

# **ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DEL LITORAL**

## **Facultad Ciencias de la Vida**

Desarrollo de una base de datos de macroinvertebrados  
acuáticos para futuros estudios de ADN ambiental en regiones  
amazónicas del Ecuador

## **PROYECTO INTEGRADOR**

Previo la obtención del Título de:

**Biólogo**

Presentado por:

Antonella Elizabeth Nivelo Romo

**GUAYAQUIL - ECUADOR**

Año: 2022

## **DEDICATORIA**

El presente proyecto lo dedico a mi familia, quienes siempre creyeron en mí, me apoyaron y se mantuvieron a mi lado día a día. A mis amigos/as politécnicos infaltables, quienes hicieron de esta aventura académica más amena. A todos los futuros biólogos, espero este trabajo les sea muy útil y sirva de inspiración para continuar investigando. Y, por último, pero no menos importante, a la Madre Tierra, por permitir adentrarme a sus lugares más recónditos para conocerla y comprender la importancia de su pronta conservación.

## **AGRADECIMIENTOS**

Mi más sincero agradecimiento a mi tutor, Julio Bonilla, por permitirme formar parte de este importante proyecto e incrementar mis conocimientos y experiencia profesional. A Mauricio Ortega, por abrirme las puertas de la Amazonía. A Rodrigo Espinosa por inculcarme la importancia de los macroinvertebrados acuáticos. A mi coordinadora, Andrea Reyes, quién fue la primera persona en confiar en mí profesionalmente. Y a la ESPOL, por brindarme paso al conocimiento e introducirme a este maravilloso mundo de la Biología, del cual sigo aprendiendo todos los días.

## **DECLARACIÓN EXPRESA**

"Los derechos de titularidad y explotación, me corresponde conforme al reglamento de propiedad intelectual de la institución; *Antonella Elizabeth Nivelo Romo* y doy mi consentimiento para que la ESPOL realice la comunicación pública de la obra por cualquier medio con el fin de promover la consulta, difusión y uso público de la producción intelectual"



---

Autora

## **EVALUADORES**

---

**Diego Arturo Gallardo Polit**

PROFESOR DE LA MATERIA

---

**Julio Andrés Bonilla Jaime**

PROFESOR TUTOR

## RESUMEN

La cuenca amazónica genera entre el 16% al 20% de agua dulce del planeta. La Amazonía ecuatoriana se designó como un escenario de múltiples conflictos que repercuten el estado ambiental de sus cuerpos de agua. Es por esto que se analiza su calidad para determinar los efectos de las actividades humanas. Sin embargo, estos análisis no son exhaustivos debido a que no se incluyen parámetros biológicos, por lo que requieren grandes esfuerzos y recursos. Los macroinvertebrados acuáticos son excelentes bioindicadores de contaminación acuática, pues han demostrado ser extremadamente útiles para monitorear la calidad de agua. No obstante, su registro taxonómico en regiones ecuatorianas es escaso. En este contexto, se consideró necesario crear una base de datos de taxonomía morfológica y molecular de este grupo de organismos. Para ello, se realizaron muestreos en 3 zonas de la provincia de Napo, identificación morfológica, extracción de ADN, amplificación por PCR, secuenciación por Sanger e identificación molecular. Como resultado se identificaron morfológicamente 219 organismos de macroinvertebrados acuáticos, de los cuales se extrajo el ADN de 67 ejemplares y 55 de ellos amplificaron exitosamente para ser secuenciados e identificados molecularmente. Toda esta información taxonómica fue compilada y será transferida a una interfaz web interactiva de libre acceso que servirá de referencia para futuros estudios de ADN ambiental que faciliten un monitoreo constante de calidad de agua en las regiones amazónicas del Ecuador.

**Palabras Clave:** Macroinvertebrados acuáticos, ADN ambiental, calidad de agua, taxonomía, base de datos

## **ABSTRACT**

*The Amazon basin generates between 16% and 20% of the planet's fresh water. The Ecuadorian Amazon was designated as a scene of multiple conflicts that affect the environmental status of its water bodies. This is why its quality is analyzed to determine the effects of human activities. However, these analyzes are not exhaustive because biological parameters are not included, thus requiring great efforts and resources. Aquatic macroinvertebrates are excellent bioindicators of aquatic pollution, as they have proven to be extremely useful for monitoring water quality. However, its taxonomic record in Ecuadorian regions is scarce. In this context, it was considered necessary to create a database of morphological and molecular taxonomy of this group of organisms. For this, samplings were carried out in 3 areas of the Napo province, morphological identification, DNA extraction, PCR amplification, Sanger sequencing and molecular identification. As a result, 219 aquatic macroinvertebrate organisms were morphologically identified, from which DNA was extracted from 67 specimens and 55 of them were successfully amplified to be sequenced and molecularly identified. All this taxonomic information was compiled and will be transferred to a freely accessible interactive web interface that will serve as a reference for future environmental DNA studies that facilitate constant monitoring of water quality in the Amazonian regions of Ecuador.*

**Keywords:** *Aquatic macroinvertebrates, environmental DNA, water quality, taxonomy, database*

# ÍNDICE GENERAL

RESUMEN .....	I
ABSTRACT .....	II
ÍNDICE GENERAL .....	III
ABREVIATURAS .....	V
SIMBOLOGÍA .....	VI
ÍNDICE DE FIGURAS .....	VII
ÍNDICE DE TABLAS .....	VIII
CAPÍTULO 1 .....	1
1. INTRODUCCIÓN .....	1
1.1 Descripción del problema .....	1
1.2 Justificación del problema.....	1
1.3 Objetivos.....	2
1.3.1 Objetivo General .....	2
1.3.2 Objetivos Específicos .....	2
1.4 Marco teórico .....	3
1.4.1 Amazonía ecuatoriana .....	3
1.4.2 Amenazas de ecosistemas acuáticos .....	3
1.4.3 Macroinvertebrados acuáticos como bioindicadores de calidad de agua.	4
1.4.4 Técnica de muestreo: ADN ambiental.....	5
1.4.5 Bases de datos para identificación taxonómica .....	5
CAPÍTULO 2 .....	7
2. METODOLOGÍA .....	7
2.1 Muestreo de macroinvertebrados acuáticos .....	7
2.2 Identificación morfológica .....	9

2.3	Extracción de ADN .....	10
2.4	Amplificación por PCR .....	11
2.5	Secuenciación de ADN .....	12
2.6	Identificación molecular .....	12
2.7	Creación de base de datos .....	12
CAPÍTULO 3 .....		13
3.	RESULTADOS Y ANÁLISIS .....	13
3.1	Identificación morfológica .....	13
3.2	Identificación molecular .....	13
3.3	Base de datos de macroinvertebrados acuáticos .....	15
CAPÍTULO 4 .....		16
4.	CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES .....	16
4.1	Conclusiones .....	16
4.2	Recomendaciones .....	16

## ABREVIATURAS

ESPOL	Escuela Superior Politécnica del Litoral
ADN	Ácido DesoxirriboNucleico
ARN	Ácido RiboNucleico
eDNA	Environmental DNA ( <i>siglas en inglés para “ADN ambiental”</i> )
BSA	Bovine Serum Albumin ( <i>siglas en inglés para “Albúmina de suero bovino”</i> )
NCBI	National Center for Biotechnology Information ( <i>siglas en inglés para “Centro Nacional para la Información Biotecnológica”</i> )
BOLD	Barcode of Life Data System ( <i>siglas en inglés para “Sistema de datos de código de barras de la vida”</i> )
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool ( <i>siglas en inglés para “herramienta básica de búsqueda de alineación local”</i> )

## **SIMBOLOGÍA**

msnm	Metros sobre el nivel del mar
g	Gramos
mL	Mililitros
uL	Microlitros
Hz	Hertz
°C	Grados Celsius
V	Voltios

## **ÍNDICE DE FIGURAS**

Figura 2. 1 Mapa de la primera zona de muestreo: Ubicación de los 4 sitios de muestreo en las lagunas de Papallacta ubicadas en la Ciudad de Quijos.....	7
Figura 2. 2 Mapa de la segunda zona de muestreo: Ubicación de los 5 sitios de muestreo en el río Tena ubicado en la Ciudad de Tena .....	8
Figura 2. 3 Mapa de la tercera zona de muestreo: Ubicación de los 3 sitios de muestreo en las lagunas de Sinchi Warmi ubicadas en la Ciudad de Tena. ....	9

## **ÍNDICE DE TABLAS**

Tabla 2. 1 Detalle de primers utilizados en la PCR de macroinvertebrados acuáticos .....	11
Tabla 2. 2 Perfil térmico para PCR de macroinvertebrados acuáticos.....	11

# CAPÍTULO 1

## 1. INTRODUCCIÓN

Ecuador presenta una importante red hidrográfica que cuenta con un sinnúmero de ríos originados en los elevados relieves andinos que desembocan en las cuencas del Amazonas y Pacífico (Liñero Arana et al., 2016). Un gran número de personas dependen de los servicios que otorgan estos ecosistemas de agua dulce, tales como provisión de agua, comida y actividades recreacionales (Troya et al., 2013). Sin embargo, estos ecosistemas enfrentan diariamente cuatro tipos de amenazas: sobreexplotación, contaminación del agua, destrucción o degradación de hábitats e invasión de especies exóticas (Dudgeon et al., 2006).

### 1.1 Descripción del problema

Es conocido que la región amazónica del Ecuador no se ha visto mayormente afectada por la colonización y agricultura en comparación con la región occidental, pero la integridad de sus ecosistemas se ha visto amenazada por asentamientos urbanos, explotación petrolera, minería y proyectos hidroeléctricos (Troya et al., 2013). Una forma de conocer el estado en el que se encuentran las aguas que recorren las regiones amazónicas es utilizando bioindicadores, de los cuales, las comunidades de macroinvertebrados acuáticos han sido descritas como los bioindicadores más eficaces de contaminación acuática debido a su presencia y abundancia en todos los ecosistemas de agua dulce (Gamboa et al., 2008).

### 1.2 Justificación del problema

Los diferentes grupos de macroinvertebrados acuáticos exhiben distintos niveles de tolerancia a la contaminación, lo cual permite determinar el estado en el que se encuentran los ríos analizados (Liñero Arana et al., 2016). Sin embargo, muchas veces es difícil detectar todos los individuos o especies presentes en un ecosistema utilizando las técnicas de muestreo tradicionales, como la captura manual, trampas de caída, cebos, entre otras (Álvarez et al., 2006). Para esto, se puede optar por el uso de modernas técnicas de muestreo capaces de detectar la presencia o ausencia de un grupo de organismos en un cuerpo de agua, como el ADN

ambiental. Esta técnica permite describir la presencia de una especie sin importar su tamaño o etapa de vida, convirtiéndola en una herramienta confiable con resultados cercanos a la realidad (Hinlo et al., 2017). No obstante, Arroyo y Encalada (2009) manifiestan que los estudios realizados sobre fauna bentónica en el Ecuador, incluidos los macroinvertebrados acuáticos, es escasa, debido a que este grupo de organismos no son utilizados para evaluar las condiciones ambientales en las que se encuentran los ríos y arroyos del país.

Por lo que, debido a la carencia de información que existe sobre la diversidad de macroinvertebrados acuáticos que habitan en la región amazónica del Ecuador y a la alteración ambiental de sus ríos, se consideró necesario realizar un estudio que permita obtener una base de datos con información taxonómica identificando morfológica y molecularmente a este grupo de organismos. Así, esta base de datos servirá de referencia para futuros estudios de ADN ambiental que busquen analizar el estado ambiental en el que se encuentran las cuencas amazónicas del Ecuador.

### **1.3 Objetivos**

#### **1.3.1 Objetivo General**

Crear una base de datos de macroinvertebrados acuáticos para el desarrollo de estudios de ADN ambiental en regiones amazónicas del Ecuador mediante identificación morfológica y molecular de especímenes.

#### **1.3.2 Objetivos Específicos**

1. Identificar morfológicamente especies de macroinvertebrados acuáticos muestreados en regiones amazónicas del Ecuador utilizando claves dicotómicas.
2. Identificar molecularmente secuencias de ADN extraídas de los macroinvertebrados acuáticos utilizando un software bioinformático y bancos genéticos.

3. Compilar la información de taxonomía morfológica y molecular en una base de datos accesible de las especies de macroinvertebrados acuáticos presentes en la región amazónica del Ecuador.

## 1.4 Marco teórico

### 1.4.1 Amazonía ecuatoriana

La Amazonía es considerada como la región más cautivante y compleja del planeta (Ruiz, 2000). Su cuenca genera aproximadamente entre el 16% al 20% de agua dulce del planeta y es el hábitat del 10% de especies silvestres conocidas hasta el día de hoy (Gómez, 2019).

La Amazonía ecuatoriana representa el 3% de toda la cuenca amazónica, pero este pequeño porcentaje simboliza el 50% del territorio del país. En los últimos cuatro decenios, la amazonía ecuatoriana ha perdido el 16% de su cobertura vegetal original y ha sido designada como un escenario de múltiples conflictos que constantemente se encuentran amenazando la supervivencia de especies y poblaciones humanas que lo habitan (Fontaine et al., 2008; Ruiz, 2000).

### 1.4.2 Amenazas de ecosistemas acuáticos

Los servicios que proveen los ecosistemas de agua dulce son relevantes para el diario vivir de un gran número de personas. Servicios como la provisión de agua y comida, actividades recreacionales y la belleza natural de sus paisajes como una fuente de sustento para el turismo (Troya et al., 2013). Estos ecosistemas enfrentan amenazas que surgen directa o indirectamente de actividades humanas, las cuales se agrupan en cuatro categorías: sobreexplotación, contaminación del agua, destrucción o degradación de los hábitats e invasión de especies exóticas (Dudgeon et al., 2006).

El Ecuador es reconocido por ser un país que contiene recursos hídricos sustanciales y esenciales para las necesidades humanas y la riqueza de su biodiversidad. Particularmente, el Ecuador amazónico, que no se ha visto afectado

por la colonización y agricultura como la región occidental, se ha enfrentado a otras amenazas, tales como los asentamientos urbanos, extracción de petróleo, minería y proyectos hidroeléctricos (Troya et al., 2013) que repercuten en el estado ambiental del agua como en su fauna acuática (Gamboa et al., 2008).

Es por esto que los estudios de calidad de agua dentro de estos ecosistemas son de gran importancia, para analizar los efectos de las actividades humanas sobre las fuentes de agua. Se han usado algunos métodos dentro de los análisis de calidad de agua, algunos de ellos incluyen el uso de parámetros químicos y físicos seleccionados (Resh, 1975). Sin embargo, determinar el estado de calidad de una fuente natural de agua no tiende a ser exhaustivo, ya que normalmente no se incluye la cuantificación de parámetros biológicos, debido a que requieren esfuerzos y recursos necesarios extras (Raman Bai et al., 2009).

#### **1.4.3 Macroinvertebrados acuáticos como bioindicadores de calidad de agua**

Un método para conocer y determinar el estado en el que se encuentran los cuerpos de agua es mediante el uso de bioindicadores, los cuales son un conjunto de especies con requerimientos específicos que se relacionan con variables físicas o químicas del agua donde habitan y que van acorde a los cambios que ocurren en esta. Los macroinvertebrados acuáticos, son organismos que habitan en sedimentos acuáticos, se encuentran presentes y son abundantes en todos los ecosistemas de agua dulce (Gamboa et al., 2008).

Dentro de los análisis de calidad de agua se han incluido algunas medidas biológicas que abarcan desde análisis bacteriológicos hasta bioensayos de peces y otros organismos acuáticos. A pesar de que los macroinvertebrados acuáticos rara vez son incluidos en estudios de bioensayos, han demostrado ser extremadamente útiles en el monitoreo de calidad de agua (Resh, 1975). Son de recolección sencilla y de bajo costo, lo que los convierte en una buena alternativa para estudiar la calidad de agua que presenta la cuenca amazónica junto con todas sus amenazas en diferentes zonas (Liñero Arana et al., 2016).

#### **1.4.4 Técnica de muestreo: ADN ambiental**

El ADN ambiental (“eDNA”, como sus siglas en inglés) es una técnica novedosa que permite obtener material genético de muestras ambientales tales como aire, agua y suelo (Seymour, 2019). El ADN ambiental captura y detecta el ADN que fue liberado al ambiente por organismos vivos mediante el desprendimiento de piel, descargas corporales, caída de pelo, escamas, entre otros; lo que permite que se pueda confirmar la presencia de un organismo específico mediante su secuencia de ADN (Hinlo et al., 2017). Esta herramienta permite realizar un monitoreo de especies de una forma menos invasiva, es decir, sin la necesidad de capturar organismos (Leduc et al., 2019) y de una forma masiva, identificando especies o comunidades que se encuentran presentes en un determinado ecosistema (Seymour, 2019).

Su diferencia con las técnicas de muestreo tradicionales, es que estas presentan grandes desventajas, como: aplicación de métodos selectivos e invasivos, requerimiento de un gran esfuerzo para detectar especies de forma fiable, limitación a muestreo de especies comerciales, restricción a áreas particulares que presenten condiciones favorables e identificación errónea de especies rara vez visualizadas o nunca registradas (Smart et al., 2015; Thomsen et al., 2012)

Sin embargo, la técnica de ADN ambiental, como técnica de muestreo de biodiversidad, promete proporcionar probabilidades de detección considerablemente más altas que un método tradicional (Smart et al., 2015). Además de contar con identificación molecular de las secuencias de ADN obtenidas. Este método de taxonomía es más seguro y objetivo en comparación con la identificación visual por morfología de especies (Thomsen et al., 2012).

#### **1.4.5 Bases de datos para identificación taxonómica**

Para lograr la identificación taxonómica de las secuencias obtenidas por ADN ambiental, es necesario contar con una base de datos de referencia. (Czechowski

et al., 2020). Esta tarea es más desafiante de lo que suena, debido a que existe un conocimiento limitado de la diversidad de secuencias del fragmento de ADN objetivo, variación genética limitada de algunos taxones provocada por los genes diana y la limitación de las secuencias de eDNA con baja resolución taxonómica (Thomsen & Willerslev, 2015).

La información de metazoos ha crecido en las bases de datos de manera general, pero a nivel de género y especie aún falta información necesaria para realizar biomonitoreos precisos. Por lo cual, es muy probable que las bases de datos de macroinvertebrados acuáticos a nivel mundial se encuentren incompletas. La distribución compleja de las familias en muchas partes del mundo genera que este grupo de estudio no sea completamente comprendido. Pero con tecnologías moleculares mejoradas, como el ADN ambiental, estas se implementarían para describir patrones de distribución de taxones indicadores (Czechowski et al., 2020).

No es de sorprenderse que la información correspondiente a taxonomía y distribución de esta fauna bentónica en las regiones del Ecuador sea escasa, esto se debe a que los macroinvertebrados acuáticos no han sido utilizados de manera oficial para evaluar la condición de los ríos y arroyos del país (Arroyo & Encalada, 2009). Una base de datos de este grupo de organismos, con taxonomía por morfología de especímenes y secuencias de ADN, eliminaría el 30% de especies registradas con errores en su identificación (Niels, 2001).

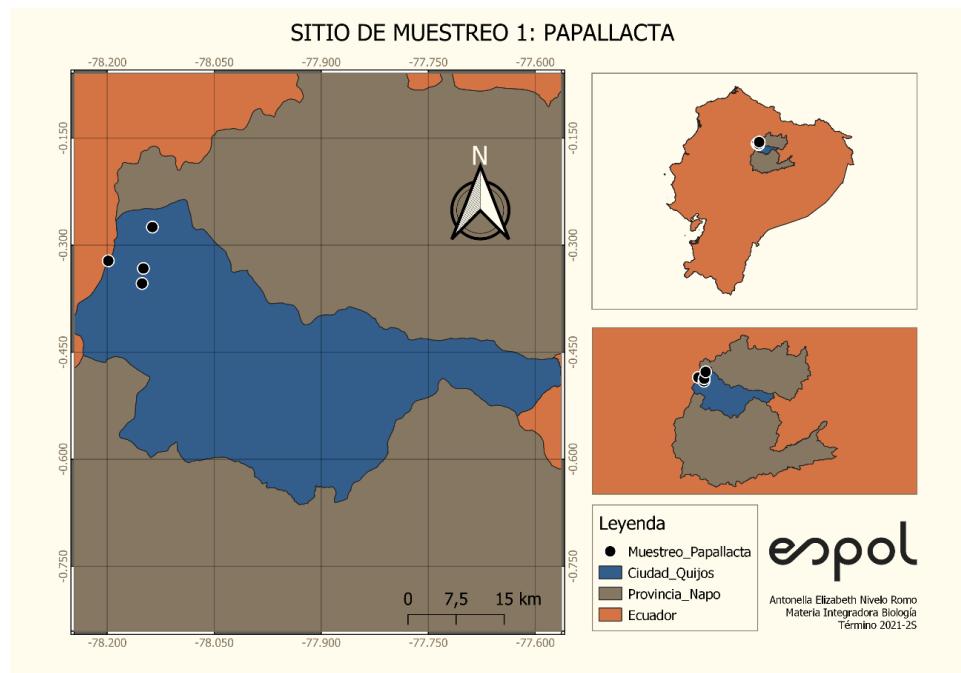
# CAPÍTULO 2

## 2. METODOLOGÍA

Para realizar la presente tesis se aplicó una metodología sistemática, que permite comprender el orden establecido del experimento para ser aplicado en próximos proyectos investigativos (Castro, 2006). La metodología empleada en este trabajo consta de 7 procesos: muestreo, identificación morfológica, extracción de ADN, amplificación por PCR, secuenciación, identificación molecular y creación de la base de datos.

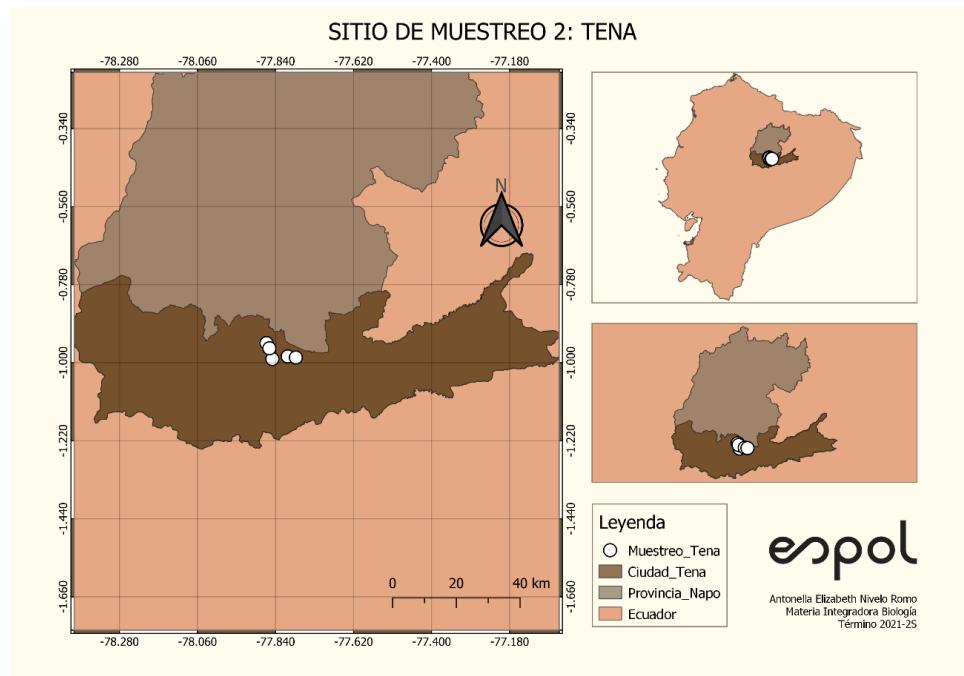
### 2.1 Muestreo de macroinvertebrados acuáticos

El muestreo de macroinvertebrados acuáticos se realizó en 3 zonas ubicadas en la provincia de Napo, Ecuador. El primer muestreo fue realizado en las lagunas de Papallacta, ubicadas en el cantón Quijos, las cuales se encuentran a 4000 msnm aproximadamente. La ubicación de los 4 puntos de muestreo, correspondientes a esta zona, se observan en la Figura 2.1.



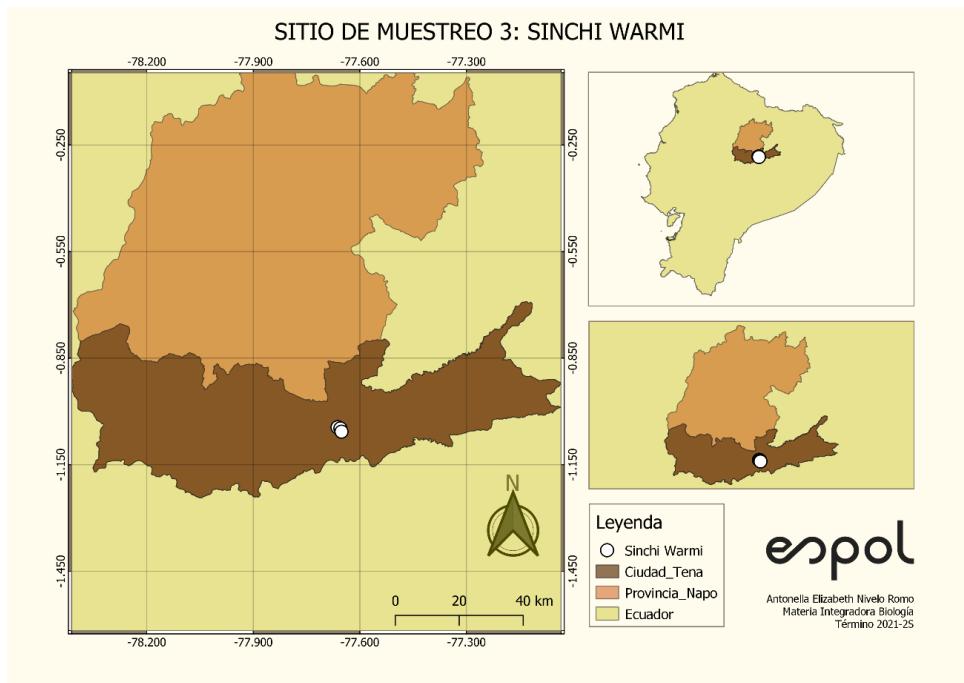
**Figura 2. 1 Mapa de la primera zona de muestreo: Ubicación de los 4 sitios de muestreo en las lagunas de Papallacta ubicadas en la Ciudad de Quijos.**

El segundo muestreo fue realizado en 5 puntos del Río Napo que atraviesa la ciudad de Tena, Ecuador; este se encuentra a 400 msnm aproximadamente. La ubicación de estos puntos de muestreo se observa en la Figura 2.2.



**Figura 2. 2 Mapa de la segunda zona de muestreo: Ubicación de los 5 sitios de muestreo en el río Tena ubicado en la Ciudad de Tena**

El tercer muestreo fue realizado en las lagunas de un Centro de Turismo Comunitario llamado Sinchi Warmi, ubicado en Puerto Misahualli, Napo. Este se encuentra a 400 msnm aproximadamente. La ubicación de los 3 puntos de muestreo, correspondientes a esta zona, se observan en la Figura 2.3.



**Figura 2. 3 Mapa de la tercera zona de muestreo: Ubicación de los 3 sitios de muestreo en las lagunas de Sinchi Warmi ubicadas en la Ciudad de Tena.**

En total se registraron 12 puntos de muestreo en las 3 diferentes zonas de la provincia del Napo. Cabe recalcar, que la autora de este proyecto no realizó los muestreos descritos. La metodología de muestreo fue realizada por investigadores y estudiantes de la Universidad Regional Amazónica IKIAM. Estas muestras fueron colectadas, almacenadas y preservadas en frascos de alcohol al 70% y posteriormente fueron entregadas a la autora para el respectivo procesamiento de las mismas.

## 2.2 Identificación morfológica

Las muestras de macroinvertebrados acuáticos fueron colocadas en una placa Petri con alcohol al 70% para evitar su degradación y dar inicio a su identificación. Estas fueron observadas en un estereomicroscopio para poder realizar la identificación morfológica hasta su taxón más cercano. Para esto se usaron claves dicotómicas de los diferentes órdenes de macroinvertebrados acuáticos. Posteriormente, los diferentes organismos fueron separados en tubos de crioconservación y preservados

en alcohol al 96% colocando sus respectivas etiquetas de campo e identificación morfológica.

### 2.3 Extracción de ADN

En la disección de especímenes de macroinvertebrados acuáticos se cortaron partes exclusivas del cuerpo de algunos organismos, en base a su fisionomía, para evitar contaminación por exoesqueleto o tracto digestivo. La parte diseccionada fue trasladada a un tubo de 2 mL junto con una perla de cristal e inmediatamente colocada en nitrógeno líquido por 30 segundos y posteriormente en un ultracongelador a -80°C.

Luego de 24 horas, los tubos fueron colocados en un molino mezclador (Retsch MM 400) por 1 minuto a máxima frecuencia (30 Hz). Para extraer ADN se utilizó el Kit Epicentre Master Pure Complete DNA and RNA Purification Kit, se colocaron 350 uL de cell lysis solution (solución de lisis celular) con 10 uL de proteinasa K en cada tubo y fueron incubados a 65°C durante 1 hora y 30 minutos. Luego se añadieron 10 uL de RNase y se incubaron de nuevo a 37°C por 10 minutos. Posteriormente, los tubos se colocaron en bloque frío por 5 minutos y se agregaron 175 uL de precipitado de proteínas a cada uno de ellos. Se homogenizó mediante vórtex por 10 segundos y se centrifugó a 13000 rpm a 4°C por 10 minutos. El sobrenadante fue cuidadosamente retirado a tubos de 1,5 mL y se le agregaron 500 uL de isopropanol frío para centrifugarlos nuevamente a las mismas condiciones. El isopropanol fue desecharido y se lavó el pellet de ADN con 500 uL de etanol al 70%. Se repitió el paso de centrifugación con las mismas condiciones, esta vez por 5 minutos. Luego el etanol fue descartado y el tubo colocado boca abajo sobre una toalla de papel hasta que el etanol se haya secado. En caso de no secarse por completo, se colocaron los tubos en un rack con la tapa abierta por 10 minutos hasta que todo el residuo de etanol se haya evaporado. Finalmente, el pellet fue resuspendido en 35 uL de buffer TE y conservado a -20°C.

## 2.4 Amplificación por PCR

La amplificación de ADN se realizó utilizando el KAPA2G Robust HotStart Ready Mix Kit. En un tubo eppendorf de 0,2 mL se mezclaron 5uL de 2X KAPA2G ReadyMix, 0,5 uL del primer forward y del primer reverse (detalle en Tabla 2.1), 1 uL de BSA, 1 uL de ADN y 2 uL de agua. Los tubos con un volumen final de 10uL fueron colocados en el termociclador utilizando el perfil térmico detallado en la Tabla 2.2.

**Tabla 2. 1 Detalle de primers utilizados en la PCR de macroinvertebrados acuáticos**

INFORMACIÓN PRIMERS						
Gen	Región	Nombre	Dirección	Secuencia	Amplicon	Referencia
Cytochrome C Oxidase Subunit 1 gene-degenerado	Mitocondria	dgHCO-2198	REVERSE PRIMER	TAAACTTCAGGGT GACCAAARAAYCA	~680	(Meyer et al., 2005)
Cytochrome C Oxidase Subunit 1 gene-degenerado	Mitocondria	dgLCO-1490	FORWARD PRIMER	GGTCAACAAATCA TAAAGAYATYGG	~680	(Meyer et al., 2005)

**Tabla 2. 2 Perfil térmico para PCR de macroinvertebrados acuáticos**

PASOS	°C	TIEMPO	CICLOS
1 Inicio	95	5 minutos	1
2 Desnaturalización	95	30 segundos	30
3 Anillamiento	48	30 segundos	
4 Elongación	72	45 segundos	
5 Elongación final	72	5 minutos	1
6 Conservación	4	∞	

Luego se realizó la visualización de los resultados de PCR mediante electroforesis en gel de agarosa al 1%. Para preparar este gel, se colocó 1g de agarosa en 100 mL de Buffer TAE 1X, se calentó en un microondas hasta que toda la agarosa se disolviera y la mezcla se dispersó en la bandeja de la cámara de electroforesis. Luego se añadió 1 uL de SYBR Safe DNA Gel Stain por cada 10 mL de gel de agarosa. Se colocaron los peines con pocillos deseados y se dejó enfriar para que el gel se polimerice. Una vez que el gel estuvo listo, se removieron los peines y se colocó la bandeja en la cámara de electroforesis. Con el buffer de corrida colocado, se cargaron 5 uL de muestra mezclándolos con 1 uL de Blue/Orange Loading Dye 6X y en el primer pocillo se cargaron 3 uL de 1kb DNA Ladder. Esto se corrió a 100 V por 30 minutos.

## **2.5 Secuenciación de ADN**

Para secuenciar el ADN, se realizaron PCRs de las muestras con amplificación positiva en 25 uL de reacción final. El producto de PCR de cada muestra fue colocado en su respectivo tubo de 1,5 mL con rotulación de su nombre de campo. Estos productos fueron enviados al servicio externo Macrogen de secuenciación por el método de Sanger.

## **2.6 Identificación molecular**

Las secuencias obtenidas fueron procesadas en el software bioinformático UGene para ser visualizadas por su cromatografía. De todas las secuencias, tanto forward como reverse, se recortaron las secciones iniciales y finales, correspondientes a los primers. La región recortada fue exportada en formato FASTA y con esta secuencia editada se realizó un BLAST en el banco genético NCBI (*BLAST: Basic Local Alignment Search Tool*, n.d.). Se buscó una coincidencia con alguna especie registrada, tanto para la secuencia forward como para la secuencia reverse, y de estas se registraron sus porcentajes de similaridad. El mismo procedimiento se realizó con el banco genético BOLD Systems (*Identification Request / BOLDSYSTEMS*, n.d.) para tener el respaldo de una segunda identificación molecular.

## **2.7 Creación de base de datos**

Los números de campo registrados para cada organismo, su identificación morfológica, su localidad de muestreo, su secuencia de ADN y sus identificaciones moleculares de ambas bases de datos con sus respectivos porcentajes de similaridad, fueron registrados y compilados en una tabla de Excel. Este sería el inicio de la creación de la base de datos, ya que, una vez terminado el proyecto, esta contará con una interfaz web interactiva.

# CAPÍTULO 3

## 3. RESULTADOS Y ANÁLISIS

### 3.1 Identificación morfológica

Luego de haber identificado morfológicamente todas las muestras de macroinvertebrados acuáticos, se separaron 219 organismos con sus respectivos números de campo, utilizando como referencia las iniciales del investigador que realizó los muestreos, por ejemplo: REEB0001. Todos los organismos analizados correspondían a macroinvertebrados en su estado larvario, ya que, en su etapa adulta, estos se convierten en macroinvertebrados terrestres.

Para la identificación morfológica, se observaron características físicas, como: número de segmentos, número de uñas, número de tarsos, presencia de alas, número de patas caudales, presencia de pelos, presencia de escamas, entre otras. Con las respectivas claves dicotómicas, se identificó el taxón más cercano de los 219 organismos. En su mayoría, este taxón correspondía al género del organismo sin especificación de especie. Mientras que, en otros casos, el taxón más cercano correspondía a la familia u orden. Esto ocurrió, debido a que, para continuar identificando el organismo hasta su especie o género, es necesario contar con un microscopio o estereomicroscopio de mayor aumento, que logre captar características físicas más pequeñas que diferencien a una especie de otra. Cabe recalcar, que los macroinvertebrados acuáticos son un grupo de estudio en constante descubrimiento, por lo que existe la posibilidad de que ciertas especies no identificadas morfológicamente, no hayan sido estudiadas con anterioridad ni descritas en las claves dicotómicas.

### 3.2 Identificación molecular

Hasta el momento, se realizaron 67 extracciones de ADN de macroinvertebrados acuáticos. De estas, 55 amplificaron exitosamente para ser secuenciadas. Las secuencias procesadas y analizadas en los bancos genéticos NCBI y BOLD Systems mostraron un porcentaje de similaridad desde un 70% hasta un 100%.

Con respecto a los resultados que se encuentran con un porcentaje de similaridad por debajo del 90%, se pueden considerar varias causas. En primera instancia, las muestras pudieron haber presentado restos de otros macroinvertebrados en su estómago, lo que provocó que exista una lectura de cromatografía con algunos picos de bases nitrogenadas en el mismo sitio y una alteración a su secuencia original. Por otro lado, con estos resultados se podría considerar que los individuos utilizados en una misma extracción presentan similar morfología, pero, molecularmente pertenecen a diferentes poblaciones. Y, por último, existe la posibilidad de que las secuencias procesadas de estas especies no hayan sido registradas en los bancos genéticos usados, por lo que estos no encontraron ninguna coincidencia significativa. En cualquiera de los casos, se deberán realizar nuevos muestreos de estos organismos en los mismos sitios de la provincia de Napo para realizar más extracciones de ADN con mejor calidad y confirmar alguna de las razones presentadas anteriormente.

En el caso de que las secuencias presenten una similaridad entre el 90% al 98,99%, se deberá evaluar la calidad de la cromatografía de estas secuencias en el UGene, para confirmar si presentan regiones con más de un pico y editar estas secciones en caso de ser necesario. Si la calidad de la secuencia es muy buena, se deberá elegir entre escoger la especie que presente mayor similaridad o identificar morfológicamente al organismo con ayuda de un experto en macroinvertebrados que confirme la especie del organismo objetivo, para así corroborar ambas identificaciones y llegar a una conclusión específica.

Finalmente, si la similaridad supera el 99% y se obtuvo una especie específica con la identificación molecular en los bancos genéticos, esto quiere decir que el organismo objetivo pertenece a esa especie obtenida. En tal caso, la identificación morfológica deberá ser confirmada o editada.

Para el caso de los organismos que no presentan una especie específica identificada, tanto en la identificación morfológica como en la molecular, se deberá

acudir con un experto en macroinvertebrados para identificar el organismo hasta un taxón más cercano a su especie y realizar más muestreos de este organismo objetivo en los mismos sitios para extraer su ADN con el objetivo de que su secuencia presente una mejor calidad.

### **3.3 Base de datos de macroinvertebrados acuáticos**

La base de datos de macroinvertebrados acuáticos se construyó identificando morfológicamente a 219 organismos y molecularmente a 55 organismos. Cabe enfatizar, que este trabajo se encuentra en desarrollo, por lo que, en futuras extracciones de ADN, se obtendrán las secuencias de los 219 organismos y así todas las muestras presentarán su identificación molecular correspondiente. La compilación de toda la información obtenida se encuentra en el Apéndice A.

# CAPÍTULO 4

## 4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

### 4.1 Conclusiones

1. Se identificaron morfológicamente 219 organismos de macroinvertebrados acuáticos muestreados en: Papallacta, Tena y Sinchi Warmi, de la provincia de Napo.
2. Se identificaron molecularmente 55 secuencias de los organismos que presentaban mayor número de individuos para su extracción de ADN.
3. Toda esta información fue compilada en una tabla de Excel que se encuentra en desarrollo (Apéndice A). Cuando esta base de datos de macroinvertebrados acuáticos se complete, podrá ser transferida a una interfaz web de libre acceso que sirva como datos de referencia para realizar estudios de ADN ambiental en regiones amazónicas del Ecuador y de esta manera, analizar la calidad de agua de las cuencas de agua dulce que recorren nuestra región.

### 4.2 Recomendaciones

1. Como parte de las proyecciones a considerar para el proyecto, se recomienda realizar muestreos de macroinvertebrados acuáticos en los mismos sitios, pero con mayor cantidad de individuos por organismo. De esta manera, habrá las suficientes muestras que nos permitan realizar extracción de ADN, repetir los procesos moleculares en caso de ser necesario y mantener un grupo significativo de macroinvertebrados en una colección de muestras biológicas.
2. Del mismo modo, se recomienda ampliar estos muestreos hacia todas las provincias amazónicas del Ecuador para conseguir una base de datos más precisa y así presentar mejores referencias de datos.
3. Y en última instancia, se recomienda llevar a cabo los estudios de ADN ambiental que nos permitan exponer la biodiversidad de macroinvertebrados acuáticos presentes en los ecosistemas de agua dulce de una manera más efectiva para realizar los análisis de calidad de agua.

# BIBLIOGRAFÍA

- Álvarez, M., Córdoba, S., Escobar, F., Fagua, G., Gast, F., Mendoza, H., Umaña, A. M., & Villarreal, H. (2006). *GEMA\_PRELIMINARES\_2ED*. [www.usgs.gov](http://www.usgs.gov)
- Arroyo, D. C., & Encalada, A. C. (2009). Evaluación de la calidad de agua a través de macroinvertebrados bentónicos e índices biológicos en ríos tropicales en bosque de neblina montano. *ACI Avances En Ciencias e Ingenierías*, 1(1). <https://doi.org/10.18272/ACI.V1I1.4>
- BLAST: Basic Local Alignment Search Tool*. (n.d.). Retrieved February 10, 2022, from <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Castro, J. (2006). *Metodo Sistematico | PDF | Teoría de sistemas | Método científico*. <https://es.scribd.com/document/226643355/metodo-sistematico>
- Czechowski, P., Stevens, M. I., Madden, C., & Weinstein, P. (2020). Steps towards a more efficient use of chironomids as bioindicators for freshwater bioassessment: Exploiting eDNA and other genetic tools. *Ecological Indicators*, 110, 105868. <https://doi.org/10.1016/J.ECOLIND.2019.105868>
- Dudgeon, D., Arthington, A. H., Gessner, M. O., Kawabata, Z. I., Knowler, D. J., Lévêque, C., Naiman, R. J., Prieur-Richard, A. H., Soto, D., Stiassny, M. L. J., & Sullivan, C. A. (2006). Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews*, 81(2), 163–182. <https://doi.org/10.1017/S1464793105006950>
- Fontaine, G., Narváez Paúl Cisneros, I., Socio Ambiental de la FLACSO, O., Albornoz, P., Andrade, M., Araujo, P., Gómez, D., Mejía, D., Pohlenz, A., Sasso Alejandra Vallejo, J., la Maestría en Ciencias Sociales, C., Llaguno, D., Torres, F., Burbano, D., Cajas Albán, L., Cifuentes Red Parques Privados Rafael Dávila, M., Encalada Corporación Oikos Oswaldo Encalada Parque Nacional Cajas Gustavo Galindo Ministerio Del Ambiente Del Ecuador Mauricio Garrón, M., Gualancañay, E., Herrera, K., ... Oviedo, J. (2008). *Equipo de investigación Coordinación científica Expertos del comité técnico institutional Créditos institucionales*. 92.
- Gamboa, M., Reyes, R., & Arrivillaga, J. (2008). *Macroinvertebrados bentónicos como bioindicadores de salud ambiental*.

[http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1690-46482008000200001](http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1690-46482008000200001)

Gómez, R. (2019). *La riqueza natural de la Amazonía como base del desarrollo sostenible regional* / CAF.  
<https://www.caf.com/es/conocimiento/visiones/2019/09/la-riqueza-natural-de-la-amazonia-como-base-del-desarrollo-sostenible-regional/>

Hinlo, R., Furlan, E., Suttor, L., Gleeson, D., & Barnes, M. A. (2017). Environmental DNA monitoring and management of invasive fish: comparison of eDNA and fyke netting. *Management of Biological Invasions*, 8(1), 89–100.  
<https://doi.org/10.3391/mbi.2017.8.1.09>

*Identification Request | BOLDSYSTEMS.* (n.d.). Retrieved February 10, 2022, from [https://www.boldsystems.org/index.php/IDS\\_OpenIdEngine](https://www.boldsystems.org/index.php/IDS_OpenIdEngine)

Leduc, N., Lacoursière-Roussel, A., Howland, K. L., Archambault, P., Sevellec, M., Normandeau, E., Dispas, A., Winkler, G., McKindsey, C. W., Simard, N., & Bernatchez, L. (2019). Comparing eDNA metabarcoding and species collection for documenting Arctic metazoan biodiversity. *Environmental DNA*, 1(4), 342–358.  
<https://doi.org/10.1002/EDN3.35>

Liñero Arana, I., Balarezzo, V. H., Eraso, H., Pacheco, F., Ramos, C. E., Muzo, R. G., & Calva, C. J. (2016). Water quality of an Ecuadorian Andean stream with the use of aquatic macroinvertebrates. *UNED Research Journal*, 8(1), 69–75.  
<https://doi.org/10.22458/URJ.V8I1.1225>

Meyer, C. P., Geller, J. B., & Paulay, G. (2005). FINE SCALE ENDEMISM ON CORAL REEFS: ARCHIPELAGIC DIFFERENTIATION IN TURBINID GASTROPODS. *Evolution*, 59(1), 113–125. <https://doi.org/10.1111/J.0014-3820.2005.TB00899.X>

Niels, D. (2001). *The IBTS database: A plea for quality control*. International Council for the Exploration of the Sea.  
[https://www.researchgate.net/publication/40186302\\_The\\_IBTS\\_database\\_A\\_plea\\_for\\_quality\\_control](https://www.researchgate.net/publication/40186302_The_IBTS_database_A_plea_for_quality_control)

Raman Bai, V., Bouwmeester, R., & Mohan, s. (2009). Fuzzy Logic Water Quality Index and Importance of Water Quality Parameters:  
<Https://Doi.Org/10.4137/ASWR.S2156>, 2, 51–59.

<https://doi.org/10.4137/ASWR.S2156>

Resh, V. (1975). *Water Quality Monitoring and Aquatic Organisms: The Importance of Species Identification* on JSTOR. Journal (Water Pollution Control Federation).  
<https://www.jstor.org/stable/25038592>

Ruiz, L. (2000). *AMAZONÍA ECUATORIANA ESCENARIO Y ACTORES DEL 2000.*

Seymour, M. (2019). Rapid progression and future of environmental DNA research. *Communications Biology* 2:1, 2(1), 1–3. <https://doi.org/10.1038/s42003-019-0330-9>

Smart, A. S., Tingley, R., Weeks, A. R., Van Rooyen, A. R., & McCarthy, M. A. (2015). Environmental DNA sampling is more sensitive than a traditional survey technique for detecting an aquatic invader. *Ecological Applications*, 25(7), 1944–1952.  
<https://doi.org/10.1890/14-1751.1>

Thomsen, P. F., Kielgast, J., Iversen, L. L., Møller, P. R., Rasmussen, M., & Willerslev, E. (2012). Detection of a Diverse Marine Fish Fauna Using Environmental DNA from Seawater Samples. *PLoS ONE*, 7(8).  
<https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0041732>

Thomsen, P. F., & Willerslev, E. (2015). Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological Conservation*, 183, 4–18. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2014.11.019>

Troya, M., Encalada, A., & Suárez, E. (2013). *Human threats to the freshwater ecosystem in the Napo Watershed*. <http://repositorio.usfq.edu.ec/handle/23000/2583>

# **APÉNDICES**

## APÉNDICE A

### BASE DE DATOS DE MACROINVERTEBRADOS ACUÁTICOS

# Campo	ID morfológico	Secuencia ADN	Primer	ID molecular NCBI	% ID	ID molecular BOLD	% ID
REEB 0001	Hyalella sp. 1	GAGCAATTGGCACTTCTTAAGAGTGATTATCGGTCTGAGCTGAGCGCCCCAGGAATCTAATCGGAGACGATCAGGTTATA ATGTAATAGTTACTGCGCACCGCTTGTAAATGATTTCTTATAGTTATGCCATTATGATTGGTGGATTTGTAATTGACTGGTT CCTCTTATATTAGGTAGGCCTGACATAGCGTTCCCGATAAAACATAAGATTGATTGTTACCCCTCTTATCTCTGCT ATTGATGAGGGGGCTGGTAGAAAGAGGGTAGGAACCTGGTACCGGCTCTCTATTTAGGGCCATTAATTGACTGT GGGGGCTCTGTAGATCTGGCTATTTCCTACATTAGCAGGAGCTCTCTATTAGGGCCATTAATTGACTGT GTTAATATGCGTGCCTGGATAAGAATAGATGGATGCCCTTATTGATCTGTTACATTACTGCTATTGATCTGCTT TGTCTTACCGGTATTAGCCGGCGTTACAATGTTAACAGACCGGAATCTAACACTTCTTTGATCCTAGTGGTGG AGGGGACCTATTGATCAGCATTGATCTGGGTTAC	Forward	Hyalella cajasi	93.33	Hyalellidae	97.09
		TAAGAATGGCACGTTATTTGGGGCCTGGGCCAGAGCAATTGGCACTCTTAAGAGTGATTTTGGTCTGAGCTG AGCGCCCCAGGAATCTAATCGGAGACGATCAGGTTATAATGTTATAGTTACTGCGCACCGCTTGTAAATGATTTCTTATAG TTATGCCATTATGATTGGGATTTGTAATTGACTGGTCTCTTATATTAGGTAGGCCGACATAGCGTTCTGGATAAA TAACATAAGATTGATTGTTACCCCTCTTCTCTGCTATTGATGAGGGGCTGGTAGAAAGAGGGTAGGAACCTGGTTG GACGGTGACCCCTCTTCTGCTGGGCTGCGCGCATAGCGGGGCTCTGATAGCTGGCTATTCTTACATTAGCAGG AGCTTCTCTTACTTGTAGGGCCATTAAATTGACTGTGTTAACATGCGTGCCTGGATAAGAATAGATGGATGCCCT TATTGATCTGTTACATTACTGCTATTGCTTACCGGTATTAGCCGGCGTTACAATGTTAACAG ACCGGAATCTAACACTTCTTTGATCCTAG	Reverse	Hyalella cajasi	92.08		
REEB 0002	Hesperophylax sp. 1	GAGCCGGATAATCGGAACCTCCCTAACGAAATTATCGTACAGAACTCGGAACACTGAATCCCTAACGAAATTGATCAAATT ATAACGTACTAGTCACAGCCCAGCTTTCTTATGTAATTACCAATCATAATTGGGGGTTGAAACTGATTA GTGCCCTAAATAATCGGAGCTCTGACATAGCTTCCCCCGCATAAACAAACATAAGATTGACTTCTACCCCTCGCTTAATT TATTATTAAATTAGTGCCTAGTAGAAAGAGGGACCGGAACCGGGTAACCGTTATCCCCCTCTCTAGTAATCTGCCCAG CTGGAAAGCTCAGTTGACATTCAATTCTCTTCTCTAGGAAATTCTCATCTATTAGGGCCATTAACTCATTCCACAA CAATTAAATATGCGAAGAAATCTCATCACTCTGATCGATCCCTCTTGTATGATCTGATAGCTATTACAGCTCTCCCTTCTT TTATCTCCCGTACTCGCTGGAGCTACATAATTACTGATCGAACGAAATTAAACCTCCCTTTGACCCCTCTGGGGG TGGAGATCCCCTTACCAACATCTATTGATTCTT	Forward	Austrocosmoeicus hirsutus	85.15	Micropterna muehleni	84.91
		CAAAAAACAAAAGATAGAGTAACCTTATTGTTGGGGATTTGCGCGCAGAATAGTCGGAAATCCCTAACGAAATT TCGTACAGAAGTCGGAACCTACGGAATCCCTAAATTAAAGATCAAATTGACTAGTCACCGCCCACGCTTCTATTATA ATTTCCTATAGGGTAATACCAATCATAATTGGGGGTTGAAACTGATTAGCCTCTAACGCTCTGACATAGCTT CCCCCGCATAAACAAACATAAGATTGACTTCTACCCCTCGCTTAATTATTAAATTAGTGCCTAGTAGAAAGAGGCAC CGGAACCGGGTGAACGTTATCCCCCTCTCTAGTAATCTGCCATGCTGGAAGCTCAGTGACATTCAATTCTCTT CATTTAGCAGGAATTCTATTTAGGGCCATTAACTTCATTCCACAAACATTAAATGCGAAGAAATCTCATCACTCTG TCGCATCCCTCTTGTATGATCTGATAGCTATTACAGCTCTCCCTCTTATCTCTCCCGTACTCGCTGGAGCTACTA TATTACTACTGATCGAACATTAAACCTCCCTTTGACCCCTCT	Reverse	Austrocosmoeicus hirsutus	83.68		
REEB 0003	Helobdella sp. 1	GAGCTCTATAGTAGGAACCTGCTATAAGTATAATTATCCGTATTGAAATTCTCACCGAGATCATTCTTATGAAAGATCAATT TATAACTGTATAATTACTGCACTGGATAATTATAATTCTCTCATAGTAATACCAATTCTCATGGGGGTTGAAATTGATTA ATTCCATTAAATAATTGGTGCACCGAGATAGCATTCCACGTCTAAATAACTTAAAGATTGATTACTCTCCATCTCTACCTTA CTTGTAACATCTGCTGTAGTAGAAAAGGGGCTGGTACGGGATGAACCTGTATATCCCCCATTAGCAGCTAACCTAGCTCACTCA GGACCTTCAGTAAATCTGCAATTCTCTACACTTAGCTGGGCTCACCTATTCAAGGACCATTAAATTAAACTACGGT AATTAAATCCAATAACCAGGTACAAATTGAACATATTCCCTTATTGGATGACCGTAGTTTACGGTATTACTCTTCTCCA TTCTCTACCGGTTCTGCTGAACGTATTACCATACTCTAACAAATTAAACCTATTCTTGTATCCGATGGGAGGTG GAAATCCAGTTATCAACACTTATTCTGATTCTGCTT	Forward	Helobdella adiastola	83.28	Helobdella stagnalis	83.17
				Helobdella octatestisaca	83.42		

		GATATTGGAACATTATAAATTCGGAGCATGAGCTGCTAGTAGGAAATGCTATAAGTATAATTATCGTATTGAATTAGCT CAACCAGGATCATTCTAGGTAATGATCAATAATATAACTGTATAATTAAATGCACATGGATTAATAATAATTCTTCTAGTAATA CCAATTCTCATGGGGGATTTGGAAATTGATTAATTCCATTAATAATTGGTGACCAAATATAGCATTCCAGGTTAAATAACTT AAGATTTGATTACTCCTCCATCTTACCTACTAGTACATCTGCTTAGTAGAAAAGGGGGCTGGTACAGGATGAACTGTAT ATCCTCCATTAGCAGATAATTAGTCACTCAGGACCTTCAGTAGATCTAGCAATTCTACACTTAGCTGGTCTCATCT ATTCTGGGATCATTAATTATAACTACTGTATAATTATACGATGACAAGGTATAAAATTGAACGTATTCCATTATCGTATGA GCAGTATTATAACAGTAGTATTCTCCTTACCTGCTGAGGTATTACCATACTTCAACAGATCGAAACTTA AATACCTCATTC-TTGATC-----	Reverse	<i>Helobdella adiastola</i> <i>Helobdella octatestisaca</i>	84.83 84.54		
REEB 0004	<i>Helobdella</i> sp. 2	TCGGAGCATGAGCTGCAATAGTATGAACTG-CTAT- CCTAATTATAATTCTTATGGTAATACCTATTAAATTGGTGAGTTGGAAACTGATTAATTCTCTAATTAAATTGGGCCACGG TATGGCATTCCCACGACTTAATACTTAGTACCTACTGCAATTAGCCACTTCTGAGCTGGCCCTGGCTGGTAGAA AGGGGGCAGGTACAGGATGAACTGTATACCCACCATTAGCTGCAATTAGCCACTTCTGAGCTGGCCCTGGTAGATTAGCAATT TCTCACTACACTTAGCTGGAGCATCTCAATTCTAGGTTCACTAAACTTATAACTGTATAATTATACGATGACATGGAATA CAAATTGAACGTCTCCATTATTTGTATGAGCAGTATTATTACAGTAGTAGTTCACTACTTCTCTACCACTAGTAGCTGCAGG TATTACAATATTACTACAGACCGAACCTAAACCTCATTCTTGTATCCTAGGAGGCGGTATCCAGTCTTACACTAGCTGCAGG TATTCTGATTCTTG-----	Forward	<i>Helobdella</i> <i>paranensis</i> <i>Helobdella</i> <i>simplex</i>	89.38 89.35	<i>Helobdella</i> sp.	90.16
		AAAAGATATAGGAACCTTAACTTCATTTCGGAGCGTCAGCTGCAATAGTCGGAAGTGAECTATAAGGATAATTATCGAATTGA ATTAACCCACCCGGATCATTATTGTAACTGATCAACTCGATAATTGCAATTACTGCCACGGCCTAATTATAATTCTTAT GGTAATACCTATTAAATTGGTGAGTTGGAAACTGATTAATTCTCTTAAATTGGGCCACATAAGGCATTCCCACGACTT AATAATTAGATTGACTATTACCTCATCTTAAATTCTGAGCTACCTCAGGCCACTCTGGCCCTCTGAGATTAGCAATTCTCACTAGCGGG GAACTGTATACCCACCTTAGCTGCAATTAGCCACTCTGGCCCTCTGAGATTAGCAATTCTCACTAGCGGG AGCATTTCATTCTAGGTTCACTAAACTTATAACTGTATAATTATACGATGACATGGAATAACAAATTGAACGTCTCCATT ATTGTGAGCAGTATTACAGTAGTTCACTACTTCTCTACCACTAGTAGCTGCAGGTATTACAATTACTTACAGA CCGAAACCTAAACCTCATTCTTGTATCC-----	Reverse	<i>Helobdella</i> <i>paranensis</i> <i>Helobdella</i> <i>simplex</i>	86.73 86.64		
REEB 0005	Sphaeriidae sp. 1						
TTTGATCAGGCATAGTAGGAACATCATTAAGATGATTATGAAATTAGGACAACCTGGATCATTATTGGAGATGATCAA ATCTATAATGTTATGTAACAGCACATGCATTATAATTCTTATAGTTACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGA CTAGTACCTTAAATAATTGGAGCACAGATAGCATTCCACGAAATAATAATTAAAGATTGGAGGATTGGAAATTGA ACTACTTTAGCAAGAAGAATTGAGGAACAGGAGCAGGAACAGGGTGAACAGTATACCCACCTCTACAGAAATAATCGCACA TAGAGGAGCTCAGGGATTAGCAATTCTCACTACACCTTGAGGTGTATCATCAATTAGGAGCAGTAATTCTCACTCAA CAATTATAATATACGATCAACAGGAATTACACCTGAACGAATACCTCTATTGCTGTATCTGAGGAATTACCGCACTACTACTA TGATTACTACCAGTTCTAGCCGGAGCAATTACTATAATTAACTGATGAAATTCAACAGCATTGACCTGCTGG AGGGGGGATCCAATTATATCAACACTTATTGATTCTGG-----	Forward	<i>Notonecta</i> <i>glaucha</i> <i>Notonecta</i> <i>reuteri</i>	89.84 89.92	<i>Pelocoris</i> sp.	97.12		
REEB 0006	<i>Pelocoris</i> sp. 1	TATAAGATATTGGAACATTATAATTCTTGGATTGGAGATGATCAAATCTATAATTGTTATGTAACAGCACATGCATTATAATTCTTATAG TTATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGACTAGTACCTATAATTGGAGCACCAGATATAGCATTCCCACGAAATAAT AATAAGATTGGATTACCCACCTCATCAAGAAATATCGCACATAGAGGAGCTCAGGGATTAGCAATTCTCACTACACCTTGAGGTGT ACATCAATTAGGAGCAGTAATTCTCAACATTATAACGATCACAGGAATTACACCTGAACGAATAACCTCTATT TGTCTGATCTGAGGAATTACCGCACTACTATTACTACCTACCACTAGTCTAGCCGGAGCAATTACTATAATTAACTGATC GAAATTCAACACAGCATTTTGACCCCTGCTGGAGG-----	Reverse			<i>Notonecta</i> <i>glaucha</i> <i>Notonecta</i> <i>reuteri</i>	89.80 89.95
REEB 0007	Micrathyria sp. 1	GGGCAGG- ATGATTGGAACAGCTTAAGTGTCTAATTGAACTTGGTCAACCAGGATCGCTAATTGGTATGATCAAATTATAATGT	Forward	<i>Agrionoptera</i> <i>insignis</i>	88.10	Erythrodiplax	90.05

		AATTGTTACTGCACATGCTTCGTATAATTTTTTATAGTAATACCTATTATAATTGGTGGATCGGAAATTGGTTAGTACCATT AATATTAGGAGCACAGATAGCATTCCCACGATTAAATAATATAAGATTGATTACTCCCTCCTCTTCACTTTACTCTTAGC AAGAAGTATCGTTGAAAGAGGTGCCGGAACCTGGCTGAACAGTTACCCCTCACTAGCCGGAGGCCATTGCACACGCCGGAGCAT CTGTAGATTTAACATTCTTACATTAGCCGGAGTCCTCTATTCTGGAGCAATTAAATTATTACACAGTAATTAAATA TAAAATCCCTGGTATAAAGATAGATCAAATACCCATTATTGTATGAGCAGTAGTAATTACTGCAGTACTTCTTCAATTACATTAC CAGTTTAGCTGGTGTATTACCATACTATTAAACAGACCGAAATTAAATACATCCTTTTGATCCGGCTGGAGGAGGAGACCC TATTATATCAACATTATTGTATTCTTGGAGCTT					
		AAGATATTGGAACCTTATATTAATCTTGGAGCTTGGGAGGAATGATTGGAACAGCTTAAGTGTCTAATTCGAATTGAACCTT GGTCAACCAGGATCGTAATTGGTGTGATGATCAAATTATAATGTAATTGTTACTGCACATGCTTCGTATAATTTTTTATAGTA ATACCTATTATAATTGGTGGATTCCGAAATTGGTAGTACCTTAATATTAGGAGCACAGATAGCATTCCCACGATTAAATA TATAAGATTGATTACTTCCCTCTTCACTTTACTCTTAGCAAGAAGTATCGTTGAAAGAGGTGCCGGAACCTGGCTGAACA GTTTACCCCTCCACTAGCCGGAGCATTGCACACGCCGGAGCATCTGTAGATTAACTATTCTTACATTAGCCGGAGGTGT CCTCTATTCTGGAGCAATTAAATTATTACACAGTAATTAAATAAAATCCCTGGTATAAAGATAGATCAAATACCCATTATTG TATGAGCAGTAGTAATTACTGCAGTACTTCTTCAATTACCAAGTTTAGCTGGTGTATTACCATATAACAGACCGA AATATTAATACATCC-TTTTGATCCGGCTGGAGG-----	Reverse	Agrioptera insignis	87.72		
REEB 0008	Corydalus sp. 1	ACTTGAGCCGGCATAGTCGGTA- CTTCTCTAGACTTTAATCGAGCTGAATTAGGTCAACCAGGATCCTTAATTGGAGATAACCAAATTATAAGGTTATTGTAACT GCCCATGCCTTGTATAATTAAAAATTGAGGGTTGGAAATTGATAATTACCTCTATAGCTAGGG GCACCGAATAGCCTCCCCCCCCAAAAATAAAATTAAATTAGCCCCCTTCATTAAACCTCTTTTATCAAAGCTTTT GTAAAAAAAGGAGCTGAAACAGGAGAACAGTTACCCCCCTTGCATCAAGAATTGCTCAGGCAGAAGATCCCTTAATTAA CCCTTTTATACTTCATCTGCTGGTGTACCTACCAATTAGGTGCTGTCATTAACTACTATTAAATAACACCCCTT GAATAACTTTGACCAACCCATTATTGTTAACCATGGCTATAACGGCCCTCTACTTCTCTTACCAATTACTTG AAGCTATAACAATACTACATAACAACTGAATTCTAAACTCTTGAACCTCCGAAGGAGGTAAACCAATTACCAA CACTTATTGGATTCT	Forward	Corydalus sp.	86.83	Corydalus sp.	86.9
		GGAACTATTATACTTCTTTGGAACTTGAGCCGGCATAATCGGTACCTCTTCACTTAACTTAAATTGAGCTGAATTAGGTCAA CCTGGATCCTTAATCGGAGATGCCAAATTATAATGTTAGTAACAGCCCAGCCTTGTATAATTTTTTATAGTTACCT ATTATAATTGGAGGGTTGGAAATTGATTAGTACCTCTAATGATAGGGCACCAGATAGCCTCCCTCGAATAAAATAATTAA GTTTTGATTATTGCCCTTCATTAAACCCCTCTTACAGCAAGCTTTAGCACTGCAGGAGCAGCCGTTGAATAAG AGAAAGAGGAGCTGAAACAGGATGAACAGTTACCCCTCCGGCATCAGGAATTGCTCATGCAGGAGCAGCCGTTGAATAAG CCATTTTAGACTTATCTGCTGGTGTATTCAATTAGGTGCTGTCATTCA- TACTACAGTAATCATACGATCCCGAGGAATAACATTGACCGAACCAATTGTATGAGCAGTGGCTATTACTGCCCTC TACTTCTCTCTACCAGTTAGCTGGAGCTTACAAATACTACAGATCGTAATTAAATAACATCATT- TTGACCCAGCCGGAGGAGGTGA	Reverse	Corydalus sp.	95.15		
REEB 0009	Melanoides tuberculata						
REEB 0010	Gynacanth a sp. 1						
REEB 0011	Galba cousins i						
REEB 0012	Melanoides tuberculata						
REEB 0013	Macrostern um sp. 1	TATTGAGCTGGTATTG-TTGG-A-TG-CGGTCTATTATC-TT-GTATTATTAGTATTA- GATTAAGTACCGCCAGGAGTCCAATTATGAAGG----- ACCAATTATAATGTATTGTAAC TGCCCCTGGCTTATCAATAATTCTTATTTC----TACATTATGCCAT- TGGAGGATTGGATTGGTAATT-CCCCCTATAATTAACT--CCTGATCCGA-TTGGCTTTCCA--	Forward			Cecidomyiida e	75.86

		ATGCTAAATAATTCTGATTT-GGCTGCTTGTCCCTGTTTCATGTTTTAATGCT---- CTTATCAATAGTTGATCGTGGTGCAGGTAAGACTGGAC--CCC--CCCCCCCCCTCCAATCTCTCACA- TGGGACATCATCTGGGCATCTATCG--A--TA-TTTTCTCTCCATCTTACATGAATTCTGGCTTCTCGATTCTGGTT- TTCAATATGATTGTTACTATCTACCTAACCTAACCTCAAGTTAGGGGATCCCAGTGGCTCTGATCTTG--AC--TAA-T- -CGGGGCCT-CT-CTTCTTGACTCCAGGTTTCCATGAGCAGTGGCAAGCTACC-----AAGTGAUTGACTGATC-- AAAACCTCGGTCTTGATCCTCAAGACGAGGAGACGAGACATACATTAACATCTCTGTTCTT				
		TGATAACGTATTTCATATTCGCCATCTTGATGGATTGTCGGAGGATCATCCTCAGTA-TTATTT-GG---CGGAAG- AGCAAAGCCTGGTGGGCACTTTAACGGGCAAACCCAAATTATAT-A-GTGTGAAACAG-CCCTCGCACGATAAATAA--- GGTATTTTCAGGAATAC-GCATGCTATATGGGGGTATGGAGA-TAGT-A-TAGTGC----AA-TT- ACTAGGGGTGCACCGGACATGGCTTCCCAGGAT-- AAAATAAAAAAAATTGGGTTGCACGTCCTCCCTAAATGTTAAATGCTAGAAGCTT-TTAA-T-A-AGGGGCCAGG- ACAGGC-GAACAGCTTCCCCCTCTCGTACCAAT---AGTGGACAT- AGAGGGCGGCAGTAAAGGCTATTTCTCTCCATTATGCAGGAA----- TTCTTCATTTAGGTTCAATCAACTGATT-ACTACTATCT- TAAATATAAGACCCGATGGTATGGGTTAGAAAATCCCTTATTGTTAACAGCTGTCCTGTTGATACTTG- -TAATCCCGG--TT---T-AGCAGGGCCAA-CAACCTGGTTGAAATTACTG-- TAATCTTAGGACCTCCTTCTGATCCCTCAAGAGGGGG-----	Reverse	Sciaridae sp.	80.14	
REEB 0014	Anomaloc smoecus sp. 1	GAGCGGG-ATAATCGGAACCTCTC- TTTATTATAATTCTTATAGTAATACCCATCATAATCGGAGGATTGGTAACTGATTAGTCCCCCTGATAATCGGAGCACCTGA TATAGCTTCCCCCGATAAATAAGATTCTGACTATTACCCCCATCTTAAATCTCTTTAATTAGAGCTCTAGTAGATATTCTATT AGGGACAGGAACAGGGTACCGGTTACCCCCCTCTTAGAAACTTAGCGCACGCCGGAGATCCGCTAGATATTCTATT TTCTCTCATTTAGGGAAATTCTCAATTAGGAGCAATTAAATTCTCAACACCATAACATACGAAGAAATTAGTTTC TTAGATCGAATCCCCCTATTGTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCTCTCTCTCCAGTTAGCTGGAGCAAT TACAATATTAAACAGACCGAAATCT- AAATACTTCTTTGACCCCTCAGGAGGAGGAGACCCAAATTCTTATCAACATCTTTGATTCTTGGTCACC	Forward	Anomaloc smoecus illiesi	99.18	Limnephilidae
		TTAAGATATTGGAACTATTATTGGAATTGAGCGGAAATAATCGGAACCTCTCTAAGAATAATTATTGAAACAGAAAT TAGGAACTACTGAATCTTAATCAAAATGATCAAATTATAATGTTCTAATTACAGCTCACGCTTATTATAATTCTTTAGT AAATACCCATCATAATCGGAGGATTGGTAACTGATTAGTCCCCCTGATAATCGGAGCACCTGATATAGCTTCCCCCGCATAAAT AAATAAGATTCTGACTATTACCCCATCTTAAATCTCTTTAATTAGAGCTCTAGTAGAAAGAGGGACAGGAACAGGGTGA CCGTTTACCCCCCTCTCTAGAAACTTAGCGCACGCCGGAGATCCGCTAGATATTCTATTCTCTCATTTAGGGAAATT TCTTCATTTAGGAGCAATTAAATTCTCAACACCATAACGAAGAAATTAGTTCTTCTAGATCGAATCCCCCTATT GTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCTCTCTCCAGTTAGCTGGAGCAATTACAATTATTAAACAGACCG AAATCTGAAATTACTCTTTTGGACCC-----	Reverse	Anomaloc smoecus illiesi	99.10	
REEB 0015	Halella sp. 1	AGCAGTCGGCACTCTTAAGAGTGGCATCCGGTCTGAGCTGAGCGCTCCAGGAAACTTAATTGGAGATGACCAAGTTATAA TGTAAATAGTTACTGCCATGCATTGTAATAATTCTTATGGTTACCCATTATAATTGGAGGTTGGTAATTGGTTGGTCC CCCTTATATTAGGTAGGCCGATAGCGTTCCCTCGGATAAACATATAAGGTTGGTATTGCTCTCTCTTACTCTTACTA TTAATGAGAGGATTGGAAAGAGGAGTAGGTACTGGTACCTGTCACCCCTTACAGGAGCTTCTCTTACTGCTATTGTTACTGTT GGGTTCTGAGATTAGCTATTCTTACATTAGCAGGAGCTTCTCTTACTGCTATTGTTACTGCTATTGTTACTGTT GAATATGCGTACGCCCTGAAATAAGTATAGACCGAGTCCATTATTGCTGGTCTGTTATTACTGCTATTGTTACTGTT CTTGCCTGTGCTGGCAGGAGCATTACAATTATTAACAGACCGTAATCTTAAACTCTTCTTGTACCCCTAGCGGGAGG GGACCCATTGTTACCAACATCTATTGATTCTGTT	Forward	Halella cajasii	87.52	Halella sp.
				Halella sp.	87.91	
		ACACAAAATAAGAATTGATACGTTGATTGGTTAGGGGCTTGAGCTAGAGCAATCGGCACCTCTTATAGGTGGTACCCGG TTGAGCTGAGCGCTCCAGGAAACTTAATAGGAGATGACCAAGTTATAATGTAATAGTTACTGCGCATGCTTATAATT TTTATGGTTACCCATTATAATTGGAGGTTGGTAATTGGTGGTCCCCCTTATTAGGTAGGCCGATAGCGTTCC	Reverse	Halella cajasii	86.28	
				Halella sp.	86.75	



		ATACGAAGAAATTAGTTCTTAGATCGAATCCCCCTATTTGTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCCCTCTTCTCTC CCAGTTTAGCTGGAGCAATTACAATGTTATAACAGACCGAAATCTAAATACTCTTTTGACCCCTCAGGAGGGGAGACC CAATTCTTATCAACATCTTTGATTCTTGGTCACCTGAA					
		TAACCTTTAAGAATTGGAACTTTATTTGGAATTGGAGCGGGAAATAATCGGAACCTCTAAGAATAATTTCGAA CAGAATTAGGAACTACTGAATCATAATCAAAATGATCAAATTATAATGTTCTAGTTACAGCTCACGCTTTATTATAATTTC TTATAGTAATACCCATCATAATCGGAGGATTGGTAACTGATTAGTACCCCTGATAATCGGAGCACCTGATATAGCTTCCCCG CATAAATAATATAAGATTCTGACTATTACCCCCGTCTTAAATCTTCTTAAATTAGAGCTCTAGTAGAAAGAGGGACAGGAACAG GGTGAACCGTTACCCCCCTCTTCTAGAAACTTAGCGCACGCCGAAGATCAGTAGATATTCTATTCTCTTCTCTTCT GGAATTCTCAATTAGGAGCAATTAACTTCATCTAACACATCAACATACGAAGAAATTAGTTCTTAGATCGAATCCC CCTATTGTTGATCTGCTATTACTGCTCTCTCTCTCCAGTTAGCTGGAGCAATTACAATGTTAAC AGACCGAAATCTAAATACTCTTTGACCCCTC-----	Reverse	Anomalocos moecus illiesi	99.55		
REEB 0020	Smicridea sp. 2	GGCATATGAGCAGGTATTACAGGAATGCCCCTAAGACTAATTATCGATTAGAATTAGAATTCCAAAAAATTATTGGCAATGA TCAAATCTATAATGTTTAGTAACCGCTCACGCATTATTATAATTTTTATAGTTACCCATTATAATTGGAGGATTGGAAAT TGACTAGTTCTTAAACTCTCACCCCCAGATATAGCTTCTCCGCTTAAACATATAAGATTCTGGCTTCTCCCCCGCTCAGT TTCTGGCACATCAGTGACTTAACAATTCTCTTCACTTAGCAGGAATCTCTCTATCTTAGGAGCTTAACTCATAACC ACAGTTATAACATAAAAATCAATAAAATTAACTCGACTTAATCCCCATTATTGATCAATTAAACCACCATCTTCTC TCCTTCACTCCCTGCTCGCAGGAGCAATTACAATTACTTCCGATCGAACCTCTCCCTCTTGCAGG-----	Forward	Smicridea microsaccata	100.0 0	Smicridea microsaccata	100,00
		CATTATAAAGACATGGAAACCTTATTTGGCATATGAGCAGGTATTACAGGAATGCCCCTAAGACTAATTATCGATT AGAATTAAAGAATTCCAAAAAATTATTGGCAATGATCAAATCTATAAGTTAGTTAGTAACCGCTCACGCATTATTATAATT ATAGTTACCCATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGACTAGTTCTTAAACTCTCACCCCCAGATATAGCTTCTCCGCT TAACAATATAAGATTCTGGCTTCTCCCCCGCTCAGTTCAATTCTTAAAGAAGACTAATTAAACAGGAACCTGGAAACAGGAT GAACCATCACCTCTCTTCAATCTACCCATCTGGCACATCAGTTGACTTAACAATTCTCTTCACTTAGCAGGA ATCTCCTCTATCTTAGGAGCTTAACTCATAACCACAGTTAAACATAAAAATCAATAAAACTTCGACTTAATCCCCCTA TTTTGATCAATTAAACCACATTCTCTCTTCACTCCCTGTCAGGAGCAATTACAATTACTTCCGAT CGAACCTAAACTCTCCCTTTGACCCCTGCAGGAGGAGG-----	Reverse	Smicridea microsaccata	100.0 0		
REEB 0021	Scirtidae sp. 1	ATAGTGGGAACATCTTAAGACTCTAGATCGAGCAGAATTGGGGACTCGGGATCTGATTGGAGATGACCAAAATTATAAC GTTATTGTTACCGCTCATGTTGTTATAATTTTTATAGTTACCAATTATAATTGGAGGATTGGAAACTGATTAGTGCCT TTAATATTGGAGCCCCAGATATAGCATTCTCGAATAAAATAATATAAGATTGACTCTCCACCTTCACTACTCTTATA ATAAGAAGAATAGTGGAAAATGGGCTGGAACAGGTTGAACGGTTACCCCCCCCCTCTGCAGGAATTGCTCATTAGGGGC ATCGGTAGATTAGCAATTCTGCCTTCAATTAGCTGGTATTCTCAATTAGGGGGCTAAACTTTTACAGTTAA TATACGATCTACTGGAAATATCATTGATCGTACCTTATTGTATGGCAGTAGCTTACAGCATTACTTTACTTCTT ACCAGTTAGCAGGAGCTTAACTACAGATCGAAATTAAACACATCATTGACCCCTGCAGGAGGAGGGAT CCAATTCTTACCAACATTATTGATCTT-----GGATCTTGATCGGG-	Forward	Deronectes moestus inconspectus	87.09	Scirtidae	91.58
		TCAAAAAAATTAAAGATATTGGAAACTTATTTGGATCTGGTCGGGAATTGTTAGCTGGAAACATCTTAAGACTCTAATTG AGCAGAATTGGGAACCTCGGGTCTCTGATTGGAGATGACCAAATTATAACGTTATTGTTACCGCTCATGTTTTGTTATAATT TTTTTATAGTTACCAATTATAATTGGAGGATTGGAAACTGATTAGTGCCTTAAATTGGGAGCCCCAGATATAGCATTCT CGAATAAAATAATATAAGATTGACTCTCCACCTTCACTACTCTTATAATTAAAGAAGAATAGTTGAAAATGGGCTGGAAAC AGGTTGAACGGTTACCCCCCCCCTCTGCAGGAATTGCTCATTAGGGGCATGGTAGATTAGCAATTAGTCTTCA GCTGGTATTCTCAATTAGGGGGCTAAACTTTTACAGTTAAATACGATCTACTGGAAATATCATTGATCGTATA CCTTATTGATGGGAGTAGCTTACAGCATTACTTACTTCTTACCAAGTTAGCAGGAGCTTAACTACAGAT ACAGATCGAAATTAAACACATCA-TTTTGA--CTGC-----	Reverse	Deronectes moestus inconspectus	87.25		

REEB 0022	<i>Helicopsycha</i> sp. 1						
REEB 0023	<i>Anomalocosmoecus</i> sp. 1	-----GGATTTGAGCGGG- ATAATCGGAACCTCTAAGAATAATTACAGAACAGAAATTAGGAACACTGAATCATTAACTAAAATGATCAAATTATAATG TTCTAGTTACAGCTCACGCTTTATTATAATTTCCTTATAGTAATACCCATCATATACTGGAGGATTGGTAACTGATTAGTGCC CTGATAATCGGAGCACCTGATATAGCTTCCCCGCATAAATAATATAAGATTCTGACTATTACCCCATCTTAAATCTCTTT AATTAGAGCTCTAGTAGAAAGAGGGACAGGAACAGGGTGAAACCGTTACCCCCCTCTTCTAGAAACTAGCGCACGCCGAA GATCCGTAGATATTCTATTTCCTTCATTAGCAGGAATTCTCAATTAGGAGCAATTAAATTCTACAACACCACATCA ACATACGAAGAAATTAGTTCTTAGATCGAATCCCCCTATTGTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCTCCTCTCTC TCCCAGTTAGCTGGAGCAATTACAATTATTAAACAGACCGAAATC- TAAATACCTCTTTGACCCCTCAGGAGGGGAGACCCAATTCTTATCAACATCTTTGATTCTGGTACGCC ATAAAGATATTGGAACATTTTATTGGAATTGAGCGGGAAATAATCGGAACCTCTAAGAATAATTATT-- CGAACAGAATTAGGAACACTGAATCATTAATCAAAATGATAAAATTATAATGTTAGCTAGCGCTTATTATAATT TTCTTATAGTAATACCCATCATATACTGGAGGATTGGTAACTGATTAGTGCCCCCTGATAATCGGAGCACCTGATATAGCTTCC CCCGCATAAATAATATAAGATTCTGACTATTACCCCATCTTAAATCTCTTAAATTAGAGCTCTAGTAGAAAGAGGGACAGGA ACAGGGTGAAACCGTTACCCCCCTTTCTAGAAACTAGCGCACGCCGAAAGATCCGTAGATATTCTATTTCCTCTCATT TAGCAGGAATTCTCAATTAGGAGCAATTAAATTCTACAACACCACATCAACATACGAAGAAATTAGTTCTTAGATCGAA TCCCCCTATTGTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCTCTCTCCAGTTTAGCTGGAGCAATTACAATTATTAT TAACAGACCGAAATCTAAATACCTCTTTTGACCCCTC-----	Forward	<i>Anomalocosmoecus illiesi</i>	100.00	<i>Limnephilidae</i>	99.52
		CGAACAGAATTAGGAACACTGAATCATTAATCAAAATGATAAAATTATAATGTTAGCTAGCGCTTATTATAATT TTCTTATAGTAATACCCATCATATACTGGAGGATTGGTAACTGATTAGTGCCCCCTGATAATCGGAGCACCTGATATAGCTTCC CCCGCATAAATAATATAAGATTCTGACTATTACCCCATCTTAAATCTCTTAAATTAGAGCTCTAGTAGAAAGAGGGACAGGA ACAGGGTGAAACCGTTACCCCCCTTTCTAGAAACTAGCGCACGCCGAAAGATCCGTAGATATTCTATTTCCTCTCATT TAGCAGGAATTCTCAATTAGGAGCAATTAAATTCTACAACACCACATCAACATACGAAGAAATTAGTTCTTAGATCGAA TCCCCCTATTGTTGATCTGTTGCTATTACTGCTCTCTCTCTCCAGTTTAGCTGGAGCAATTACAATTATTAT TAACAGACCGAAATCTAAATACCTCTTTTGACCCCTC-----	Reverse	<i>Anomalocosmoecus illiesi</i>	99.77		
REEB 0024	<i>Hyalella</i> sp. 1	-----GCTTGAGCTAGAGCAATCGGCACCTCTTAAAGAGTGGTCATCGGCTGAGCTGAGCGCTCCAGGAAACTTAATTGGAGATGA CCAAGTTATAATGTAATAGTTACTCGCGATCGCATTTGTAATAATTTTTATGGTTATACCCATTATAATTGGAGGGTTGGTAA TTGGTTGGTCCCCCTTATTAGGTAGGGCCGATATAGCGTTCCCTCGGATAAACAAATAAGGTTTGGTTATTGCTCTCTTCT TTATCTTACTATTAAATGAGAGGATTAGTGGAAAGAGGGTAGGTACTGGTTGAECTGTGTACCCCCCTTACAGGGTCCGTA GCGCAAAGAGGGGGTCTGTAGATTAGCTATTCTTACATTAGCAGGAGCTCCCTCATTTAGGGCTATTAAATTAT TTCTACTGTTCTGAATATCGTACGCCTGGAAATAAGTATAGACCGAGTCCCATTATTGTCTGGTCTGTGTTTATTACTGCTATT TGTTACTTTTATCTTGCTGTGGCAGGAGCCATTACAATATTAAACAGACCGTAATCTAAACTCTTTTGACCCCTA CGGGCGGAGGGACCCATTGGTACCAACATCTATATTGATTGGTCCCGC----- ACAAACATTAAAGAATTGGTACCGTTGATTGGTTAGGGGGCTTAGGGTAGCTAGAGCAATCGGCACCTCTTGTAGGGTCATCC GGTTGAGCTGAGCGCTCCAGGAAACTTAATAGGAGATGACCAAGTTATAATGTTACTGCGCATGCTTGTAAATAAT TTTTTTATGGTTATACCCATTATAATTGGAGGGTTGGTAAATTGGTTGGTCCCCCTTATTAGGTAGGGCGATATAGCGTTTC CTCGGATAAACAAATATAAGGTTGGTATTGCCTCTTCTTACTATTAAATGAGAGGATTAGTGGAAAGAGGGAGTAGGT ACTGGTTGAECTGTGACCCCCCTTACGGGTGCCGTAGCGCATAGAGGGGGTCTGTAGATTAGCTATTCTTACATT TAGCAGGAGCTCCTCTATTAGGGCTATTAAATTCTACTGTTCTGAATATCGTACGCCTGGAAATAAGTATAGACCGA GTCCTCATTATTGTCTGGTCTGTGTTTATTACTGCTATTGTTACTTTATCTTGCTGTGGCAGGAGCCATTACAATATT TTAACAGACCGTAATCTAAACTCTTTTGACCCCTAGCGGCCGA-----	Forward	<i>Hyalella cajasi</i>	87.73	<i>Hyalella</i> sp.	99.68
		ACAAACATTAAAGAATTGGTACCGTTGATTGGTTAGGGGGCTTAGGGTAGCTAGAGCAATCGGCACCTCTTGTAGGGTCATCC GGTTGAGCTGAGCGCTCCAGGAAACTTAATAGGAGATGACCAAGTTATAATGTTACTGCGCATGCTTGTAAATAAT TTTTTTATGGTTATACCCATTATAATTGGAGGGTTGGTAAATTGGTTGGTCCCCCTTATTAGGTAGGGCGATATAGCGTTTC CTCGGATAAACAAATATAAGGTTGGTATTGCCTCTTCTTACTATTAAATGAGAGGATTAGTGGAAAGAGGGAGTAGGT ACTGGTTGAECTGTGACCCCCCTTACGGGTGCCGTAGCGCATAGAGGGGGTCTGTAGATTAGCTATTCTTACATT TAGCAGGAGCTCCTCTATTAGGGCTATTAAATTCTACTGTTCTGAATATCGTACGCCTGGAAATAAGTATAGACCGA GTCCTCATTATTGTCTGGTCTGTGTTTATTACTGCTATTGTTACTTTATCTTGCTGTGGCAGGAGCCATTACAATATT TTAACAGACCGTAATCTAAACTCTTTTGACCCCTAGCGGCCGA-----	Reverse	<i>Hyalella cajasi</i>	86.56		
REEB 0025	<i>Ceratopogonidae</i> sp. 1						
REEB 0026	<i>Smicridea</i> sp. 3						
REEB 0027	<i>Scirtidae</i> sp. 1						
REEB 0028	<i>Claudioperla</i> sp. 1						

REEB 0029	Cailloma sp. 1						
REEB 0030	Tipula sp. 1	ATAGTCGGAGGCGCAAT-GGAATTGGCTTC--AGCACAAGTTGGTCATCC- GGAGCAGCAATTGGTGATGATCGAATTTCATGTTATTGTTACAGCTGCAGCTCTTCAAAATTAA-TTATCGTAATACCC- ATCATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTGCCCTCTGAATGGT-GCAGCTC--- ATGAGGCCTCCTCCCCGAAAAAAATAATCAGTTGAATAACTACCTCCGTCAATAACACTTTATTACCAATTATTATGGCG GAAAATGGAGCTGGAGCAGGCTGAACAGTTACCCCCCCTTCTCGAAGCGCCCACACAGGAGCATCAATTGATTAGCA CTCTTTCTTGGCGTGT-- CCTGAATTCTTCAATTAGGAGCTGTAACCTTATTACTACAGTGATTAATACGATCGACAGGAATTACATTAGACCGTAA CCATTAGACTGTTGATCAATTGTAATTACTGCTGAACCTTACTTTATCTGACCAGTTCGCTGGAGCTGTTACTATCTGATT AACAGATCGGA-ATTTAAATACCTCATTCTTGTATCGCCACGAGGAGACCCATATCATACCATCATTATTCTGGTTCTG AGGAAGATATAATTGTTTGGGGCTTGGAAATAGTAGGAACATCACTCAGAATTAAATGCAAAGCAGATCCGGGTCA CCAGGAGCATTAAAGGTGTGATGATTAAGATCTAAAGCTATTCTTCAGCTGACGACTTTGTTATAATTCTTAATGTTAGGCG TTAT-ATAATTGGGGATTGGAAATTGCTTAGTTCC-AGAATCGTAGGAGATCGGTACAGCC-T-- TTCGTGGAATAAACATATAAGTTGGAAATTACTTCCTCATTAACACTTTATTAGCAAGTAGCATAATGGAAAATGGAGGG GGAACAGGTTGAACAGTTACCCCCCCTGCACCAAGGAATTGCCACACAGGAGCATCAGTTGATTAGCAATTTCGTT-- ACATTAGCGGGATTCTCAATTAGGAGCAGTAATTACTACAGTAATTATACGATCGAGAGGAATGACATTAG ACAAAATACCCCTTA- TTTGTGTGGTCATGGGTAATTACCGCTGACTTTAATTCTATACAGTTAGCAGGCTATTACCATGTTAACAGA TCGTACAATTAAAGTACATCATT-TTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGACC-----	Forward	Tipula subtenuicornis	80.52	Zelandotipula sp.	84.05
			Reverse	Tipulidae sp.	81.71		
REEB 0031	Molophilus sp. 1						
REEB 0032	Sphaeriidae sp. 1						
REEB 0033	Orthocladini ae sp. 1						
REEB 0034	Lumbriculid ae sp. 1						
REEB 0035	Lumbriculid ae sp. 2						
REEB 0036	Lumbriculid ae sp. 1						
REEB 0037	Orthocladini ae sp. 2						
REEB 0038	Orthocladini ae sp. 3						
REEB 0039	Hexatoma sp. 1						
REEB 0040	Atopsyche sp. 1						
REEB 0041	Ranatra sp. 1	-----CGGCATCTGATCAGG- ATAGTTGGTACATCTAAGCTGACTAATTGCAATCGAACCTGGCAACCAGGGTCATTCTTCAAGCTGATGATCAAATCTATAATG TAGTAGTGACAGCCCACGCATTATAATTGTTATGGTAATGCCATTATAATTGGGGGATTGGAAACTGACTAGTACCT TTAATACTGGAGCCCCAGATATAGCATTCCCCGCAATAACATGAGATTGATTACTACCGCCATCATTAACCCCTCCT ATCAAGTAGAATTGCAAGAAAGAGGTGCAGGTACAGGATGAACAGTTACCCCCCCTATCTACAAATATTCTCATAGAGGGC	Forward	Madaglymbu s sp.	83.33	Ranatra brevicauda	87.12

		ATCAGTAGATTAGCAATTTTCCCTCATTAGCAGGAGTATCATCTATTTAGGAGCAGTCATTTCTACAATTATCAA CATACGAGCTACCGGGATAACTCTGATCGTACCTTATTGTATGATCCGTAGGAATCACTGCCCTATTAACTATTATCAT TACCGTTCTTGCAGAGCAATTACCATGCTTAACGTACCCGAAACCTAAATACATCATTGATCCTGCAGGGAGGGAGGG TCCAATTATATCAGCACCTATTGATTTGGTAC					
		GAATAATGGACACTATACTTATTCGGCATCTGATCAGGAATAGTTGGTACATCTAAGCTGACTAATTCGAATCGAACCTTG GGCAACCAAGGGTCATTCATTGGCGAGTGTCAAATCTATAATGTAGTAGTGACAGCCCACGCATTCAATTAAATTTTTATGGT AATGCCCATATAATTGGGGGATTGGAAACTGACTAGTACCTTAACCTGGAGCCCCAGATATAGCATTCCCGCATAAAAT AACATGAGATTCTGATTACTACCGCCATCATTAAACCCCTCTCTATCAAGTAGAATTGAGAAAGAGGTGCAGGTACAGGATGAA CAGTTTACCCCCCCTACAAATATTCTCATAGAGGGCATCAGTAGATTAGCAATTCCCTCATTAGCAGGAGTA TCATCTATTAGGAGCAGTCAATTCTACAAATTACACATACGAGCTACCGGGATAACTCTGATCGTACCTTATT GTATGATCCGTAGGAATCACTGCCCTATTACTATTACATTACCAAGTTGCAGGAGCAATTACCATGCTATTACTGACCG AAACCTAAATACATCATTCTTGATCCTGCAGGGAGGG-----	Reverse	Madaglymbus sp.	83.46		
REEB 0042	Aphylla sp. 1						
REEB 0043	Enallagma sp. 1						
REEB 0044	Asthenopus sp. 1						
REEB 0045	Chironomin ae sp. 1						
REEB 0046	Aphylla sp. 1						
REEB 0047	Oligoclada sp. 1						
REEB 0048	Macronema sp. 1	GAGCAGGAGTAATAGTTCTTCCCTAAGAATAATTATCGAATTAGAATTAAGAACCTCTCAAACATTAATTGGAAATGATCAAATT TTAATGTATTAGTTACAGCTCATGCTTTATTATAATTTTTATAGTTACCAATTATAATTGGAGGATTGGTAAATTGATTAG TACCTTAATATTAGGTGCCCTGATATAGCTTCTCGTATAAATAATAGATTGATTACCTCCCTCATTAACCTTT AACATTAGAAGTTAATAATGGAGTAGGAACCTGGATGAACCTGGTACCCCACTTCATCCAATTATCTCATAGGAT CTTCAGTTGATTAGCAATTCTTACATTAGCAGGAATTCTCTATTAGGAGCAATTAAATTACAACTATTAAA CATAAAAATTAAATAATTAAATTGATAAAATTCTTATTGATCAATTAAATTACAGCAATTAAATTACTATTGTCTTAC CCGTTTAGCTGGTGCATTACTATATTAAACTGATCGAAACTTAACACTTCTTTGATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCA ATTTTACCAACATTATTGATTCTGGCAC	Forward	Macronema hageni	92.88	Macronema hageni	92.79
		AGATATTGGTACATTATTTCTTGGAAATTGAGCAGGAGTAATAGTTCTTCCCTAAGAATAATTATCGAATTGAATTAG AACTCCTCAAACATTAATTGGAAATGATCAAATTGTTATGTATTAGTTACAGCTCATGCTTTATTATAATTTTTATAGTTATA CCAATTATAATTGGAGGATTGGTAAATTGATTAGTACCTTAATTAGGTGCCCTGATATAGCTTCTCGTATAAATAATATA AGATTGATTCTTACCTCCCTCATTAACCTTTAACATTAGAAGTTAATAATGGAGTAGGAACCTGGATGAACCTGGTAC CCCCCACTTCATCCAATTCTCATAGGATCTCAGTTGATTAGCAATTCTTACATTAGCAGGAATTCTTCTT TAGGAGCAATTAAATTAAACTATTAAACATAAAAATTAAATTGATAAAATTCTTATTGTTGATCAATT TTAATTACAGCAATTATTACTATTGTCTTACCCGTTTAGCTGGTGCATTACTATATTAAACTGATCGAAACTTAACACTT CTTTTTGATCCTGCTGGAGGAGGAGATCC-----	Reverse	Macronema hageni	93.39		
REEB 0049	Planorbidae sp. 1						
REEB 0050	Aphylla sp. 1	GATAGTTGGAACCGCCTAAGAATATTAAATTGAGTAGAATTAGGACAACCCGGATCTCTAATTGGAGACGATCAAATTATAAT	Forward	Aphylla tenuis	98.08	Aphylla nr. Boliviana	99.84

		GTAGTCGTCACCGCACATCGTAATAATTCTTATAGTTACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTACC TTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCACGAATGAATAATATAAGATTGATTACTACCTCCTCATTAACCCATTACT AGCAAGAAGAATGGTGGAAAGAGGGAGCCGAAACAGGATGAACAGCTTACCCCTCACTAGCAGGTGCTATTGCACACGCAGGG GCATCAGTAGATTAAACAATTTCCTCCTACATTAGCAGGGGTATCATCAATCCTAGGGCAATTAAATTATTACCAACGGCCAT TAATATGAAGTTCCCGAATAACTATAGATCAATTACCTTATTGTTGAGCTAGTACTACGCCATCCTACTATTTC CCTACCCGATTAGCAGGAGCTATTACTATATTAAACGGATCGAAATTAAACTCCCTTGTATCCAGCAGGAGGAGGA GATCCAATTATATCAACATTATTGATTCTGGCCGAGA TCTAAGATATTGGTACATTAACTACTGTTGGGCATGGCAGGAATAGTGGAACCGCCTTAAGAATATTAAATTGAGTAGA ATTAGGACAACCCGGATCTAATTGGAGACGATCAAATTATAATGAGTCGCACCGCAGTCATTGTAATAATTCTTAA TAGTTATAACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTACCTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCACGAATG AATAATATAAGATTGATTACTACCTCCTTCACTAACCTTACTAGCAAGAAGAATGGTGGAAAGAGGGAGCCGAAACAGGAT GAACAGTTACCCCTCACTAGCAGGTGCTATTGCACACGCAGGGCATCGTAGATTAAACAATTCTCCTACATTAGCAG GGGTATCATCAATCCTAGGAGCAATTAAATTATTACACCGGCAATTAAATGAGATTCCCGAATAACTATAGATCAATTACCT TTATTGTTGAGCTGAGTACTACGCCATCCTACTATTCTACCCGATTAGCAGGAGCTATTACTATATTAAAC GGATCGAAATTAAATACTCCTTC-TTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCC-----					
REEB 0051	Asthenopus sp. 1						
REEB 0052	Enallagma sp. 2						
REEB 0053	Argia sp. 1	GAGCAGGTATAGTAGGAACAGCCTTGAGTATATTAACTGGGTTGAACCTGGACAACCAGGATCTCTCATTGGAGATGATCAA TTATAATGAGTAGTAACAGCACACGCTTCGTTATAATCTTCTTATAGTTACCAATTATACTGGGATTGGAACTGAT TAGTACCCCTAAACTCGGTGCCAGATATAGCTTCCTCGTCTAATAATATGAAATTGATTACTCCCCCATCGTAACT TTATTATTAGCAAGTAGTTAGTAAAAGAGGTGCGGGAACAGGATGGACCGTTACCTTACATTAGCTGGTTTCATCCATTAGGGCAATTAACTTATTACAAC AACTATAAACATAAAACCCCCAGGAATGAAATTAGATCAAACACCTTATTGTATGAGCGGTAGTTACTACTGCAGTACTACTCC TTCTATCCTTACCGTCTAGCAGGAGCCATCAGATATTAAACAGACCGAAATTAAACTTCGTTCTCGATCCAGCAGG GGGGGGAGACCTTATTCTCAACACTTATTGATTCTGTCC----- AAAAAAATAAAGAATTGAAACATTATTTAATTCGGTGCATGAGCAGGTATAGTAGGAACAGCCTTGAGTATATTAACTGGG TGAACCTGGACAACCCGGATCTCTCATTGGAGATGATCAAATTATAAAAGTAGTAGTAAACAGCACACGCCTCGTTATACTTC TTATAGTTATACCAATTATAATCGGTGGATTGGAACTGATTAGTACCTTAATACTCGGTGCCAGATATAGCTTCCTCG CTTAATAATATGAGATTGATTACTCCCCCATCGTAACTTTATTAGCAAGTAGTTAGAAGAGGTGCGGGAACAG GATGGACCGTTACCTTACGGAGCAATGCCATGCCGAGGTTAGTACCTGACAATTCTTACATTAGC TGGTGTTCATCCATTAGGGCAATTAACTTTATTACAACAACTATTAAACATAAAACCCCCAGGAATGAAATTAGATCAAATAC CTTATTTGTATGAGCGGTAGTTACTGCAGTATTACTCCTTCTATCCTTACCCGTCCTAGCAGGAGCCATCAGATATTAA ACAGACCGAAATTAAACTACTCGATCTCGATCCAGC-----	Forward	Neoerythrom ma cultellatum	85.42	Metaleptobas is sp.	85.52
REEB 0054	Buenoa sp. 1						
REEB 0055	Caenis sp. 1						
REEB 0056	Biomphalari a sp. 1						
REEB 0057	tuberculata						

REEB 0058	cousini						
REEB 0059	Gynacanth a sp. 1	<p>.....GATCAGG-ATAGTAGGAGCGTGACGATCCTATAGTAGT-  CTTAATTGAAATTGGACACCAGGATCATTAATTGGAGATGATCAAATTATAATGTGGTTGTAACTGCCACGCCT  TTGTTATAATTCTTATAGTAATACCTATTATAATTGGGGGTTGTAATTGATTAGTACCTTAATATTAGGAGCACAGATA  TGGCATTCCCACAATAAAAAGATTCTGATTATTACCAACCATCATTAACCTCCTACTAGCTGGAAAAATAGTACAAAGA  GGGGCAGGAACCTGGTGAACGTGTTATCCCCCTCTGCTGGTGCTATTGCCACGC-  GGAGCATCTGTAGATTAACATTTCATTACATTTAGCAGGGTATCTCAATTCTCGGGCTATTAAATTACAAACAC  AATTAAATAAAAATCACCAGGAATAAAAGATCAAATACCCATTGGTGGCTGTATTAAATTACACCATTCTTATTATTAA  TCATTACCTGTATTAGCAGGGAGCTATTACTATACTATTAAAC-  TGATCGAAATATTAAACATCATTCTTGATCCAGCAGGTGGAGACCCATTAACTCAAACACTTATTGGTT</p> <p>AAAAAAAATTAGAACATTAACTTTTTGGAGCATGTCAGGAATAGTGGG-----AC--TGCTCTA--  AGTGCATTAATTGAAATT-  GAATTAGGACAACCAACGGATCATTAATTGGAGATGATCAAATTATAATGTGGTTGTAACGCCACGCGTTGTTATAATTCTT  TATAGTAATACCTATTATAATTGGGGTTGGTAATTGATTAGTACCTTAATATTAGGAGCACAGATATGGCATTCCCACGAT  TAAATAATAAGATTCTGATTATTACCAACCATCATTAACCTCTCTAGCTGGAGAATAGTAGAAAGAGGGAGCAGGAACCTGG  GTGAACCTGGTATCCTCCTCTGCTGGTGCTATGCCACGCAGGAGCATCTGTAGATTAACTATTCTCATTACATTAGCA  GGAGTATCTCAATTCTCGGGCTATTAAATTAAACAAACAATTAAATAAAAATCACCAGGAATAAAAGATCAAACAC  TTATTGTATGGGCTGTAGTAATTACAGCAATCCTTATTATCATTACCTGTATTAGCAGGGAGCTACTATATTAAACA  TGATCGAAATATTAAACATCA-TCTTGATCCAGC-----</p>	Forward	Coryphaesch na adnexa	87.85	Coryphaesch na amazonica	96.5
REEB 0060	Micrathyria sp. 1	<p>.....GGAGCTGGGAG-  ATGATTGAAACAGCTTAAGTGTCTAATTGAACTTGGTCAACCAGGATCGCTAATTGGTGTGATCAAATTATAATGT  AATTGTTACTGCACATGCTTCTTATAATTGTTATAGTAATACCTATTATAATTGGGATTGGAAATTGGTTAGTACCTT  AATATTAGGAGCACCAAGATAGCATTCCCACGATTAATAAGATTGATTACTTCTCTTCACTTACTCTTAGC  AAGAAGTATCCTGAAAGAGGTGCCGGACTGGCTGAACAGTTACCCCTCACTAGCCGGAGCCATTGCACACGCCGGAGCAT  CTGTAGATTAACATTTCCTTACATTAGCCGGAGTGTCTCTATTCTGGAGCAATTAAATTACACAGTAATTAAATA  TAAAATCCCTGGTATAAAAGATAGATCAAATACCCATTGGTATGAGCAGTAGTAATTACTGCAGTACTCTTCTATTAC  CAGTTTAGCTGGTGTATTACCATACATTAACAGACCGAAATTAAACATCCTTTTGATCCGGCTGGAGGAGGAGACC  TATTTATATCAACATTATTGGATTCTTGGTC</p> <p>ACAAAGATATTGAAACCTTATTTAATCTTGGAGCTTGGCAGGAATGATTGAAACAGCTTAAGTGTCTAATTGAAATTGAA  CTTGGTCAACCAGGATCGCTAATTGGTGTGATCAAATTATAATGTAAATTGTTACTGCACATGCTTCTTATAATTGTTATA  GTAATACCTATTATAATTGGTGGATTGGAAATTGGTTAGTACCTTAATATTAGGAGCACCAAGATAGCATTCCCACGATTA  TAATATAAGATTGTTACTCTCTCTTCACTTACTCTAGCAAGAAGTATCCTGAAAGAGGTGCCGGACTGGCTGAA  CAGTTTACCCCTCACTAGCCGGAGGCCATTGCACACGCCGGAGCATGTAGATTAACTATTCTTACATTAGCCGGAGT  GTCCTCTATTCTGGAGCAATTAAATTATACACAGTAATTAAATAAAAATCCCTGGTATAAAAGATAGATCAAACAC  TGTATGAGCAGTAGTAATTACTGCAGTACTCTTCTATTACCTACAGTTTAGCTGGTGTATTACCATACATTAACAGACC  GAAATATTAAACATCC-TTTTGATCCGGCTGGAGGAGGAG-----</p>	Forward	Agrionoptera insignis	88.11	Erythrodiplax sp.	90.03
REEB 0061	Macronema sp. 1						
REEB 0062	Chironomin ae sp. 1						
REEB 0063	Chironomin ae sp. 2						
REEB 0064	Chironomin ae sp. 3						

REEB 0065	Tanypodinae sp. 1						
REEB 0066	Apobaetis sp. 1	GAGCCGGCATGGTAGGTACCTTTAAGATTGTTAACCGAGCTGAGCTGGTAACCCAGGTTCTTAATTGGAGACGATCAGA TCTATAATGTTATCGTTACAGCTCATCGTTTATTATAATTTCCTTATGGTTATGCCATTATAATTGGAGGGTTGGATTGGT TGGTTCCCTTATATTGGGTGCTCTGATATGGCTTCTCGGATAAAATAATATAAGTTTGATTATTGCCCTCTCTAGCTT TATTAGTTCTAGCAGATTAGTTGATGAGGGCAGGTACGGGTTGACTGTTTACCTCTCTAGCTGGTATTCTCTTACGG GAGGGTCTCGGTAGATTGCTATTCTTACATCTAGCTGGTATTCTCTTACGG TGATTAATATCGTAGCCCTGGTATGACTTAGATCGAGTGCCTTGTGTTGATCTGTGGAATTACAGCTGTTTATT TTATCTCTCCAGTCTAGCGGGTGTACTACTATACTTTAACAGATCGAAATTAAACTCTCCTTTGACCCAGCCCGTGG TGGGATCCTATTATCAACATCTGATTGGTAA-----	Forward	Labiobaeis alahmadii	85.85	Labiobaeis alahmadii	85.98
		AAGATATTGGTACTCTTATTCATTGGTCTGAGCCGGCATGGTAGGTACCTCTTAAGATTGTTAACCGAGCTGAGCT GGGTAACCCAGGTTCTTAATTGGAGACGATCAGATCTATAATGTTACGCTCATCGCTTATTATAATTTCCTTATGG TTATGCCATTATAATTGGAGGGTTGGTAATTGGTGGCTCTTATATTGGGTCCTGATATGGCTTCCCTCGGATAAAAT AAATAAGTTTGATTATTGCCCTCTTACGCTTATTAGTTCTAGCAGATTAGTTGATGAGGGCAGGTACGGGTTGGAC TGTTTACCTCTTAGCAGCCAATTGCGATGGAGGGTCTCGGTAGATTGCTATTCTTACATCTAGCTGGTATT CTCTATTAGGGCTGTTAATTACTACGGTATTAATATCGTAGCCCTGGTATGACTTAGATCGAGTGCCTTGT GTTTGATCTGTGGAATTACAGCTGTTTATTATTATCTCTCCAGTCTAGCGGGTGTACTACTATACTTTAACAGATCGA AATTAAACTCTCCTTTGACCCAGCCGGTGGGGATCC-----	Reverse	Labiobaeis alahmadii	85.87		
REEB 0067	Caenis sp. 2	ATACTAGGAACCTCTCAGATTATACTCGTGTGAATTAGGCCATCTGGTCTTAATTGGTGTGACCAAATTATAATGT TATTGTAACCGCACATGCTTATTATAATTTCATAGTAATACCTTATAATTGGTGGATTGGTAATTGATTAGTACCTTA ATGCTAGGTGCCCCAGATATAGCTTCCCGAATAAAATAATAGTTGGCTACTACCTCTGCCCTGACTTACTATTAAAC AAGAAGCCTTGTGGAAAACGGGGCGGGGACTGGTGAACGGTGTATCCTCTCTGCTGCTAGAATCGCTCATGCTGGGGCTT CTGTAGATTAGCACTTTCACTTCACTAGCCGGTATTCTCTATTCTAGGTGCACTAAATTATTACAACACTATTAAATA TGCCTGCCAGAGGAATAACTATAGACCGAATTCTTGTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTGTATTATTACTTTATCCTTA CCAGTTTAGCCGGGCTTACTACTATACTTAACTGATCGTAATTAAACTTCGTTTGTGACCCAGCCGGAGGGGACC CTATTATACCAACATTATTTGATTCTGGTAC-----	Forward	Caenis sp.	96.20	Caenis sp.	97.39
		CACACCATTAAAGATATTGAACTTATATTTCGGAGTTGGTCAGGAATACTAGGAACCTCTCAGATTATAATCGT GCTGAATTAGGCCATCTGGTCTTAATTGGTGTGACCAAATTATAATGTTATGTAACCGCACATGCTTATTATAATT TTCATAGTAATACCTTATAATTGGTGGATTGGTAATTGATTAGTACCTTAATGCTAGGTGCCCCAGATATAGCTTCCGCG AATAAAATAATAAGTTGGCTACTACCTCTGCCCTGACTTACTATTAAACAAGAAGCCTTGTGGAAAACGGGGCGGGGACT GGTTGAACGGTGTATCCTCTCTGCTGCTAGAATCGCTCATGCTGGGGCTCTGTAGATTAGCAATCTTCACTTAG CCGGTATTCTCTATTCTAGGTGCACTAAATTATTACAACACTATTAAATATCGTGCAGAGGAATAACTATAGACCGAATT CCTTGTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTGTATTACTTTATCCTTACCAAGTTAGCCGGGCTTACTATACTTTA ACTGATCGTAATTAAACTTCGTTTGTGACCCAGC-----	Reverse	Caenis sp.	96.94		
REEB 0068	Haplohyphe s cf. 1						
REEB 0069	Tricorythod es cf. 1						
REEB 0070	Chironomin ae sp. 4						
REEB 0071	Anopheles sp. 1						

REEB 0072	Hydroporinae sp. 1	-----GTATATGATCAGGAATAATTGGTATGTCTAT- AGATGAATTATTCAATTGAATTAGGTCAACCTGGATCATTATTGGAAATGATCAAATTACAACGTAATTGTTACAGCACATGC ATTCAATTGATTTCTTCATAGTTACCAAGATAATTGGTGATTGGATTGACTAGTGCAATTATAATTGGAGCACCAAG ATATGCCCTCCACGTATAAATAATAGATTCTGACTATTACCACCTCGTAACTCTTATTATAAGAAGATTAGTCGGA ACAGGGCAGGAACAGGGATGAACAGTTATCCACCCCTCTCAAGTAATATAGCTCATATGGAGCATCAGTGACCTTACAATT TTTCTCTCATCTAGCCGGAGTATCATCAATTCTAGGAGCAGTTAACATTAACTATTATAATACGAATAACAGGTATAT ATAGAGAAAAAAACCCCCCTATTGTTGATCAGTAGGAATTACTGCACTTTACTATTATTACATTACCAAGTTCTAGCAGGTGCA ATTACTATACTATTAAACAGACCGTAACCTAACACATCACTTTGACCCAGCAGGTGGAGACCCAGTTCTTACACACC TATGCTGATTCTGGTCAC-----						
REEB 0073	Trepobatoides sp. 1	AGATGAATTATTCAATTGAATTAGGTCAACCTGGATCATTATTGGAAATGATCAAATTACAACGTAATTGTTACAGCACATGC ATTCAATTGATTTCTTCATAGTTACCAAGATAATTGGTGATTGGATTGACTAGTGCAATTATAATTGGAGCACCAAG ATATGCCCTCCACGTATAAATAATAGATTCTGACTATTACCACCTCGTAACTCTTATTATAAGAAGATTAGTCGGA ACAGGGCAGGAACAGGGATGAACAGTTATCCACCCCTCTCAAGTAATATAGCTCATATGGAGCATCAGTGACCTTACAATT TTTCTCTCATCTAGCCGGAGTATCATCAATTCTAGGAGCAGTTAACATTAACTATTATAATACGAATAACAGGTATAT ATAGAGAAAAAAACCCCCCTATTGTTGATCAGTAGGAATTACTGCACTTTACTATTATTACATTACCAAGTTCTAGCAGGTGCA ATTACTATACTATTAAACAGACCGTAACCTAACACATCACTTTGACCCAGCAGGTGGAGACCCAGTTCTTACACACC TATGCTGATTCTGGTCAC-----	Forward	Potamobates williamsi	99.37	Potamobates williamsi	99.52	
		TGGAACCTTATATTATTTAGGTATATGATCAGGAATAATGGTATCTATAAGATGAATTATCGAATTGAATTAGGTCAACCA GGATCATTATTGGAAATGATCAAATTACAAGATAATTGTTACAGCACATGCATTATAATTCTTCATAGTTACCAAGTA ATAATTGGTGATTGGTAATTGACTAGTGCAATTATAATGGGAGCACAGATATGCCCTCCACGTATAAATAATATAAGAT TCTGACTATTACCACCTCGTAACTCTTTATAAGAAGATTGCGAACAGGGCAGGAACAGGGATGAACAGTTATCC ACCCCTCTCAAGTAATATAGCTCATATGGAGCATCAGTGACCTACAATTCTCTTATCTAGCCGGAGTATCATCAATT TGGGAGCAGTTAATTCAACTATTATAATACGAATAACAGGTATATAGAGAAAAAAACCCCCCTATTGTTGATCA GTAGGAATTACTGCACTTTACTATTATTACCAAGTTCTAGCAGGTGCAATTACTATACTATTAAACAGACCGTAACCTAAA CACATCA-TTTTGACCCAGCAGGTGG-GGAGACCCAGT-----	Reverse	Potamobates williamsi	98.12			
REEB 0074	Rhagovelia sp. 1	-----						
REEB 0075	Chimarra sp. 1	GGATATGATCTAGAATACTAGGGTTATCTTAAAGAATACTGATTGATCGACTAAGAACCCCCGGGGCATTAATAGGAAACGA CTCTATTITTAATTCTATTGTTACAGCTACGCATTATAATTATTTTTATTAGTTACCAATTATAATTGGAGGATTGCGAAAT TGACTTGTCCCTTAATACTAGGAGCACCAGATATGCCCTTCGAATAAATAACATAAGATTGATTCTACCTCCATCATT ATTTTTTCTTTATTGGTATATTAGATAACGGAGCAGGAACAGGGTGAACGTATACCCCTCTACCTCAAATATCTCTC ACATAGGAAAGGCCGTAGATTAAACAATTCTTACACCTCGCAGGAATCTCATCTATTAGGAGCTATTAAATTCTCTA CTATTATAAAATACGATCTAATTAAAGCTATGATGTACCAATTGTTAGTGTATGATCCGTAATAATCACAGCAATTCTCTTT ATTATCTTACCAAGTTAGCTGGAGCTATTACTATACTCTTACAGATCGAAATATCAATACATCTTTTGACCCAGCAGGTG GGGGAGACCCATTCTTACCAACACTTATTGATTCTGGTCAC-----	Forward	Chimarra peytoni	100.00	Chimarra peytoni	100,00	
		AAGATATTGGAACATTATAATTGAGGATATGATCTAGAATACTAGGGTTATCTTAAAGAATACTGATTGATCGAACTAA GAACCCCCGGGGCATTAATAGGAAACGACTCTATTITTAATTCTATTGTTACAGCTACGCATTATAATTGGAGGATTGCGAAAT TACCAATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGACTTGTCCCTTAATACTAGGAGCACCAGATATGCCCTTCGAATAAATAAC ATAAGATTGATTCTACCTCCATCATTATTCTTATTGGTATATTAGATAACGGAGCAGGAACAGGGTGAACGT TACCCCTCTACCTCAAATATCTCACATAGGAAAGGCCGTAGATTAAACAATTCTTACACCTCGCAGGAATCTCATC TATTAGGAGCTATTAAATTCTACTATTATAATACGATCTAATTATAAGCTATGATGTACCAATTGTTAGT TCCGTAAATCACAGCAATTCTCTTTATTATCTTACCAAGTTAGCTGGAGCTATTACTATACTCTTACAGATCGAAATATC AATACATCTTTTGACCCAGCAGGTGGGGAGACCC-----	Reverse	Chimarra peytoni	100.00			
REEB 0076	Corydalus sp. 2	-----						
REEB 0077	Smicridea sp. 4	-----						
REEB 0078	Leptonema sp. 1	-----						

REEB 0079	Notonecta sp. 1						
REEB 0080	Pelocoris sp. 2						
REEB 0081	Oecetis sp. 1						
REEB 0082	Nectopsych e sp. 1						
REEB 0083	Baetidae Indet. 1						
REEB 0084	Lutrochidae sp. 1						
REEB 0085	Orthocladiin ae sp. 4	-----AGCTTGATCAGGTATAG-TGGGAACCTCATTAAGAAT-TTTTATCCGAGCCGAACCTGG-GCATGCAGGA-TCATT-AATTGGAGATGATCAAATTAT-TAATTGGAGGAGTTGG---TAATTTGATAGTACCTTTATACTAGGAGGCCATAATTGCCTTCCCTCAAAAAAATTAAAAAAAATTGGATTTACCC-CCTTCTTTAAATTACCAATTCTAGCTCTTGTGAAAATGGAACATGGAACGGTTGAACCGTTACCCCCCTGTCTTCAGAAATGGTCAAGCTGGATGCACCA-TGGATTTACTATTTTCTTACCTTTACAAGGATTCTCCATTAGGGAGCAGTAAATTATTACAAACCGTAATTATACGTTCTGAAGGAATTACCCCTGATCGAACACCTTATTGTTGATCTGTTATTACCGCTATTCTACTACTTTATCTTACCTGTTTGGCTGGAGCTTACTATGCTTAACTGATCGAAACTTAAATACATCTTTTGACCCTGCCCCAGGAGGAGACCTATTCTATACCAACATTTATTGATTCT	Forward	Chironomida e sp.	83.31	Zavrelimyia sp.	83.72
		TATTTTATTTGGAGCGTGATCAGGAATAGTTGGGAACCTCATTAAGAATCTTATCCGAGCCTGAACTAGGTGCACGCAGGATTCATTAATGGGGAGATGATCCAAATTATAAGGTAATGGTAATGGTCA-GGTTTTATTATAATTTTATAGTTAACCCCTTTATGGGGGGATTGGAAAATGATTG---GTCCCCTAAATACTGGGGGCCCAAAATAGCCTT-CCTGGAATAAAACATAAGATTGATTATTACCCACCTCTAAACATTACTA-TATCAAGC-TCTTTTAGAAAATGGAGCAGGTACTGGTTGAACAGTTACCCCTCCTTATCTCAGGAATTGCTCACGCTGGA-GCATCAGTGGATTAGCAATTTCCTTACATTAGCAGGTATTCTCCA-TTTT-AGGAGCAGTAA-TTTTATTACAACCGTAATTATACTGTTCAGAAGGAATAACCTTGTGATCGAACACCTTATTGTTGATCTGAGTAAATTACAGCAATTCTTACCTTACCTGTTAGCAGGAGCTTACTATACCTTAAACAGATCGAAACTTAAATACATCTTTTGACCATGCCGGAGGAGGAGACC-----	Reverse	Chironomida e sp.	84.09		
REEB 0086	Tanyopodina e sp. 2	-GGAGCAGG-ATAACAGGAACGTCTATGAGAATATTAATTCAATCTGAACACTGGGACAACCAGGATCCTTAATTGGAGATGATCAAATCTATAATGTTATCGTTACAGCACGCCTCGTAATAATTTTTATAGTTACCAATCATGATTGGAGGCTCGGAAACTGATTGGTCCCTTAATATTAGGAGCACAGATATAGCCTTCCACGATTGAAATAACATAAGATTGACTTTACCTCCTCAATTACTCTTTATAGCAAGAAGTTTAGAGAAAGCGGAGCAGGTACAGGATGAACAGTATACCCCCCACTAGCTTGTAATTGCCACGCTGGA-GCTTCCGTAGATTTAATCTCTCCTGCACCTGCAGGAGTATCATCTATTCTAGGAGCAGTTAACCTCATCACACAAATCATTAATATAAAATCCCCAGGAATAAGATAGACCAATACCCCTATTGTTGATCAGTTGGAAATTACAGCAGTACTCTTCTCCTATCATTACCAAGTTCTGCAGGGGCATTACTATACCTAAACAGATCGAAATATTAAACATCATTCTGATCCTGCCGGAGGTGGAGACCCCCATTCTGATCAACACCTATTGATTCTGTCCCCCAA	Forward	Palaemnema sp.	98.52	Palaemnema clementia	99.68
		TTGGAACACTATATTAATATTGGAGCATGGGCAGGAATAACAGGAATG-CTATGAGAATATTAAATTGAACTGAAATGATCAAATCTATAATGTGATCGTTACAGCACACGCCCTTGTAAATAATTGTTTATAGTTACCAATCATGATAGGAGGCTCGGAAACTGATTGGTCCCTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCCTTCCACGATTGAAATAACATAAGATTGACTTTACCTCCTCAATTACTCTTTATTAGCTAGAAGTTAGTAGAAAGCGGAGCAGGTACAGG	Reverse	Palaemnema sp.	98.52		

		ATGAACAGTATACCCCCACTAGCTAGTGAAATTGCCACGCTGGAGCTCCGTAGATTTAACTATTTCTCTTACCTTGCA GGAGTATTATCTATTCTAGGAGCAGTTAACCTCATCACACAATCATTAATATAAAATCCCCAGGAATAAGATAGACCAAATACC CCTATTCGTTGATCAGTGGAAATTACAGCAGTACTTCTCTCCTACCTTACAGTCTGCAGGGGCCATTACTATACTATTAA CAGATCGAAATATTAACATCATTCTTGATCCTGCCGGAGGTGGAGA-----					
REEB 0087	Chironomin ae sp. 5						
REEB 0088	Sphaeriidae sp. 2						
REEB 0089	Martarega sp. 1						
REEB 0090	Monogobia sp. 1						
REEB 0091	Enallagma sp. 3						
REEB 0092	Pupas						
REEB 0093	Biomphalari a sp. 2						
REEB 0094	Elasmother mis sp. 1						
REEB 0095	Limonia sp. 1						
REEB 0096	Anchytarsu s sp. 1						
REEB 0097	Orthocladini a sp. 5	----- GCATGATCAGGCATAAGTTGGTACTTCTCTTAAAGATTTAATTGAGCAGAATAGGTCACTGCTGGGTCTTAATTGGAGATGACC AGATTATAACGTTATTGTTACAGCCCAGTCATTGTAATAATTTCTTATAGTTACCCAATTAAATTGGAGGATTGGAAATT GATTAGTCCCTTAATATTAGGAGCTCTGATAGCTTCCCTCGAATAAATAATAAGATTTGATTATTACCTCCTTCTTAA CATTATTATTATCAAGCTCTATTGAGAAAATGGGGCTGGTACAGGCTGAACAGTCTATCCTCCCTATCTCTGGAAATTGCTCA CGCTGGAGCATCTGTTGATCTGCTATTCTCTTACATTAGCAGGTATTCAAGAATTCTAGGAGCAGTAAATTACCGCAATCTTACTTT CAGTAATTAAATATGCGCTCTGAAGGAATTACTTCTAGATCGAATACCCCTTATTGTTGATCAGTAATTATCACCGCAATCTTACTTT TATTATCATTACCGGTATTAGCAGGAGCTACTATATTAAACAGATCGAAATTAAATAACTTCATTGATCCTGCTGGAG GAGGTGATCCAATTATACCAACACTTATTGATTGATCTTGGTCAC-----	Forward	Orthocladina e sp.	88.48	Chironomida e	99.05
		ACTAAGATATTGGAACCTTATTTTGGAGCATGATCAGGCATAAGTTGGTACTTCTCTAGAATTAAATTGAGCAGAA TTAGGTCTGCTGGGTCTTAATTGGAGATGACCAGATTATAACGTTATTGTTACAGCCCAGTCATTGTAATAATTTCTTAT AGTTATACCAATTAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTCTCTTAAATTAGGAGCTCTGATAGCTTCCCTCGAATAA ATAATATAAGATTGATTATTACCTCCTTAACTATTATCAAGCTCTATTGAGGAAATTGGGGCTGGTACCGGGTGA ACAGTCTATCCTCCCTATCTC- GGAATTGCTCATGCTGGAGCATGTTGATCTGCTATTCTCTTACATTAGCAGGTATTCAAGAATTCTAGGAGCAGTAA TTTTTATTACAAACAGTAATTATTGCGCTCTGAAGGAATTACTTCTAGATCGAATACCCCTTATTGTTGATCAGTAATAATCACCGC AATTTCCTTATTATCATTACCGGTATTAGCAGGAGCTACAAATATTAAACAGATCGAAATTAAATAACTTCATTGAT CCTGCTGGAGGAGG-----	Reverse	Orthocladina e sp.	88.44		
REEB 0098	Chironomin ae sp. 6	----- GCTTGATCAGGTATAATTGAACTTCTCTTAGTATATTAAATTGAACTGAAATTAGGTCACTCCAGGTTCTTAATTGGAGATGATCA AATTATAATGTTATTGTTACTGCTCATGCTTTATTATAATTGTTATTAGTGAACCTATTAAATTGGAGGATTGGAAATTGA	Forward	Chironomida e sp.	91.22	Chironomida e	99.37

		TTAGTTCCACTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCTTCTCGAATAAAATAATAAGTTCTGATTATTACCTCCATCTCTTACT CTTTTATTATCTAGTCATCGAAGAAAATGGAGCAGGAACAGGGATGAACTGTTATCCTCTTTCTAGCAGAATTGCTCATAG AGGAGCCTCAGTTAGCAATTCTTACATTAGCTGGAGATCTTCTATTAGTCTGATCAATTATTACTACAGTTCTCTTTACTA TATTAATATACGATCAAATGGAATTACATTAGATCGAACATCCTTATTGTCTGATCAATTATTACTACAGTTCTCTTTACTA TCTCTCTGTACTAGCAGGGGCAATTACAATATTAAAC-TGATCGAAATTAAATAC-ATC- ATTTTGATCCTGCAGGGGGGGAGATCCAATTCTTATCACACATTATTGATTTT					
		AAAAAAAAAAATAAGAAATTGGTACGTTATTTTATTTGGTCTGATCAGGTATAATTGGAACTTCTCTTAGAATATTAATTG AACTGAATTAGGTACATCCAGGTTCTTAATTGGAGATGATCAAATTATAATGTTATTGTTACTGCTCATGCTTTATTATAATT TTTATAGTGAACCTATTAAATTGGAGGATTTGAAATTGATTAGTCCACTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCTTCTCG AATAAAATAATAAGTTCTGATTATTACCTCATCTTACTCTTATTATCTAGTCATCGAAGAAATTGGAGCAGGAACAGG ATGAACCTGTTATCCTCTTTCTAGCAGAATTGCTCATAGAGGAGCCTCAGTTGATTAGCAATTCTTACATTAGCTG GAGTATCTCTATTAGTTCAGAAATTATTACAAACAGTTATTACATCGAACAAAGGAATTACATTAGATCGAACATACCT TATTGTCTGATCAATTATTACTACAGTTCTCTTACTATCTCTCTGTACTAGCAGGGGCAATTACAATATTAAACAT GATCGAAATTAAATACTATCTATTGGTATCTGC-----	Reverse	Chironomidae sp.	91.44		
REEB 0099	Tanypodinae sp. 3		Forward				
REEB 0100	Thraulodes sp. 1		Reverse				
REEB 0101	Trichoptera Pupa	AGGGATATGATCTAGAATACTAGGGTTATCTTAAGAATACTAATTCTGATCGAACTAAGAACCCCCGGGGCATTAAATGGAAAC GACTCTATTTTAATTCTATTGTTACAGCTACGCATTATTATAATTTTTATGTTACCAATTATAATTGGAGGATTCTGGAA ATTGACTTGTCCCTTAACTAGGAGCACAGATATGCTTCTCGAATAAAATAACATAAGTTGATTCTACCTCCATCA TTATTTCTTTATTGGTATTATAATAGATAACGGAGCAGGAACAGGTTGAACTGTATACCCCCCTCTACCTCAATTCT CACATAGGAAAGGCCGTAGATTAAACAATTCTTACACCTCGCAGGAATCTCATCTATTAGGAGCTATTAAATTCT ACTATTATAAAATACGATCTAATTCTAAAGCTATGATCGTACCTATTGTATGATCCGTAAATAATCACAGCAATTCTCTT TATTATCTCTACCAGTTAGCTGGAGCTATTACTACTTCTACAGATCGAAATATCAATACATCTTTTGACCCAGCAGGT GGGGAGACCTTACCAACACTTATTGGTATTCTGTC-----	Forward	Chimarra peytoni	99.84	Chimarra peytoni	99.84
		CACCCCCTTATAAGATATTGGAACATTATTTTATTAGGGATATGATCTAGAATACTAGGGTTATCTTAAGAATACTAATT GTATCGAACTAAGAACCCCCGGGGCATTAAAGGAAACGACTCTATTCTATTGTTACAGCTACGCATTATTATAATT TTTTTATAGTTACCAATTATAATTGGAGGATTCTGGAAATTGACTTGTCCCTTAACTAGGAGCACAGATATGCCTTCC TCGAATAAAATAACATAAGATTGATTCTACCTCCATCTTATTGGTATTATAATAGATAACGGAGCAGGAAC AGGTTGAACCTGATACCCCCCTCTACCTCAATTCTCACATAGGAAAGGCCGTAGATTAAACAATTCTTACACCTCG CAGGAATCTCATCTATTAGGAGCTATTAAATTCTACTATTATAATACGATCTAATTCTATAAGCTATGATCGTATACC ATTATTGTATGATCCGTAAATAATCACAGCAATTCTCTTATTATCTCTACCAGTTAGCTGGAGCTATTACTACTTAC AGATCGAAATATCAATACATCTTTTGACCCAGCAG-----	Reverse	Chimarra peytoni	99.84		
REEB 0102	Limnocoris sp. 1	-----TTCGG-ATCTGATCAGG- ATAGTAGGTACATCAAAGATGACTTATCGAACACTAGGCCAACCAGGATCATTATTGGAGCAGGACCAATTATAACG TTATTGTTACGCCCATGCATTATTATAATTCTTATAGTAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAACTGATTAGTACCTT AATAATTGGTGCCCGAGATAGCATTCCCACGAATAAAACAATTATAAGGTTGACTCCTACCCCCCTCTTGACCCCTACTAATT CAAGAAGATTAGCCCGTACAGGAGCTGGAAACAGGATGAACAGTATACCCACCATCAAGAAACATTGCTCATCAGGACCAT CCGTAGATTAGCAATTCTCCCTACACTTAGCTGGAGTATCATCAATTAGGTGCAGTAATTTCATTCTACGATTATAATA TACGATCCACGGGAATATCACCCGAGCGAACATTATTGTCTGATCGTAGGAAATTACCGCCCTGCTACTATTATTAC ACCAAGTACTAGCTGGAGCTATTACAATACTATTAACTGATCGAAATCTAAACTTCATTCTCGACCCAGCTGGAGGGGGAGAC CCAATTCTTATCAACACCTTCTGTTTTG-----	Forward	Enithares sp.	85.99	Aphelocheirus aestivalis	85.67

		ACAAAATATAAAGATATTGGAACATTATTTCATCTTCGGAATCTGATCAGGAATAGTAGGTACATCAATAAGATGACTTATCCG AATCGAACTAGGCCAACCAACCAGGATCATTATTGGAGACGCCAAATTATAACGTTATTGTTACAGCCCATGCATTATTATAATT TCTTTATAGTAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAACTGATTAGTACCTTAAATAATTGGTGCCCCAGATATAGCATTCCA CGAATAAACATATAAGATTGGACTCCTACCCCCCTCTTGACCCCTACTAATTACAAGAAAGATTAGCCGGTACAGGAGCTGGAA CAGGATGAACAGTACCCACCATCAAGAACATTGCTCATTCAAGGACCATCGTAGATTAGCAATCTTCTCCCTACACTT AGCTGGAGTATCATCAATTAGGTGAGTAATTCTACGATTATAATACGATCCACGGGAATATCACCCGAGCGA ATACCATTATTGTGATCAGTAGGAATTACGCCCTGCTACTATTATTACCACTAGACTAGCTGGAGCTATTACAATACT ATTAAC TGATCGAAATCTAAATACCTCATTCTCGACCCAGCTGGA-----	Reverse	Enithares sp.	85.94		
REEB 0103	Hexatoma sp. 2						
REEB 0104	Petrophila sp. 1						
REEB 0105	Palaemnem a sp. 1						
REEB 0106	Trichodacty lidae sp. 1						
REEB 0107	Helobdella sp. 3						
REEB 0108	Andesiops sp. 1	----- GGTGCTTGAGCAGGAATGGTGGCACTTCATTGAGCCTGCTGATCCGTGAGAACACTGGTAACCCGGGTTCGTTGATTGGAGA TGATCAAATTATAATGTGATTGTAACTGCTCATGCTTTATTGATTTTTATGGTCATGCCATCATGATTGGGGGTTTGG TAATTGGTAGTACCGTTAATATTAGGAGCTCTGATGGCTTCTCGTATAAAACATGAGTTTGATGCTTCACCCCT CATTAACCTTATTGGTGTGAGTAGCCTGGTGGACGTGGGGCAGGTACTGGCTGAACCGTGTACCCCCCTCTGGCAGCTAAT ATCGCCCATGGGGGCTCTGTAGATTGCTATTGTCATTGCAACCTGGGGGTTTCTCATCTATTAGGGCAGTTAATT TTATTACTACGGTAATCAATATGCGTAGTCCGGGCATAACGTTGGATCGTATTCTTATTGTTGGTCAGTTGTGATCACAGC GGTGCTGTTATTGCTTCTTCGGTGTAGCGGGGGCTATTACTATGCTGCTTACAGATCGGAATTAAACAGTCTTTTT GACCCGGCAGGTGGGGGGATCCTATTATACCAACATTGTTGATTCTTGT-----	Forward	Andesiops sp.	98.90	Andesiops sp.	99.13
		----- CCAACAAATTAAAGCATTGGTACACTTATTGTTGGTGTGAGCAGGAATGGTGGGCACCTCATTGAGCCTGCTGATCC GTGCAAGAACTGGGTAAACCCGGGTCGTTGATTGGAGATGATCAAATTATAATGTGATTGTAACTGCTCATGCGTTATTATGAT TTTTTTATGGTCATGCCATCATAATTGGGGGTTTGGTAATTGGTAGTACCGTTAATATTAGGAGCTCTGACATGGCTTT CTCGTATAAAACATGAGTTTGATGCTCCACCCCTCATTAACCTTATTGGTGTGAGTAGCCTGGTGGACGTGGGGCAG GTACTGGCTGAACCGTGTACCCCCCTGGCAGCTAATATCGCTCATGGGGGCTCTGTAGATTGCTATTGTCATTGCA CCTGGGGGGGTTCTCATTTAGGGCAGTTAATTCTACCTACGGTAATCAATATGCGTAGTCCGGCATAACGTTGGA TCGTATTCTTATTGTTGGTCAGTTGTGATCACAGCGGTGCTGTTATTGCTTCTTCGGTGTAGCGGGGGCTATTACT ATGCTGCTTACAGATCGGAATTGAATACGTCTTTTGACCCGGCAGGTGG-----	Reverse	Andesiops sp.	99.52		
REEB 0109	Atanatolica sp. 1	----- GGTGTGTGATCTGGATTATTGGGTACCTCACTAAGAATTAACTCGAACAGAACGAAATTAGAACAAACTCAATCATTAATTAAAAATGA TCAAATTATAATGTATTAGTAACAGCTCATGCTTTATTATAATTGATGCAATTATAATTGGAGGCTTGGCAAT TGATTAATCCCCCTAATATTAAAGACTCCCTGATAGCCTTCCCTCGAATAAACACATAAGATTGACTATTACCCCATCATT AAATTTTTATTGCTAAGAAGAATAGTAGATAGAGGAACAGGAACCTGGATGAACTGTATATCCCCCATTAGCTAATAATTAGCC ATATAGGAAGATCTGTAGACTTACCTCATTTCTCTACATATAGCGGGAAATTTCATCAATTCTAGGATCAATTAAATTCTTACTA CTTGTAAAGAATAAAACATTAAGAATACTTACCGAAATTACCCATTGTTGATGATCAGTTTAATTACAACCTTGTAC TTCTATCATTACCACTAGCTGGAGCTATTACTACTAACAGATCGTAACCTAACACAGTCATTGACCCCTCAGGG GGTGGGGACCCATTATTACCAACATCTTTTGATTGGTCCC-----	Forward	Nectopsyche sp.	100.0 0	Nectopsyche argentata	92.73
		Nectopsyche argentata	92.64				

		CTGTAAGATAATGGAACTTTACTTTGGTGTGATCTGGATTATGGTACCTCACTAAGAATTAAATTCGAACA GAATTAAGAACAACTCAATCATTAATTTAAATGATCAAATTATAATGTATTAGTACAGCTCATGCTTTATTATAATT TGGTAATGCCAATTATAATTGGAGGTTGGCAATTGATTAATCCCCCTAATATTAAGACTCCCTGATATAGCCTCCCTCGAATA AACAAACATAAGATTTGACTATTACCCCCATCATTAATTTATTGCTAAGAAGAATAGTAGATAGAGGAACAGGAACAG AACTGTATATCCCCCTAGCTAATTAATTAGCCATATAGGAAGATCTGTAGACTTACCTTCTACATATAGCGGGAA TTTCATCAATTCTAGGATCAATTAATTCTACTACTTGTAAAGAATAAAACCTTAAAGAATAACTTAGACCAATACCTTATT TGTATGATCAGTTAATTACAACCTTTGCTACTTCTATCATTACCAAGTTAGCTGGAGCTTACTACTAATACAGATCG TAACCTAACACACGTCACTTTTGACCCTCAGGGGG-----	Reverse	Nectopsyche sp. Nectopsyche argentata	100.0 0 92.72		
REEB 0110	Neoelmis sp. 1						
REEB 0111	Chironomid ae indet.						
REEB 0112	Scirtidae sp. 2						
REEB 0113	Orthocladini ae sp. 6						
REEB 0114	Orthocladini ae sp. 7						
REEB 0115	Lumbriculid ae sp. 3						
REEB 0116	Chironomin ae sp. 7						
REEB 0117	Orthocladini ae sp. 8						
REEB 0118	Contulma cf. 1						
REEB 0119	Nectopsych e sp. 2						
REEB 0120	Grumicha cf. 1						
REEB 0121	Staphylinid ae sp. 1						
REEB 0122	Andesiops cf. 1						
REEB 0123	Meridialaris cf. 1						
REEB 0124	Parochlus sp. 1						
REEB 0125	Orthocladini ae sp. 9	----- TTGATCAGGTATAGTAGGGACTCTTAAGAATTAAATCGTGTGAACTGGACACGCTGGCTCATTAATTGGGATGACCAA ATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCACGCTTGTAAATAATTTTATAGTAATACCAATTAAATGGGGTTTGGAAATTGA TTAGTACCTCTTATATTAGGGGCCCTGATATAGCTTCCCTCGAATAATAATAGATTACCTCCCTCATTAACT TTATTTTATCTAGCTCAATTGTAAGAAATGGAGCCGGTACTGGTTGAACAGTTACCCCCCCCCTATCTCGGGATTGCTCATG CTGGGGCTCTGTGATTAGCTATTCTTACATTAGCAGGTATTCTTCTATTAGGAGCTGTAAATTAACTACTG TAATTAATATGCGATCAGAAGGAATTACTTAGACCGAATACCTTATTGTTGATCTGTAGTAATTACCGCAGTATTACTCTCT	Forward	Cricotopus draysoni	90.75	Chironomida e	93.48

		TATCTTTACCAGTTTAGCCGGAGCTATTACTATATTAAACAGACCGAAATTAAATACATCTTCTTGATCCTGCTGGAGGG GGAGATCCTATTATCAACATTATTGATTCTTGTC					
		AAGATATTGGAACATTATAATTATTGGGGCTTGATCAGGTATACTAGTAGGAACCTTAAAGAATTAAATTCTGTGCTGAACCTTG GACACGCTGGCTCATTAATTGGGGATGACCAAATTATAATGTAATTGTTACTGCTCACGCTTTGTAATAATTCTTATAGTAA TACCAATTAAATTGGTGTTCGGAAATTGATTAGTACCTTATATTAGGGGCCCTGATATAGCTTCCCTCGAATAAAATAAT ATAAGATTGGTATTACCTCCTTCATTAACCTTATTATTCTAGTTCAATTGAGAAAATGGAGCCGTTACTGGTTGAACAGTT TACCCCCCCCCTATTCGGGAATTGCTATGCAGGGCTCTGGTATTAGCTATTCTTACATTAGCAGGTATTCTTC TATTAGGAGCTGTAATTACTACTGTAATTAAATATCGGTCAAGAGGAATTACTTAGACCGAACACCTTATTGTTG ATCTGTAGTAATTACCGCAGTATTCTTACCTAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTAAACAGACCGAAATT AAATACATCTTCTTGATCCTGCTGGTGGGGAGA-----	Reverse	Cricotopus draysoni	91.20		
REEB 0126	Orthocladiin ae sp. 10						
REEB 0127	Chironomid ae indet. 2						
REEB 0128	Andesiops sp. 2						
REEB 0129	Scirtidae sp. 3						
REEB 0130	Neoelmis sp. 2	GATCATGATCAGG- ATGCTAGGAATAGCATTAAAGATTATAATTGAGCAGAAATTAGGAACCTCAGGTGCTCTTATTGGAGACGACCAAATTATAATG TTATTGTTACTGCACATGCAATTGTAATAATTCTCATGGTAATACCAATTATAATTGGTGATTGGAAATTGATTAGTCTTCCAC TTACTCTGTGCCCCCTGATATAGCCTCCCTCGAATAAACAAATATAAGATTGACTCTTCCCTCCCTTCTTAACCCCTCCCTTAA TAAGAAGAATGGTAGAGGAGGAGTAGGTACAGGAACGTGTTACCCCTCCCTCAGCTAATGCTAGCATAGTGGATCCT CTGTTGATTAGCAATTTCAGTTACACTTAGCAGGAATTTCATCAATTCTGGAGCTGTAATTATTACCCCGTAACTCAATA TACGATCTCTGGAATAACATTGACCGAATACCAATTTCAGTTGATCTGTTGCTATTACCGCTTATTACTCTTATCCTTAC CTGTATTAGCTGGTGCCTATTACTATACTTTAACAGATCGAAATTAAACTTCATTCTTGTACCTGCAGGTGGTGGGATCCA ATTCTATCAACACATTATTGATTCTGGTC	Forward	Calodera aethiops	86.61	Austrelmis sp.	99.84
		CTAAAGATATTGGTACACTATACTTTATCCTGGATCATGATCAGGAATGCTAGGAATAGCATTAAAGATTATAATTGAGCAGAA TTAGGAACCTCCAGGTGCTCTTATTGGAGACGACCAAATTATAATGTTATTGTTACTGCACATGCAATTGTAATAATTCTCATA GTAATACCAATTATAATTGGTGGATTGGAAATTGATTAGTCTTCACTTACTTGTCAGCTGATATAGCCTCCCTCGAATAAAA CAATATAAGATTGACTCTCCCTCTTAAACCCCTCTTAAATAAGAAGAATGGTAGAGAACAGGGAGTAGGTACAGGATGA ACTGTTACCCCTCCCTCAGCTAATGCTAGTGGATCCTCTGTTGATTAGCAATTTCAGTTACACTTAGCAGGAATT TTCATCAATTCTGGAGCTGTAATTATTACCAACCGTAATCAATACGATCTCTGGAAATAACATTGACCGAATACCAATT CGTTGATCTGTTGCTATTACCGCTTATTACTCTTATCCTTACCTGTATTAGCTGGTGCATTACTATACTTTAACAGATCG AAATTAAATACCTCATTCTTGTACCTGCAGGTGGTGGGG-----	Reverse	Calodera aethiops	86.99		
REEB 0131	Smicridea sp. 5	GCGCTGTTAGCTTTCTGGCGGAGCCATGGCGTTGCTGATTGGCCTGGAGCTATTCCAACCGGGCAACTGTTGAA CCTAACCTTTAAATCAAATGACGACCATGCACTGGCTTATTGTTGGTGCCTGAAATGCCTGCCTTACCGGAATGGCA AACTGGCAAATCCCTGATGATTGGTGCCTGACATGGCACTGCCTCGTTGAATAACTGGAGTTCTGGCTCTGCCCTT GCGTTTATTACTGGCTCAACGTTATTAGGGGGGGGGCCCAATTGGGTGAACTTTCCCCCTTATCTACAA AATAGGGCCCCCAGAACGGATACCTTAATTTCCTACCCCTGGAGGGAATTACGCCCTTAGGGGATCAACCCACCTTT TGCCAACCTTTGAAATATGCGCCCGGGAAAAACTGAATAAAACCCCAATGTTGTATGAACTGGTTGGACCCCCCTT CTTATAAACATCGATCCGTTTGGCCGGCCGGAAACAATAATCCCGC- GAACGGCTTTGGTCCCACCTTTGGGGCGCCGGAGGAGGGAAATCCAATTTCATCTGTG	Forward	Lepidoptera	70.68		

		ATTAAGAAATTGGAACCCGTATTTGGGTCGCTTTAGGTTTGTGGGGGGCCCAGGGGTTGTTGATTGCCCG GAGGTATTCACCAGGGGAAATGTTTGAAACCAAATTTTATCAAAAGCGGCCCTGCCCGTTTTTGTGTTG GGGGGTAAGCCCCCTTACCGG- AAAGGAAAATGGGAAATCCCTGGTGAATGGGGGGCCGACAAGGCCCTGCCCTGGTAAAGGGGGGGGCTAATTTGGCTGGACTATGTACGCCCTT TGCCCTTGCGTTATTTACCGGGTTAACGTTAGGGGGGGGCTAATTTGGCTGGACTATGTACGCCCTT ATCTACAAAATATGCGCCGCCAGTACTGATTACATGATTTGCCATTACATGATGGGATTATCGTCATTAGGATCAATC AACATTATTGCGACTATCTGAATATGCGTGCCTGGTATGACGTTGATGAAATGCAATGTTGTATGGACCTGGCTGTGA CCGATTCTTATAATCGCATT- ATGCCGGTTGGCCGTGCCGTGACGATGATGCTGGTATGCCATTGGTACAGCTTTGAGGCGGCTGGGAGG GGATC-----	Reverse				
REEB 0132	Leptonema sp. 2	----- AGCAGGGATTACAGGAATGTCCTAAGACTAATTTCGATTAGAATTAAAGAATTCCAAAAAATTATTGGCAATGATAATCT ATAATGTTTGTAACCGCTCACGCACTTATTATAATTTTTATAGTTACCCATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGACTAG TTCTTTAATACTCTAACCCCCAGATATAGCTTTCCCGCTCTAACATATAAGATTCTGACTCTCCCCCGTCAGTTCATTT CTTCTTTAAGAAGACTAATTAAACAGGAACCTGGAACAGGAGGAACCGTCTACCCCTCTCTCTTCAATCTATCCCCTAG GAAGATCACTGGACTAACATTCTCTTCATTAGCAGGAATCTCTCTATCTAAGGAGCTATTAACTCATAACCAACAGTT TTAACATAAAAATCAATAAATTAACTCGACTTAATCCCCCTATTATTGATCAATTAAACCGCATTCTCCTCTCCTT CACTCCCTGTCCTCGCAGGAGCAATTACAATTACTTCCGATCGAAACCTAAACTCTCCCTCTTGACCCCTGCAGGAGGAG GAGACCAATTATTATCAACATCTAT	Forward	Smicridea microsaccata	97.77	Smicridea microsaccata	97.76
		TGGAACCCCTTATTTATTTGGCATGTCAGGTATTACAGGAATGTCCTAAGACTAATTTCGATTAGAATTAAAGAATT CAACAAATTTCATGGCAATGATAAAATATAATGTTTGTAACCGCTCACGCACTTATCATAAATTTTTATAGTTATACCCA TTATAATTGGAGGATTGGGAAATTGACTAGTCTCTTAAACTCTAACCCCCAGATATAGCTTCCCGTTAACATATAAGA TTCTGATTCTCCCCCGTCAGTTCACTTCTCTTAAAGAAGACTAATTAAACAGGAACCTGGAACAGGATGAACCGTCTACCC TCCTCTCTTCAACTATCCCCTCTGGCACATCAGTTGACTAACAAATTCTCTTCACCTAGCAGGAGTCTCCTCTATCTT AGGAGCTATCAACTCATAACCACAGTTAACATAAAACCAATAATTGAAGTTCGACTTAATCCCCCTATTATTGATCAAT TTTTAACACCATTCTCTTACCTCCACTCCC-GTCCTAGCAGGAGCAATTACAATTACTTCCGATCGAAACCTAAACTCTCC-TTGACC-----	Reverse	Smicridea microsaccata	96.27		
REEB 0133	Smicridea sp. 6	----- GGATCTGATCTGGGATTATAGGATCTTCTTAAAGATTATTCGAATTGAATTAAAGAACCCCAACACCTTAATTGGCAATGAT CAAATTATAACGTTTGTAAACAGCCCATGTTTATCATAAATTCTTATAGTAAACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAAC TGATTAGTCCCATTAAACTCGGAGCTCCAGATATAGCTTCCCTCGAATAAAATAATAGATTGATTCTCCCTCTTCTT AAATTCTCAACTTCAGAAGATTAGTAAATAGAGGAGCCGAACAGGATGAACAGTTATCTCCCTTATCATCAAATCTTCTC ACAGAGGAAGATCAGTAGATTAGCAATTCTCTCCATCTGAGGAATTCTCTATCTTAGGTGCTTAACTTAACTTACTA CTATTAAATATAAAAACCTAATAATCTCAATTAAAGATAATCCCCATTGTTGATCAGTTTAATTACTGCCATTCTCTACT TCTATCTTACCTGTCCTAGCAGGAGCTTACTATACTCTAACAGATCGCAATTAAACTCTTCTTGATCCTGCCGGAG GAGGAGATCCTATTCTTATCACATCTTTGATTCTG	Forward	Leptonema plicatum	88.11	Leptonema michoacanense	87.83
		TAAAGATATTGGAACATTATTTTCTAGGAATCTGATCTGGGATTATAGGATCTTCTTAAAGATTAAATTTCGAAATTGAATT AAGAACCCCAACACCTTAACTGGCAATGATAAAATTAAACGTTATGTAACAGCCCATGCTTATCATAAATTCTTATAGT AATACCTTATAATTGGAGGATTGGAAACTGATTAGTCCCATTAAACTCGGAGCTCCAGATATAGCTTCCCTCGAATAAAATA ATATAAGATTGATTCTCCCTCTTCAACTTCACTTCAAGAAGATTAGTAAATAGAGGAGCCGGAACAGGATGAACA GTTTATCTCCCTTATCATCAAATCTTCACTGAGGAAGATCAGTAGATTAGCAATTCTCTCCATCTGAGGAATTCT TCTATCTTAGGTGCTTAACTTACTACTATTAAATATAAAAACCTAATAATCTCAATTAAAGATAATCCCCATTGTT GATCAGTTAACATTACTGCCATTCTCTACTTCTATCTTACCTGTCCTAGCAGGAGCTTACTACTATACTCTAACAGATCGCAATT CTTAACACTCTTCTTGATCCTGCCGGAGGAGGAG-----	Reverse	Leptonema plicatum	88.22		

REEB 0134	Anacroneur ia sp. 1	<p style="text-align: center;">-----AATGGT-----</p> <p>GGGAACCTCCCTAACAGACTCCTGTACGAGCTGAACCTCGGACACCCACGCTCTGATTGGAGACGCCAAATTATTATGTTATT      GTAACTGCCCATGCATTCACTGATGATCTTCTTAATGGTAATACTTATAATTGGAGGCTTCGGGAACTGATTAGTACCCCTCA      TACTCGGAGCCCCCTGACATAGCATTCAACGAATGAATAATAAGCTTTGATTGCTCCCTCCCTGACCCCTCTGCTAGC      CAGCAGAATGGTCGAAAATGGAGCGGAACAGGTTAACCGTTACCCGCCCTCTGGCAGGCATTGCCACGCAGGTGCA      TCCGTAGATATGGCAATTCTCTTCACTTAGCCGGAGTCTCC-TCTATTCTGGAGCCGTTACTTATCACCAACTGTCATC-</p> <p style="text-align: center;">-----</p> <p>AACATACGACCGTCAGGGATAGCCCTAGACCGAACCCCCCTATTGTCTGATCAGTCGAATCACGCCCTCTCTACTTCTC      TCCCTGCCGTTCTGCCGGAGCCATTACCATTTACTAATCTGACCGAAACCTAACACCTCCCTTCGAC-      CCCGCCGGAGGGGGTACCCAATTCTCACCAACACTTATTGATTCTTG</p> <p style="text-align: center;">-----</p> <p>GTCACAAGATATCAGAACACATATTCTGAGCTGATCAGGAGTGGTGGGGAAAGTCCCTAACAGACTCCTGTACGAG      GTGAACTCGGACACCCCGCTATAATTGGAGACGCCAAATTATAATGTCATAGTAGCTGCCA-      CCATTCTGATAATTGTTCTGATGGTAAACCTCA-      ATAATAGGAGCGTCGGGAGCTGATTAGTACCCCTCATACTAGGAGCCCCGACATAGCATTCCCACGAATGAATAATATAAGC      TTTTGAAGGATCCCTCCCTGACCGTCTGTCAGCCAGCAGAATGGTCGAAAAGGGAGCCGGAAACAGGTTAACCGTTA      CCCGCCCTCTGCCGGCATAGCCCACGCAGGAGCATCCGAAGATAACGGCAATTCTCTTCACTTAGCCGGAGTATCCG      GTCAACAAATGGA-----AAGAC-ATCGGCA---      TCAGAAAAAAACACACGACCGTCAGGGATAGCCCTAGAACGAACCCCCAACATGTAAGAAACTAAAGGAATCACGCCCTCA      AATACTTCTCTCCCAGCCCC-TCTGCCGGAGCCATTACCGAGATACGCACTGAAAGAGAGCTAACACGTGTT-      TGGACTGCCGCAAGTCGGTGGC-----</p>	Forward	Anacroneuria flintorum	80.60	Anacroneuria sp.	95.78
REEB 0135	Palaemnem a sp. 2	<p style="text-align: center;">-----GGAGCATGGGCAGG-----</p> <p>ATAACAGGAACTGCTATGAGAATATTCAATCGAACACTGGGACAAACCAAGGATCCTTAATTGGAGATGATAAACATATAATG      TTATCGTTACAGCACGCCCTCGAATAATTTTTATAGTTATACCAATCATGATTGGAGGCTTCGGAAACTGATTGGTCCCT      TTAATTAGGAGCACCAGATATGCCCTCACGATTGAATAACATAAGATTGACTTTACCTCCTCAATTACTCTTTATT      GCAAGAAGTTAGTAGAAAGCGGAGCAGGTACAGGTAAACAGTATAACCCCCACTAGCTAGTGAATTGCCACGCTGGAGC      TTCCGTAGATTTAATCTCTTCACTTGCAGGAGTATCATCTATTCTAGGAGCAGTTAACCTCATCACAAACATCATTAA      TATAAAATCCCAGGAATAAGATAGACCAAATACCCCTATTGTTGATCAGTTGAATTACAGCAGTACTTCTCTCAT      TACCACTTCTGCAGGGCCATTACTATTAACAGATCGAAATATTAAACATCATTCTTGATCCTGCCGGAGGTGGAGA      CCCCCATTCTGATCAACACCTATTCTGATTCTTGGTCAAC</p> <p style="text-align: center;">-----</p> <p>TAAAGATATTGGAACACTATATTAAATTGGAGCATGGCAGGAATAACAGGAACTGCTATGAGAATATTCAATCGAAC      CTGGGACAAACCAGGATCCTTAATTGGAGATGATAACATATAATGTTATCGTTACAGCACGCCCTCGAATAATTTTTAT      AGTTATACCAATCATGATTGGAGGCTTCGGAAACTGATTGGTCCCTTAATTAGGAGCACCAGATATGCCCTCACGATTG      AATAACATAAGATTGACTTTACCTCCTCAATTACTCTTTATTAGCAAGAAGTTAGTAGAAAGCGGAGCAGGTACAGGATG      AACAGTATAACCCCCACTAGCTAGTGAATTGCCACGCTGGAGCTCCGTAGATTAACTATTCTCTTCACTTGCAGGA      GTATCATCTATTCTAGGAGCAGTTAACCATACAACATCTTAAATATAAAATCCCAGGAATAAGATAGACCAAATACCCCT      ATTGTTGATCAGTTGAATTACAGCACTTCTCTTCACTTACCAAGTTCTGCAGGGCCATTACTATTAACAG      ATCGAAATATTAAACATCATTCTTGATCCTGCCGGAGGTGGAGACCCC-----</p>	Forward	Palaemnema sp.	99.03	Palaemnema clementia	100,00
REEB 0136	Anchyrtarsu s sp. 2						
REEB 0137	Heterelmis sp. 1						
REEB 0138	Hexatoma sp. 3						
REEB 0139	Corydalus sp. 3						

REEB 0140	<i>Orthocladiin ae sp. 11</i>	<p>-----            AGCTTGATCTGGGATAGTCTGGACTTCTTAAGTATTCTAATTGAGCCGAATTGGTCATGCTGGTCTTAATCGGTAGATG            ATCAAATTATAATGTAATTGTAAC TGCCCAGCTTTATTATAATTCTTATAGTTACCTATTCTAATTGGAGGATTGGAAA            TTGATTAGTCCCCCTCATGTTAGGAGCCCCGATATGGCCTCCCCGAATAAAATAATAAGATTGAAATTACCCCTCA            TTATCCCTATTATTATCAAGCTCTATTGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGTTGAACCTGTTATCCCCACTATCTTCAAATTGC            ACATCGGGAGCTCTGTAGATTAGCTATCTTACACCTGAGGAATCTCTTATTCTGGAGCTGAAATTCTTCA            CTACCGTAATTAAATACGATCAAGAGGAATCACATTAGACCGTATGCCATTGTTGATCTGTTATTACACAGCAGTATTA            CTACTTTATCTTACCTGTATTAGCGGGTGTACTTACAGATCGAAATCTAAATAC-            ATCTTTTTGATCCTGCTGGAGGAGGTGATCCTATTATCAACATTATTGATTCTTGGC</p> <p>-----            AAAACCATTAAAGAATTGGTACTTTATTTTATTGGAGGCTT-AT-            TGGGGATAGTTGAAATTCTTAAAGTAAATTGTAACCGCCATGCTTCAATTAAATTCTTATAGTTACCTATTCTAATTGGAGGATT            AGATGATCAAAATTATAAGTAATTGTAACCGCCATGCTTCAATTAAATTCTTATAGTTACCTATTCTAATTGGAGGATT            TGAAATTGATTAGTCCCCCTCATTAAGGAGCCCCGATAGCTTCAATTAAATAATAAGATTGAAATTACCC            CTTCAATTCTCTATTATCAAGCTCTATTGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGTTGAACCTGTTATCCCCCTATCTTCAAAT            ATTGCACATGCGGGAGCTCTGTAGATTAGCAATCTTACACCTGAGGAATCTCTTATTCTAGGAGCTGAAATT            CATTACAACCGTAATTAAATACGATCAAGAGGAATCACATTAGACCGTATGCCATTGTTGATCTGTTATAATCACAGCAG            TATTACTACTTTATCTTACCTGTATTAGCGGGTGTACTTACAGATCGAAATCTAAATACTATCTTTGATC</p>	Forward	<i>Orthocladius gelidorum</i>	86.38	<i>Zavrelimyia sp.</i>	87.11
REEB 0141	<i>Corydalus sp. 5</i>						
REEB 0142	<i>Gomphidae sp. 1</i>						
REEB 0143	<i>Stegoelmis sp. 1</i>	<p>-----            GAGGC-TGGGCAGG-ATAGTTGG-ACCGCCTTAAGACTATTAAATTGAGTAGAATT-            GGACCTCCGGATCTAATTGGAGACGATCAAATTATAATGTAATCGTCACCGCTCATGCATTCAATAATTCTTATTAGT            TATAACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTACCTTAATTAGGAGCACCTGATAGCATTCCACGAATGAATA            ATATAAGATTGATTACTACCTCCCTCATTAACCC-            ATTTTAGCAAGAAGATGGTGGAAAGAGGAGCCGGAACAGGATGAACCTGTTACCCCTCAGCAGGTGCTATTGCACACACA            GGGGCATCAGTAGATTAACAATTCTCCCTACATTAGCAGGGTATCATCACTCTAGGAGCAATTAAATTATTACACCG            CCTTAAATATGAAGTTCCCGAAATAACTATAAGTCAATTACCTTATTGTTGACTGTAGTAATTACCGGCTCCACTACTTT            TATCCCTACCCCTATTATCAGGAACATTACCAATTACCTTCAACCGAACCAATTAAACTCTCTTGTATCCCGCAGGAGGA            GGAAATCCCATTATATAACATTATTGATTCTTGG</p> <p>-----            AAAATAGGTACACAATCTACTGTTGGGCATGGGCTGGAATAGTTGGAACCGCCTTGAATATTAAATTGAGTAGAATTAG            GGAAATCCGGGAGC-ATAAA-            GGAGACGATCAAATTATAAGTTGTTGTCACCGCATCTGCCATTGTTATAAATTGTTAAAATTAAACCTCTATAAATGGGGG            ATTGAAAATTGATTGTTATCTTATTGAGCACCAGAAAAGCCTTCCAGAATGAATTAAATAAAATTGAAATAATACC            TCCTCATTAATCTTATTAGCTAGGAGAAGGGGGAAAGGGGGCTGGAACCGGGTGAACAGTTACCTCTACATTGAG            GTGAACCTGCATAAGCAGGGTATCAGTAGATTAAACAATTCTTACATTAGCAGGGTATTATCATTCTAGGAGCAATT            AATTATTACCAACGGCATTAAATGAAAGTTCCAGGAATAACTATAAGTCAATTACCTTATTGTTGAGCT-TAGGAA-            TACAGCCATCCTATTACTTACCTTACCCGTATTAGCAGGAGCAATTACTATATTAAACGGATCGAAATTAAACATCGT            T-TTGATCCAGCAGGAGGAGA-----</p>	Forward	<i>Aphylla tenuis</i>	92.94	<i>Aphylla c.f. producta</i>	95.66
			Reverse	<i>Aphylla tenuis</i>	85.71		
REEB 0144	<i>Smicridea sp. 7</i>	<p>-----            GATCTGATCTGGGATTATAGGATCTCCTTAAGATTAATTCTGAAATTGAAATTAGAACCCCCAACAAACCTTAATTGGAATGATC            AAATTATAACGTTATTGTAACAGCCCATGCTTATTCTAATTCTTATAGTAAACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAACT            GATTAGTCCCATTAAACTCGGAGCTCCAGATAGCTTCCCTCGAATAAAATAAGATTGTTGATTTCTCCCTCCTCCTTA            ATTTCCTAATTCTAGAAGATTAGTAAATAGAGGAGCCGGAACAGGATGAACAGTTATCCTCCCTTATCATCAAATCTTCTCA</p>	Forward	<i>Leptonema plicatum</i>	88.11	<i>Leptonema michoacanense</i>	87.83

		CAGAGGAAGATCAGTAGATTAGCAATTTCTCTCCATCTGCAGGAATTCTCTATCCTAGGTGCTATTAACCTTACTA CTATTTAAATATAAACCTAATACTCCAATTAAAGAATAATCCCCTTATGGTATCAGTTTAATTACTGCCATTCTCCTACT TCTATCTTACCTGTCCAGCAGGAGCTATTACTACTCTTAACAGATCGCAACTTAATACCTTCTTGTATGCCGGAG GAGGAGATCCTATTCTTATCAACATCTCTTGATTCTTG					
		TAAGATATTGGAACATTATTTATTCTAGGAATCTGATCTGGATTAGGATCTCCTTAAGATTAATTTCGAATTGAATTA AGAACCCCCACAACCTTAATTGGAATGATCAAATTATAACGTTATTGTAACAGCCCCATGCTTTATCATATAATTCTTATAGTA ATACCTATTATAATTGGAGGATTCGAGACTGATTAGTCCCATTAAACTACTCGGAGCTCCAGATATAGCTTCCCTCGAATAAATAA TATAAGATTITGATTCTCCCTCCCTTAATTCTCCTAACTTTCAGAAGATTAGTAATAGAGGAGGCCGGAACAGGATGAACAG TTTATCCTCCCTTATCATCAAATCTTCTCACAGAGGAAGATCAGTAGATTAGCAATTCTCTCCATCTGCAGGAATTCTT CTATCCTAGGTGCTATTAACTTACTACTATTAAATATAAACCTAATACTCCAATTAAAGAATAATCCCCTTATTGTTG ATCAGTTTAATTACTGCCATTCTCTACTTCTATCTTACCTGTCCAGCAGGAGCTATTACTACTCTTAACAGATCGCAATCT TAATACCTCTTCTTGATCCTGCCGGAGGAGGAGATCC-----	Reverse	Leptonema plicatum	88.29		
REEB 0145	Orthocladiinae sp. 12						
REEB 0146	Macrobrachium sp. 1	-----TTCGGAGCTTGAGCAGG- ATAGTGGGCACATCACTAAGTCTCTTATCCGAGCTGAACCTGGACACCAGGAAGACTAATCGGAAACGATCAGATCTACAAC GTCATCGTTACAGCACATGCTTCGTAATAATCTCTTATGGTCATACCAATTATAATCGGAGGATTGGAAATTGACTAGT- CCCCCTAATGCTAGGGGCCCTGACATGGCCTT-CCCACGAATAAACACATAAGATTTT-GACTTC- TTCCCCCATCTCAACGCTCCTCTGTCCAGAGGGATAAGTGGAAAGGGAGTGGAACAGGATGAACTGTATACCCACCACTA GCCGCTAACACAG-CCCACGCAGGG- GCCTCCGTAGACCTTGAATTTCCTCCACCTCGCTGGTCTTCTCAATCTAGGAGCTGTCAATTTCACAAAGTAA TTAACATACGAGCCCCCGAATAACCATAGTCGCTCCACTATTGTCTGATCAGTATTCTAACAGCCATCTACTCCTACT CTCTCTCCAGTCTAGCAGGAGCTACAAACTTTAACGGACCGAAATCTAACATCTTCTTGATCCCGCAGGAGGT GGAGACCCCCATTCTGATACCAACACTTATTGATTCTT	Forward	Macrobrachium brasiliense	94.66	Macrobrachium brasiliense	94.64
REEB 0147	Agriogomphus sp. 1						
REEB 0148	Baedodes sp. 1						
REEB 0149	Leptophlebiidae indet.						
REEB 0150	Corydalus sp. 4	----- ACTTGAGCCGGTATAGTCGGAACCTTCACTTAGTCTTTAATTGAGCTGAATTAGGTCAACCCAGGATCTTAATTGGGGATGATC AAATTACAATGTTATTGTTACTGCTCATGCCCTTGTAAATAATTCTTATAGTAACTTAAATTGGAGGATTGGAAATTG ACTTGACTTTAATTAGGGGCCAGATATAGCATTCCACGAATAATAATAAGTTTGATTACTCTCCTTCATTAAC CTTACTTTAGCTAGCTTTGTAGAAAGAGGAGCCGGAACAGGATGAACTGTTATCCTCCTTAGCCTCAGGAATTGCCAC GCAGGGCAGCAGTAGATTAGCTATTAGTCTCACCTGCCGGAGTATCTCAATTAGGAGCCGTAATTATTACTAC AGTAATTAAATACGATCCCCAGGTAAACCTTGACCGTATACCATTITGTATGAGCTGGCTATTACAGCTTTACTTCT	Forward	Corydalus armatus	99.22	Corydalus armatus	99.22
				Austroneurorthus brunneipennis	99.22		

		ACTTTCTCTCCAGTTAGCCGGTGTATTACTATGCTCCTTACAGATCGTAATCTAAATACATCATTTCGATCCAGCAGGAG GGGGAGACCCAATTATACCAACATTATTTGATTCTTGG				
		ACCTGATTTGCCATTAACTTGGTCAACCCAATATAAAGATATTGAACTTTATTTTGGAACTTGAGCCGGTATA GTCGGAACCTCACTTAGTCTTTAATTGAGCTGAATTAGGTCAACCCAGGATCTTAATTGGGGATGATCAAATTACAATGTTAT TGTTACTGCTCATGCCCTTGTATAATAATTTTTATAGTAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGACTTGACCTTAATA TTAGGGGGCCCAGATATAGCATTCCACGAATAAATAATAGTTTGATTACTTCCCTTCATTAACCTTACTTTAGCTAG CTCTTTGTAGAAAGAGGAGCCGGAACAGGATGAACAGTTATCCTCCTTAGCCTCAGGAATTGCCACGCAGGTGCAGCAGT AGATTTAGCTATTITAGTCTTCACCTGCCGGAGTATCCTCAATTAGGAGCCGTAATTACTACAGTAATTAATATACG ATCCCCAGGTATAACCTTGACCGTATACCATTATTGTATGAGCTGTTGCTATTACAGCTTTACTTACTTTCTCTCCAGT TTAGCCGGTGTATTACTATGCTCCTTACAGATCGTAATCTAAATACATCATTTCGATCCAGCAGG----- -----	Reverse	Corydalus armatus Austroneurorthus brunneipennis	99.21 99.21	
REEB 0151	Smicridea sp. 8					
REEB 0152	Macrelmis sp. 1					
REEB 0153	Hexatoma sp. 4					
REEB 0154	Camelobae tidius sp. 1					
REEB 0155	Hydrachnidiae sp. 1					
REEB 0156	Chironominae sp. 8					
REEB 0157	Pelocoris sp. 3					
REEB 0158	Caenis sp. 3					
REEB 0159	Anacroneuria sp. 2					
REEB 0160	Leptohyphodes cf. 1					
REEB 0161	Psephenops sp. 1					
REEB 0162	Thraulodes sp. 2					
REEB 0163	Tricorythodes sp. 1					
REEB 0164	Leptohyphes sp. 1					
REEB 0165	Falliceon cf. 1					
REEB 0166	Xiphocentron sp. 1					
REEB 0167	Thraulodes sp. 3					

REEB 0168	<i>Smicridea</i> sp. 9						
REEB 0169	<i>Macunahyphes</i> sp. 1						
REEB 0170	<i>Gomphidae</i> sp. 2						
REEB 0171	<i>Argia</i> sp. 2						
REEB 0172	<i>Hagenulus</i> sp. 1	----- TTTCGGGGCCTGATCAGGCATACTAGGGACTTCTCAAGACTCTTAATCCGAGCTGAGCTCGTCACCAGGATCCCTCATTG GAGATGATCAAATCTATAACGTCAATTGTGACTGCACACGCTTCATCATAATTTCTTATGGAATGCCAATTATAATCGGAGGA TTTGGCAATTGACTAGTGCCCCCTGATGCTCGGGGCCCCCTGACATGGCCTTCCACGAATAAAATAATATAAGTTTGCTTCTCC CGCCGGCACTCACGCTCCTACTTGTCTAGTAGCATGTCGAAAATGGTGCCTGGGACAGGCTGGACCGCTGTACCCGCTCTCTCC GCTAACACGGCTCATTCAAGGTGCTCTGTAGACCTCGCAATTTTCTTGATCTCGCTGGTCTTCTCAATCTGGGGGCGAG TAAACTTTATTACTACAGCCATTATAACGGCAACAGGCATCACGCTCGAGCGAATGCCATTGTTGCTGATCCGTAGTTAT CACTGCTATTCTCTACTTGTCTCGCCGTTCTGCCGGTGAATTACGATACTTCTACCGACCGTAACCTAACCTCAT TTTCGACCCGGCTGGGGGTGGAGATCCGATTCTACCAAGCACCTTTGATTCT ----- AGATATTGGTACATTAACTTTATTTCGGGGCCTGATCAGGCATACTAGGGACTTCTCAGACTCTTAATCCGAGCTGAGCTC GGTCAACCAGGATCCCTATTGGAGATGATCAAATCTATAACGTCAATTGTGACTGCACACGCTTCATCATAATTTCTTATGGT AATGCCAATTATAATCGGAGGATTGGCAATTGACTAGTGCCCCCTGATGCTCGGGGCCCCCTGACATGGCCTTCCACGAATAAA TAATAATAAGTTTGGCTCTCCGCCGGCACTCACGCTCTACTTGTCTAGTAGCATGTCGAAAATGGTGCCTGGGACAGGCTG GACCGTGTACCCGCCCTCTCCGCTAACACGGCTCATTCAAGGTGCTCTGTAGACCTCGCAATTTTCTTGTGATCTCGCTGG TGTGTTCTCAATCCTGGGGGCACTAACATTAACTACAGCCATTATAACGGCAACAGGCATCACGCTCGAGCGAATGCCA TTGTTTGCTGATCCGTAGTTACTGCTATTCTCTACTTGTCTCGCCGTTCTGCCGGTGAATTACGATACTTCTCAC CGACCGTAACCTAAATACCTATTTCGACCCGGCTGGGGGTGGAGATCCG----- ----- ----- -----	Forward	Epeorus sp.	79.69	<i>Epeorus</i> sp.	79.5
		----- AGATATTGGTACATTAACTTTATTTCGGGGCCTGATCAGGCATACTAGGGACTTCTCAGACTCTTAATCCGAGCTGAGCTC GGTCAACCAGGATCCCTATTGGAGATGATCAAATCTATAACGTCAATTGTGACTGCACACGCTTCATCATAATTTCTTATGGT AATGCCAATTATAATCGGAGGATTGGCAATTGACTAGTGCCCCCTGATGCTCGGGGCCCCCTGACATGGCCTTCCACGAATAAA TAATAATAAGTTTGGCTCTCCGCCGGCACTCACGCTCTACTTGTCTAGTAGCATGTCGAAAATGGTGCCTGGGACAGGCTG GACCGTGTACCCGCCCTCTCCGCTAACACGGCTCATTCAAGGTGCTCTGTAGACCTCGCAATTTTCTTGTGATCTCGCTGG TGTGTTCTCAATCCTGGGGGCACTAACATTAACTACAGCCATTATAACGGCAACAGGCATCACGCTCGAGCGAATGCCA TTGTTTGCTGATCCGTAGTTACTGCTATTCTCTACTTGTCTCGCCGTTCTGCCGGTGAATTACGATACTTCTCAC CGACCGTAACCTAAATACCTATTTCGACCCGGCTGGGGGTGGAGATCCG----- ----- ----- -----	Reverse	Epeorus sp.	79.56		
REEB 0173	<i>Macrobrachium</i> sp. 2	----- CGGAGCTTGAGCAGG- ATAGTAGGGCACATCACTAAGTCTCTTATCCGAGCTGAACCTGGACAACCAGGAAGACTAATCGGAAACGATCAGATCTACAA CGTCATCGTTACAGCACATGCTTCGTAATAATCTTCTATGGTCATACCAATTATAATCGGAGGATTGGAAATTGACTAGTCC CCCTAATGCTAGGGGCCCCCTGACATGGCCTTCCCACGAATAAAACAACATAAGATTGACTCTTCCCCCATCTCTAACGCTCCT CCTGTCAGAGGCATAGTGGAAAGGGGGTGGGAACAGGGATGAACTGTATACCCACCACTGGCGCTAACACTGCCACGCA GGGGCCCTCGTAGACCTTGGGATTTCCTCCACCTCGCTGGTCTTCTCAATCTAGGAGCTGTCATAATTATCACAACAA GTAATAACATGCGAGCCCCCGGAAATAACCATAGATCGCCCTCCACATTGTCTGATCAGTATTCTTAACAGCCATCTACTCC TACTCTCATTCCAGTCTAGCAGGAGCTACGATACTTTAACGGACCGAACTAAATACATCTTGTGATCCCGCAGG AGGTGGAGACCCATTCTGTACCAACACTTATTGATTCT ----- AAATATAGATATTGGCACCTTATCTTATTGGAGCTTGAGCCGGAATAGT- GGGCACATCAATAAGGCTTCTTATCGAGCTGAACCTGGACAACCCCGAAGAATTATTGGAAACGATCAGATCTACAAAGTTATT GTTACAGCACATGCTTGTAAATAATTCTTCTATGGTCATACCAATTATTGGAGGATTGGAAACTGACTAGTCCCCCTAAT GCTAGGGGCTCCTGACATGGCCTTCCCACGAATAAAACAACATAAGATTGACTCTTCCCCCATCTCTAACGCTACTCCTCTCC AGAGGCATAGTAGAAAGAGGGGTGGGACAGGGATGAACTGTATACCCACCACTGGCGCTAACACTGCCACGCAAGGGGCCT CCGTAGACCTTGGAAATTTCCTCCACCTCGCTGGTCTTCTCAATCTAGGAGCTGTCATAATTATCACAACAGTAATTAA CATGCGAGCCCCCGGAAATAACCATAGATCGCCCTCCACATTGTCTGATCAGTATTCTTAACAGCCATCTACTCCTCA CTTCCAGTCTAGCAGGAGCTACGATACTTTAACGGACCGAACTAAATACATCTTGTGATCCCGCAGGAGGTGGA GACC----- ----- ----- -----	Forward	<i>Macrobrachium brasiliense</i>	93.29	<i>Macrobrachium brasiliense</i>	93.43
		----- GGGCACATCAATAAGGCTTCTTATCGAGCTGAACCTGGACAACCCCGAAGAATTATTGGAAACGATCAGATCTACAAAGTTATT GTTACAGCACATGCTTGTAAATAATTCTTCTATGGTCATACCAATTATTGGAGGATTGGAAACTGACTAGTCCCCCTAAT GCTAGGGGCTCCTGACATGGCCTTCCCACGAATAAAACAACATAAGATTGACTCTTCCCCCATCTCTAACGCTACTCCTCTCC AGAGGCATAGTAGAAAGAGGGGTGGGACAGGGATGAACTGTATACCCACCACTGGCGCTAACACTGCCACGCAAGGGGCCT CCGTAGACCTTGGAAATTTCCTCCACCTCGCTGGTCTTCTCAATCTAGGAGCTGTCATAATTATCACAACAGTAATTAA CATGCGAGCCCCCGGAAATAACCATAGATCGCCCTCCACATTGTCTGATCAGTATTCTTAACAGCCATCTACTCCTCA CTTCCAGTCTAGCAGGAGCTACGATACTTTAACGGACCGAACTAAATACATCTTGTGATCCCGCAGGAGGTGGA GACC----- ----- ----- -----	Reverse	<i>Macrobrachium brasiliense</i>	89.85		
REEB 0174	<i>Hydrosmilodon</i> sp. 1						

REEB 0175	Thraulodes sp. 4							
REEB 0176	Chironomin ae sp. 8							
REEB 0177	Chironomin ae sp. 9							
REEB 0178	Tanypodina e sp. 4							
REEB 0179	Naididae sp. 1							
REEB 0180	Nanomis cf. 1							
REEB 0181	Palaemnem a sp. 2							
REEB 0182	Orthocladiin ae sp. 13							
REEB 0183	Hagenulops is cf. 1							
REEB 0184	Mecistogast er cf. 1							
REEB 0185	Macrelmis sp. 1							
REEB 0186	Camelobae tidius sp. 1	GTCGGGCATGGTGGTACCTCATTGAGATTATTAATTCGTGCTGAGTTGGGAATCCGGTTCTTAATTGGTGACGCCAGGT TTATAATGTTATCGTGACGGCACATGCTTTATTATGATTTCCTTATGGTATGCCAATTATAATTGGTGTTTCGGTAATTGGCT GGTACCTCTGATACTGGGGCTCCAGATATAGCTTTCTCGTATAAAATAATATAAGTTTTGGTACTTCCTCCCTTCAGTC TTTACTGTCTAGAAGACTCGTAGACGCTGGGCAGGTACTGGGTGACTGTTTATCCTCCCTAGCAGCAAATATGCCACG GGGGTTCTCTGTAGATTTGCTATTTCACTTCATTAGCCGGGTATCCTATTCTAGGTGCTGTAATTTCACA GTTATTAAATATGCGTAGCCCTGGTATAAGTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTGGTCTGTTGAATTACAGCTGTTTATTATT CTTCTTGCCTGATTAGCTGGAGCTATTACTATGTTAACGGATCGTAATTAAACCTCCTTCTTGACCCGGCGAG GTGGAGACCCAGTCTGTATCACACATTCTGATTGGCCCCAAAAA		Forward	Camelobaetid ius nr. warreni	83.25	Camelobaetid ius cayumba	83.65
		AAAATATAAAGATATCGTACTCTTATTGTTGGTGCATGGTGGCATGGTGGTACCTCATTGAGATTATTAATTGCG CTGAGTTGGGAATCCGGTTCTTAATTGGTGACGACCAGGTTATAATGTTATCGTGACGGCACATGCTTTATTATGATT CTTATGGTTATGCCAATTATAATTGGTGGTGGTACCTCTGATACTGGGGCTCCAGATATAGCTTCT CGTATAAAATAATATAAGTTTTGGTACTTCCTCTTAACTCTTACTGTCTAGAAGACTCGTAGACGCTGGGCAGGTAC TGGGTGGTCTGTTATCCTCCCTAGCAGCTAATATGCCACGGGGTTCTGTAGATTGCTATTGCTTCACTTCATT GCCGGGGTATCCTCTATTCTAGGTGCTGTAATTACAACTGTTATTAAATATGCGTAGCCCTGGTATAAGTTTGACCGAA TGCCTTATTGTTGGTCTGTTGAATTACAGCTGTTTATTATTACTTCTTGCCTGATTAGCTGGAGCTATTACTATGTTG TAACGGATCGTAATTAAAAACCTCCTC-TTGACCCGGCGGA-----			Labiobaetis atrebatinus orientalis	82.81		
REEB 0187	Simulium sp. 1							
REEB 0188	Leptophlebi idae indet. 2							
REEB 0189	Baetodes sp. 2							

REEB 0190	Tricorythodes sp. 2						
REEB 0191	Bessierus cf. 1						
REEB 0192	Thraulodes sp. 5	<p style="text-align: center;">-----GAGCAGG-----</p> <p>ATAGTTGGAACCTCTTAGATTATAATTGAGCTGAATTAGGACAACCGGGTCACTAATTGGGGATGATCAAATTATAACGTTATTGTGACAGCTCATGCTTCATTATAATTTCATTGGTCATGCCATTATAATCGGGGGTTGGATTGACTAGTACCTTAATAACTGGTGCCTCAGACATGGCCTCCCCGTATAAATAATATGAGATTCTGGCTTTACCCCTCCTATCTGAGGAATGCCAACGCTGGTCTCTCTGTAGACCTTGCAATTGGGATTTCTACATTAGCTGGGATTCTCATCTATTGGTGCAGAAATTATCACAACTACAATTAGCTAGTAGAAAGTGGGGCAGGAACAGGTTGCTCTCTACCTGTTAGCTGGGCTATTACGATACTTTAACAGATCGTAACCTGAATACCTCCTTTGACCCGGCAGGAGGTGGAGA CCAATTCTTATCACACACTATTGGATTCTGGTACCT</p>	Forward	Siphlaenigma janae	84.25	Thraulodes sp.	84.82
		<p>ATAAGATATTGGTACCCCTACTTCATTGGAGCTTGAGCAGGAATAGTTGGAACCTCTCTAGATTATAATTGAGCTGAATTAGGACAACCGGGTCACTAATTGGGATGATCAAATTATAACGTTATTGTGACAGCTCATGCTTCATTATAATTTCATTGGTCATGCCATTATAATCGGGGGTTGGATTGACTAGTACCTTAATCTGGTGCCTCAGACATGGCCTCCCCGTATAAATAATATGAGATTCTGGCTTTACCCCTCATTAAACCTTTATTAGCTAGTAGTATAGTAGAAAGTGGGGCAGGAACAGGTTGACCGTTACCCCTCCCTATCTGAGGAATGCCAACGCTGGTCTCTGTAGACCTTGCAATTGGGACTACATTAGCTGGGATTTCATCTATTGGTGCAGAAATTATCACAACTACAATTAAATACGAACAGCCGAATAACAATAGACCGAATTCTCTTATTGGTGTAAATTACTGCTATTGGTACCTGTTAGCTGGGCTATTACGATACTTTAACAGATCGTAACCTGAATACTCCCTTTGACCCGGCAGGAGGTGGAGACCC-----</p>	Reverse	Siphlaenigma janae	84.54		
REEB 0193	Hexanchor us sp. 1						
REEB 0194	Falceon cf. 1						
REEB 0195	Smicridea sp. 10						
REEB 0196	Anacroneuria sp. 3						
REEB 0197	Andesipyrgus cf. 1						
REEB 0198	Leptohyphes sp. 2						
REEB 0199	Baetodes sp. 3	<p style="text-align: center;">-----</p> <p>GGAGCCTGGCTGGCATAGTCGGCACTTCCCTAGTTATTAAATTGCGCAGAGTTAGGAAACCCCTGGCTTTAATTGGTGATGATCAGATTATAACGTTATTGTTACCGCTCATGCATTATTGATTTCATTAGTGTACCCGATTATAATTGGGGTTGGAAAACCTGGCTTCCACTAATGTTAGGGGCCAGACATGGCTTCCCTCGTATAAATAATAAGTTTTGGATGCTCCTCCTCTCTTGACTTTGCTTCAAGTAGCCTCGTAGACGTGGGAGCAGGAACGGGGTGGACTTTATCCTCCTTAGCTGCTAATTGCTCATGGGGTTCTCAGTAGACTTGGCATTTCATTACATCTGCAGGGGTTCCCATTTAGGTGCAGTCATTATTACCACTGTAATTAAATAGCTAGGCCCTGGAATGAGATTGGACCGAATTCTCTATTGGTCTGTAGTAATTACAGCTGTTCTTATTACTGCTTTACCAGTGTAGCCGGGGCTATTACCATGCTTTAACAGACCGAAATTAAACACTTCATTCTTGACCGCGGGAGGCGGGACCCATTATAACCAGCATTTGATTCTG</p>	Forward	Labiobaeis palawano	83.10	Cloeon sp.	83.94
		<p>AGATATTGGTACACTTATTGAGCCTGGCTGGCATAGTCGGCACTTCCCTAGTTATTAAATTGCGCAGAGTTAGGAAACCCCTGGCTTCAATTGGTGATGATCAGATTATAACGTTATTGTTACCGCTCATGCATTATTGATTTCATTAGTGATACCGATTATAATTGGCGGGTCCGGAAACTGGCTTTAATTGGTGATGACCGATTAAACACTTCATTCTTGACCGATTATAATTGGCGGGTCCGGAAACTGGCTTCCACTAATGTTAGGGGCCAGACATGGCTTCCCTCGTATAAAT</p>	Reverse	Labiobaeis palawano	83.23		

		AATATAAGTTTGGATGCTCCTCCTTCAAGTAGCCTGTAGACGTGGAGCAGGAACGGGTGGA CTGTTTATCCTCCTTAGCTCATGGGGTCTTCAGTAGACTTGCCTAATCTTGCACTTGCAGGGTT TCCTCCATTAGGTGCAGTCATTACACTGTAATTAAATGCGTAGCCCTGGAATGAGATTGGACCGAATTCTCTATT TGTGGCTGTAGTAATTACAGCTGTTCTTACTACTGCTTACCACTGTTAGCCGGGCTATTACCATGCTTTAACAGACC GAAATTAAACACTTCATTGACCCGGGGAGGC-GGGACC-----					
REEB 0200	Camelobae tidius sp. 1	TGCTTTATTATAATTGGTACCGTAACTTATGATTGGAGGATTGGTAACGGTTAGTGCCTCTAATGTTGGGTGCTC CGGATATGGCTTCTCGTATAAAATAATAGTTGGTACGGGGACTGTTATCCTCCCTGGCTGTAATATCGCTCATGGGGTCTCGTAGATTGCT GATGCTGGGGCGGGACTGGGGACTGTTATCCTCCCTGGCTGTAATATCGCTCATGGGGTCTCGTAGATTGCT ATTGGTCTCTCATGGCAGGTATCTCTATTCTGGTGCTGTTAATTACACAGTATTACAGTATTACATGCGTAGGCCAGG TATAAGTTGATCGTACCTCTATTGGTACGGGGTAATTACAGCTGTTCTTACTACTATCTTACCACTGTTAGCAGG TGCACTTACTGTTACTCACGGACCGTAATTGAAATCTCGTC- TTTGATCCTGCTGGGGAGGGATCTGTTATTACCAACACTGTTGATTCTTGTACCTAAAAAATAAAAGGTTAAAAAAA AAAAATTAAATTAAAGGTCTAAAATCTCAAAGCATAAATCTCTCAAAATGTTAGAAATCTAATTACCTGTAAAGATT TCCAAATGGCTAAAGGATTAGATTCTTGGTCAC-----	Forward	Camelobaetid ius cf. kondratieffi	83.52	Camelobaetid ius sp.	84.05
		TAAAGATAATTGGTACCTTACTTTGGAGCGTGGTGGGGATGTTGGTACTCTTGAGTTACTTATCCGGGCTGAG CTAGGAAATCCAGGGCTTTAATTGGTATGACCGAGGTTATAATGTTATTGTCACAGCACATGCTTTATTATAATTGGTCT GTTATACCAATTATGATTGGAGGATTGGTAACTGGTTAGTGCCTCTCATGTTGGGTGCTCCGGATATGGCTTTCTCGTATAA ATAATATAAGTTGGTTACCCCTTCGTTAACACTCTATTGCTAGTAGTGTGCTAGATGCTGGGGCGGGACTGGTTG GACTGTTATCCTCTGGCTGTAATATCGCTCATGGGGTCTCGTAGATTGCTATTGCTCTTCAATTGGCAGGTA TCTCCTCTATTCTGGTGCTGTTAATTACACAGTATTACAGTATTACATGCGTAGGCCAGGATAAGTTGATCGTATAACCTCTA TTGTTGATCGGTGGTAATTACATCTGTTCTTACTACTATCTTACCACTGTTAGCAGGAGCCATTAAATGTTACTCACGGA CCGTAATTGAATACTTCGTTATCGCATCGACTGGT-----	Reverse	Camelobaetid ius cf. kondratieffi	82.16		
REEB 0201	Simulium sp. 1						
REEB 0202	Hagenulus sp. 1						
REEB 0203	Neohagenu lus cf. 1						
REEB 0204	Nanomis cf.	-----TTGGTCAGG- ATAGGGGACATTTGAGACTACTAATTGAGCAGAGCTGGGAGCCCAGGCTCTAATGGGGATGACCAGATCTACAA TGTGATTGTTACAGCTCATGCTTTATTATAATTCTTATGGTATGCCATTATAATTGGAGGCTCGTAATTGGCTTCC TTAACACTGGCGCCCGGACATGGCATTCCCTCGAATAAAATAATAGCTTTGATTACTGCCTCCTGCTCAACTTATTAT TGGCCAGTAGAATGGTAAAACGGAGCTGGACGGGGTGAACCTGCTACCCCTCTTCCGCTAATACGGCTACTCCGGA GCTTCAGTAGATCTCGCAATTGTTCTTGCATCTGCCGGGTGCTTCTATTCTGGGGCGTAAATTATTACTACGGCGA TTAACATGCCGTCAACAGGGATTACTTAGAGCGGCTACCTTATTGTTGTTGCTAGTGAATTACAGCTATTCTTACTATTA TCTTGCCGTTAGCGGGGCTATTACGATACTGTTAATTGAGCAGCTACCTTATTGTTGTTGCTAGTGAATTACGCTATTCTTACTATTA GGCGACCCATTATCAACATTATTGATTCTTGCCCC-----	Forward	Lutzomyia verrucarum	80.92	Hennigmyia sp.	81.56
		AGATATTGGGACTTTATTTGGCGCTGGTCAGGAATAGTGGGGACATCTTGAGACTACTAATTGAGCAGAGCTC GGGAGCCCGGGTCTCTAATCGGGGATGACCGAGATCTACATGTGATTGTTACAGCTCATGCTTTATTATAATTCTTATGG TTATGCCATTATAATTGGAGGCTCGTAATTGGCTTCTTAACTACTGGGCGCCCGGACATGGCATTCCCTCGAATAAA TAATATAAGCTTTGATTACTGCCCTCTGCTCAACTTATTGAGCTAGTGAATTGGTAAAACGGAGCTGGGACGGGGTGA ACTGTCTACCCCTCTTCCGCTAATCGGCTACTCCGGAGCTCAGTAGATCTCGCAATTGTTGATCTTGCATCTGCCGGGG TGTCTTCTATTCTGGGGCGGTAAATTACTACGGCGATTAAACATGCCGTAAACAGGGATTACTTAGAGCGGGTACCTT	Reverse	Paralucilia pseudolycea	80.83		

		ATTTGTGTGGTCCGTAGTGATTACAGCTATTCTTTACTATTATCTTGCCCGTTAGCGGGGGCTATTACGATACTGTTAAGT ATCGAAATCTAAATACCTCCTTGTACCCGGCAGGAGGAGGCCACCC-----				
REEB 0205	Smicridea sp. 11					
REEB 0206	Chironomin ae sp. 8					
REEB 0207	Dugesia sp. 1					
REEB 0208	Orthocladiin ae sp. 14					
REEB 0209	Chironomin ae sp. 10					
REEB 0210	Macrelmis sp. 1					
REEB 0211	Leptohyphe s sp. 3					
REEB 0212	Limnocoris sp. 2					
REEB 0213	Thraulodes sp. 6					
REEB 0214	Smicridea sp. 12					
REEB 0215	Argia sp. 3					
REEB 0216	Neohagenu lus cf.					
REEB 0217	Anchyrtarsu s sp. 3					
REEB 0218	Tricorythod es sp. 3					
REEB 0219	Xiphocentro n sp. 1					