

**SEQUENCIAMENTO MASSIVO PARALELO COMO FERRAMENTA NO
ESTUDO DA DIVERSIDADE E HIBRIDIZAÇÃO EM ESPÉCIES NÃO
MODELO**

Felipe De Souza Cruz Nóbrega (felipenobrega111@gmail.com)

Luciano N. Santos (luciano.santos@unirio.br)

Fabiano Salgueiro (fabiano.salgueiro@unirio.br)

O estudo da diversidade e da estrutura genética das populações é fundamental para caracterizar a biodiversidade, compreender seus padrões de variação e orientar ações de conservação. O avanço das tecnologias de sequenciamento massivo paralelo (massive parallel sequencing) possibilitou o desenvolvimento de abordagens capazes de gerar milhares de marcadores genéticos de forma rápida e eficiente. Entre elas, destaca-se a técnica de sequenciamento de fragmentos de DNA associados a sítios de dupla restrição (ddRAD-seq), que possibilita a amostragem eficiente e reprodutível de milhares de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) ao longo do genoma, mesmo em espécies sem genoma de referência estabelecido (espécies não modelo). Além disso, o ddRAD-seq é particularmente valioso para investigar processos evolutivos como a hibridização e a introgressão, permitindo a detecção precisa e a quantificação do fluxo gênico entre populações ou espécies. Neste estudo, investigamos a diversidade e hibridização em populações das espécies de tucunaré *Cichla ocellaris* var. *kelberi* e *Cichla piquiti*, utilizando SNPs obtidos por ddRAD-seq. Essas espécies são naturalmente simpátricas que, por conta de sua popularidade na pesca recreativa e esportiva, também foram

introduzidas nos mesmos ambientes. Sendo assim, representam um interessante caso de espécies simpátricas que se reencontram fora de sua distribuição natural, o que nos permite estudar os padrões de diversidade e hibridização nesses dois contextos. Para isso, coletamos indivíduos das duas espécies e possíveis híbridos em dois reservatórios: Serra da Mesa (área nativa) e Três Marias (área não nativa). Nossas análises de estrutura e mistura populacional (PCA, ADMIXTURE, fastStructure e fineRADstructure) revelaram padrões contrastantes: sinais de introgressão sutis em Serra da Mesa, mas elevados níveis de hibridização e introgressão em Três Marias. O teste D3 confirmou a ocorrência de introgressão também nas populações de Serra da Mesa, indicando que este processo não está restrito a ambientes não nativos. A análise de clinas genômicas identificou 46 loci outliers, todos associados a excesso de alelos de *C. piquiti* em híbridos de Três Marias, sugerindo introgressão assimétrica. A diversidade genética observada foi maior em indivíduos híbridos e em *C. ocellaris* var. *kelberi*, indicando que a introgressão pode contribuir para ampliar a variabilidade genética desta linhagem. Esses resultados apontam que a permeabilidade das barreiras reprodutivas entre essas espécies varia conforme o contexto ecológico, podendo ser influenciada por fatores como alterações ambientais, abundância relativa das espécies e sobreposição de períodos reprodutivos. Sugerimos que a introgressão desempenha importante papel tanto na manutenção da diversidade em populações nativas quanto no sucesso invasivo de *Cichla* em ambientes introduzidos.

Palavras-chave: ciclídeos; tucunaré; cichla; introgressão; ddrad-seq.