

**SECUENCIAMIENTO DE ADN DE ALTO PESO MOLECULAR MEDIANTE  
NANOPORE: GENÉTICA DESCRIPTIVA MITOCONDRIAL DE UNA ESPECIE DE  
BUFONIDAE (*Atelopus bomolochos*)**

El mitogenoma de una especie es un recurso esencial para su conservación efectiva y estudios filogenéticos; el secuenciamiento y anotación del mismo permite acuñar esfuerzos en lo que se denomina como genómica de la conservación la cual gracias a los genomas de referencia (ensamblajes de genoma altamente contiguos, precisos y anotados), mejoran en gran medida los estudios genómicos, tanto experimental como analíticamente. La información genética es crucial para entender la vida y todo lo que la rodea. Desde la diversidad biológica hasta la evolución, todo se vincula a la información genética. Es por eso que es fundamental conocer todo lo que podemos con ella. Pese a esto, aún existen importantes vacíos en la información genética, y es esencial llenarlos.

La secuenciación de próxima generación (NGS, por sus siglas en inglés) ofrecen una alternativa para obtener y analizar grandes cantidades de datos genéticos en un corto periodo de tiempo, con mayor precisión y actualmente con un costo relativamente bajo al de otras tecnologías de secuenciamiento, datos que son de gran ayuda para poder comprender con mayor exactitud procesos biológicos en los organismos. Este proyecto de investigación presenta la secuenciación y caracterización del genoma mitocondrial de una especie de anfibio *Atelopus bomolochos* que según el Libro Rojo de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) se encuentra en peligro crítico. El genoma mitocondrial completo tiene un tamaño de 18399 pb que forma una molécula circular de ADN siendo el primer mitogenoma secuenciado y anotado de *Atelopus bomolochos* dentro de los predios de la Universidad Regional Amazónica Ikiam.

**Palabras clave:**

Mitogenoma completo, conservación, secuenciación de próxima generación (NGS), peligro crítico, *Atelopus bomolochos*