

Integração de genômica populacional e modelagem de nicho ecológico como ferramenta de análise da estrutura genética de *Hypanus guttatus* (Chondrichthyes, Dasyatidae) na costa brasileira

Pablo Henrique de Oliveira¹
Giovana da Silva Ribeiro²
Flávia de Figueiredo Petean³
Vanessa Paes da Cruz⁴
Claudio de Oliveira⁵
Fausto Foresti⁶

RESUMO

Um dos principais desafios da biologia evolutiva é entender a diferenciação de espécies marinhas sem barreiras físicas. *Hypanus guttatus* é um peixe cartilaginoso demersal encontrado do Golfo do México ao sul do Brasil, habitando águas tropicais e subtropicais de até 70 m de profundidade. Este estudo investiga a diferenciação genética dessa espécie ao longo da costa brasileira, em relação à pluma Amazonas-Orinoco (PAO), objetivando identificar áreas de habitat inadequado e investigar a estrutura populacional de *H. guttatus* da foz do Rio Amazonas ao sul do Brasil. Para isso, foi realizada uma modelagem de nicho ecológico com o algoritmo *Maximum Entropy* (MaxEnt), correlacionando 53 pontos de ocorrência da espécie com sete variáveis ambientais, levantando hipóteses biogeográficas posteriormente testadas com dados genômicos. Foram usadas análises genômicas baseadas na metodologia *Double-Digest Restriction Site-Associated DNA* (ddRAD), gerando 5,318 *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs). Métodos de *Bayesian Clustering* e *Discriminant Analysis of Principal Components* (DAPC) foram aplicados para investigar a estrutura populacional. A modelagem mostrou uma leve diminuição na adequabilidade ambiental na foz do Rio Amazonas, mas constante no restante da costa, sugerindo uma possível panmixia ao sul da PAO. No entanto, os índices de diferenciação genética (FST) indicaram uma estruturação significativa entre as populações, especialmente entre Norte e Sul (FST = 0,423), refutando a hipótese de panmixia. As análises

¹ Doutorando, Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, pablo.oliveira@unesp.br

² Doutoranda, Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, giovana.ribeiro@unesp.br

³ Pesquisadora coorientadora, Doutora, Universidad Nacional de San Martín, Chascomús, Buenos Aires, Argentina, ffpetean@gmail.com

⁴ Professora coorientadora, Doutora, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, vanessa.paes@unesp.br

⁵ Professor adjunto, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, claudio.oliveira@unesp.br

⁶ Professor orientador, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, f.foresti@unesp.br

de STRUCTURE e DAPC identificaram três unidades populacionais: Norte, Nordeste e Sudeste/Sul. A região Nordeste aparenta ser uma zona híbrida, com genótipos mistos de Norte e Sudeste, sugerindo que fatores fisiológicos, além de barreiras geográficas, possam influenciar a estrutura genética de *H. guttatus*. Embora a modelagem não tenha identificado barreiras ecológicas claras, há uma separação genética significativa ao longo da costa. Análises adicionais são necessárias para confirmar a hibridação no Nordeste.

Palavras-chave: *Hypanus guttatus*, Modelagem de Nicho Ecológico, SNPs, Genômica da Conservação.