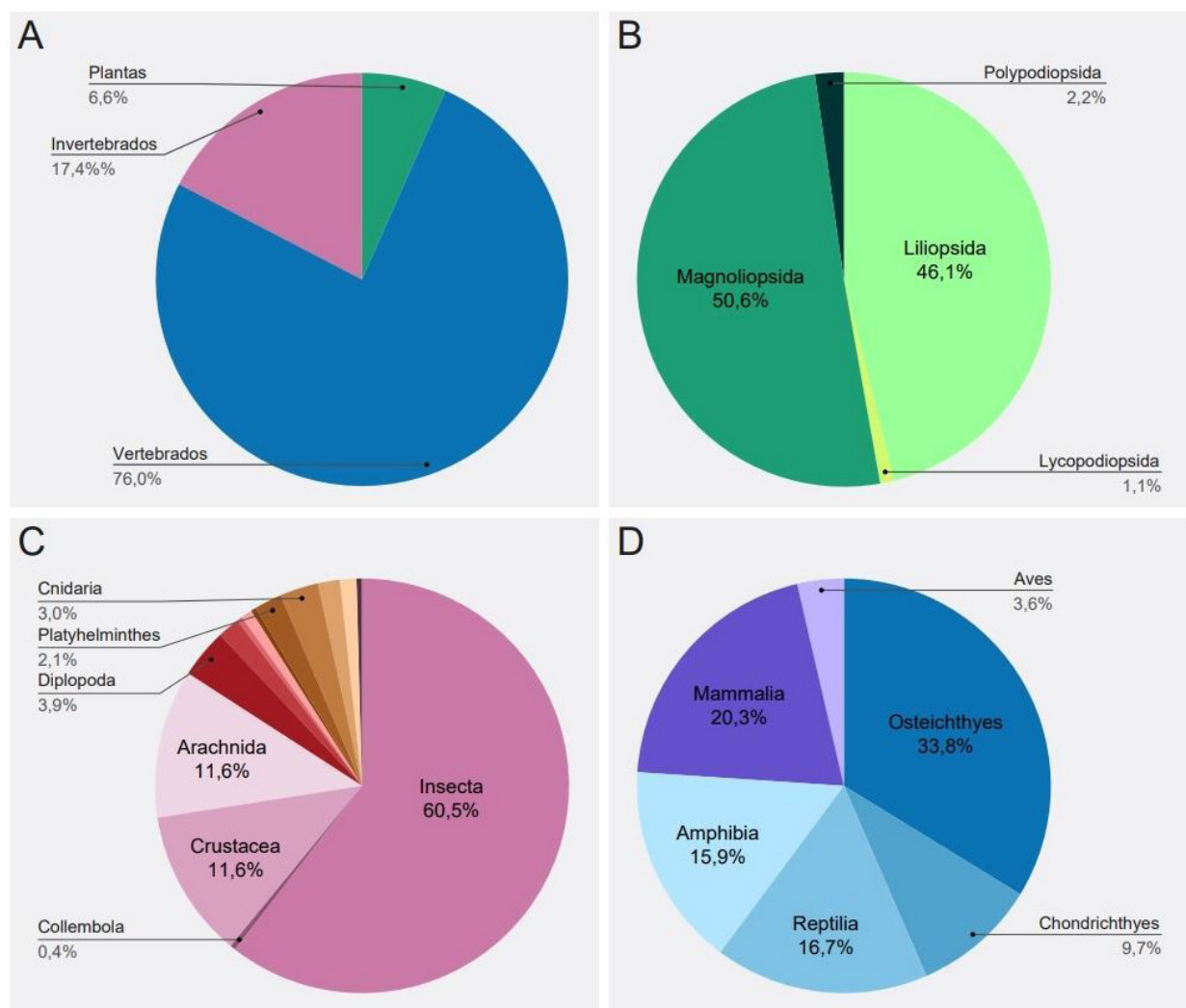


Figura 2 – Gráficos ilustrando em (A) proporção dos grupos taxonômicos de interesse dos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs) do ICMBio dividida em grandes grupos, e a proporção de grupos taxonômicos hierarquicamente inferiores dentro de (B) plantas, (C) invertebrados; e (D) vertebrados.

Os pré-projetos contemplaram todos os subeixos do GBB, sendo: 27 pré-projetos em ‘Código de barras de DNA’ (~10%), 65 em ‘Metagenômica/ Metabarcoding’ (~23%), 157 em ‘Genômica de espécies de interesse para a conservação’ (~56%) e 29 em ‘Genômica de espécies de interesse para a

bioeconomia’ (~10%) (Anexo 3), com uma grande variação no número de pré-projetos entre os diferentes CNPCs (Figura 3). Em adição, oito dos 14 CNPCs (~57%) indicaram pré-projetos que contemplam todos os quatro subeixos do GBB.

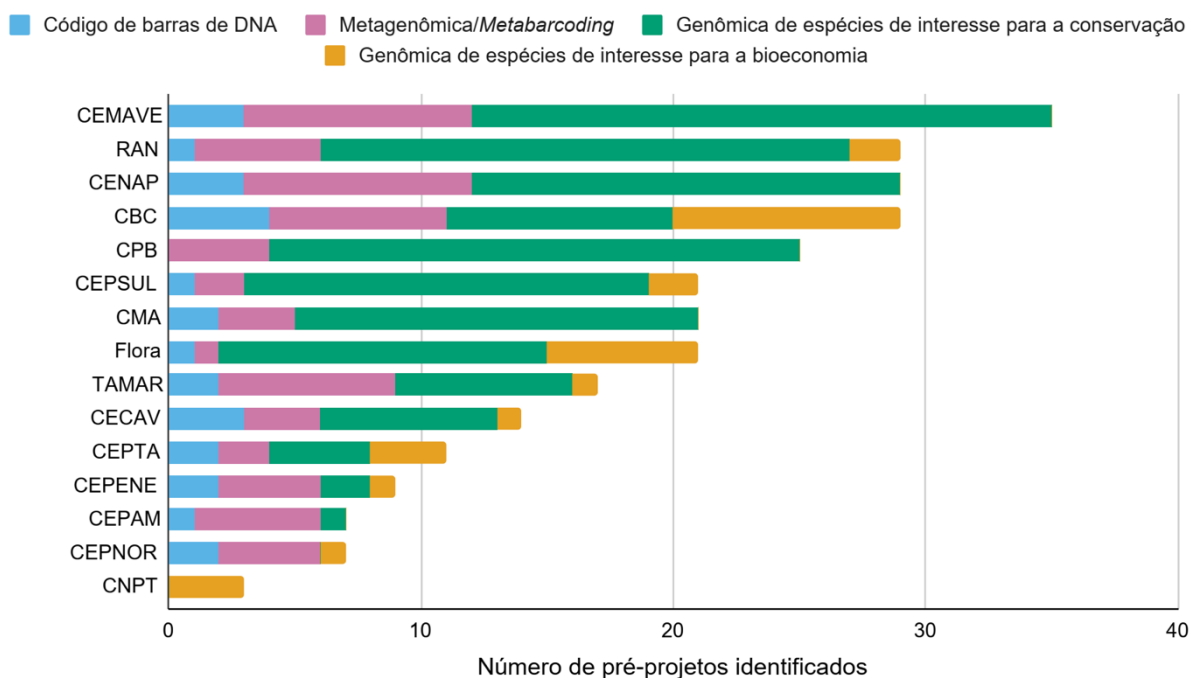


Figura 3 – Número de pré-projetos por Centro Nacional de Pesquisa e Conservação (CNPC) do ICMBio em cada subeixo do Acordo Genômica da Biodiversidade Brasileira (GBB).

É importante ressaltar que os pré-projetos identificados diferem em alguns aspectos das demandas levantadas pelos CNPCs. Por exemplo, para alguns pré-projetos que contemplavam a análise do eDNA, foi identificada a necessidade de primeiramente elaborar um projeto de geração de códigos de barras para compor bancos de referências genéticas, etapa essa necessária para a identificação das espécies demandadas. Desse modo, uma única demanda de eDNA listada pelo CNPC pode ter gerado dois pré-projetos na lista consolidada: um de geração de códigos de barras das espécies-alvo e outro de eDNA *metabarcoding*, sendo que um único pré-projeto de código de barras pode envolver múltiplas espécies. Por outro lado, algumas demandas dos CNPCs de geração de código de barras para uma espécie não aparecem na lista consolidada, visto que foi identificada a disponibilidade de dados

genéticos em bancos de dados públicos e, nesse caso, não haveria a necessidade de gerar essa informação novamente.

Com relação à disponibilidade de dados genéticos e genômicos, a maioria das 1.366 espécies listadas nas demandas dos CNPCs possui apenas marcadores individuais disponíveis (~54%), como fragmentos de genes mitocondriais/plastidiais (Figura 4). Esses resultados podem ser explicados pelos diversos obstáculos técnicos, financeiros e logísticos que dificultam a condução de pesquisas genômicas no Brasil [33], sendo priorizadas, portanto, pesquisas com geração de marcadores genéticos isolados utilizando tecnologias de sequenciamento de primeira geração (i.e., método de Sanger). Dessa forma, observa-se que apenas ~17% das espécies listadas possuem dados de genomas organelares (mitocondriais/plastidiais) ou genomas completos disponíveis (Figura 4).

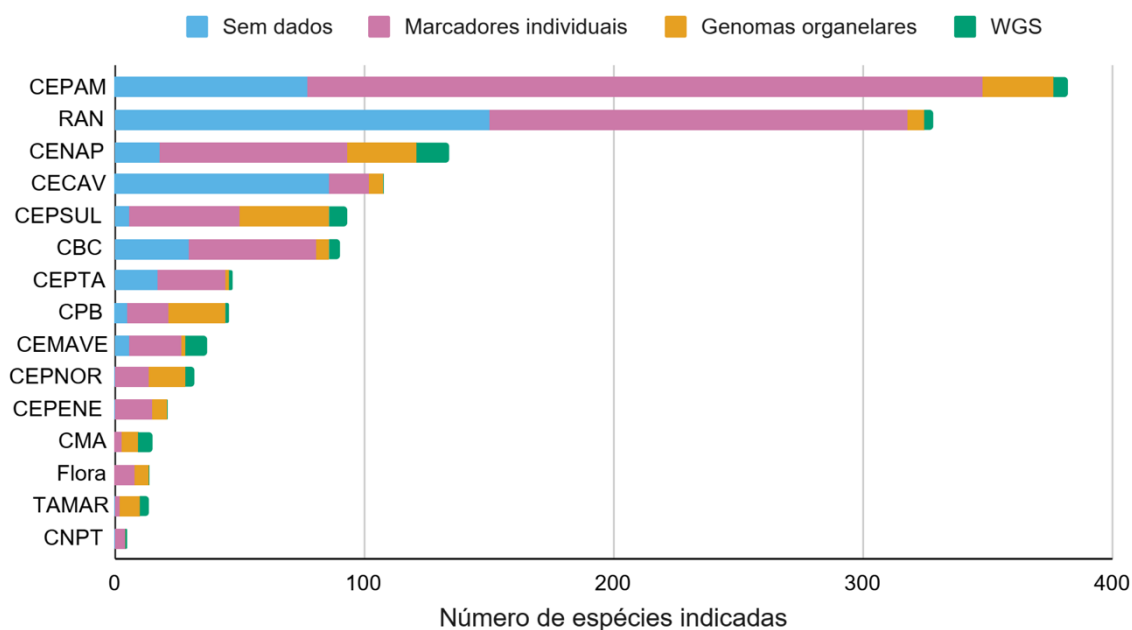


Figura 4 – Disponibilidade de dados genéticos e genômicos no banco de dados públicos do NCBI e GOAT para as espécies indicadas por cada Centro Nacional de Pesquisa e Conservação (CNPC) do ICMBio. WGS refere-se a sequenciamento de genoma completo (do inglês *Whole Genome Sequencing*).

No levantamento realizado junto aos CNPCs, 283 espécies em diferentes categorias de ameaça foram indicadas para a geração de genomas de referência, o que inclui táxons dos dois subeixos da genômica do GBB (conservação e bioeconomia; Figura 1; Anexo 5). O maior número de demandas

envolve espécies categorizadas como “Críticamente em Perigo (CR)” (N=88, 31,1%), seguidas de “Em Perigo (EN)” (N=55, 19,4%) e “Vulnerável (VU)” (N=54, 19,1%; Figura 5). Esses resultados estão de acordo com os objetivos tanto do ICMBio quanto do GBB, de priorizar o mapeamento genômico de espécies ameaçadas da biodiversidade brasileira.

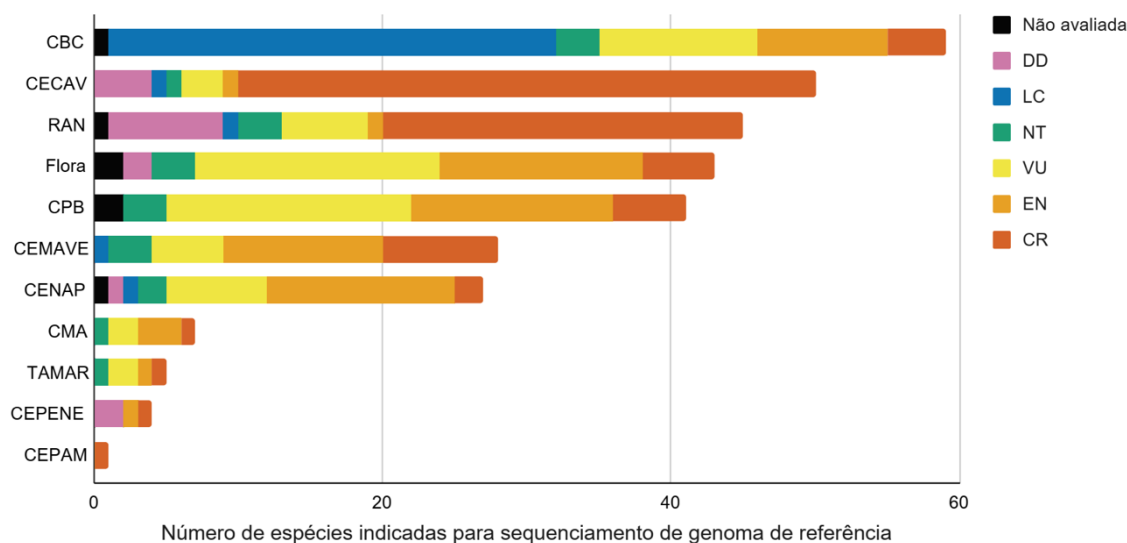


Figura 5 – Número de espécies indicadas para sequenciamento de genoma de referência por Centro Nacional de Pesquisa e Conservação (CNPC) e por categoria de ameaça, seguindo a validação feita pelo processo de avaliação do estado de conservação das espécies da fauna brasileira realizado pelo ICMBio. DD (Dados Insuficientes), LC (Pouco Preocupante), NT (Quase Ameaçada), VU (Vulnerável), EN (Em Perigo); e CR (Críticamente em Perigo).

Analisando as demandas dos CNPCs, foram identificados grandes temas de pesquisa dentro de cada subeixo do GBB e que, em muitos casos, eram de interesse compartilhado entre dois ou mais CNPCs. Por exemplo, em 'Código de barras de DNA', os temas listados foram: (1) geração de banco referencial para uso em estudos de eDNA/metabarcoding; (2) geração de código de barras para espécies provavelmente extintas ou raras, com base em amostras de DNA de espécimes de coleções biológicas; (3) estudos de sistemática e taxonomia, incluindo resolução de incertezas taxonômicas (identificação molecular de indivíduos); (4) genética forense para detecção de comércio ilegal ou espécies traficadas; e (5) análise da procedência de indivíduos (de natureza ou cativeiro).

No subeixo 'Metagenômica/Metabarcoding', foram identificados os seguintes temas: (1) identificação e monitoramento de espécies ameaçadas, espécies com dados insuficientes (DD), reintroduzidas, exóticas invasoras e patógenos (incluindo demandas voltadas para comunidades e/ou para uma única espécie); (2) interação entre polinizadores e plantas visitadas; (3) análise da dieta de espécies exóticas invasoras e nativas; (4) análise da microbiota (incluindo patógenos); e (5) padronização de protocolos de eDNA.

Para o subeixo 'Genômica de espécies de interesse para a conservação', foram identificados os seguintes temas: (1) caracterização genética de indivíduos/populações *in situ* e *ex situ*; (2) análise da conectividade entre populações e estimativas de fluxo gênico; (3) análise dos sinais de hibridização e dinâmica de zonas híbridas; (4) análises de demografia histórica e estimativas de tamanho efetivo populacional; (5) análise de níveis de endogamia e variabilidade genética; (6) resolução de incertezas taxonômicas; (7) geração de genomas de referência; (8) geração de *studbooks* para espécies CR, provavelmente extintas ou raras; (9) genômica comparativa – compreender mudanças evolutivas/características únicas que diferenciam espécies; e (10) epigenômica para avaliar silenciamento e expressão de genes.

Por fim, os temas para o subeixo 'Genômica de espécies de interesse para a bioeconomia' foram: (1) geração de genomas de referência; (2) estudos populacionais para auxiliar no manejo,

conservação e uso sustentável das espécies; (3) estudos de genética adaptativa e identificar genes candidatos; (4) transcriptômica ou uso de sequências genômicas reguladoras para avaliar comportamentos reprodutivos de espécies que podem estar sendo moldados por impactos ambientais; e (5) transcriptômica para avaliar efeito de xenobióticos em espécies e inferir sobre segurança alimentar em uma determinada região.

Sinergias entre Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação

Com relação aos pré-projetos, foram identificadas nove sinergias, com interesse compartilhado entre pelo menos dois CNPCs, sendo duas no subeixo 'Códigos de barras', quatro no subeixo 'Metagenômica/Metabarcoding', uma no subeixo 'Genômica de espécies de interesse para a conservação' e duas no subeixo 'Genômica de espécies de interesse para a bioeconomia' (Anexo 4 – Primeira parte da planilha de transversalidades entre CNPCs). Também foram identificadas 50 espécies e cinco comunidades/conjuntos de espécies listadas por dois, três ou quatro CNPCs (Anexo 4 – Segunda parte da planilha de transversalidades entre CNPCs). Por exemplo, as espécies de peixes cavernícolas *Rhamdiopsis* sp. e *Trichomycterus itacarambiensis* foram citadas por dois CNPCs (i.e., CECAV e CEPTA), assim como as espécies de perereca *Bokermannohyla martinsi* e *B. vulcaniae*, que foram elencadas como demandas para o GBB tanto pelo RAN quanto pelo CECAV. Além disso, também foram observadas sinergias entre o CEPTA e o RAN e entre o CBC e o CECAV, que são referentes às espécies *Helicops apiaka* e a comunidade de flora de cavernas, respectivamente.

Demandas das unidades de conservação

Com relação ao levantamento de demandas feito com as UCs, um total de 42 unidades, representando 12,43% das UCs, responderam ao formulário, sendo: nove da região Norte, 10 da Nordeste, 16 da Sudeste e seis da Sul (Anexo 6; Figura 6). Similarmente às planilhas dos CNPCs, houve heterogeneidade no preenchimento dos formulários por parte das UCs.

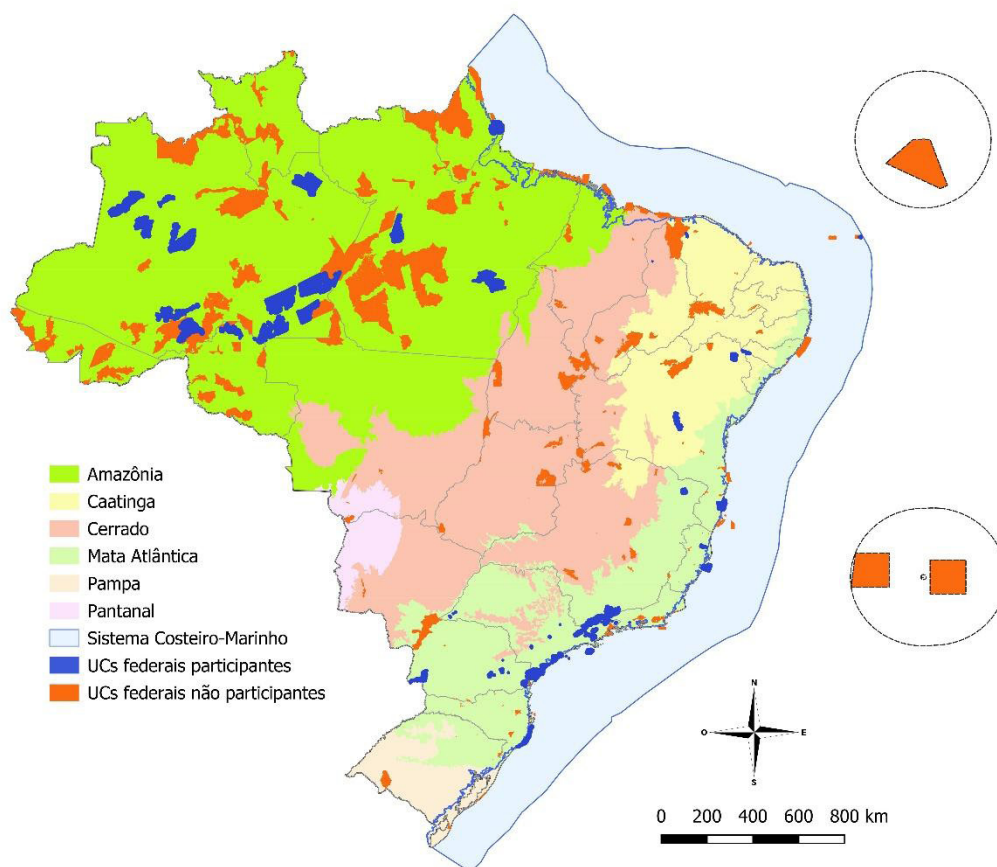


Figura 6 – Mapa do Brasil com a distribuição das unidades de conservação (UCs)/Núcleos de Gestão Integrada (NGIs) do ICMBio que responderam ao formulário de consulta (em azul escuro) para levantamento de demandas no âmbito do Acordo Genômica da Biodiversidade Brasileira (GBB). Mapa modificado de IBGE (2019): Biomas e Sistema Costeiro-Marinho do Brasil – 1:250 000. Os círculos pontilhados representam a área de delimitação das UCs presentes nessas regiões marinhas.

A partir das respostas ao formulário, foi elaborada uma planilha contendo as espécies/grupos taxonômicos de interesse, assim como as demandas envolvendo o uso de dados genéticos/genômicos, a fim de se obter um diagnóstico das UCs (Anexo 7). Esse diagnóstico revela que as demandas listadas contemplam espécies da flora, animais vertebrados e invertebrados. Os vertebrados foram listados em 62,5% das demandas (com predominância de mamíferos e aves), seguidos de espécies da flora e de invertebrados, que foram listadas em 27,5% e 10% das demandas, respectivamente (Anexo 8). Os

status de ameaça das espécies indicadas pelas UCs dentro de cada classe taxonômica estão ilustrados na Figura 7.

Além da fauna e flora, foi indicado o monitoramento de patógenos de vertebrados, com foco na saúde animal. Os patógenos indicados pelas UCs foram: vírus (como os causadores de raiva, cinomose, leucemia felina e o vírus da imunodeficiência felina), protistas (como *Leishmania*), além de dois fungos, sendo um responsável por doenças em anfíbios (*Batrachochytrium dendrobatidis*).

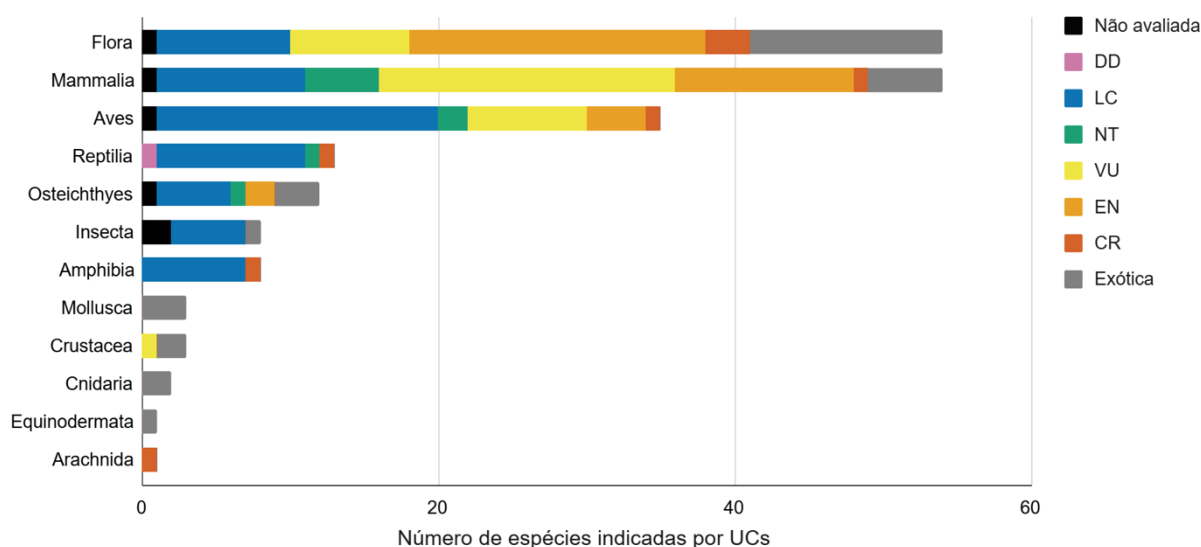


Figura 7 – Espécies indicadas pelas unidades de conservação (UCs), separadas por grupos taxonômicos, discriminando a quantidade de espécies ameaçadas e exóticas. As categorias de ameaça da fauna seguem o Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade (SALVE) do ICMBio, enquanto a da flora baseia-se na lista do Centro Nacional de Conservação da Flora (CNCFlora). NE (Não Avaliada), DD (Dados Insuficientes), LC (Pouco Preocupante), NT (Quase Ameaçada), VU (Vulnerável), EN (Em Perigo); e CR (Criticamente em Perigo).

Os temas mais frequentemente assinalados pelas UCs foram: (1) avaliar estrutura e diversidade genética de populações, em 33 das 42 respostas (78,6%); (2) estimar conectividade entre áreas (i.e., fluxo gênico entre manchas de habitat, entre UCs, etc.), em 30 respostas (71,4%); e (3) calcular tamanhos populacionais efetivos, em 29 respostas (69%) (Figura 8). Constatou-se, assim, que as UCs demonstram um maior interesse por abordagens populacionais, o que possivelmente está associado ao papel central que o conhecimento acerca de populações ecologicamente viáveis (e de estimativas genéticas associadas) possui na definição das áreas de proteção e na concepção de estratégias eficazes de conservação [34].

A proporção de demandas evidencia o viés associado a espécies de vertebrados, em relação a plantas e invertebrados. Os invertebrados, embora menos estudados, representam um grupo com

elevado número de espécies em categorias de ameaça e com a diversidade de espécies subestimada [35][36], como é o caso dos invertebrados troglóbios demandados pelo CECAV, por exemplo.

A taxa de resposta das UCs ao formulário foi de 6,52% (9 de 138) na região Norte, 13,70% (10 de 73) no Nordeste, 26,23% (16 de 61) no Sudeste e 14,64% (6 de 41) no Sul. No Centro-Oeste, nenhuma das 23 UCs participou, o que reduziu a representação de espécies predominantes e endêmicas do Cerrado e Pantanal. Embora algumas UCs da região Sul tenham participado, as três UCs localizadas no Pampa não responderam ao formulário. Apesar dessas lacunas, o levantamento identificou 420 linhas de demandas associadas às 42 UCs participantes, evidenciando a expressiva necessidade de utilização de ferramentas genéticas e genômicas para subsidiar projetos de conservação e planos de ação voltados à preservação da biodiversidade brasileira.

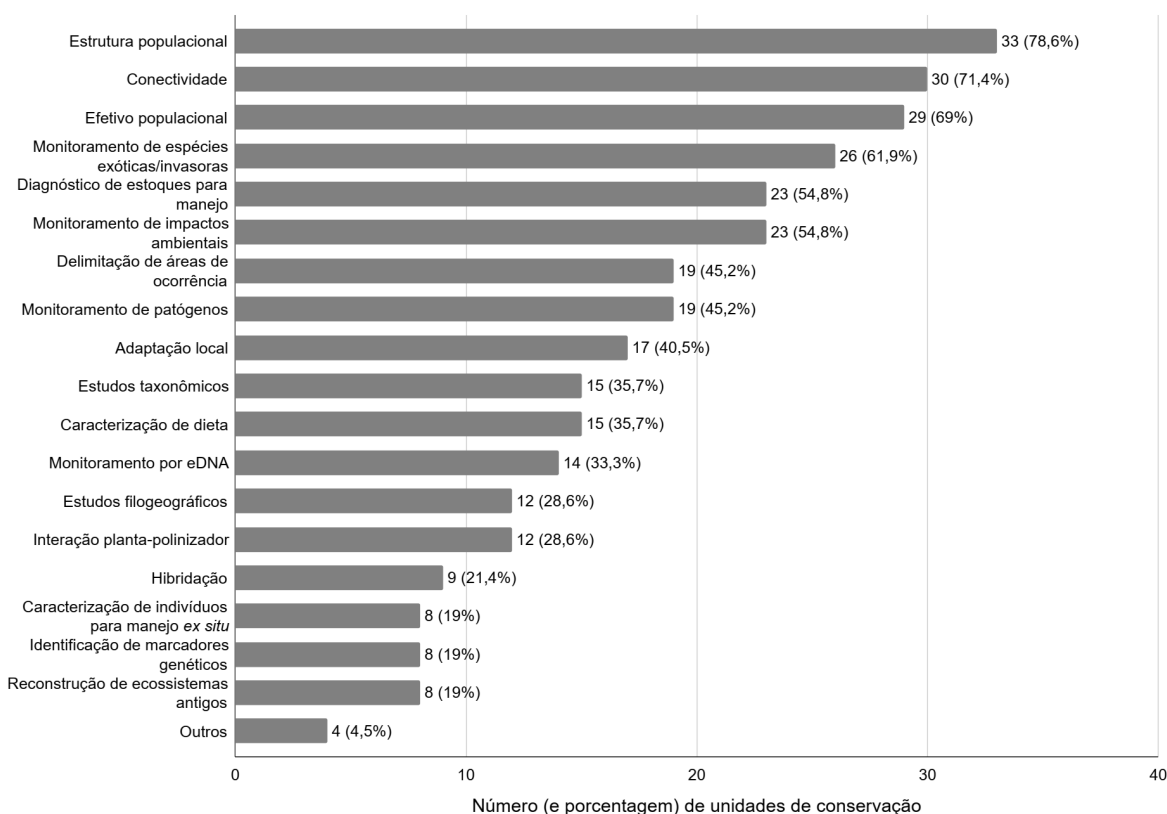


Figura 8 – Número de unidades de conservação (UCs) do ICMBio que marcaram diferentes demandas com possibilidade de aplicação de ferramentas genéticas/genômicas.

Sinergias entre unidades de conservação e Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação

Ao comparar os interesses de UCs ou conjuntos de UCs (i.e., Núcleos de Gestão Integrada ou NGIs) e de CNPCs, foram identificadas 65 sinergias envolvendo as mesmas demandas relacionadas às mesmas espécies ou comunidades, variando entre um CNPC e uma UC/NGI até um CNPC e 13 UCs/NGIs. Todas essas sinergias estão indicadas no Anexo 9.

A identificação de demandas em comum entre CNPCs e UCs é de fundamental importância, tendo em vista a sua relação de cooperação e complementaridade. Uma vez que a função das UCs inclui proteger e gerir as áreas sob sua gerência e a dos CNPCs inclui coordenar os projetos de pesquisa e monitoramento, essa colaboração mútua contribui para o avanço do conhecimento científico e para a implementação de estratégias efetivas de conservação da biodiversidade no Brasil.

Inovação e conexão estratégica: prospecção de espécies e projetos-piloto no âmbito do Acordo Genômica da Biodiversidade Brasileira (GBB)

Um importante elemento de inovação do GBB é a maneira como as espécies-alvo e projetos-piloto foram prospectados, ou seja, de maneira espontânea pelos CNPCs e UCs. Diferentemente de outros consórcios genômicos, o GBB reúne um instituto de pesquisa privado (ITV) e um órgão público ambiental (ICMBio). Isso caracteriza uma estreita conexão entre conhecimento científico e as atividades de um órgão governamental de conservação e monitoramento da biodiversidade, colocando as atividades do ICMBio como norteadoras na definição das espécies prioritárias, com impacto direto em políticas públicas. Em cenários de alta biodiversidade e impactos crescentes sobre o meio ambiente, como visto no Brasil, os achados dos dados genéticos e genômicos devem ser acessíveis aos tomadores de decisão, integrando teoria e prática e, consequentemente,

garantindo uma abordagem mais eficiente e direcionada para o estabelecimento de políticas e ações de conservação [23].

A atuação dos gestores ambientais, desde a fase de concepção até a execução dos projetos, é fundamental para a obtenção de resultados mais efetivos na preservação das espécies. Nesse contexto, é imperativo que uma série de questões pertinentes sejam formuladas e discutidas em colaboração com os tomadores de decisão na área de conservação. Essas questões devem, necessariamente, direcionar-se aos desafios específicos enfrentados na conservação da biodiversidade brasileira, garantindo soluções mais eficazes e contextualizadas para os problemas enfrentados. Por esse motivo, a equipe de coordenação do GBB optou por consultar os CNPCs e as UCs do ICMBio, pois são essas instâncias que coordenam e gerenciam diretamente as atividades de conservação e monitoramento da biodiversidade no país. Os CNPCs, em particular, têm o potencial de oferecer suporte técnico e científico para fortalecer essas ações e garantir a eficácia na proteção dos recursos naturais das UCs. As demandas dos CNPCs e das UCs são, portanto, estratégias para guiar as atividades a serem desenvolvidas no âmbito do GBB, ainda que nem todas possam ser atendidas devido à limitação de tempo e recurso. Por isso, o levantamento aqui apresentado sobre as demandas de conservação do ICMBio oferece também uma oportunidade valiosa de direcionar a pesquisa científica no país, de forma a aprimorar as ações do órgão responsável por gerir, proteger, monitorar e fiscalizar as áreas protegidas no território nacional, o que tem repercussões e impactos que extrapolam os objetivos do GBB.

Conclusão

O levantamento realizado junto aos CNPCs e UCs do ICMBio revelou um elevado número de demandas envolvendo os mais diversos grupos taxonômicos da fauna e flora ameaçada do Brasil. Essa constatação ressalta a importância das ferramentas genéticas e genômicas como aliadas em iniciativas de conservação, monitoramento e manejo dessas espécies, especialmente no contexto do ICMBio. A aplicação dessas ferramentas mostra-se fundamental, por exemplo, para a avaliação do risco de extinção das espécies, impulsionando o desenvolvimento de planos de manejo *in situ* e *ex situ*, priorizados pelo ICMBio, e permitindo a implementação de ações de PANs e a mitigação de impactos associados ao

declínio populacional, principalmente das espécies ameaçadas.

A partir do levantamento aqui realizado, foram identificados temas emergentes destacados pelos CNPCs e UCs, como a necessidade de estimativas de tamanho efetivo populacional e comparação com os censos demográficos atualmente aplicados em UCs, incorporação de dados de eDNA/metabarcoding aos protocolos de monitoramento já tradicionalmente implementados pelo ICMBio em UCs federais, padronização/implementação de protocolos mais rápidos para a identificação de espécies visando medidas de fiscalização e avaliação do impacto das mudanças climáticas sobre as espécies.

Apesar de existirem diversos estudos de genética para conservação realizados no Brasil, estes são ainda incipientes considerando a grandiosidade da biodiversidade brasileira e suas necessidades para conservação. A aplicação efetiva desse conhecimento na tomada de decisão ainda enfrenta desafios, uma vez que os dados disponíveis nem sempre são utilizados para a formulação e execução de políticas públicas de conservação, e há lacunas na integração entre pesquisa acadêmica e gestão ambiental [37] [38]. Este levantamento pioneiro, portanto, apresenta um material extenso e informativo, com potencial significativo para subsidiar os próximos passos de projetos de pesquisa dentro e fora do GBB, estimulando a colaboração entre pesquisadores e gestores ambientais desde a concepção dos projetos. Além de reforçar a importância da aplicação de ferramentas genéticas e genômicas na conservação, evidencia-se a necessidade de estratégias que favoreçam sua adoção de forma mais ampla e estruturada. Dessa forma, os resultados e produtos aqui apresentados oferecem uma base sólida para a ampliação e o desenvolvimento de protocolos e pesquisas que envolvam genética e genômica adaptados a demandas do ICMBio, incluindo infraestrutura e capacitação de servidores. Além disso, espera-se que este relato e seus produtos catalisem mudanças práticas com potencial de gerar inovações no estudo das espécies brasileiras, fortalecendo a conexão entre pesquisa e conservação em prol da biodiversidade.

Agradecimentos

Agradecemos às equipes dos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação e das unidades de conservação do ICMBio, cuja colaboração foi

fundamental para o levantamento das demandas de conservação apresentadas neste trabalho, aos grupos gestores e demais integrantes do Projeto “Genômica da Biodiversidade Brasileira”, incluindo todos os parceiros que irão participar do GBB, pelas discussões acerca do uso de dados genéticos e genômicos visando a conservação da biodiversidade brasileira, e ao ICMBio e Instituto Tecnológico Vale, pelo suporte financeiro e institucional fornecido para a realização deste trabalho.

Referências

1. MMA - Ministry of the Environment and Climate Change. 6th National Report to the convention on biological diversity. Biodiversity Series 55. Brasília: MMA; 2023. [acesso em 25 out 2023]; Disponível em: <http://sddinforma.fob.usp.br>.
2. MMA - Ministério do Meio Ambiente. Catálogo de Produtos da Sociobiodiversidade do Brasil: Ofertados pelos povos e comunidades tradicionais em Unidades de Conservação Federais. 2 ed. Brasília: MMA; 2019. [acesso em 18 jan 2024]. Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/centrais-de-conteudo/catalogo-de-produtos-da-sociobiodiversidade-do-brasil-pdf>.
3. USAID - United States Agency for International Development [homepage na internet]. Brazil Climate Change Country Profile. Fact Sheet - November 29, 2023. [acesso em 16 out 2023]. Disponível em: <https://www.usaid.gov/sites/default/files/2023-11/2023-USAID-Brazil-Climate-Change-Profile.pdf>.
4. ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade [homepage na internet]. Sistema de Avaliação do Risco de Extinção da Biodiversidade – SALVE. [acesso em 16 fev 2024]. Disponível em: <https://salve.icmbio.gov.br/>.
5. Hoffmann AA, Sgrò CM. Climate change and evolutionary adaptation. *Nature*. 2011 Feb; 470(7335): 479-485. doi: 10.1038/nature09670
6. Loyola RD, Kubota U, Lewinsohn TM. Endemic vertebrates are the most effective surrogates for identifying conservation priorities among Brazilian ecoregions. *Diversity and Distributions*. 2007 Jul; 13(4): 389-96. doi: 10.1111/j.1472-4642.2007.00345.x
7. Pimm SL, Jenkins CN, Joppa LN, Roberts DL, Russell GJ. How many endangered species remain to be discovered in Brazil. *Natureza & Conservação*. 2010 Jul; 8(1): 71-77. doi: 10.4322/natcon.00801011
8. Reis RE, Albert JS, Di Dario F, Mincarone MM, Petry P, Rocha LA. Fish biodiversity and conservation in South America. *J. Fish. Biol.* 2016 Jul; 89(1): 12-47. doi: 10.1111/jfb.13016
9. Oliveira U et al. Biodiversity conservation gaps in the Brazilian protected areas. *Sci. Rep.* 2017 Aug; 7(1): 9141. doi: 10.1038/s41598-017-08707-2
10. Ceballos G, Ehrlich PR, Barnosky AD, García A, Pringle RM, Palmer TM. Accelerated modern human-induced species losses: entering the sixth mass extinction. *Sci. Adv.* 2015 Jun; 1(5): e1400253. doi: 10.1126/sciadv.1400253
11. Nielsen ES, Hanson JO, Carvalho SB, Beger M, Henriques R, Kershaw F et al. Molecular ecology meets systematic conservation planning. *Trends Ecol. Evol.* 2023 Feb; 38(2): 143-155. doi: 10.1016/j.tree.2022.09.006
12. Supple MA, Shapiro B. Conservation of biodiversity in the genomics era. *Genome Biol.* 2018 Sept; 19:131. doi: 10.1186/s13059-018-1520-3
13. Theissinger K et al. How genomics can help biodiversity conservation. *Trends Genet.* 2023 Jul; 39(7): 545-559. doi: 10.1016/j.tig.2023.01.005
14. Hotaling S, Kelley JL, Frandsen PB. Toward a genome sequence for every animal: where are we now? *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2021 Dec; 118(52): e2109019118. doi: 10.1073/pnas.2109019118
15. Hu X, Huang B, Verones F, Cavalett O, Cherubini F. Overview of recent land-cover changes in biodiversity hotspots. *Front. Ecol. Environ.* 2021 Oct; 19(2): 91-97. doi: 10.1002/fee.2276
16. Ficetola GF, Miaud C, Pompanon F, Taberlet P. Species detection using environmental DNA from water samples. *Biol. Lett.* 2008 Aug 23; 4(4): 423-5. doi: 10.1098/rsbl.2008.0118
17. Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, Brochmann C, Willerslev E. Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Mol. Ecol.* 2012 Apr; 21(8): 2045-2050. doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x
18. Ruppert KM, Kline RJ, Rahman MS. Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Glob. Ecol. Conserv.* 2019 Jan; 17: e00547. doi: 10.1016/j.gecco.2019.e00547
19. Sales NG, Mariani S, Salvador GN, Pessali TC, Carvalho DC. Hidden diversity hampers conservation efforts in a highly impacted Neotropical river system. *Front. Genet.* 2018 Jul; 9: 271.
20. Carvalho CS, de Oliveira ME, Rodriguez-Castro KG, Saranholi BH, Galetti PM Jr. Efficiency of eDNA and iDNA in assessing vertebrate diversity and its abundance. *Mol. Ecol. Resour.* 2022 May; 22(4): 1262-1273. doi: 10.1111/1755-0998.13543

21. Hoban S et al. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biol. Conserv.* 2020 Aug; 248: 108654. doi: 10.1016/j.biocon.2020.108654
22. CDB - Convention on Biological Diversity [homepage na internet]. Decisão 15/4 do Marco Global da Biodiversidade Kunming-Montreal [acesso em 16 out 2023]. Disponível em: <https://www.gov.br/mma/pt-br/assuntos/biodiversidade/convencao-sobre-diversidade-biologica/decisao-15-4.pdf>.
23. Torres-Florez JP, Johnson WE, Nery MF, Eizirik E, Oliveira-Miranda MA, Galetti Jr PM. The coming of age of conservation genetics in Latin America: what has been achieved and what needs to be done. *Conserv. Genet.* 2018 Aug; 19: 1-15. doi: 10.1007/s10592-017-1006-y
24. Galetti PM. Conservation genetics in the neotropics. Springer Nature Switzerland AG; 2023 Aug 29.
25. Vilaça ST et al. Leveraging genomes to support conservation and bioeconomy policies in a megadiverse country. *Cell Genom.* 2024 Nov; 4(11): 100678. doi: 10.1016/j.xgen.2024.100678
26. ITV - Instituto Tecnológico Vale, ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade [homepage na internet]. Projeto Genômica da Biodiversidade Brasileira [acesso em 18 jan 2024]. Disponível em: <https://www.itv.org/projeto-genomica-da-biodiversidade-brasileira/>.
27. ICMBio (Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade), 2022. Extrato de Acordo de Parceria nº1/2022 de 07 de outubro de 2022. Diário Oficial da União, Seção 3, 194, 11/10/2022: 1677-7069.
28. ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. Portaria no 1.270, de 29 de dezembro de 2022. Aprova o Regimento Interno do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio (processo administrativo nº SEI nº 02070.007360/2022-58. [Internet]. Diário Oficial da União. 2022 dez. 29 [citado em 2024 jan. 18]. Disponível em: https://www.gov.br/icmbio/pt-br/acesso-a-informacao/legislacao/portarias/portarias-2022/SEI_ICMBio13279335Portaria.pdf
29. ICMBio. Plano Estratégico de Pesquisa e Gestão do Conhecimento do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (PEP ICMBio). Diretoria de Pesquisa, Monitoramento e Avaliação da Biodiversidade Coordenação-Geral de Pesquisa e Monitoramento. Brasília, 2023 [acesso em 11 mar 2025] Disponível em: https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/pesquisa/venha-pesquisar-conosco/PEP_icmbio_Verso2023.pdf
30. Presidência da República (Brasil). Lei no 9.985, de 18 de julho de 2000. Regulamenta o art. 225, § 1o, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. [Internet]. Diário Oficial da União. 2020 jul. 19 [citado em 2024 jan. 18]. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Leis/L9985.htm
31. ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade [homepage na internet]. Números do ICMBio [acesso em 28 mar 2024] Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br>
32. Titley MA, Snaddon JL, Turner EC. Scientific research on animal biodiversity is systematically biased towards vertebrates and temperate regions. *PloS One.* 2017 Dec; 12(12): e0189577. doi: 10.1371/journal.pone.0189577
33. Siqueira MVB, de Moraes Silvestre MA, Tambarussi EV, Francisconi AF, Zucchi MI. Challenges with conservation genetics and genomics in Neotropical forest. In: Galetti Jr. PM. Conservation genetics in the Neotropics. Cham: Springer International Publishing; 2023. p. 503-521.
34. Kantek DLZ et al. Jaguars from the Brazilian Pantanal: low genetic structure, male-biased dispersal, and implications for long-term conservation. *Biol. Conserv.* 2021 Jul; 259: 109153. doi: 10.1016/j.biocon.2021.109153
35. Cardoso P, Erwin TL, Borges PA, New TR. The seven impediments in invertebrate conservation and how to overcome them. *Biological conservation.* 2011 Nov 1; 144(11): 2647-55. doi: 10.1016/j.biocon.2011.07.024
36. GIGA Community of Scientists. The Global Invertebrate Genomics Alliance (GIGA): developing community resources to study diverse invertebrate genomes. *J Hered.* 2014 Jan; 105(1): 1-8. doi:10.1093/jhered/est084
37. Shafer AB, Wolf JB, Alves PC, Bergström L, Bruford MW, Brännström I. Genomics and the challenging translation into conservation practice. *Trends Ecol Evol.* 2015 Feb 1; 30(2): 78-87. doi: 10.1016/j.tree.2014.11.009
38. Heuertz M, Carvalho SB, Galindo J, Rinkevich B, Robakowski P, Aavik T. The application gap: Genomics for biodiversity and ecosystem service management. *Biol. Conserv.* 2023 Feb 1; 278: 109883. doi: 10.1016/j.biocon.2022.109883

Anexos

Anexo 1 – Modelo de planilha de consulta aos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs).

Anexo 2 – Formulário de consulta às unidades de conservação (UCs).

Anexo 3 – Lista de demandas dos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs) organizadas em pré-projetos.

Anexo 4 – Lista de pré-projetos e espécies/comunidades de interesse compartilhado entre Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs).

Anexo 5 – Lista de espécies indicadas pelos Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs) para a geração de genomas de referência.

Anexo 6 – Lista das unidades de conservação (UCs) e Núcleos de Gestão Integrada (NGIs) do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) que responderam ao formulário de consulta para levantamento de demandas de conservação que poderiam ser auxiliadas pelo uso de ferramentas genéticas e genômicas.

Anexo 7 – Lista de demandas das unidades de conservação (UCs).

Anexo 8 – Número de espécies e respectivas porcentagens por grupo taxonômico de interesse das unidades de conservação (UCs) do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) a partir do levantamento de demandas de conservação que poderiam ser auxiliadas pelo uso de ferramentas genéticas e genômicas.

Anexo 9 – Lista de grupos taxonômicos e demandas de interesse compartilhado entre unidades de conservação (UCs) e Centros Nacionais de Pesquisa e Conservação (CNPcs).

Biodiversidade Brasileira – BioBrasil.

Fluxo Contínuo e Edições Temáticas:

- Sustentabilidade da Araucária
 - Programa Nacional de Monitoramento da Biodiversidade – Programa Monitora
- n.2, 2025

<http://www.icmbio.gov.br/revistaelectronica/index.php/BioBR>

Biodiversidade Brasileira é uma publicação eletrônica científica do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) que tem como objetivo fomentar a discussão e a disseminação de experiências em conservação e manejo, com foco em unidades de conservação e espécies ameaçadas.

ISSN: 2236-2886

