

PRIMEIRA DESCRIÇÃO CARIOTÍPICA DA AVE CORUÇÃ *Podager nacunda* (AVES, CAPRIMULGIFORMES)

MEDEIROS, FELIPE LOPES¹; CUERVO, VICTOR CRUZ²; TOMA, GUSTAVO
AKIRA³; FRANCA, RAQUELI TERESINHA⁴; ZEFA, EDISON⁵; KRETSCHMER,
RAFAEL⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – medeiros.felipe@ufpel.edu.br

²Universidade Federal de Pelotas – vitorcuervito@gmail.com

³Universidade Federal de São Carlos – gustavo_toma@hotmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – raqueli.franca@ufpel.edu.br

⁵Universidade Federal de Pelotas – ezefa@ufpel.edu.br

⁶Universidade Federal de Pelotas – rafael.kretschmer@ufpel.edu.br

1 INTRODUÇÃO

A ordem Caprimulgiformes, popularmente conhecida como bacuraus, é composta por aves com uma ampla distribuição global, presentes em todos os continentes, exceto nas regiões polares. Apesar de sua vasta distribuição, essas aves são pouco conhecidas, principalmente devido aos seus hábitos noturnos e comportamento discreto. Essa ordem é representada por uma única família, Caprimulgidae, que abriga cerca de 120 espécies descritas (GILL et al., 2024). Apenas dez foram cariotipadas (DEGRANDI et al., 2020), o que representa 8,2% da diversidade do grupo.

Apesar de sua grande diversidade, as aves ainda carecem de estudos aprofundados em comparação com outros grupos. O elevado número diploide, cerca de $2n=80$, e a presença de microcromossomos, pequenos e geralmente numerosos, tornam o estudo desse grupo desafiador (KRETSCHMER et al., 2018). Essas características contribuem para que o número de espécies de aves com cariótipos descritos permaneça significativamente baixo em relação à alta diversidade dessas.

Os Caprimulgiformes estão entre as aves menos estudadas citogeneticamente (NIETO et al., 2012). Os raros estudos realizados sobre as espécies deste táxon revelam características interessantes em seus cariótipos. Nas aves, o sistema sexual ZW geralmente é composto por um cromossomo Z de tamanho grande e um cromossomo W menor, que em alguns casos pode ser classificado como microcromossomo. No entanto, algumas espécies de Caprimulgiformes exibem uma quebra nesse padrão estabelecido, como é o caso de *Nyctibius griseus*, popularmente conhecido como Urutau (NIETO et al., 2012).

Este estudo teve como objetivo descrever o cariótipo do *Podager nacunda*, popularmente conhecido como coruçã, utilizando-se a citogenética clássica, como coloração com Giemsa e Bandamento C, assim como citogenética molecular através da Hibridização *in situ* fluorescente.

2 METODOLOGIA

As suspensões cromossômicas foram obtidas a partir da cultura de fibroblastos de uma fêmea de *P. nacunda*, coletada no município de Pelotas, Rio Grande do Sul, no Núcleo de Reabilitação da Fauna Silvestre (NURFS).

O protocolo para obtenção de cromossomos incluiu tratamento dos fibroblastos com colchicina a 0,05% por 1 h a 37°C, seguido por incubação em solução hipotônica de KCl 0,075 M a 37°C por 15 min. As células foram fixadas em solução de metanol e ácido acético (3:1). O pellet obtido foi armazenado em freezer a -20°C para análises cromossômicas subsequentes.

O número diploide e as morfologias cromossômicas foram determinadas com base em 30 metáfases coradas com Giemsa (5% em tampão fosfato 0,07 M, pH 6,8). A partir dessa análise, as melhores metáfases foram selecionadas e fotografadas para a construção do cariótipo, realizada através do software CorelDRAW PHOTO-PAINT 2021. A análise da distribuição da heterocromatina constitutiva foi conduzida conforme o protocolo descrito por SUMNER et al. (1972) utilizando hidróxido de bário. A hibridização *in situ* fluorescente com sondas de rDNA 18S foi realizada de acordo com DANIELS & DELANY (2003).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O cariótipo dessa espécie é composto por 10 pares de macrocromossomos, incluindo os cromossomos sexuais, e 30 pares de microcromossomos. Os cinco primeiros pares autossômicos exibem morfologia acrocêntrica, caracterizada por dois braços extremamente curtos e os outros dois bastante longos. Os pares autossômicos 6, 7 e 8 são submetacêntricos, enquanto o par 9 é metacêntrico. Os demais cromossomos são telocêntricos.

Os cromossomos sexuais ZW apresentaram morfologia acrocêntrica. Uma característica interessante foi que o cromossomo W da espécie *P. nacunda* é praticamente do mesmo tamanho que o cromossomo Z, característica incomum para espécies de Neoaves. Entretanto, essa característica já foi relatada para algumas espécies isoladas, tais como a caturrita, *Myiopsitta monachus* (Psittaciformes) (FURO et al., 2017), o surucuá-variado, *Trogon surrucura* (Trogoniformes) (DEGRANDI et al., 2017), a galinha-d'água-carijó, *Gallinula melanops* (Gruiformes) (GUNSKI et al., 2019), e o urutau, *N. griseus* (Caprimulgiformes) (DE SOUZA et al., 2020).

Destacamos que *N. griseus* é da mesma ordem que o *P. nacunda*, sendo possível que herdaram características genômicas presentes no último ancestral em comum, que tenham favorecido o aumento do tamanho do cromossomo W. Em contraste, no bacurau-tesoura (*Hydropsalis torquata*), integrante da família Caprimulgidae, o padrão típico foi mantido, com o cromossomo W de tamanho reduzido. Essas variações demonstram o dinamismo da organização e evolução dos cromossomos sexuais entre os Caprimulgiformes.

Apesar dos cromossomos ZW serem muito semelhantes por coloração convencional com Giemsa através do bandamento C, identificou-se que o cromossomo W de *P. nacunda* é quase totalmente heterocromático, enquanto o cromossomo Z não apresentou heterocromatina constitutiva. Assim, esses achados demonstram que o cromossomo W dessa espécie sofreu o acúmulo de sequências repetitivas, que resultou no aumento de seu tamanho. Resultados similares foram encontrados em outras espécies de aves com o tamanho atípico para esse cromossomo (FURO et al., 2017; DEGRANDI et al., 2017; GUNSKI et al., 2019; DE

SOUZA et al., 2020). Além disso, também foram observados blocos de heterocromatina constitutiva nas regiões centroméricas da maioria dos cromossomos autossômicos.

A hibridização *in situ* fluorescente (FISH) utilizando sondas de rDNA 18S resultou na marcação de um par de microcromossomos, resultado comumente observado na maioria das aves Neognathae, como a galinha (*Gallus gallus*, Galliformes). Esse padrão também foi observado em aves mais basais, como as Palaeognathae, exemplificado pelo avestruz, *Struthio camelus* (Struthioniformes) e pela ema, *Rhea americana* (Rheiformes) (Nishida-Umehara et al., 2007). A presença de sequências de rDNA 18S em apenas um par de microcromossomos é considerada o estado ancestral das aves. Nossos resultados reforçam que essa característica é compartilhada pelos Caprimulgiformes, uma vez que a marcação também foi identificada em *H. torquata* e *N. griseus* (DE SOUZA et al., 2020).

4 CONCLUSÃO

Determinamos pela primeira vez o número cromossômico diploide (2n) da espécie *P. nacunda*, que apresenta 80 cromossomos, assim como a maioria das espécies de aves. Este estudo apresenta dados significativos que corroboram com os achados da literatura no que se refere ao número cromossômico e às características peculiares das aves Caprimulgidae. Ressaltamos a necessidade de investigações mais aprofundadas que explorem a diversidade dentro da família, visando compreender melhor os caminhos evolutivos que levaram a espécies a ter cromossomos sexuais atípicos para as aves. Por fim, este estudo representa um passo inicial na compreensão da evolução e organização cromossômica da espécie *P. nacunda*.

5 FINANCIAMENTO

O presente trabalho teve financiamento do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (406747/2023-7).

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

DEGRANDI, T. M. et al. Chromosome Painting in *Trogon s. surrucura* (Aves, Trogoniformes) Reveals a Karyotype Derived by Chromosomal Fissions, Fusions, and Inversions. **Cytogenetic and genome research**, v. 151, n. 4, p. 208–215, 2017.

DE SOUZA, M. S. et al. Repeat Sequence Mapping Shows Different W Chromosome Evolutionary Pathways in Two Caprimulgiformes Families. **Birds**, v. 1, n. 1, p. 19–34, 2020.

FURO, I. O. et al. Chromosomal Mapping of Repetitive DNAs in *Myiopsitta monachus* and *Amazona aestiva* (Psittaciformes, Psittacidae) with Emphasis on the Sex Chromosomes. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 151, n. 3, p. 151–160, 2017.

GILL, F. et al. **IOC World Bird List. World Bird Names**, 2024. Disponível em: <https://www.worldbirdnames.org/new/>. Acesso em: 01 out. 2024.

KRETSCHMER, R. et al. Karyotype morphology suggests that the *Nyctibius griseus* (Gmelin, 1789) carries an ancestral ZW-chromosome pair to the order Caprimulgiformes (Aves). **Comparative Cytogenetics**, v. 6, n. 4, p. 379–387, 2012.

GUNSKI, R. J. et al. Evolution of Bird Sex Chromosomes Narrated by Repetitive Sequences: Unusual W Chromosome Enlargement in *Gallinula melanops* (Aves: Gruiformes: Rallidae). **Cytogenetic and Genome Research**, v. 158, n. 3, p. 152–159, 2019.

NISHIDA-UMEHARA, C. et al. The molecular basis of chromosome orthologies and sex chromosomal differentiation in palaeognathous birds. **Chromosome Research**, v. 15, p. 721–734, 2007.