

## Identificação do sexo de indivíduos de diferentes espécies de corujas e as possíveis correlações com polimorfismos dos genes de visão de cores.

Matheus Tanaka Horn<sup>1,2</sup>, Dora Fix Ventura<sup>1</sup>, Daniela Maria Oliveira Bonci<sup>1</sup>

Instituto de Psicologia/ Universidade de São Paulo<sup>1</sup>

Escola Politécnica/ Universidade de São Paulo<sup>2</sup>

Tanaka91@usp.br

### Objetivos

Realizar a sexagem de quatro espécies de corujas por meio de análise do gene CHD para posteriormente correlacionar esses dados com possíveis diferenças visuais entre machos e fêmeas da mesma espécie.

### Métodos e Procedimentos

Foram avaliados indivíduos de 4 espécies de corujas, todas mantidas na Universidade Federal de Minas Gerais: *Athene cunicularia* (N=23), *Glaucidium brasilianum* (N=4), *Megascops choliba* (N=6) e *Tyto alba* (N=15), com a aprovação do Comissão de Ética de número 39/2011. Uma amostra de galo e outra de galinha foram analisadas como controles positivos. Para a análise genética, foram coletadas penas de cada indivíduo e foi feita a extração do DNA de duas partes das penas: a do cálamo e a do umbículo, utilizando o kit PUREGENE® DNA purification Kit (Gentra Systems) de acordo com o protocolo do fabricante. A técnica de PCR (Reação em Cadeia de Polimerase) [1] foi realizada com o kit Platinum® Taq DNA Polymerase (Life Technologies), seguindo o protocolo do fabricante para amplificar o gene CHD [2] e o gene que expressa o pigmento visual LWS. O processo foi realizado utilizando as amostras de galo e galinha como controles positivos da reação e uma preparação sem amostra de DNA como controle negativo, para controle de contaminação dos reagentes. Os produtos da PCR foram visualizados através da eletroforese em gel de agarose (2%). Após eletroforese, o material genético amplificado foi purificado, utilizando o kit IllustraTM GFXTM PCR DNA and Gel Band purification (GE Healthcare) seguindo o protocolo do fabricante. O sequenciamento das amostras de DNA foi realizado com o kit Big Dye Terminator (Life Technologies) utilizando o sequenciador

3500xL (Life Technologies) do Instituto Israelita de Ensino e Pesquisa Albert Einstein, em São Paulo.

### Resultados

O sequenciamento forneceu resultados satisfatórios para determinar a sexagem. As amostras de galo e galinha foram utilizadas como base de comparação para as corujas, uma vez que galos são homozigóticos e galinhas são heterozigóticas e o sequenciamento forneceu um resultado coerente. Além do galo e da galinha, foram sequenciados 6 indivíduos da espécie *M. choliba*, 4 da espécie *G. brasilianum*, e 1 indivíduo de *T. alba* e de *A. cunicularia* para o gene CHD. Para o gene LWS foram sequenciadas duas amostras da espécie *M. choliba* (1 macho e 1 fêmea) e não houve diferença entre as sequências obtidas.

### Conclusões

De acordo com os resultados obtidos, pode-se utilizar o método de sequenciamento para determinar o sexo dos indivíduos estudados de coruja, ou seja, estudos baseados em diferenças sexuais de corujas podem aplicar este método para diferenciar os indivíduos dentro de uma mesma espécie. Não foram observadas diferenças no gene das opsinas em indivíduos de sexos diferentes da espécie *M. choliba*. Outros estudos são necessários para investigar as demais espécies.

### Referências Bibliográficas

- [1] Vieira, J. N., Coelho, E. G. A., Teixeira, C. S., & Oliveira, D. A. A. (2012). PCR como técnica para sexagem molecular em aves. *Rev. Bras. Reprod. Anim.*, Belo Horizonte, 36(3), 199–201.
- [2] Çerit, H., & Avanus, K. (2007). Sex determination by CHDW and CHDZ genes of avian sex chromosomes in *Nymphaicus hollandicus*. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 31(6), 371–374.