**FILOGENÔMICA E DELIMITAÇÃO DE ESPÉCIES DO CORAL FORMADOR DE RECIFES *Favia* (SCLERACTINIA, MUSSIDAE) DO ATLÂNTICO**

**Phylogenomics and species boundaries of the Atlantic reef-building coral *Favia* (Scleractinia, Mussidae)**

Carolina de Lima Adam1, Marcos Soares Barbeitos1

1 Programa de Pós-Graduação em Zoologia. Universidade Federal do Paraná.

carolinaladam@gmail.com

Os recifes de coral estão entre os mais importantes e diversos ecossistemas do planeta, e os corais da ordem Scleractinia, também chamados de corais pétreos, são os principais responsáveis pela sua formação. A ocorrência de ampla variabilidade morfológica nos caracteres tradicionalmente utilizados na identificação de corais pétreos torna sua taxonomia bastante problemática. Dados moleculares demonstraram que muitas das famílias descritas a partir da morfologia esquelética são na verdade para- ou polifiléticas, aumentando ainda mais a incerteza taxonômica. As espécies *Favia fragum* e *F. gravida*, distribuidas no Atlântico, são um bom exemplo desta incerteza. Apesar de não ocorrerem em simpatria e apresentarem haplótipos divergentes em marcadores nucleares e mitocondriais, alguns autores não reconhecem *F. gravida* como uma “espécie boa”, descrevendo-a como um morfotipo de *F. fragum*. Neste trabalho, utilizamos técnicas de representação reduzida do genoma (RADseq) para investigar as relações filogenéticas entre estas duas espécies. Obtivemos conjuntos de dados com até 3.920 polimorfismos de nucleotídeo único (da sigla em inglês SNPs), eutilizando um conjunto de *baits* específico para Hexacorallia também recuperamos 1.867 elementos ultraconservados (da singla em inglês UCEs) através de ferramentas de bioinformática. Utilizando diferentes parâmetros de filtragem foram gerados 15 conjuntos de dados distintos. Independente do tipo de marcador (SNPs ou UCEs) e dos diferentes níveis de filtragem empregados, as duas espécies foram recuperadas como reciprocamente monofiléticas em reconstruções de Máxima Verossimilhança (MV) e Inferência Bayesiana (IB). Os indivíduos de *F. gravida* provenientes do Brasil também formaram um clado monofilético com alto suporte em todas as análises, com o espécime da ilha meio-Atlântica de Ascenção recuperado como uma linhagem distinta. A partir de estimativas dos coeficientes de ancestralidade foram recuperadas quatro populações: *F. fragum*, *F. gravida* da ilha de Ascenção e duas populações de *F. gravida* no Brasil, separando amostras ao norte e ao sul da distribuição. Estes resultados foram utilizados para realizar um teste formal de delimitação de espécies e inferência de árvore de espécies empregando um arcabouço coalescente. A análise de delimitação recuperou os quatro agrupamentos obtidos a partir dos coeficientes de ancestralidade como linhagens distintas com alta probabilidade posterior (PP>0.94). A árvore de espécies também foi bem suportada (PP=0.90), refletindo a topologia obtida nas reconstruções de MV e IB. A Lista Vermelha da IUCN descreve *F. fragum* e *F. gravida* como uma única espécie distribuida do Caribe até as ilhas meio-Atlânticas. Nossos resultados claramente monstram a necessidade de atualizar essa classificação, adicionando *F. gravida* como uma espécie válida cuja distribuição não se sebrepõe à de *F. fragum* e re-avaliando o status de ameaça de ambas as espécies. Nossos resultados também demonstram que, com a disponibilidade de um conjunto de *baits* apropriado, é possível obter UCE *loci* a partir de bibliotecas de RADseq utilizando ferramentas de bioinformática sem a necessidade de sintetizar *baits* específicas para cada projeto.

**Palavras-chave:** RADseq; SNP; UCE; Estrutura populacional; Coalescente; Árvore de espécies.