



AO48 - Uma corrida com barreiras: o papel dos rios Amazônicos na zona híbrida de *Rhegmatorhina hoffmannsi* e *R. berlepschi* (Thamnophilidae)

Gláucia Del Rio^{1,3}, Marco Antonio Rego¹, Bret Whitney¹, Fábio Schunck², Luís Fábio Silveira², Brant Faircloth¹, Robb Brumfield¹ ¹Louisiana State University ²Universidade de São Paulo ³glauca.ornito@gmail.com

Zonas híbridas são áreas onde duas espécies se encontram, inter cruzam e geram indivíduos de ancestralidade mista. Geralmente, a estabilidade de uma zona híbrida é causada por algum tipo de seleção contra indivíduos híbridos, como esterilidade, fertilidade reduzida, ou menor capacidade para competir por recursos e território. Tal seleção indica que há características dissidentes entre as duas espécies, que causam algum isolamento reprodutivo entre elas. Já que isolamento reprodutivo promove especiação, zonas híbridas são laboratórios naturais para compreender como espécies distintas surgem e se mantêm. Apesar do grande potencial que zonas híbridas possuem para esclarecer o contínuo espaço-temporal da formação de diversidade natural, poucos são os trabalhos que detalham transições morfológicas e genéticas entre espécies parentais e híbridos de aves. Particularmente escassos são os trabalhos desta natureza com aves da região mais biodiversa do mundo, a Amazônia. Há muito se sabe sobre o papel de rios Amazônicos como barreiras de vicariância, separando espécies de aves proximamente relacionadas. No entanto, há poucos estudos sobre o que ocorre em suas cabeceiras, que são mais estreitas e permeáveis, ou ainda sobre a influência de rios na intensidade de fluxo gênico em zonas híbridas. Na cabeceira do Rio Sucunduri (interflúvio Madeira-Tapajós), as espécies de Thamnophilidae seguidoras de correição de formigas *Rhegmatorhina hoffmannsi* e *R. berlepschi* se encontram, gerando indivíduos com plumagem híbrida. Neste trabalho, nós sequenciamos o genoma completo (N50 = 11.8 Mb, cobertura de 60X) de um indivíduo de *Rhegmatorhina hoffmannsi*, e também DNA associado a áreas de enzima de restrição (RADseq) de 222 indivíduos das duas espécies alvo e híbridos (cobertura média de 25X). Além disso, fizemos uma completa caracterização de plumagem de 213 espécimes de museu, com uso de espectrometria de luz para coletar dados de refletância de cor de plumagem. Após alinhar os dados de RADseq com o genoma referência de alta qualidade, e sortear apenas um polimorfismo de nucleotídeo simples (SNP) por locus, obtivemos 9.452 SNPs (matriz com 75% de dados). Análise de componentes principais baseada em SNPs e codificada de acordo com morfologia revelou introgressão unidirecional de caracteres de plumagem através da zona híbrida. Alguns espécimes do centro da zona híbrida são morfológicamente distintos em cor de plumagem, mas são, por outro lado, geneticamente indistinguíveis. Análise de estrutura genética (SNMF, número de populações = 2) mostra que o centro da zona híbrida se estende por 200 km no Centro-Sul Amazônico, desde a cabeceira do Rio Sucunduri até o Rio Aripuanã. Além disso, nossos dados também mostram que rios como Machado e Abacaxis atuam diminuindo o fluxo gênico entre as duas espécies, sugerindo um papel relevante dos diversos rios que cortam o interflúvio Madeira-Tapajós na definição do futuro e estabilidade desta zona híbrida. Estudos com uso de modelos demográficos, teoria de clinas, e arquitetura genômica poderão esclarecer o papel relativo de barreiras geográficas e mecanismos intrínsecos de isolamento reprodutivo na definição das transições morfológicas e genéticas da zona híbrida de *Rhegmatorhina*. **Palavras-Chave:** especiação, genômica, genoma completo, RADseq; **Financiadores:** CNPq, American Association of University Women, LSU Alumni Association, AMNH Chapman Grant