

**ESTUDO DO COMPLEMENTO CROMOSSÔMICO DE
ALGUMAS ESPÉCIES DA FAMÍLIA RALLIDAE
(GRUIFORMES)**

LISETE CHAMMA DAVIDE

Orientadora: MARGARIDA L. R. DE ÁGUIAR PERECIN

Dissertação apresentada à Escola Superior de
Agricultura "Luz de Queiroz", da Universidade
de São Paulo, para obtenção do título de Mestre
em Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Fevereiro, 1979

À

Herminia, minha mãe

Tufo, meu pai

meus irmãos,

OFEREÇO

Ao

Cláudio,

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A todos que direta ou indiretamente colaboraram para a realização desse trabalho queremos agradecer e, em especial:

- À Profa. Dra. *Margarida Lopes Rodrigues de Aguiar Pêrecin*, pela orientação, exemplo e estímulo constantes.

- Ao Prof. Dr. *Edmundo José de Lucca*, do Instituto Básico de Biologia Médica e Agrícola do Campus Universitário de Botucatu (UNESP), pela nossa iniciação neste campo de pesquisa, incentivo e coleta de alguns espécimes.

- Ao Eng^o Agrônomo *Antonio Cláudio Davide*, pelo incentivo, colaboração e carinhos constantes.

- Ao Instituto de Genética da ESALQ/USP, na pessoa de seu Diretor Prof. Dr. *Ernesto Paterniani*, pela contribuição para nossa formação científica.

- Aos professores que participaram da nossa formação científica.

- Ao Dr. *Hélio Ferraz de Almeida Camargo*, do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, pela identificação dos espécimes analisados, bem como pela complementação da nomenclatura das espécies mencionadas no Histórico.

- Ao Prof. *Clauser de Souza Duarte*, chefe do Departamento de Biologia da Escola Superior de Agricultura de Lavras, pela disponibilidade, revisão do manuscrito e sugestões.

- Ao Prof. Dr. *Magno Antonio Patto Ramalho*, da Escola Superior de Agricultura de Lavras, pela atenção e sugestões.

.iv.

- Ao Prof. Dr. *Gerhard Bandel*, pela leitura do manuscrito e sugestões.

- Aos *colegas* do curso de Pós-Graduação, pela convivência e alegrias.

- Aos *Funcionários* do Instituto de Genética, pela amizade e serviços prestados.

- Ao Sr. *José Broglio*, pela atenção e serviços prestados.

- Aos *Famíliares e Amigos* pelo carinho, apoio e compreensão.

- Ao *CNPq* pelo auxílio concedido para a realização desse trabalho.

- À Sra. *Sônia Novaes Rasera*, pelos trabalhos de datilografia.

ÍNDICE

	<u>página</u>
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1. Metodologias utilizadas no estudo citogenético das Aves	5
3.2. Número e morfologia dos cromossomos	7
3.2.1. Número de cromossomos	7
3.2.2. Morfologia dos cromossomos	8
3.3. Microcromossomos	10
3.4. Cromossomos sexuais	13
3.5. Conteúdo de DNA	17
3.6. Rearranjos cromossômicos e especiação	18
3.7. Considerações sobre a Ordem Gruiformes	21
4. MATERIAL E MÉTODOS	27
4.1. Material	27
4.2. Métodos	29
4.2.1. Técnica de esmagamento de tecidos	29
4.2.2. Técnica de suspensão de células	30
4.2.3. Análise das lâminas	31
4.2.4. Microfotografias	31
4.2.5. Análise morfológica dos cromossomos	32
5. RESULTADOS	34
5.1. <i>Aramides cajanea</i> (P.L.S. Müller, 1776)	34
5.2. <i>Aramides saracura</i> (Spix, 1825)	36
5.3. <i>Porzana albicollis</i> (Vieillot, 1819)	38
5.4. <i>Laterallus viridis</i> (P.L.S. Müller, 1776)	40
5.5. <i>Porphyrolla martinica</i> (Linnaeus, 1766)	42

6. DISCUSSÃO	48
6.1. Número de cromossomos	48
6.2. Morfologia dos cromossomos	49
6.3. Cromossomos sexuais	52
6.4. Conteúdo de DNA	54
6.5. Espécies relacionadas com Gruiformes	55
7. CONCLUSÕES	57
8. SUMMARY	61
9. LITERATURA CITADA	63
APÊNDICE	73

"CURRICULUM VITAE"

LISETE CHAMMA DAVIDE, nascida a 29 de junho de 1953, na cidade de Piracicaba (SP), formada em Ciências Biológicas pela Faculdade de Ciências Médicas e Biológicas de Botucatu, no ano de 1975.

Em 1976, iniciou o curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo.

Em julho de 1978, foi contratada pela Escola Superior de Agricultura de Lavras, junto ao Departamento de Biologia, para exercer atividades de ensino e pesquisa.

1. RESUMO

Analisamos o complemento cromossômico de 5 espécies da família Rallidae: *Aramides cajanea* ($2n = 78$), *Aramides saracura* ($2n = 80$), *Porzana albicollis* ($2n = 72$), *Lateralallus viridis* ($2n = 76$) e *Porphyryula martinica* ($2n = 74$). Nas espécies *P. albicollis* e *P. martinica*, além das metáfases mitóticas observamos metáfases meióticas com 36 e 37 bivalentes, respectivamente.

O presente trabalho pretende elucidar aspectos sobre a constituição cromossômica e a natureza dos mecanismos evolutivos que devem ter ocorrido nas aves estudadas e pela comparação dos dados obtidos, acrescentar à literatura, algumas informações sobre evolução do cariótipo em Gruiformes.

Para esse estudo utilizamos os métodos de esmagamento de tecidos e suspensão de células, com o emprêgo de pré-tratamento do material com colchicina e solução hipotônica.

O cromossomo Z é bastante semelhante quanto a morfologia e comprimento relativo, enquanto que o W apresenta maiores variações quanto a esses dois aspectos.

A comparação da morfologia dos 6 maiores cromossomos das espécies de Rallidae já estudadas, mostra diferenças que podem ser explicadas por inversões pericêntricas.

Porzana albicollis, a única espécie que já havia sido estudada por AGUIAR (1968), parece apresentar polimorfismo cromossômico no 5º par, o qual pode apresentar-se como metacêntrico ou submetacêntrico.

Sobre o conteúdo de DNA, nossos dados, embora grosseiros, indicam uma certa uniformidade nas espécies estudadas, uma vez que a variação do lote diplóide foi de 80,6µ a 87,9 µ. Portanto, na evolução cariotípica da Ordem Gruiformes, devem ter predominado os rearranjos estruturais nos cromossomos, sem alterações significativas na quantidade do DNA.

Nossos dados e aqueles obtidos por BOER (1976) sobre espécies de Cathartidae (Falconiformes), Phoenicopteriformes e Gruiformes, mostram semelhanças cariotípicas as quais parecem indicar que estas espécies evoluíram a partir de um ancestral comum.

2. INTRODUÇÃO

Uma melhor compreensão dos mecanismos que influem na especiação bem como das relações filogenéticas que ocorrem entre os grupos atuais pode lançar uma nova luz sobre os problemas taxonômicos.

A contribuição da citogenética para os estudos de evolução se reveste da maior importância, uma vez que as transformações evolutivas envolvem os cromossomos de diversas maneiras. O material genético pode sofrer mutações gênicas as quais não alteram a quantidade e o tipo de DNA das espécies. Por outro lado, podem ocorrer rearranjos estruturais e numéricos nos cromossomos, os quais conduzem a variações cariotípicas aparentes, tornando possíveis estudos desta natureza.

Pesquisas citotaxonômicas tem produzido resultados significativos em vários grupos de animais. Na classe Aves no entanto, este estudo é dificultado pelas características dos cariótipos de suas espécies. O complemento cromossômico desta classe é representado na maioria das espécies por poucos macrocromossomos e um grande número de microcromossomos, cujo tamanho se aproxima muito do limite de resolução do microscópio.

O melhoramento das técnicas citogenéticas, no entanto, tem tornado possível estudos mais precisos e seguros dos cariótipos e um maior número de espécies estão sendo estudadas.

Os estudos cariotípicos realizados até o momento sugerem que durante o processo evolutivo parecem ter ocorrido rearranjos estruturais nos cromossomos, com maior frequência em certas Ordens que em outras. Nas Ordens Anseriformes e Galliformes, parecem predominar as mutações gênicas uma vez que espécies de famílias diferentes apresentam cariótipos semelhantes (AGUIAR, 1968 e HAMMAR, 1966 e 1970). Nas Ordens Gruiformes (AGUIAR, 1968; BOER, 1976), Columbiformes (AGUIAR, 1968; LUCCA, 1972; LUCCA e AGUIAR, 1976), Passeriformes e Charadriiformes (HAMMAR, 1970 e HAMMAR e HERLIN, 1975), Falconiformes (BOER, 1975 e 1976; AU et alii, 1975), ocorreram com maior frequência rearranjos estruturais que teriam causado diferenças mais aparentes no cariótipo das várias espécies analisadas.

Sendo nossa fauna rica em espécies pertencentes à ordem Gruiformes, a análise dos cariótipos de suas espécies traz informações que poderão auxiliar nos estudos taxonômicos destas e outras espécies relacionadas.

O presente trabalho pretende elucidar aspectos sobre o número de cromossomos e a natureza dos mecanismos evolutivos que devem ter ocorrido em algumas espécies da família Rallidae (Gruiformes) e estabelecer as relações taxonômicas entre elas e outras espécies relacionadas.

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1. Metodologias utilizadas no estudo citogenético das Aves

Os mecanismos de evolução cariotípica na classe Aves puderam ser mais facilmente entendidos a partir das duas últimas décadas, quando houve um grande desenvolvimento das técnicas no campo da citogenética de mamíferos e, de modo especial, da citogenética humana.

Nas Aves, estudos dessa natureza eram dificultados principalmente pelas características dos cariótipos de suas espécies. A presença de um grande número de microcromossomos dificultou muito a preparação de figuras metafásicas nítidas pois eles tendem a ficar muito juntos na placa metafásica. Esta dificuldade só mais tarde foi contornada com o uso do pré-tratamento com colchicina e do choque hipotônico que possibilita um maior espalhamento dos cromossomos, o que permite uma análise cariotípica mais precisa.

Metáfases mitóticas podem ser obtidas a partir de órgãos como o baço, fígado, rim pulmão, empregando as técnicas de esmagamento ou cultura de tecidos. Entretanto, variações tem surgido com o intuito de se obter melhores prepa-

rações. Alguns autores tem utilizado como fonte de metáfases células de medula óssea (*RAY-CHAUDHURI, 1967; AGUIAR, 1968; PRASAD e PATNAIK, 1977*), como também células da polpa da pena, as quais podem proporcionar boas metáfases sem a necessidade do sacrifício do animal (*KRISHAN, 1962a; KRISHAN et alii, 1965; SASAKI et alii, 1968; THEODORESCU, 1975*). Em algumas espécies, ovos fertilizados são obtidos para incubação em laboratório e após 24 a 72 horas de desenvolvimento um alto índice mitótico pode ser encontrado (*BLOOM e BUSS, 1967*).

As análises citogenéticas das metáfases meióticas são úteis para o reconhecimento de mudanças estruturais, pareamento de homólogos e frequência de quiasmas (*SHOFFNER et alii, 1967*). Nas espécies onde o número de microcromossomos é grande, a contagem dos mesmos fica facilitada pela análise dos bivalentes das metáfases meióticas (*KRISHAN, 1963, 1964; RAY-CHAUDHURI, 1967, 1976*).

Recentemente técnicas como as de bandeamento e hibridização de DNA tem sido empregadas em alguns trabalhos sobre citogenética de Aves. Os métodos de diferenciação longitudinal dos cromossomos tem sido utilizados para a identificação de cromossomos e de regiões específicas dos mesmos. Através dos padrões de bandas G, por exemplo, foi possível determinar os pontos de quebra e ligação nos rearranjos cromossômicos (*WANG e SHOFFNER, 1974*) e identificar cerca de 8 microcromossomos (*SCHNEDL, 1973*). *STEFOS e ARRIGHI (1971)* observaram grande variação na localização e quantidade de heterocromatina constitutiva (Bandas C) entre 8 espécies de aves. Essas regiões heterocromáticas parecem representar sequências repetidas de DNA e devem ter significado como barreira reprodutiva entre as espécies. As autoras verificaram que o cromossomo W aparece heterocromático através dessa técnica. Os macrocromossomos possuem pequena quantidade de heterocromatina, mas mostram padrões característicos de bandas G e Q (*SCH-*

NEDL, 1973).

BRONN e JONES (1972), por meio da técnica de hibridização "in situ", mostraram que os microcromossomos de *Coturnix coturnix japonica* contem DNA satélite ricamente repetitivo e rico em guanina e citosina. SHIELDS e STRAUS (1975) utilizaram a técnica de hibridização e verificaram que entre as espécies do gênero *Junco* não houve divergência, no entanto, houve grandes variações quanto as sequências de nucleotídeos entre essas espécies e outras pouco relacionadas.

O aprimoramento e a aplicação destas técnicas modernas em outras espécies de Aves contribuirá para a distinção de outras diferenças cromossômicas não detectáveis até o momento.

3.2. Número e Morfologia dos Cromossomos

3.2.1. Número de cromossomos

Segundo SHOFFNER (1977), o número de cromossomos é uma característica ineficiente para a diferenciação entre cariótipos de aves, devido a dificuldade para a contagem dos menores elementos.

A inconstância no número de cromossomos em uma espécie parece estar relacionada com o emprego de técnicas inadequadas (OHNO, 1961; KRISHAN, 1962b; RAY-CHAUDHURI, 1967; RENZONI e VEGNI-TALLURI, 1966; ITOH et alii, 1969).

BLOOM (1969) realizou uma lista sobre as variações no número de cromossomos de aves da subclasse *Carinatae* e encontrou uma média de 80 cromossomos, dentro de uma variação que foi de 52 a 92 cromossomos. Das espécies analisadas, 77% apresentaram entre 76 e 84 cromossomos.

SHOFFNER (1974), calculou que o número médio de cromossomos para 112 espécies de aves é 77,7. Destas, *Falco tinnunculus* (RENZONI e VEGNI-TALLURI, 1966) apresentou o menor número ($2n = 56$) e *Gallinago gallinago* (HAMMAR, 1970), o mais alto com $2n = 98$.

Entre as aves da subclasse *Carinatae* que se encontram perto do menor limite em relação ao número de cromossomos estão: *Melopsittacus undulatus* com 58 cromossomos (van BRINK, 1959 e ROTHFELS et alii, 1963) e os Lariformes *Larus argentus*, *L. crassirostris* e *Sternula albifrons* com número de plóide igual a 66, 64 e 66 respectivamente (OGUMA, 1937 e UDAGAWA, 1954, apud RENZONI e VEGNI-TALLURI, 1966). Até o momento, *Cariana cristata* (Gruiformes) apresentou o maior número de cromossomos, AGUIAR (1968) estimou que seu complemento apresenta pelo menos 110 cromossomos.

RENZONI e VEGNI-TALLURI (1966) e TAKAGI e SASAKI (1974) verificaram que as espécies com menores números de cromossomos têm mais cromossomos metacêntricos ou submetacêntricos, enquanto que aquelas com números mais altos apresentam uma maioria de acrocêntricos. No entanto, os primeiros autores afirmam que a posição dos centrômeros não pode ser considerada como regra, uma vez que em *Falco tinnunculus* que apresenta 52 cromossomos, podem ser contados 5 pares acrocêntricos, enquanto que em *Buteo buteo* somente 1 ou 2 pares de acrocêntricos são encontrados entre 68 cromossomos. A espécie *Tyto alba*, com 92 cromossomos apresenta somente cromossomos acrocêntricos exceto para um dos menores pares.

3.2.2. Morfologia dos cromossomos

Através de observações baseadas em um grande número de espécies que possuem configurações características dos macrocromossomos, OHNO et alii (1964), postularam que as

aves tem um cariótipo uniforme e conservador. Vários estudos tem confirmado essa homogeneidade morfológica (HAMMAR, 1966; JOVANOVIĆ e ATKINS, 1969; PICCINNI e STELLA, 1970; WHITE, 1973; TAKAGI e SASAKI, 1974; LUCCA, 1974; HAMMAR e HERLIN, 1975; THEODORESCU, 1975).

WHITE (1973), fêz uma análise comparativa entre 116 espécies de aves e verificou que esses animais possuíam um cariótipo extremamente conservador.

SHOFFNER (1974 apud SHOFFNER, 1977) reuniu informações cariótipicas dos cromossomos de cerca de 100 espécies e encontrou que aproximadamente 90% tinha o primeiro par metacêntrico, cerca de 80% possuía cromossomo 3 acrocêntrico; e a maioria das espécies apresentava o sétimo par e os acima dele, acrocêntricos. O autor verificou também que o cromossomo Z era geralmente metacêntrico e o quarto ou quinto em tamanho.

Através da técnica de bandeamento G em cromossomos de muitas espécies de aves, TAKAGI e SASAKI (1974) verificaram que a maioria delas tinha os três maiores pares de cromossomos morfológicamente correspondentes, sendo os pares 1 e 2 metacêntricos ou submetacêntricos e o de número 3 subtelocêntrico ou telocêntrico.

A maior ou menor semelhança na morfologia dos cromossomos de espécies próximas parece variar conforme a Ordem.

HAMMAR (1966, 1967 e 1970) verificou que espécies próximas têm os mesmos cariótipos nas metáfases somáticas, mas diferentes padrões heterocromáticos; o que o levou a sugerir que as aves devem ter desenvolvido um sistema de especiação baseado na inativação de diferentes partes cromossômicas.

HAMMAR e HERLIN (1975) sugeriram que dentro de algumas espécies de aves o polimorfismo cromossômico é proveniente de inversões pericêntricas.

Em Passeriformes, os dados da literatura referentes à análise de diferentes famílias mostram, de um modo geral, diferenças significativas entre os cariótipos das diversas espécies estudadas. Trabalhos recentes (*BULATOVA e PANOV, 1973; TAKAGI e SASAKI, 1974; HAMMAR e HERLIN, 1975 e LUCCA e CHAMMA, 1977*) admitem que nesta Ordem, devem ter predominado os mecanismos de inversões pericêntricas durante a evolução.

Uma característica diferente das 16 espécies de aves de rapina diurnas, pertencentes à Ordem Falconiformes, é o fato delas constituírem um grupo com cariótipos muito heterogêneos, como ainda não foi observado na classe Aves. Entre os Falconiformes, foram verificados quatro grupos cariologicamente diferentes (*BOER, 1975 e 1976*).

3.3. Microcromossomos

Os microcromossomos não são exclusivos da classe Aves. Entre os Répteis, *van BRINK (1959)* observou variação no número de cromossomos extremamente pequenos nas Ordens Crocodilia, Ophidia, Lacertilia e Chelônia. A mesma autora também encontrou microcromossomos na Ordem Monotremata (Mammalia).

Na maioria das espécies de aves os microcromossomos ocorrem em abundância e frequentemente aproximam-se do limite de resolução do microscópio. Desta maneira, houve uma tendência por *NEWCOMER e BRANDT (1954)* e *NEWCOMER (1957)* em classificá-los não como cromossomos verdadeiros, mas sim como

estruturas acessórias inconstantes denominadas cromossomóides.

Em 1956, *van BRINK e UBBELS* consideraram que em *Gallus gallus* o número diplóide deveria estar ao redor de 78 cromossomos devido a variação encontrada nas contagens (67 a 82 cromossomos).

Em 1959, *van BRINK*, além de investigar novamente *Gallus gallus*, analisou o complemento cromossômico de *Melopsittacus undulatus* e *Passer domesticus*. Nas duas últimas espécies, os números diplóides mais frequentes foram respectivamente 58 e 78 cromossomos. A autora pôde observar também a localização do centrômero em alguns microcromossomos. Essa observação foi mais tarde confirmada por *BEÇAK (1964 apud LUCCA, 1977)* para microcromossomos de ofídios e por *AGUIAR (1968) e LUCCA (1972)* ao analisarem o cariótipo de várias espécies de Aves. Portanto não é aceitável para esses microcromossomos a hipótese de centrômero difuso proposta por *NEWCOMER e BRANDT (1954)*.

OHNO (1961), analisou metáfases mitóticas e meióticas de *Gallus domesticus* e verificou que os microcromossomos representavam cromossomos verdadeiros, pois em várias fases da mitose e meiose mantinham sua individualidade, nunca apresentavam heteropicnose, e no paquinema apresentavam pareamento e padrões cromoméricos normais.

OHNO et alii (1962) verificaram que cerca de doze microcromossomos se encontravam sempre associados com o nucléolo nas prófases de *Gallus domesticus*. Os autores concluíram que os microcromossomos participavam da organização do nucléolo. Mais tarde, *RENZONI e VEGNI-TALLURI (1966)* observaram o mesmo em *Tyto alba*.

Muitos trabalhos confirmaram a natureza cromossômica dos menores elementos. *KRISHAN (1964)*, *RAY-CHAUDHURI*

(1967 e 1976), verificaram a formação de quiasmas regulares nestes elementos.

VEGNI-TALLURI e VEGNI (1965), sugerem que as variações no número de cromossomos são devidas a perdas e sobreposições dos cromossomos.

Estudando microcromossomos em fibroblastos de *Coturnix coturnix japonica*, *COMINGS e MATTOCCIA (1971)*, observaram que eles mostravam-se heterocromáticos e organizadores do nucléolo, e, por autorradiografia apresentavam replicação tardia. Portanto, parecem diferir dos microcromossomos de galinha os quais também são organizadores de nucléolo, mas não são heterocromáticos (*OHNO, 1961 e OHNO et alii, 1962*) e nem replicam-se tardiamente (*SCHIMID, 1962; DONNELLY e NEWCOMER, 1963; CLEMENT, 1969 e 1970*).

COMINGS e MATTOCCIA (1971) interrogam o porque da existência de microcromossomos em aves e porque eles são organizadores de nucléolos. Os autores acreditam que os microcromossomos de *C. coturnix japonica* devem apresentar DNA ribossômico, o qual pode conferir a esta espécie alguma flexibilidade na regulação do número de genes responsáveis pela síntese de RNA ribossômico, com pouco efeito para o resto do genoma.

Nem todas as espécies de aves apresentam número alto de microcromossomos. *BOER (1976)* verificou que em 16 espécies de Falconiformes, o número desses elementos variou entre 8 e 40. Várias espécies da família *Accipitridae* foram analisadas, e nelas somente 8 microcromossomos foram encontrados (*TAKAGI e SASAKI, 1974; BOER, 1975 e 1976*). Nesta família, são encontrados geralmente um ou dois pares de cromossomos satélites, os quais poderiam ter papel na organização do nucléolo (*BOER, 1976*), e portanto, apresentarem uma função que tem sido atribuída aos microcromossomos em outras aves.

Outra especulação sobre os microcromossomos foi feita por *SHOFFNER (1974)*. De acordo com o autor, eles representam um sistema ineficiente porque um maior número de centrômeros e fibras do fuso são necessárias do que se houvessem poucos e maiores cromossomos. O autor acredita que devam existir características adaptativas como blocos de ligação favoráveis nos pequenos cromossomos, ou alguma função que pudesse ser perdida pela agregação em elementos maiores. A seleção natural deve agir de maneira a manter a mesma configuração.

LUCCA (1977) em uma revisão sobre microcromossomos sugere, baseado na hipótese de *COMINGS e MATTOCCIA (1971)* e na presença de heterocromatina nos microelementos (*STEFOS e ARRIGHI, 1971*), que poderia ocorrer uma certa variação no número de cromossomos das aves, principalmente de microcromossomos, como ocorre em algumas espécies animais e vegetais (cromossomos B). *BULATOVA e PANOV (1973)*, no entanto, relatam a estabilidade no número de microcromossomos em aves a despeito do grande número (60) destes.

Ao lado da especulação sobre a função dos microcromossomos, eles continuam a ser uma preocupação para os citogeneticistas pois é muito difícil, se não impossível, identificá-los individualmente, como também obter contagem segura dos mesmos.

3.4. Cromossomos sexuais

Devido as deficiências das técnicas de fixação houve muita controvérsia em torno dos cromossomos sexuais e sobre o tipo de digametia nas Aves.

Os trabalhos iniciais sugeriam que a digametia

feminina era do tipo Z O, ou se Z W, não era possível identificar o cromossomo W.

Segundo HANCE, GOLDSMITH, SHIWAGO, AKKERINGA, POPOFF, SCACCINI e WHITE (apud MATTHEY, 1949), em galinha o cromossomo Z correspondia ao primeiro par, o mesmo afirmando OGUMA e HANCE para os pombos (apud MATTHEY, 1949). Para outros autores, o quinto par metacêntrico em galinha é que seria o sexual Z: SUSUKI, UNGER, SOKOLOW, MILLER e OGUMA (apud MATTHEY, 1949) e YAMASHINA (1944) e nos pombos este par correspondia ao quarto metacêntrico: PAINTER e COLE (apud van BRINK, 1959), YAMASHINA e MAKINO (apud MATTHEY, 1949). JENTSCH (apud MATTHEY, 1949) mencionou a presença de um cromossomo W na fêmea de *Melopsittacus undulatus* e SHIWAGO (apud MATTHEY, 1949), em *Meleagris gallopavo* e *Gallus gallus domesticus*.

Em 1956, van BRINK e UBBELS voltaram a investigar sobre a questão da digametia e identificaram em galinha o quinto par como sendo o sexual Z e sugeriram que se existisse um cromossomo W este deveria estar entre os microcromossomos.

O primeiro autor a demonstrar a presença de um cromossomo W em aves foi FREDERIC (1961). Em 1962, SCHMID, por meio da autorradiografia apresentou evidência do cromossomo W em *Gallus domesticus*. A marcação pela timidina tritiada era intensa e comparativamente tardia em um pequeno cromossomo metacêntrico, sugerindo ser o W descrito por FREDERIC.

Dai para cá, vários autores evidenciaram a presença de um cromossomo W em fêmeas de diferentes espécies de aves (ROTHFELS *et alii*, 1963; OHNO *et alii*, 1964; VEGNI-TALLURI e VEGNI, 1965; KRISHAN *et alii*, 1965; RAY-CHAUDHURI *et alii*, 1966; HAMMAR, 1966 e 1970; RAY-CHAUDHURI, 1967; AGUIAR, 1968; BLOOM, 1969; JOVANIC e ATIKINS, 1969; ITOH *et alii*, 1969; SRIVASTAVA e MISRA, 1971; BULATOVA e PANOV, 1973; LUCCA, 1972 e 1974).

Na maioria das espécies analisadas até o momento, o cromossomo Z corresponde ao 4º (OHNO *et alii*, 1964; TAKAGI e MAKINO, 1966; BLOOM, 1969) ou ao 5º par (BLOOM, 1969; KRISHAN, 1963). No entanto em algumas espécies da Ordem Falconiformes (BOER, 1975 e 1976), da família *Alaudidae* (BULATOVA e PANOV, 1973) e da Ordem Strigiformes (RENZONI e VEGNI-TALLURI, 1966) o Z mostrou-se equivalente em tamanho ao 1º par.

O cromossomo W, na maioria das espécies analisadas corresponde em tamanho ao 8º e 9º par. No entanto, em algumas espécies o W foi observado com tamanho tão grande quanto o Z. Em *Tyto alba*, o W é maior que todos os autossomos e somente menor que o cromossomo Z (RENZONI e VEGNI-TALLURI, 1966). Em *Ardeola gravis* (Ciconiformes) o cromossomo W, se não maior é pelo menos igual em tamanho ao cromossomo Z. Segundo RAY-CHAUDHURI (1976), é o maior cromossomo W já reportado entre as espécies de Aves.

OHNO *et alii* (1964) sugeriram que o cromossomo Z das Aves não sofreu praticamente mudanças no tamanho durante a evolução. Essa observação é também sugerida em estudos recentes (AGUIAR, 1968; RAY-CHAUDHURI, 1973, 1976; LUCCA e AGUIAR, 1976; PRASAD e PATNAIK, 1977 e LUCCA, 1978). Durante a especiação, o cromossomo sexual Z sofreu alterações morfológicas.

O cromossomo W, além de variar quanto a morfologia de metacêntrico a telocêntrico, também apresentou variação no tamanho em diferentes espécies. LUCCA (1978) em uma revisão sobre determinação cromossômica do sexo nas Aves, sugere que a grande variação na morfologia e tamanho do W indica os estágios de diferenciação deste cromossomo, mostrando que ele passou por maiores modificações na evolução cariotípica das Aves do que o cromossomo Z (AGUIAR, 1968; LUCCA, 1972;

PRASAD e PATNAIK, 1977).

STEFOS e ARRIGHI (1971); WANG e SHOFFNER (1974); AU et alii (1975); STOCK e MENDGEN (1975), através de técnicas especiais de coloração dos cromossomos mostraram que o W é heterocromático da mesma forma como o são vários microcromossomos.

O cromossomo W, distintamente do Z, replica tardiamente o seu DNA na intérfase. Essa observação foi feita por SCHMID (1962) em galinhas; GALTON e BREDBURY (1966) em *Columba livia*; TAKAGI (1972) em espécies da Ordem Passeriformes, além de outros. Em nenhum trabalho foi encontrada replicação tardia para o cromossomo Z.

A natureza do DNA do cromossomo W foi estudada por STEFOS e ARRIGHI (1974), para *Gallus domesticus*, que demonstraram que cerca de 17% do genoma da galinha é composto por DNA repetitivo e que o cromossomo W apresenta em seu conteúdo grande quantidade deste tipo de DNA.

Apesar das fêmeas de galinhas apresentarem histocompatibilidade antigênica análoga ao antígeno Y de mamíferos (GILMOUR, 1967 e BACON e CRAIG, 1969; apud LUCCA, 1978); LUCCA (1978) sugere que seria precipitado concluir que a variabilidade na resposta dos machos a diferenças na competência imunológica como sendo devida a ausência do W, preferindo concluir que o W é um cromossomo geneticamente inativo.

Os aspectos relacionados anteriormente com respeito aos cromossomos sexuais referem-se às espécies estudadas pertencentes à subclasse *Carinatae*. Até o momento as aves da subclasse *Ratitae* que tiveram seus cariótipos analisados, não apresentaram cromossomos sexuais morfologicamente diferenciados (SASAKI et alii, 1968; ITOH et alii, 1969; TAKAGI et alii, 1972).

Segundo *LUCCA (1978)*, a ocorrência ocasional de um cromossomo W grande em Carinatae e a não existência de cromossomos sexuais diferenciados em Ratitae parece sugerir que o par sexual dos ancestrais das aves conservou-se homomórfico, pelo menos em algumas Ratitae, sem posterior diferenciação.

3.5. Conteúdo de DNA

Os fósseis de *Archaeopteryx macura* e *Archaeornis siemensii* parecem representar evidências de que os Répteis e as Aves apresentaram um ancestral comum. Entre outras características, a classe Aves e a Ordem Squamata dos Répteis, têm em comum uma linhagem cromossômica semelhante (*SHOFFNER, 1974*).

O conteúdo de DNA dos cromossomos das espécies de serpentes e das aves da subclasse Carinatae é muito semelhante e representa cerca de 50% do DNA nuclear dos mamíferos placentários (*OHNO et alii, 1964; ATIKIN et alii, 1965; REES e JONES, 1972*). Cerca de 65% do DNA nuclear das Aves é representado por DNA de sequência única (*SHIELDS e STRAUS, 1975; apud SHOFFNER, 1977*) e o restante é do tipo sequência repetitiva.

Uma estimativa mais alta, de 3,6 picogramas de DNA, foi observada para 23 espécies de aves através de citofotometria (*BACHMANN et alii, 1972*). Houve pouca variação entre as 23 espécies das várias ordens analisadas. Segundo os autores, existe uma correlação negativa na especiação quanto ao tamanho do genoma. Assim, grupos com grandes genomas tem poucos representantes vivos, enquanto que grupos com pequenos genomas devem ter grande número de espécies vivas. *BACHMANN et alii (1972)*, propõem ainda, que "a classe Aves é provavel-

mente, morfológica, física e bioquimicamente mais especializada que outras classes de vertebrados". Isto porque, com excessão dos peixes ósseos, elas tem formado mais espécies que outros vertebrados, a partir de um padrão básico. Os autores afirmam também que essa intensa especiação correlacionada com o pequeno genoma, faz das aves representantes ideais para investigações sobre a evolução dos genomas.

AGUIAR (1968) verificou que o complemento do lote diplóide em espécies de várias Ordens é bastante uniforme, o que a levou a sugerir que a evolução em Aves ocorreu sem alterações significativas na quantidade de DNA. A mesma afirmação foi feita por *LUCCA (1972)* para a Ordem Columbiformes.

FERREIRA, AGUIAR e LIMA (não publicado) verificaram que o conteúdo de DNA de *Columba cayenensis* diferiu significativamente do conteúdo de DNA de outras espécies pertencentes a várias Ordens. *LUCCA e AGUIAR (1976)*, sugerem que um alto conteúdo de heterocromatina pode ser o responsável pela diferença.

Técnicas de diferenciação longitudinal poderiam ser utilizadas para se verificar a natureza da diferença na quantidade de DNA entre espécies diferentes.

3.6. Rearranjos cromossômicos e especiação

As alterações que ocorrem nos cariótipos dos seres vivos parecem representar fenômenos muito importantes para a especiação. Análises comparativas entre cariótipos de espécies próximas poderão elucidar o tipo de rearranjo cromossômico e a frequência com que eles ocorreram durante a especiação.

Nem todas as alterações que ocorreram são fixadas, entretanto, algumas delas podem trazer vantagens seletivas, uma vez que concedem variabilidade às espécies, quer como mecanismos de isolamento, quer na produção de novos supergenes.

Na classe Aves, uma revisão da literatura mostra que a especiação tem ocorrido sem grandes modificações na maioria das Ordens. No entanto, em alguns grupos, rearranjos cromossômicos têm ocorrido com maior frequência durante a evolução.

A euploidia e aneuploidia podem causar alterações no número de cromossomos, e as translocações, inversões pericêntricas, as quebras com deleções e duplicações podem ser responsabilizadas pelas mudanças na forma dos cromossomos. As fusões e fissões cêntricas podem causar alterações tanto no número como na morfologia dos cromossomos.

Nas Aves os processos de euploidia e aneuploidia têm sido evidenciados muito raramente e com pouco sucesso. Segundo *SHOFFNER (1977)*, esses rearranjos provavelmente não são significativos para a evolução cromossômica desse grupo de animais.

Entre os rearranjos estruturais, as inversões têm sido detectadas com maior frequência nas espécies de aves analisadas. Inversões pericêntricas têm sido sugeridas nas Ordens Passeriformes (*THORNEYCROFT, 1966; HAMMAR e HERLIN, 1975; PRASAD e PATNAIK, 1977*), Charadriiformes (*HAMMAR e HERLIN, 1975*), Falconiformes (*SHIELDS, 1973*) e Columbiformes (*LUCCA e AGUIAR, 1976*).

Os dois tipos de rearranjos que têm desempenhado papel importante na evolução cariotípica são as fusões e fissões cêntricas. Com exceção da poliploidia, que desempe-

nhou papel preponderante nos vegetais, porém não nos animais, esses são os mecanismos principais através dos quais o número dos cromossomos se modificaram durante a evolução (WHITE, 1973). Apesar da alteração no número de cromossomos, o número de braços cromossômicos (número fundamental) resultantes das fusões e fissões cêntricas não variam com relação ao cariótipo original.

A importância deste sistema de trocas foi reconhecida pela primeira vez por Robertson, que em 1916, estudou muitos casos de fusões cêntricas em Ortopteros saltadores, embora não tenha lidado com casos de fissões cêntricas.

Enquanto que a fusão cêntrica contribui para uma diminuição no número de cromossomos, a fissão cêntrica proporciona um aumento no número de grupos de ligação.

Muitos autores não aceitam os mecanismos de fissão cêntrica pelas dificuldades inerentes à criação de um novo centrômero em cada um dos grupos de ligação formados. SYBENGA (1972) cita que como pré-requisito para a aceitação da fissão cêntrica, deve-se considerar a metade de um centrômero tão eficiente quanto um centrômero completo.

Muitos trabalhos tem sugerido as fusões e as fissões cêntricas como responsáveis pelas alterações do cariótipo de algumas espécies.

YAMASHINA (apud MATTHEY, 1949) tentou explicar a origem do cariótipo de *Gallus gallus* por um mecanismo "Robertsoniano". Nesta espécie, 2 cromossomos (2º e 4º pares), que apresentam dois braços evidentes, teriam se originado pela fusão cêntrica de elementos em *Phasianus colchicus*, cujos comprimentos correspondem ao dos braços dos citados cromossomos de *Gallus gallus*.

Os estudos morfológicos dos cariótipos de espécies de aves da Ordem Columbiformes pertencentes aos gêneros *Columba* e *Streptopelia* (MAKINO et alii, 1956 e LUCCA, 1972), *Sphenurus* (MAKINO et alii, 1956), *Zenaida*, *Claravis* e *Leptotila* (LUCCA, 1972) evidenciaram diferenças no número e morfologia de seus cromossomos. As diferenças encontradas foram atribuídas às fusões cêntricas.

AGUIAR (1968) analisou entre outros, os cariótipos de *Porzana albicollis* e *Laterallus melanophanius* (Rallidae), os quais caracterizaram-se por uma grande incidência de metacêntricos entre os maiores cromossomos. Esses dados levaram a autora a sugerir a ocorrência de fusões cêntricas de cromossomos acrocêntricos na diferenciação dos cariótipos dessas espécies.

São necessários dados a respeito de várias espécies próximas e das relações taxonômicas entre as espécies, antes de se estabelecer o sentido de direção em que ocorreu o processo de fusão/fissão.

Os mecanismos Robertsonianos parecem ser bastante difundidos em todo o reino animal. Segundo LUCCA (1972), existem pontos positivos quanto a ocorrência destes mecanismos. A fusão permitiria a formação de novos grupos de ligação que poderiam ser favoráveis num ambiente relativamente estável e para uma espécie estabelecida; as fissões destruiriam grupos de ligação que poderiam aumentar a variabilidade intraespecífica favorável em um ambiente variável ou quando da conquista de novos habitats.

3.7. Considerações sobre a Ordem Gruiformes

A família Rallidae pertence à ordem Gruiformes

(subclasse Carinatae). Sob o ponto de vista taxonômico, no Brasil, a Ordem Gruiformes abrange 4 subordens e 6 famílias. A família Rallidae apresenta grande número de espécies amplamente distribuídas pelo Brasil (PINTO, 1964).

Os dados sobre a análise do cariótipo na família Rallidae se restringem a poucas espécies, sendo que o primeiro estudo citogenético realizado na Ordem Gruiformes foi feito por YAMASHINA (1950 apud van BRINK, 1959).

A Tabela 1 apresenta uma revisão sobre os estudos cromossômicos de espécies da Ordem Gruiformes.

Somente 6 espécies da família Rallidae foram estudadas. Entretanto, esses poucos dados dão algumas evidências de que o cariótipo das suas espécies devem apresentar aspectos variáveis, o que as torna interessante para investigação.

Fulica atra (YAMASHINA, apud van BRINK, 1959 e HAMMAR, 1970); *Porzana albicollis* e *Laterallus melanophaius* (AGUIAR, 1968) e *Gallinula chloropus* (HAMMAR, 1970), quatro espécies da família Rallidae, apresentam um complemento cromossômico caracterizado por uma grande incidência de metacêntricos entre os elementos maiores.

Quanto ao aspecto filogenético alguns autores tem verificado que a Ordem Gruiformes apresenta complementos cromossômicos semelhantes a algumas espécies de Falconiformes, Ciconiiformes e Phoenicopteriformes.

TAKAGI e SASAKI (1974) verificaram que 11 espécies da família Gruidae, apresentaram cariótipos semelhantes aos de *Vultur gryphus* e *Sarcorhamphus papa* (Cathartidae - Falconiformes) e *Phoenicopterus ruber* (Phoenicopteridae - Phoenicopteriformes).

Tabela 1 - Revisão dos estudos cromossômicos em aves da Ordem Gruiformes.

E s p é c i e s	Sexo estu- dado	2N	Cromossomos sexuais			R e f e r ê n c i a s
			♂	♀	Morfologia	
Ordem Gruiformes Família Rallidae <i>Fulica atra</i> (L., 1758)	♂ e ♀ ? ♂ e ♀	86 e 85 ± 86 ± 92	ZZ ? ZZ	ZO ? ZW	Z:m (5º par) ? Z:sm (5º par) W:sm (6º ou 7º par)	YAMASHINA (1959) ¹ BLOOM (1969) HAMMAR (1970)
<i>Laterallus melanophaius</i> (VIELLOT, 1819)	♀	78	-	ZW	Z:m (5º par) W:m (6º ou 7º par)	AGUIAR (1968)
<i>Poizana albicollis</i> (VIELLOT, 1819)	♂	72	-	-	-	AGUIAR (1968)
<i>Poizana fusca</i> (L., 1766)	?	± 82	?	?	?	BLOOM (1969)

- Continua -

? - Não mencionado.

Nomenclatura dos cromossomos: m = metacêntrico; sm = submetacêntrico; st = subtelocêntrico; t = telocêntrico.

¹Apud van BRINK (1959).

Tabela 1 - Continuação.

E s p é c i e s	Sexo estu dado	2N	Cromossomos sexuais			R e f e r ê n c i a s
			♂	♀	Morfologia	
<i>Gallinula chloropus</i> (L., 1758)	♂ e ♀	± 78	ZZ	ZW	Z:sm(5º par) W:sm(6º ou 7º par)	HAMMAR (1970) BLOOM (1969)
<i>Porphyrio poliocephalus</i> (LATHAN, 1801) (= <i>Porphyrio polioce- phalus viridis</i>)	♂	62 - 77	ZZ	-	Z:m W:?	ITOH et alii (1969)
Família Gruidae <i>Grus grus</i> (L., 1758)	♂ e ♀	± 80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno sm	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Grus japonensis</i> (P.L.S. MULLER, 1776)	♂ e ♀	± 80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno sm	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Grus canadensis</i> (L., 1758)	♂	± 80	ZZ	-	Z:sm(4º a 6º par) W:?	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Grus vipio</i> - PALLAS, 1811	♂ e ♀	80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno sm	TAKAGI e SASAKI (1974)

- Continua -

Entre parênteses: nome mencionado na literatura.

Tabela 1 - Continuação.

Espécies	Sexo estudado	2N	Cromossomos sexuais			Referências
			♂	♀	Morfologia	
<i>Grus antigone</i> (L., 1758) (= <i>Grus antigone antigone</i>)	♂ e ♀	± 80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno t	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Grus antigone</i> BLANSFORD, 1895 (= <i>Grus antigone sharpii</i>)	♂ e ♀	80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno t	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Anthropoides virgo</i> (L., 1758)	♂	± 80	ZZ	?	Z:sm(4º - 6º par) W:?	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Anthropoides paradisea</i> (LICHTENSTEIN, 1793)	♂ e ♀	± 80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno sm	TAKAGI e SASAKI (1974)
<i>Bucconus carunculatus</i> (GMELIN, 1789)	♂ e ♀	80	ZZ	ZW	Z:sm(4º par) W:pequeno sm	TAKAGI e SASAKI (1974)

BOER (1975 e 1976) em estudos sobre os Falconííformes, encontraram que os cariótipos de *V. gryphus* e *S. papa* são muito semelhantes aos de 3 espécies de Gruiformes: *Bugera*n*us carunculatus* e *Anthropoides virgo* da família *Gruidae* e *Gallinallus australis* da família *Rallidae*; bem como ao de uma espécie de flamingo *Phoenicopterus minor* (Ciconiiformes, segundo WETMORE, 1960 ou Phoenicopteroriformes, segundo VOOUS, 1972, apud BOER, 1976).

As espécies citadas acima apresentam cariótiípos típicos das aves, com número alto de cromossomos, sendo poucos macro e muitos microelementos.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material

A Tabela 2 apresenta as espécies de aves analisadas e as referências correspondentes à sua posição sistemática, nomes vulgares, distribuição geográfica e número de exemplares analisados.

Tabela 2 - Espécies e número de exemplares analisados.

Posição sistemática	Espécies e numero de exemplares
Ordem Gruiformes	
Família Rallidae	
Gênero <i>Aramides</i>	<p><i>Aramides cajanea</i> (P.L.S. MÜLLER, 1776)</p> <p>Nomes vulgares: saracura, saracura do brejo, três potes, sericóia.</p> <p>Distribuição geográfica: Sudeste da Costa Rica, Panamá, Colômbia, Venezuela, Guianas, Equador, Perú, Bolívia, Paraguai, Norte da Argentina, Uruguai e provavelmente todos os Estados do Brasil.</p> <p>Exemplares: um macho e quatro fêmeas, todos adultos.</p>

- Continua -

Tabela 2 - Continuação.

Posição sistemática	Espécie e número de exemplares
	<p><i>Aramides saracura</i> (SPIX, 1825). Nome vulgar: saracura.</p> <p>Distribuição geográfica: Leste do Paraguai, Nordeste extremo da Argentina e Sudeste do Brasil.</p> <p>Exemplares: Dois machos e uma fêmea, todos adultos.</p>
<p>Gênero <i>Porzana</i></p>	<p><i>Porzana albicollis</i> (VIEILLOT, 1819).</p> <p>Nomes vulgares: Saracura-sanã, sanã de samambaia.</p> <p>Distribuição geográfica: Parte da América do Sul e Brasil oriental e centro meridional.</p> <p>Exemplares: seis machos adultos.</p>
<p>Gênero <i>Laterallus</i></p>	<p><i>Laterallus viridis</i> (P.L.S. MÜLLER, 1776).</p> <p>Nomes vulgares: Açanã, frango-d'água.</p> <p>Distribuição geográfica: Guianas, leste do Equador e do Perú, a maioria dos Estados do Brasil.</p> <p>Exemplar: Uma fêmea adulta.</p>
<p>Gênero <i>Porphyryula</i></p>	<p><i>Porphyryula martinica</i> (LINNAEUS, 1766).</p> <p>Nome vulgar: frango d'água azul.</p> <p>Distribuição geográfica: Sul dos Estados Unidos e do México, América Central, porção setentrional da América do Sul e todos os Estados do Brasil.</p> <p>Exemplares: Três machos e duas fêmeas, todos adultos.</p>

Os animais foram identificados pelo *Dr. HÉLIO FERRAZ DE ALMEIDA CAMARGO*, ornitólogo do Museu de Zoologia da USP.

Os animais analisados foram capturados na natureza sendo provenientes de Botucatu, Piracicaba e São José do Rio Preto. Um dos espécimens de *Porphyrula martinica* foi doado pelo Zoológico Municipal de Limeira.

4.2. Métodos

Injetamos no músculo peitoral de cada animal, solução de colchicina a 0,25% na razão de 0,02 ml/g de peso do animal. Após três e meia a quatro horas, as aves foram sacrificadas e delas retirados o baço, medula óssea e testículos ou ovários, dependendo do sexo.

Para a preparação das lâminas a partir destes órgãos empregamos as técnicas de esmagamento de tecidos e suspensão de células.

4.2.1. Técnica de esmagamento de tecidos

A técnica de esmagamento de tecidos baseia-se no esmagamento de órgãos de animais pré-tratados com colchicina e solução hipotônica (*LUCCA, 1971*).

Os órgãos retirados (baço, testículos e ovários), foram colocados imediatamente em solução hipotônica (água destilada) e cortados em fragmentos de 3 a 5 mm. Os fragmentos de tecidos gonadais foram tratados por 10 minutos e os de baço por 15 minutos à temperatura ambiente. A fixação foi feita com ácido acético à 50%, durante uma hora, no

mínimo. Após o esmagamento, separamos lâmina e lamínula através de imersão das mesmas em uma cuba contendo ácido acético à 50%.

Após a secagem das lâminas à temperatura ambiente, o material foi hidrolizado em HCl 1 N, durante 8 minutos a 60°C.

Em algumas lâminas a coloração foi feita com Giemsa 1,7% e em outras com Orceína Acéto-Lática a 2%, durante 7 minutos. Depois de secas as lâminas foram montadas em bálsamo do Canadá.

4.2.2. Técnica de Suspensão de células

A técnica de suspensão de células (*THEODORES-CU, 1975*) modificada, foi empregada para o baço de algumas aves e para a medula óssea de todas as aves analisadas.

O osso fêmur foi cortado nas duas extremidades e sua medula retirada através de uma seringa contendo solução de NaCl a 0,17%. O seu conteúdo foi colocado em frasco com a mesma solução e trabalhado com o auxílio da mesma seringa para se obter células isoladas. Após ser tratado por 10 minutos à 37°C, o material foi centrifugado a aproximadamente 400 rpm durante 5 minutos.

O baço, quando submetido à esta técnica, foi retirado e imediatamente colocado em frasco contendo solução de NaCl a 0,17% e trabalhado através de uma seringa para se formar uma suspensão de células isoladas. O material foi tratado por 10 minutos à 37°C, e centrifugado a aproximadamente 400 rpm por 5 minutos.

Os passos seguintes foram realizados da mesma maneira para os dois materiais.

Após a centrifugação desprezamos o sobrenadante e adicionamos em cada tubo o fixador Carnoy. O material permaneceu no fixador, sem ser agitado, durante uma hora e em seguida ressuspendemos as células e centrifugamos. O sobrenadante foi desprezado, novo fixador foi colocado e nova centrifugação foi feita. Essa operação foi repetida até que o sobrenadante tornou-se transparente e então ressuspendemos as células e, uma porção da suspensão foi gotejada em lâminas geladas e deixada para secar à temperatura ambiente.

O material seco foi hidrolizado em HCl 1 N a 60°C, secado à temperatura ambiente e corado com Orceína Aceto-Lática a 2%. A montagem das lâminas foi feita com bálsamo do Canadá.

4.2.3. Análise das lâminas

As metáfases mais nítidas foram selecionadas ao microscópio e desenhadas. Nos desenhos, fizemos a contagem dos cromossomos. Como em aves é difícil a determinação exata do número de cromossomos, organizamos tabelas dos valores observados com as respectivas frequências.

4.2.4. Microfotografias

As melhores metáfases foram fotografadas em um fotomicroscópio Zeiss com objetiva de imersão 100X, fator de projetiva 3.2 X e fator de optovar 1.25 X e utilizando filtros verdes Kodak 56 e 58.

O filme foi o "High Contrast Copy" da Kodak.

4.2.5. Análises morfológicas dos cromossomos

A determinação dos dados sobre comprimento relativo e relação de braços para cada cromossomo foi feita segundo o método de *ROTHFELS e SIMINOVITCH (1958)*.

Escolhemos as metáfases onde os cromossomos estavam bem dispersos, com centrômeros em posição bem nítida, e menos contraídos, pois neste caso teríamos facilidades em medir os microcromossomos.

As medidas foram feitas em fotografias com ampliação de 4000 X, com o auxílio de um compasso e os valores foram transformados em micra. Medimos o comprimento total e dos braços de cada cromossomo. Com relação aos menores cromossomos fizemos somente a medida do comprimento total dadas as dificuldades de se medir os seus braços. Medimos ao redor de 8 metáfases, para cada espécie, e sempre que possível em ambos os sexos.

Os valores de comprimento absoluto dos cromossomos (em micra) foram transformados em comprimento relativo, expressos em percentagem do comprimento total do lote diplóide. No caso de indivíduos do sexo feminino, desprezamos o cromossomo W e consideramos o Z duas vezes para que pudéssemos ter resultados correspondentes aos dos machos.

O comprimento relativo (CR), em função do comprimento total, foi determinado segundo a fórmula de *ROTHFELS e SIMINOVITCH (1958)*:

$$CR = \frac{\text{comprimento do cromossomo} \times 100}{\text{comprimento do lote diplóide}}$$

Para que pudéssemos fazer a identificação dos pares homólogos, em cada célula, procuramos expressar a posição do centrômero nos cromossomos, determinando portanto a relação de braços (RB):

$$RB = \frac{\text{Braço maior (BM)}}{\text{Braço menor (Bm)}}$$

Organizamos o cariótipo de cada espécie, colocando os cromossomos em ordem decrescente de tamanho. Em todas as espécies pudemos caracterizar os maiores elementos, enquanto que os menores não puderam ser individualizados e foram organizados em pares, arbitrariamente.

A classificação dos cromossomos de acordo com a posição do centrômero foi feita com base na relação de braços e adotamos a nomenclatura de *LEVAN et alii (1964)*:

- 1,0 a 1,7 - cromossomo metacêntrico (m)
- 1,7 a 3,0 - cromossomo submetacêntrico (sm)
- 3,0 a 7,0 - cromossomo subtelocêntrico (st)
- 7,0 a ∞ - cromossomo telocêntrico (t)

Em geral, foi muito difícil a determinação deste índice para os cromossomos telocêntricos onde o braço curto é muitas vezes imperceptível. Neste caso, limitamo-nos a mencionar que a relação de braços é maior que 7,0. Para os microelementos, nos quais era difícil medir os braços dos cromossomos, limitamo-nos a mencionar que o centrômero se localizaria nas regiões subterminal (st), terminal (t), mediana (m) ou submediana (sm).

5. RESULTADOS

Os dados sobre os estudos cromossômicos das espécies analisadas são apresentados a seguir:

5.1. *Aramides cajanea* (P.L.S. Müller, 1776)

A Figura 1 apresenta um exemplar analisado. As Figuras 6 e 8 mostram, respectivamente, metáfases da fêmea e do macho. No cariótipo do macho (Figura 9), estão representados apenas os cromossomos maiores identificáveis e o menor par de cromossomos. A Tabela 3 mostra os resultados das contagens do número de cromossomos. Nesta espécie, o número diplóide mais consistente é 78, em metáfases bem nítidas.

Tabela 3. Frequência do número de cromossomos observados em *Aramides cajanea*.

Sexo	nº de cromossomos								Total
	69	70	71	74	76	77	78	79	
macho	1	1	1	4	3	4	3	1	18
fêmea	3	3	1	-	2	3	5	-	17
Total	4	4	2	4	5	7	8	1	35

A Tabela 8 apresenta as medidas de comprimento relativo e relação de braços dos cromossomos. O complemento cromossômico mede em média 87,9 μ (Tabela 9), em metáfases cujos cromossomos têm de 4,8 μ a 0,4 μ de comprimento. Os pares 1 e 3 são submetacêntricos, sendo o de número 1 nitidamente maior. O cromossomo 4 apresenta centrômero terminal enquanto que os pares 2, 5 e 6 apresentam centrômero mediano. O 7º par distingue-se por ser bastante menor que os precedentes e forma juntamente com os demais cromossomos uma série decrescente. Apesar do menor tamanho dos cromossomos de número 7, 8, 9 e 10, em relação aos primeiros, foi possível identificá-los quanto a posição do centrômero. Com exceção do 8º par que é submetacêntrico, os três restantes são metacêntricos. A maioria dos menores elementos parece ter centrômero na região terminal ou subterminal.

O cromossomo Z com aproximadamente 2,5 μ de comprimento, corresponde ao 5º par metacêntrico, que apresenta 5,7% do lote haplóide. O cromossomo W apresenta 1,7 μ de comprimento, estando entre o 6º e 7º pares, corresponde a aproximadamente 3,3% do lote haplóide e é metacêntrico.



Figura 1. Exemplar analisado de *Aramides cajanea*.

5.2. *Aramides saracura* (Spix, 1825)

A Figura 2 mostra um exemplar analisado, as Figuras 10 e 12 mostram, respectivamente, metáfases da fêmea e do macho, e a Tabela 4 os resultados das contagens do número de cromossomos. No cariótipo do macho mostramos apenas os maiores cromossomos e o menor par (Figura 13). As metáfases com 80 cromossomos foram as mais frequentes, motivo pelo qual consideramos como sendo este o número aproximado de cromossomos de *Aramides saracura*.

Tabela 4. Frequência do número de cromossomos observados em *Aramides saracura*.

Sexo	nº de cromossomos												Total
	68	71	72	73	74	75	77	78	79	80	82	83	
macho	1	2	1	3	1	2	1	2	2	4	2	-	21
fêmea	-	1	1	-	1	1	2	2	1	3	-	1	13
Total	1	3	2	3	2	3	3	4	3	7	2	1	34

As Figuras 11 e 13 mostram, respectivamente, os cariótipos da fêmea e do macho e na Tabela 8 estão as medidas de comprimento relativo e relação de braços. O comprimento do lote diplóide é de cerca de 80,6 μ , em metáfases com os cromossomos medindo entre 3,9 μ e 0,4 μ de comprimento. Os pares 1 e 3 são submetacêntricos. O cromossomo 4 é telocêntrico enquanto que os pares 2, 5 e 6 são metacêntricos. O 7º par é um pouco menor que os anteriores e forma uma série decrescente com os demais cromossomos. Entre os menores cromossomos foi possível identificar a posição do centrômero do 7º e 8º pares, os quais são metacêntricos.

O cromossomo Z, com cerca de 2,0 μ de comprimento, corresponde ao 5º par metacêntrico, representando 5,3% do lote haplóide. O W com centrômero na região mediana é um cromossomo intermediário entre os pares 6 e 7, equivalente a 3,6% do lote haplóide e com aproximadamente 1,5 μ de comprimento.

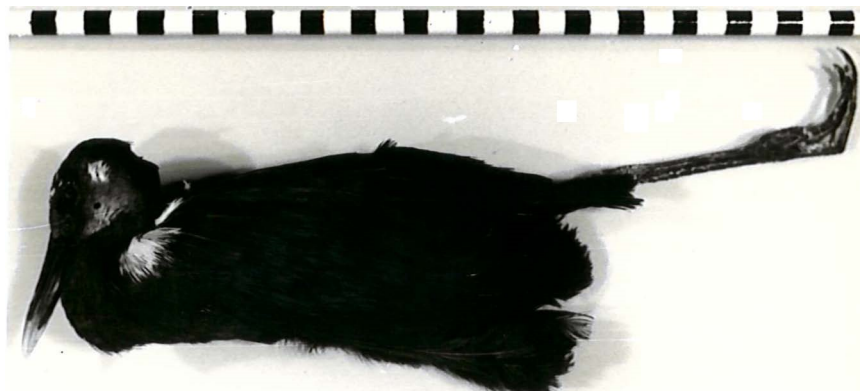


Figura 2. Exemplar analisado de *Aramides saracura*.

5.3. *Porzana albicollis* (Vieillot, 1819)

A Figura 3 apresenta um exemplar analisado. As Figuras 14 e 16 mostram, respectivamente, uma metáfase mitótica e uma metáfase meiótica da espécie analisada. Na Tabela 5 estão os resultados das contagens do número de cromossomos das metáfases mitóticas e meióticas. As metáfases mitóticas analisadas em que contamos 71 e 72 cromossomos foram as mais frequentes. As melhores metáfases meióticas apresentaram 36 bivalentes. Esses dados nos permitiram concluir que o número de cromossomos de *P. albicollis* é 72.

Tabela 5. Frequência do número diplóide e haplóide de cromossomos observados em *Porzana albicollis*.

Sexo	nº diplóide de cromossomos							Total	nº haplóide de cromossomos			Total
	60	67	68	70	71	72	73		35	36	38	
macho	1	1	3	2	4	3	1	16	2	3	1	6
Total	1	1	3	2	4	3	1	16	2	3	1	6

Na Figura 15 se encontra o cariótipo da espécie analisada e na Tabela 8 os dados de comprimento relativo e relação de braços. O comprimento total do lote diplóide é de 81,4 μ em média (Tabela 9), em metáfases onde os cromossomos medem de 5,2 μ a 0,4 μ de comprimento. Os pares 1, 2, 4 e 5 são metacêntricos e o 3º par é submetacêntrico. O 6º par telocêntrico e o 7º metacêntrico formam com os demais cromossomos uma série que decresce gradualmente em tamanho até o 36º par. Entre os menores elementos pode-se observar cromossomos com centrômeros na região mediana-submediana ou terminal-subterminal.

Como foi analisado somente machos, não temos informações sobre os cromossomos sexuais.

Os dados obtidos para esta espécie concordam com aqueles encontrados por *AGUIAR (1968)* no que diz respeito ao número de cromossomos da espécie, comprimento relativo e comprimento total do complemento diplóide. Quanto a morfologia dos 7 primeiros pares, os nossos dados diferem somente em relação ao 5º par, que naquele trabalho é submetacêntrico e não metacêntrico como ocorre nas metáfases por nós analisadas.



Figura 3. Exemplar analisado de *Porzana albicollis*.

5.4. *Laterallus viridis* (P.L.S. Müller, 1776)

A Figura 4 apresenta um exemplar analisado. A Figura 17 mostra uma metáfase analisada e a Tabela 6 os resultados das contagens do número de cromossomos. As metáfases em que contamos 76 cromossomos eram bem nítidas, o que nos permitiu concluir que 76 é o número de cromossomos mais provavel desta espécie.

Tabela 6. Frequência do número de cromossomos observados em *Laterallus viridis*.

Sexo	nº de cromossomos						Total
	64	67	69	71	75	76	
fêmea	2	1	1	1	1	3	9
Total	2	1	1	1	1	3	9

A Figura 18 mostra o cariótipo da espécie analisada, e na Tabela 8 estão os valores de comprimento relativo e relação de braços dos cromossomos. O complemento cromossômico mede em média 81,0 μ (Tabela 9) em metáfases cujos cromossomos tem cerca de 4,9 μ a 0,4 μ de comprimento. Os cromossomos 1, 2, 3, 5 e 6 apresentam centrômero mediano. O cromossomo 4 é telocêntrico. Do 7º ao 38º par os cromossomos formam uma série decrescente e não podem ser identificados; aparentemente, grande parte dos microcromossomos apresenta centrômero terminal ou subterminal.

Nesta espécie o cromossomo Z corresponde ao 5º par metacêntrico, com aproximadamente 2,2 μ de comprimento e com comprimento relativo médio igual a 5,5%. O cromossomo W está entre o 7º e 8º pares. Corresponde a aproximadamente 3,1% do lote haplóide, com cerca de 1,4 μ de comprimento. O cromossomo W apresenta o centrômero na posição submediana.



Figura 4. Exemplar analisado de *Laterallus viridis*.

5.5. *Porphyryula martinica* (Linnaeus, 1766)

A Figura 5 apresenta um exemplar analisado e as Figuras 19 e 21 mostram, respectivamente, as metáfases mitóticas de uma fêmea e de um macho e a Tabela 7 os resultados das contagens dos números de cromossomos. No cariótipo do macho somente estão representados os 7 maiores cromossomos e o menor par (Figura 22). A Figura 23 apresenta uma metáfase meiótica.

Tabela 7. Frequência do número diplóide e haplóide de cromossomos observados em *Porphyruia martinica*.

Sexo	nº diplóide de cromossomos						Total	nº haplóide de cromossomos				Total
	63	66	68	70	73	74		34	35	36	37	
macho	2	2	3	2	3	4	16	1	1	2	4	8
fêmea	3	1	-	2	2	2	10	-	-	-	-	-
Total	5	3	3	4	5	6	26	1	1	2	4	8

Nesta espécie as metáfases analisadas em que contamos 73 e 74 cromossomos estavam bem nítidas e as metáfases meióticas com 37 bivalentes foram as mais frequentes. Dessa maneira, julgamos que o número diplóide desta espécie é 74.

As Figuras 20 e 22 mostram, respectivamente, os cariótipos da fêmea e do macho, e na Tabela 8 estão as medidas de comprimento relativo e relação de braços. O comprimento do lote diplóide é cerca de 84,2 μ (Tabela 9). Os cromossomos das metáfases mitóticas apresentam comprimento entre 3,9 μ a 0,4 μ . Os 7 primeiros pares são reconhecíveis individualmente pelo tamanho e posição do centrômero. Os pares 1, 3, 4, 5 e 6 são metacêntricos. O par número 2 é submetacêntrico e o 7º par tem centrômero terminal. Os cromossomos de 8 a 37 formam uma série decrescente em tamanho e não podem ser individualizados; parecem ter o centrômero na região mediana-submediana ou terminal-subterminal.

O cromossomo Z desta espécie corresponde ao 4º par metacêntrico, com aproximadamente 2,5 μ de comprimento, e equivalente a 5,7% do lote haplóide. O cromossomo W apresentou 1,8 μ de comprimento, estando entre o 5º e 6º pares, cor-

responde a aproximadamente 4,6% do lote haplóide e e metacêntrico.



Figura 5. Exemplar analisado de *Porphyruia martinica*.

Tabela 8. Comprimento relativo e relação de braços das espécies analisadas.

<i>Aramides cajanea</i> (Müller, 1776)												
Nº dos cromossomos	1	2	3	4	5(Z)	6	7	8	9	10	11-39	W
Comprimento relativo	10,2	7,9	6,0	5,8	5,7	4,6	3,2	3,1	2,8	2,6	2,5-1,0	3,3
Relação de braços	1,8	1,5	1,8	>7	1,6	1,2	1,3	1,8	1,2	1,3	-	1,2
Designação dos cromossomos	sm	m	sm	t	m	m	m	sm	m	m	-	m
<i>Aramides sanacua</i> (Spix, 1825)												
Nº dos cromossomos	1	2	3	4	5(Z)	6	7	8	9-40			W
Comprimento relativo	9,6	7,4	5,6	5,5	5,3	4,7	3,5	3,2	2,9-1,0			3,6
Relação de braços	1,8	1,3	1,7	>7	1,3	1,2	1,2	1,3	-			1,0
Designação dos cromossomos	sm	m	sm	t	m	m	m	m	-			m
<i>Porzana albicollis</i> (Vieillot, 1819)												
Nº dos cromossomos	1	2	3	4	5	6	7	8	-	36		
Comprimento relativo	12,2	9,4	7,8	6,8	5,2	4,5	3,9	3,1	-	0,9		
Relação de braços	1,5	1,6	2,2	1,6	1,4	>7	1,3	-				
Designação dos cromossomos	m	m	sm	m	m	t	m	-				

. continua

Tabela 8. (continuação).

<i>Laterallus viridis</i> (Müller, 1776)										
Nº dos cromossomos	1	2	3	4	5(Z)	6	7	8 - 38	W	
Comprimento relativo	11,6	8,8	6,4	5,9	5,5	4,4	3,4	0,9	3,1	
Relação de braços	1,5	1,4	1,4	> 7	1,2	1,3	-	-	2,3	
Designação dos cromossomos	m	m	m	t	m	m	-	-	sm	

<i>Porphyhula martinica</i> (Linné, 1766)										
Nº dos cromossomos	1	2	3	4(Z)	5	6	7	8 - 37	W	
Comprimento relativo	8,9	7,6	6,3	5,7	5,3	4,5	3,9	3,5 - 1,0	4,6	
Relação de braços	1,3	1,7	1,4	1,4	1,4	1,2	> 7	-	1,3	
Designação dos cromossomos	m	sm	m	m	m	m	t	-	m	

Tabela 9. Comprimento total do lote diplóide das espécies analisadas.

Espécies	comprimento total (μ)
<i>Aramides cajanea</i>	87,9
<i>Aramides saracura</i>	80,6
<i>Porzana albicollis</i>	81,4
<i>Laterallus viridis</i>	81,0
<i>Porphyryula martinica</i>	84,2

6. DISCUSSÃO

6.1. Número de cromossomos

A maioria dos trabalhos realizados até o momento apresenta sempre variações nas contagens do número de cromossomos nas espécies de Aves.

Nos primeiros trabalhos, quando as técnicas empregadas nos estudos citogenéticos ainda eram inadequadas, a opinião dos autores sobre o número de cromossomos diferia. Em galinha, por exemplo, *NEWCOMER (1957)* propôs que haveria 12 cromossomos no macho e 11 na fêmea, não considerando os menores elementos como cromossomos verdadeiros. Por outro lado, *van BRINK e UBBELS (1956)* e *van BRINK (1959)* verificaram que o número diplóide em *Gallus gallus* deveria estar ao redor de 78 cromossomos, considerando desta maneira os microelementos como cromossomos reais.

Atualmente, o número de cromossomos das Aves tem sido considerado como fixo, apesar da dificuldade na determinação exata do número dos microcromossomos.

Neste trabalho procuramos considerar como número

ro diplóide aproximado da espécie aquele mais frequentemente determinado nas metáfases em que os cromossomos se encontram mais nitidos e individualizados. Em *Porzana albicollis* e *Porphyryula martinica*, o número mais frequente de bivalentes das melhores metáfases meióticas também foi considerado na determinação do número diplóide de cromossomos. A presença dos pequenos bivalentes nestas metáfases, confirma a afirmação de que os microelementos são cromossomos verdadeiros.

Do gênero *Aramides*, foram estudadas duas espécies, *A. cajanea* e *A. saracura*, cujos complementos cromossômicos são constituídos de aproximadamente 78 e 80 cromossomos. *Porzana albicollis*, *Laterallus viridis* e *Porphyryula martinica* apresentam respectivamente 72, 76 e 74 cromossomos.

O mesmo número diplóide foi encontrado por AGUIAR (1968) ao fazer o estudo do complemento cromossômico de *Porzana albicollis*. A autora também analisou a espécie *Laterallus melanophaius*, na qual encontrou um número diplóide de aproximadamente 78 cromossomos.

Na Ordem Gruiformes, o número de cromossomos mencionado na literatura, tem sido geralmente ao redor de 80, como pode ser observado na Tabela 1. No entanto, nas espécies por nós analisadas há uma tendência do número de cromossomos apresentar-se menor. Isto ocorre principalmente em *Porzana albicollis* ($2n = 72$), *Laterallus viridis* ($2n = 76$) e *Porphyryula martinica* ($2n = 74$).

6.2. Morfologia dos cromossomos

O cariótipo das Aves tem como característica a presença de macro e microcromossomos. Em algumas espécies é

fácil distinguir as 2 categorias, no entanto, em outras espécies a passagem dos cromossomos maiores para os menores é multas vezes gradual.

Em linhas gerais, as espécies por nós analisadas, apresentam 5 a 6 pares de cromossomos de tamanho maior, os quais podem ser facilmente identificados, e 31 - 34 pares de cromossomos de tamanho diminuto, gradualmente decrescentes em tamanho. Nas espécies *Aramides cajanea*, *Aramides saracura* e *Porzana albicollis*, a passagem de cromossomos maiores para menores é mais abrupta, enquanto que em *Laterallus viridis* e *Porphyryula martinica*, a passagem é gradual (Figuras 7, 11, 15, 18 e 20).

As espécies do gênero *Aramides*, *A. cajanea* e *A. saracura*, apresentaram cariótipos bastante semelhantes. Com exceção do 8º par, os demais elementos de maior tamanho mostraram-se idênticos quanto a morfologia. Em *A. cajanea* o 8º par é submetacêntrico, enquanto que em *A. saracura* é metacêntrico (Tabela 8).

O cariótipo de *Laterallus viridis* mostra somente o 4º par telocêntrico, sendo os de número 1, 2, 3, 5 e 6 todos metacêntricos (Tabela 8). AGUIAR (1968) analisou os cromossomos de *Laterallus melanophaius*, e verificou que os cromossomos de número 3 e 4 são telocêntricos, enquanto que os de número 1, 2, 5 e 6 são metacêntricos. Entre os menores cromossomos das duas espécies do gênero *Laterallus* pode-se observar que a maioria apresenta centrômero terminal ou subterminal.

A análise do cariótipo de *Porphyryula martinica*, revelou uma predominância de cromossomos metacêntricos entre os maiores elementos. Somente o 2º par é submetacêntrico

e o 7º telocêntrico. Entre os menores elementos pode-se observar cromossomos com centrômero mediano ou submediano e terminal ou subterminal.

Como já dissemos, quanto a morfologia dos 7 primeiros pares de cromossomos de *Porzana albicollis*, os nossos dados diferem daqueles obtidos por *AGUIAR (1968)*, somente quanto ao 5º par. Enquanto que nós observamos centrômero na região mediana, a autora observou centrômero submediano.

HAMMAR (1970) sugere que em aves, uma alteração na posição do centrômero de um cromossomo de uma espécie não é raro ocorrer. O autor verificou que em *Vanellus vanellus* (Charadriiformes) ocorrem duas relações de braços diferentes em um mesmo cromossomo. O autor sugere que o comprimento relativo do cromossomo deve ser mais importante para a identificação de cromossomos correspondentes.

A comparação dos nossos dados com aqueles obtidos por *AGUIAR (1968)* para *Porzana albicollis*, mostra um mesmo cromossomo com relações de braços diferentes, indicando que pode ter ocorrido uma inversão pericêntrica. Se observarmos o comprimento relativo do par em questão e dos demais pares, veremos que não há diferença significativa entre os nossos e os dados da autora.

Com os nossos resultados dos 6 primeiros cromossomos e aqueles obtidos por *AGUIAR (1968)*; *ITOH et alii, (1969)* e *HAMMAR (1970)*, verificamos que entre as espécies da família Rallidae existem diferenças aparentes no cariótipo resultantes de variações estruturais. O 1º, 2º e o 5º pares sempre apresentam-se como metacêntricos ou submetacêntricos. O 3º par, com exceção de *Laterallus melanophaius* onde é telocêntrico (*AGUIAR, 1968*), também mostra-se metacêntrico ou sub

metacêntrico. Quanto aos cromossomos de número 4 e 6 observamos uma maior variabilidade na posição centromérica, a qual pode ser mediana, submediana ou terminal.

Essas diferenças entre cromossomos correspondentes nos leva a sugerir que durante a diversificação das espécies da família Rallidae ocorreram alterações pouco aparentes nos cromossomos 1, 2, 3 e 5, enquanto que nos cromossomos 4 e 6, onde a posição do centrômero variou de mediana a terminal, ocorreram rearranjos estruturais envolvendo inversões pericêntricas.

6.3. Cromossomos Sexuais

As considerações dos autores sobre os cromossomos sexuais e o tipo de digametia nas Aves foram muito variáveis, conforme mencionamos na Revisão sobre o assunto. Os primeiros autores não puderam concluir se a digametia seria do tipo Z 0 ou Z W (*van BRINK, 1959, OHNO, 1961*). Recentemente, no entanto, a presença de um cromossomo W tem sido evidenciada em diversas Ordens (*FREDERIC, 1961; SCHIMID, 1962; ROTH FELS et alii, 1963; OHNO et alii, 1964; TALLURI e VEGNI, 1965; e outros*).

Com excessão da espécie *Porzana albicollis*, a qual estudamos apenas machos, não tivemos dificuldade em distinguir os cromossomos Z e W.

Nas espécies onde o cromossomo Z foi identificado, pudemos notar que o mesmo apresentou comprimento entre 2,0 μ a 2,5 μ equivalente a 5,3% - 5,7% do lote haplóide. Em linhas gerais nossos dados estão de acordo com aqueles existentes na literatura com relação a outras espécies da mesma

família (AGUIAR, 1968 e HAMMAR, 1970), como também para outras espécies de Aves (OHNO *et alii*, 1964; AGUIAR, 1968 e LUCCA, 1972). Apesar dos nossos dados apresentarem apenas medidas de comprimento, concordamos com os autores citados acima, os quais concluíram que a área do cromossomo Z é semelhante em Aves.

A comparação da morfologia desse cromossomo se xual, mostra que nas espécies de Gruiformes analisadas ele apresenta-se sempre como metacêntrico ou sub-metacêntrico, in dicando que quanto ao aspecto morfológico, esse cromossomo é também bastante uniforme. Essa observação nos permite sugerir que durante a diversificação das espécies de Gruiformes, o cromossomo Z deve ter sofrido inversões pericêntricas, que modificaram seu aspecto morfológico, sem contudo, alterar sig nificativamente o seu tamanho. Essa afirmação também é válida para outras Ordens de Aves (AGUIAR, 1968; RAY-CHAUDHURI, 1973, 1978; LUCCA e AGUIAR, 1976; PRASAD e PATHAIK, 1977 e LUCCA, 1978).

Somente *Laterallus viridis* apresentou cromossomo W submetacêntrico, as demais espécies onde esse cromossomo foi analisado, *Aramides cajanea*, *Aramides saracura* e *Porphyrula martinica*, o cromossomo W apresentou-se com centrômero mediano. O seu tamanho esteve sempre entre o 5º e 8º pares (Tabela 8).

O cromossomo W tem-se mostrado sempre metacêntrico ou submetacêntrico nas espécies de Rallidae já estudadas. No entanto, em outras espécies de Gruiformes, esse cromossomo tem-se apresentado como pequeno submetacêntrico, ou ainda como pequeno telocêntrico, como foi observado em *Grus antigone antigone* e *Grus antigone sharpii* (TAKAGI e SASAKI, 1974) (Tabela 1).

Entre as diversas Ordens da subclasse Carinatae, o cromossomo W além de variar quanto a morfologia de metacêntrico a telocêntrico, também apresenta variação no tamanho. A ocorrência ocasional de um cromossomo W grande em Carinatae e não existência de cromossomos sexuais diferenciados em Ratitae (TAKAGI *et alii*, 1972) parece sugerir que o par sexual dos ancestrais das Aves conservou-se homomórfico, pelo menos em algumas Ratitae, sem posterior diferenciação morfológica. A grande variação no tamanho do W entre as espécies indica os vários estágios da diferenciação deste cromossomo. Assim, espécies mais primitivas teriam o cromossomo W com tamanho maior (TAKAGI *et alii*, 1972).

As diferenças no tamanho e morfologia desse cromossomo leva-nos a sugerir que durante a diversificação das espécies de Gruiformes o cromossomo W sofreu mudanças estruturais que podem ter envolvido duplicações ou deleções, bem como inversões pericêntricas.

Portanto, ao contrário do cromossomo Z o cromossomo W passou por maiores modificações na evolução cariôtípica das Gruifôrmes.

6.4. Conteúdo de DNA

Alguns autores têm demonstrado que o conteúdo de DNA das espécies de Aves da subclasse Carinatae não sofreu alterações significativas durante a evolução (OHNO *et alii*, 1964; ATKIN *et alii*, 1965; BACHMANN *et alii*, 1972). Os nossos dados sobre comprimento total do lote diplóide mostram valores entre 80,6 μ a 87,9 μ (Tabela 9). Ainda que esses valores dêem uma informação grosseira sobre a quantidade do material cromossômico, nos leva a sugerir que em Gruiformes a

evolução do cariótipo se processou sem modificações significativas na quantidade de material, como mencionou *AGUIAR (1988)*.

6.5. Espécies relacionadas com Gruiformes

Ao fazer a comparação entre cariótipos de espécies da família Cathartidae (Falconiformes) com uma espécie de flamingo (Phoenicopteriformes) e espécies das famílias Gruide e Rallidae (Gruiformes), *BOER (1976)* verificou que além da proximidade na escala zoológica, elas apresentam similaridades no complemento cromossômico. Segundo o autor, as diferenças entre os cariótipos destas espécies são devidas a relativamente poucos rearranjos cromossômicos. Entretanto, ele acredita que um cariótipo semelhante nestes 3 grupos não indica necessariamente um relacionamento entre eles, mas sim, que o cariótipo de um ancestral único deva ter dado origem aos Cathartidae, Phoenicopteriformes e Gruiformes, bem como aos Ciconiiformes e Galliformes. As duas últimas Ordens também se aproximam na escala zoológica às três Ordens citadas acima.

Ao compararmos a morfologia das espécies da família Rallidae já estudadas com as espécies envolvidas na discussão de *BOER (1976)*, verificamos que a maior diferença está no fato do 3º par apresentar-se na maioria das espécies de Rallidae como metacêntricos ou submetacêntricos, enquanto que nas outras espécies de Gruiformes, Phoenicopteriformes e Cathartidae, são telocêntricos ou subtlocêntricos.

Mas, *BOER (1976)* ainda cita que essa semelhança cariotípica pode estar relacionada com a uniformidade dos complementos cromossômicos das aves em geral. Em um estudo recente realizado por *TAKAGI e SASAKI (1974)*, os autores demonstraram que não somente a semelhança grosseira do carióti-

po, mas também o padrão de bandas G dos 3 primeiros pares de cromossomos é semelhante em várias Ordens da subclasse Carinatae, em espécies da subclasse Ratitae e em répteis da subordem Serpentes (Squamata).

No entanto, enquanto que várias Ordens de Aves apresentam complementos cromossômicos semelhantes, outras Ordens da subclasse Carinatae parecem mostrar grandes diferenças entre os cariótipos de suas espécies (*HAMMAR, 1970*).

Somente estudos cariotípicos comparativos incluindo padrões de bandeamento nos cromossomos dessas espécies, associados com estudos taxonômicos, poderiam tornar possível um melhor esclarecimento da evolução cromossômica destas espécies.

7. CONCLUSÕES

Dos resultados obtidos podemos tirar as seguintes conclusões:

a. Na família Rallidae são observadas características que podem ser encontradas na maioria das espécies de Aves. O número de cromossomos é alto, cerca de 72 a 80. O cariótipo apresenta poucos cromossomos com comprimento acima de 2 μ e grande número de cromossomos com comprimento menor que 1 μ .

As metáfases meióticas são importantes no estudo cromossômico das Aves, além da confirmação do número de cromossomos das metáfases mitóticas, a presença dos menores bivalentes indica que os microcromossomos comportam-se da mesma maneira que os macrocromossomos e portanto é um forte argumento para a importância genética desses microelementos.

b. A comparação da morfologia dos cromossomos de espécies de um mesmo gênero, como é o caso de *Aramides cajanea* com *Aramides saracura* e *Laterallus viridis* com *Laterallus melanophaius*, esta última espécie analisada por AGUIAR (1968), mostra que os maiores elementos apresentam a mesma

morfologia; com excessão de 1 dos pares. Esta observação nos leva a sugerir que nestes 2 gêneros, o complemento cromossômico é bastante uniforme.

c. A espécie *Porzana albicollis* parece apresentar polimorfismo cromossômico com relação ao 5º par. Enquanto que nossos dados indicam que este par tem centrômero mediano, AGUIAR (1968) observou centrômero submediano. Estes dados nos levou a sugerir que deve ter ocorrido inversão pericêntrica neste cromossomo. Segundo HAMMAR (1970), uma alteração na posição do centrômero de um cromossomo numa espécie não é raro ocorrer em Aves e portanto, o comprimento relativo é muito importante na identificação de cromossomos correspondentes.

d. A comparação da morfologia dos 6 maiores pares de cromossomos de todas as espécies da família Rallidae já estudadas nos permite sugerir que estes pares sofreram rearranjos cromossômicos estruturais durante a evolução. Os cromossomos de número 4 e 6 parecem ter sofrido inversões pericêntricas uma vez que a posição do centrômero destes cromossomos variou de mediana a terminal.

e. O comprimento relativo do cromossomo Z é bastante semelhante nas 5 espécies de Rallidae (5,3% - 5,7%); sugerindo que nas espécies analisadas, este cromossomo contém a mesma quantidade de material, conforme mencionaram outros autores para outras espécies de Aves (OHNO *et alii*, 1964; AGUIAR, 1968; HAMMAR, 1970 e LUCCA, 1972).

O cromossomo Z apresenta-se sempre como metacêntrico ou submetacêntrico em todas as espécies de Gruiformes já analisadas, indicando que quanto a morfologia é também bastante uniforme.

Essas observações confirmam a hipótese de outros autores de que durante a diversificação das espécies de Aves, o cromossomo Z deve ter sofrido inversões pericêntricas, que modificaram seu aspecto morfológico, sem contudo alterar significativamente seu tamanho (AGUIAR, 1968; LUCCA, 1972; PRASSAD e PATNAIK, 1977).

f. O cromossomo W varia de metacêntrico a submetacêntrico nas espécies da família Rallidae já estudadas e seu tamanho esteve entre o 5º e 8º pares. No entanto, nas outras espécies de Gruiformes estudadas, este cromossomo mostra diferença no tamanho e sua morfologia varia de metacêntrico a telocêntrico. Portanto, ao contrário do cromossomo Z, o W deve ter sofrido maiores modificações durante a especiação das espécies de Gruiformes. Esta observação também é válida para outras espécies da subclasse Carinatae (AGUIAR, 1968; LUCCA, 1972; PRASSAD e PATNAIK, 1977).

g. Nossos dados sobre o conteúdo de DNA, embora grosseiros, indicam uma certa uniformidade nas espécies estudadas, uma vez que a variação do lote diplóide foi de 80,6µ a 87,9 µ. A uniformidade na quantidade de DNA, a possível ocorrência de inversões pericêntricas em Rallidae e a comparação do cariótipo destas espécies com os cariótipos de outras espécies de Gruiformes (AGUIAR, 1968; ITOH et alii, 1969; HAMMAR, 1970), nos leva a sugerir que na evolução cariotípica da Ordem Gruiformes, devem ter predominado os rearranjos estruturais nos cromossomos sem alterações significativas na quantidade de DNA.

h. BOER (1976) verificou que as diferenças entre os cariótipos de espécies de Cathartidae (Falconiformes), Phoenicopteriformes e Gruiformes são devidas a relativamente poucos rearranjos cromossômicos, o que o levou a sugerir que

o cariótipo de um ancestral comum deu origem a estas espécies. Os nossos dados sobre espécies da família Rallidae vieram com provar as semelhanças dos cariótipos de Gruiformes com os das demais espécies das outras 2 Ordens; e verificamos, que realmente rearranjos estruturais podem explicar as diferenças cariotípicas observadas.

8. SUMMARY

The karyotype of 5 species of family Rallidae (Gruiformes) were investigated: *Aramides cajanea* ($2n = 78$), *Aramides saracura* ($2n = 80$), *Porzana albicollis* ($2n = 72$), *Laterallus viridis* ($2n = 76$) and *Porphyryula martinica* ($2n = 74$). In *P. albicollis* and *P. martinica*, the meiotic analysis showed 36 and 37 bivalents, respectively.

The purposes of the present investigation were to describe the chromosome complement and to discuss the mechanisms of karyotypic evolution involved in this order.

Chromosome preparations were made from squashes of organs and cell suspensions, using hypotonic and colchicine pretreatment.

The morphology and relative length of the Z chromosome was nearly the same, but the W chromosome showed more variations concerning these aspects.

The comparison of the 6 larger chromosome morphology of all the species of family Rallidae already studied, showed differences that can be explained by

pericentrics inversions.

Porzana albicollis, were already studied by *AGUIAR (1968)* and it seem presented chromosomic polymorphism. Its 5^o pair was found as a metacentric or submetacentric chromosome.

About the content of DNA in that birds, our data show an uniformity in the species studied unless a variation of the diploid set was of 80,6 μ to 87,9 μ . Therefore, we can conclud that in the evolution of the Gruiformes must be predominate the mechanisms of pericentric inversions that cause variation on chromosome morphology without changing the total content of DNA.

Our data and the results of *BOER (1976)* over species of Cathartidae (Falconiformes), Phoenicopteriformes and Gruiformes show cariotipic similarities that suggest this species were evoluted from a specific common ancestor.

9. LITERATURA CITADA

AGUIAR, M.L.R., 1968. Estudo do Complemento Cromossômico em Algumas Ordens de Aves. Piracicaba, ESALQ/USP, 94 p. (Tese de Doutorado).

ATIKIN, N.B., G. MATTINSON, W. BEÇAK e S. OHNO, 1965. The Comparative DNA Content of 19 Species of Placental Mammals, Reptiles and Birds. *Chromosoma*, 17:1-10.

AU, W., W.S. FECHHEIMER e P. SOUKUP, 1975. Identification of the Sex Chromosomes in the Bald Eagle. *Can. J. Genet. and Cytol.*, 17:187-191.

BACHMANN, K., B.A. HARRINGTON e J.P. CRAIG, 1972. Genome size in birds. *Chromosoma*, 37:405-416.

BIANCHI, N.O. e O.J. MOLINA, 1967. Chronology and Pattern of Replication in the Bone Marrow Chromosomes of *Gallus domesticus*. *Chromosoma*, 21:387-397.

- BLOOM, S.E. e F.G. BUSS, 1967. A Cytological Study of Mitotic Chromosomes in Chicken Embryos. *Poultry Science*, 46:518-522.
- BLOOM, S.E., 1969. A Current List Chromosome Numbers and Variations for Species of the Avian Subclass Carinatae. *J. of Heredity*, 60:217-220.
- BOER, L.E.M. de, 1975. Karyological Heterogeneity in the Falconiformes (Aves). *Experientia*, 31:1138-1139.
- BOER, L.E.M. de, 1976. The Somatic Chromosome Complements of 16 Species of Falconiformes (Aves) and the Karyological Relationships of the Order. *Genetica*, 46:77-113.
- BRINK, J.M. e G.A. UBBELS, 1956. La Question des Heterochromosomes chez les Sauropsidés.Oiseaux. *Experientia*, 12:162-164.
- BRINK, J.M. van, 1959. L'expression Morphologique de la Di₆amétié chez les Sauropsidés et les Monotremés. *Chromosoma*, 10:1-72.
- BRONN, J.E. e K.W. JONES, 1972. Localization of Satellite DNA in the Microchromosomes of the Japanese Quail by *in situ* Hibridization. *Chromosoma*, 38:313-318.
- BULATOVA, N.S. e E.N. PANOV, 1973. Comparative Analysis of Karyotypes of 18 Species of Family Turdidae (Aves). *Caryologia*, 26:229-244.

- COMINGS, D.E. e E. MATTOCCIA, 1971. Studies of Microchromosomes and a G-C rich DNA Satellite in the Quail. *Chromosoma*, 30:202-214.
- CLEMENT, W.M., 1969. Autoradiographic Studies of the Chromosomes of the Domestic Fowl. *Genetics*, 61:11 s.
- CLEMENT, W.M., 1970. DNA Replication Patterns in the Chromosomes of the Domestic Fowl. *Cytologia*, 36:168-172.
- DONNELLY, G.M. e E.H. NEWCOMER, 1963. Autoradiographic Patterns in Cultured Leukocytes of the Domestic Fowl. *Exp. Cell Res.*, 30:363-368.
- FREDERIC, J., 1961. Contribution à l'Étude des Caryotypes chez le Poulet. *Archives de Biologie*, 72:185-209.
- GALTON, M. e P.R. BREDBURY, 1966. DNA Replication Patterns of The Sex Chromosomes of the Pigeon (*Columba livia domestica*). *Cytogenetics*, 5:295-306.
- HAMMAR, B., 1966. The Karyotype of Nine Birds. *Hereditas*, 55:367-385.
- HAMMAR, B., 1967. Diferences in Heterochromatin Between Some Avian Species. *Hereditas*, 57:209-216.
- HAMMAR, B., 1970. The Karyotype of Thirty One Birds. *Hereditas*, 65:29-58.
- HAMMAR, B. e M. HERLIN, 1975. Karyotypes of Four Bird Species of the Order Passeriformes. *Hereditas*, 80:177-184.

- ISHIZAKI, H. e I.L. KOSIN, 1960. Sex chromatin in Early Chick Embryos. *Exp. Cell Res.*, 21:197-200.
- ITO, M., T. IKEUCHI, H. SHIMBA, M. MORI, M. SASAKI e S. MAKINO, 1969. A Comparative Karyotype Study in Fourteen Species of Birds. *Japan J. Genetics*, 44:163-170.
- JOVANOVIC, V. e L. ATIKINS, 1969. Karyotypes of Four Passerine Birds Belonging to the Families Turdidae, Mimidae and Corvidae. *Chromosoma*, 26:388-394.
- KRISHAN, A., 1962a. A Cytological Method for Sexing Young Chicks. *Experientia* 18:100-101.
- KRISHAN, A., 1962b. Micro-chromosomes in the Embryonic Mitosis of the Domestic Fowl. *Experientia*, 18:365-367.
- KRISHAN, A., 1963. The Mitotic and Meiotic Chromosomes of the Duck. *J. of Heredity*, 54:91-95.
- KRISHAN, A., 1964. Micro-chromosomes in the Spermatogenesis of the Domestic Turkey. *Exp. Cell Res.*, 33:1-7.
- KRISHAN, A.; G.J. HAIDEN e R.W. SHOFFNER, 1965. Mitotic Chromosomes and the W Sex Chromosomes of the Great Horned Owl (*Bubo v. virginianus*). *Chromosoma*, 17:258-263.
- LEVAN, A., K. FREDGA e A.A. SOUBERG, 1964. Nomenclature for Centromeric Position on Chromosomes. *Hereditas* 52:201-220.

- LUCCA, E.J.*, 1971. Técnica para Observação de Cromossomos de Pequenas Aves. *Ciência e Cultura*, 23:99-
- LUCCA, E.J. de*, 1972. Citotaxionomia e Evolução do Cariótipo de Columbiformes Brasileiros. Botucatu, FCMBB, SP, 84 p, (Tese de Doutorado).
- LUCCA, E.J. de*, 1974. Cariótipos de 14 Espécies de Aves das Ordens Cuculiformes, Galliformes, Passeriformes e Tinamiformes. *Rev. Bras. Pesq. Med. e Biol.*, 7:253-263.
- LUCCA, E.J. de e M.L.R. de AGUIAR*, 1976. Chromosomal Evolution in Columbiformes (Aves). *Caryologia*, 29:59-68.
- LUCCA, E.J. de*, 1977. Microcromossomos e Cromossomos Sexuais em Aves. *Rev. Brasil. Biol.*, 37:241-246.
- LUCCA, E.J. de e L. CHAMMA*, 1977. Estudo do Complemento Cromossômico de 11 Espécies de Aves das Ordens Columbiformes, Passeriformes e Tinamiformes. *Rev. Bras. Pesq. Méd. e Biol.*, 10:97-105.
- LUCCA, E.J. de*, 1978. Determinação Cromossômica do Sexo nas Aves. *Ciência e Cultura*, 30:791-798.
- MAKINO, S., T. UDAGAWA e Y. YAMASHINA*, 1956. Karyotype Studies in Birds 2: A Comparative Study of Chromosomes in the Columbidae. *Caryologia*, 8:275-293.
- MATTHEY, R.*, 1949. Les chromosomes des Vertébrés. F. Rouge. Lausanne, 356 p.

- NEWCOMER, E.H. e J.W.A. BRANDT, 1954. Spermatogenesis in the Domestic Fowl. *J. of Heredity*, 45:79-87.
- NEWCOMER, E.H., 1957. The Mitotic Chromosomes of the Domestic Fowl. *J. of Heredity*, 48:227-234.
- OHNO, S., W.D. KAPLAN e R. KINOSITA, 1960. On the Sex Chromatin of *Gallus domesticus*. *Exp. Cell Res.*, 19, 180-183.
- OHNO, S., 1961. Sex Chromosomes and Microchromosomes of *Gallus domesticus*. *Chromosoma*, 11:484-498.
- OHNO, S., L.C. CHRISTIAN e C.H. STENIUS, 1962. Nucleolus-Organizing Microchromosomes of *Gallus domesticus*. *Exp. Cell Res.*, 27:612-614.
- OHNO, S., C. STENIUS, L.C. CHRISTIAN, W. BEÇAK e M.L. BEÇAK, 1964. Chromosomal Uniformity in the Subclass Carinatae. *Chromosoma*, 15:280-288.
- PICCINNI, E. e M. STELLA, 1970. Some Avian Karyogram. *Caryologia*, 23:189-202.
- PINTO, O.M.O., 1964. *Ornitologia Brasiliense* (I^o Vol.). Departamento da Secretaria da Agricultura do Estado de São Paulo. 183 p.
- PRASAD, R. e S.C. PATNAIK, 1977. Karyotypes of Five Passerine Birds Belonging to Family Ploceidae. *Caryologia*, 30:361-368.

- RAY-CHAUDHURI, S.P., R. RAY-CHAUDHURI e T. SHARMA, 1966. The W Chromosomes in the Females of Two Indian Species of Birds. *Chromosoma*, 20:151-154.
- RAY-CHAUDHURI, R., 1967. Mitotic and Meiotic Chromosomes of *Eudynamy scolopacea*. *The Nucleus*, 10:179-189.
- RAY-CHAUDHURI, R., 1973. Cytotaxonomy and Chromosome Evolution in Birds. In: *Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution*. Cambridge University Press. London, p. 425-483.
- RAY-CHAUDHURI, R., 1976. Karyotype Studies of Some Indian Birds. *The Nucleus*, 19:86-91.
- REES, H. e R.N. JONES, 1972. The Origen of the Wide Species Variation in Nuclear DNA content. *Int. Rev. Cytol.* 32: 53-92.
- RENZONI, A. e M. VEGNI-TALLURI, 1966. The Karyograms of Some Falconiformes and Strigiformes. *Chromosoma*, 20:133-150.
- ROTHFELS, K.H. e L. SIMINOVITCH, 1958. The Chromosomes Complement of Rhesus Monkey (*Macaca mulata*). Determined in Kidney Cell Cultivated in vitro. *Chromosoma*, 9:163-175.
- ROTHFELS, K., M. ASPDEN e M. MOLLISON, 1963. The W chromosome of the Budgerigar *Melopsittacus undulatus*. *Chromosoma*, 14:459-467.

- SASAKI, M., T. IKEUCHI e S. MAKINO, 1968. A Feather Pulp-Culture Tekquinique for Avian Chromosomes of the Peafowl and the Ostric. *Experientia*, 24:1292-1293.
- SHIELDS, G.F., 1973. Chromosomal polymorphism common to Several Species of Junco (Aves). *Can. J. Genet. Cytol.*, 15:461-471.
- SCHIMID, W., 1962. DNA Replication Patterns of the Heterochromosomes in *Gallus domesticus*. *Cytogenetics*, 1:344-352.
- SCHNEDL, W., 1973. Observations on the Mechamisms of Giemsa Staining Methods. In: T. CASPERSSON e L. ZECH. *Chromosome Identification*. New York and London. Academic Press. pg. 342-345.
- SHOFFNER, R.N., A. KRISHAN, G.J. HAIDEN, R.K. BAMMI e J.S. OTTIS, 1967. Avian Chromosome Methodology. *Poultry Science*, 46:333-344.
- SHOFFNER, R.N., 1974. Chromosomes of Birds. In: BUSCH, H., Coord. *The Cell Nucleus*. Academic Press. New York. San Francisco. London. Volume II, p. 223-261.
- SHOFFNER, R.N., 1977. Chromosomal Polymorfism and Heteroploidy in Birds. *The Nucleus*, 20:112-118.
- SRIVASTAVA, M.D.L. e M. MISRA, 1971. Somatic Chromosomes of *Streptopelia decaoto*. *J. of Heredity*, 62:373-374.

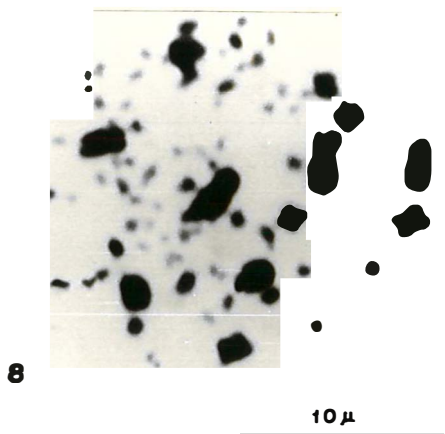
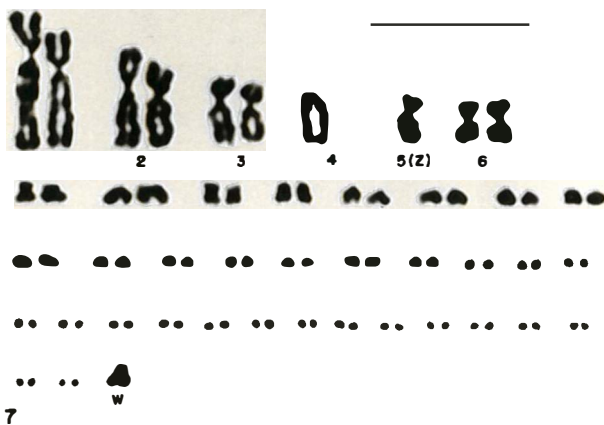
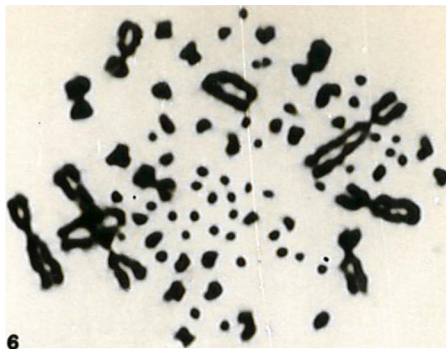
- STEFOS, K. e F.E. ARRIGHI, 1971. Heterochromatic Nature of W chromosome in Birds. *Exp. Cell Res.*, 68:228-231.
- STOCK, A.D. e G.A. MENDGEN, 1975. Chromosome Banding Pattern Conservatism in Birds and Nonhomology of Chromosomes Banding Pattern Between Birds, Turtles, Snakes and Amphibians. *Chromosoma*, 50:69-77.
- SYBENGA, J., 1972. General cytogenetics. London, North. Hollan. 359 p.
- TAKAGI, N. e S. MAKINO, 1966. A Revised Study on the Chromosomes of Three Species of Birds. *Caryologia*, 19: 443-445.
- TAKAGI, N., 1972. A Comparative Study of the Chromosome Replication in 6 Species of Birds. *Japan J. Genetics*, 47: 115-123.
- TAKAGI, N., M.E. ITOH e M. SASAKI, 1972. Chromosome Studies in Four Species of Ratitae (Aves). *Chromosoma*, 36:281-291.
- TAKAGI, N. e M. SASAKI, 1974. A Phylogenetic Study of Bird Karyotypes. *Chromosoma*, 46:91-120.
- THEODORESCU, R.C., 1975. The Karyotypic Evolution in Two Pelicaniformes (Aves). *Caryologia*, 28:459-466.
- VEGNI-TALLURI, M. e L. VEGNI, 1965. Fine Resolution of the Karyogram of the Quail *Coturnix coturnix japonica*. *Chromosoma*, 17:264-272.

WANG, N. e R.N. SHOFFNER, 1974. Trypsin G- and C-Banding for Interchange Analysis and Sex Identification in the Chicken. *Chromosoma*, 47:61-69.

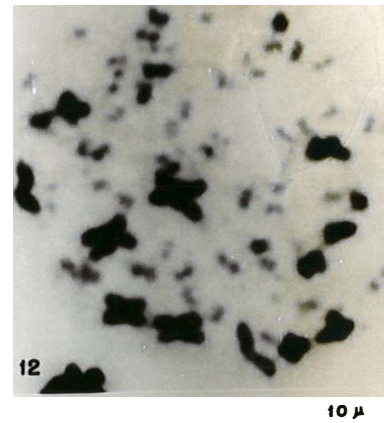
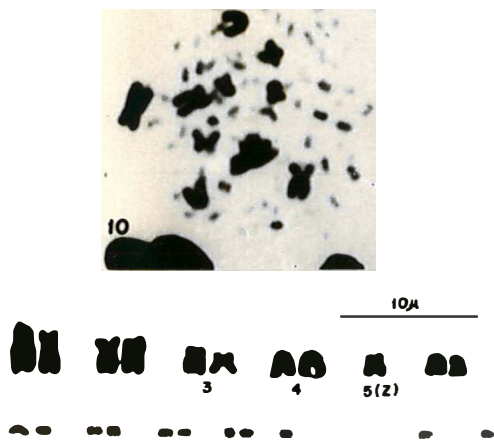
WHITE, M.J.D., 1973. *Os Cromossomos*. 6a. Edição, São Paulo, Editora Nacional, Editora da Universidade de São Paulo, 196 p.

YAMASHINA, Y., 1944. Karyotypes Studies in Birds. I. Comparative Morfology of Chromosomes in Seventeen Races of Domestic Fowl. *Cytology*, 13:270-296.

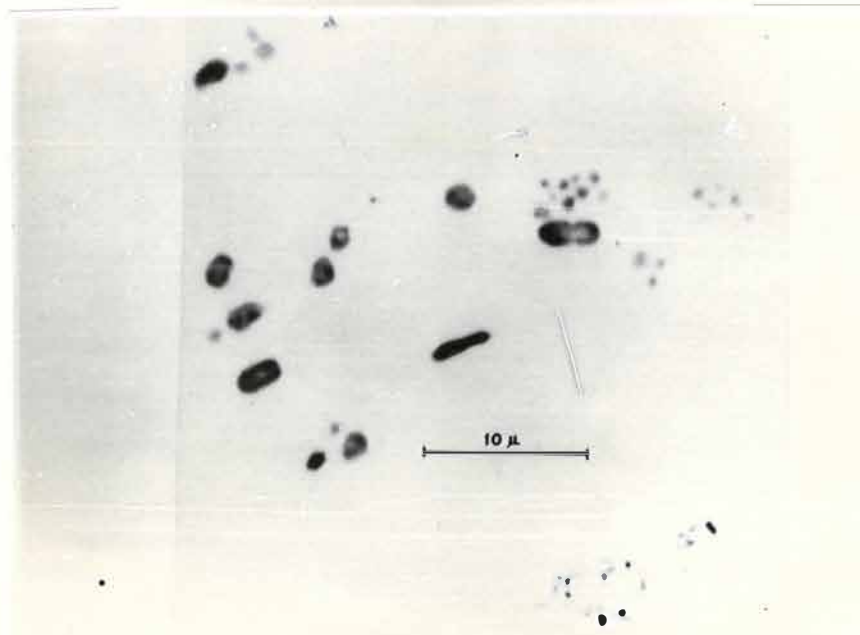
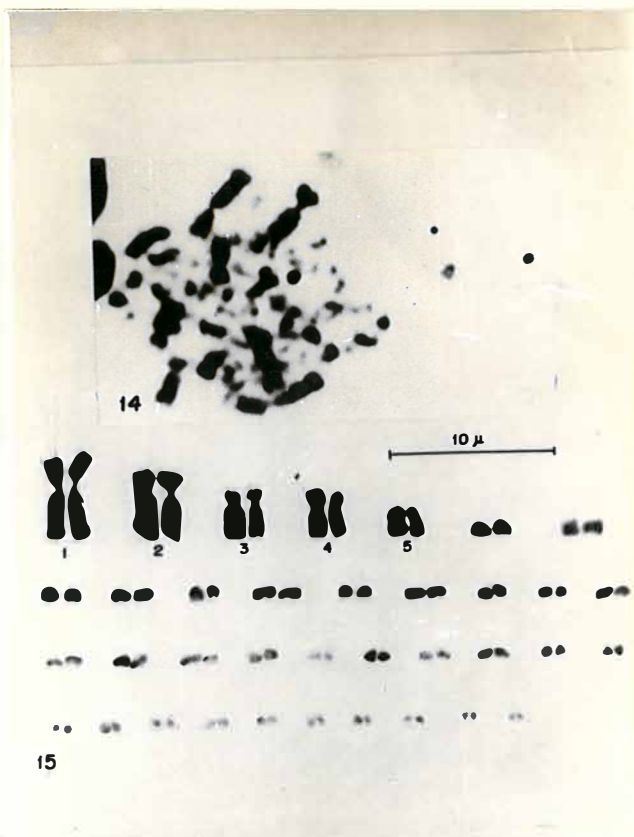
APÊNDICE



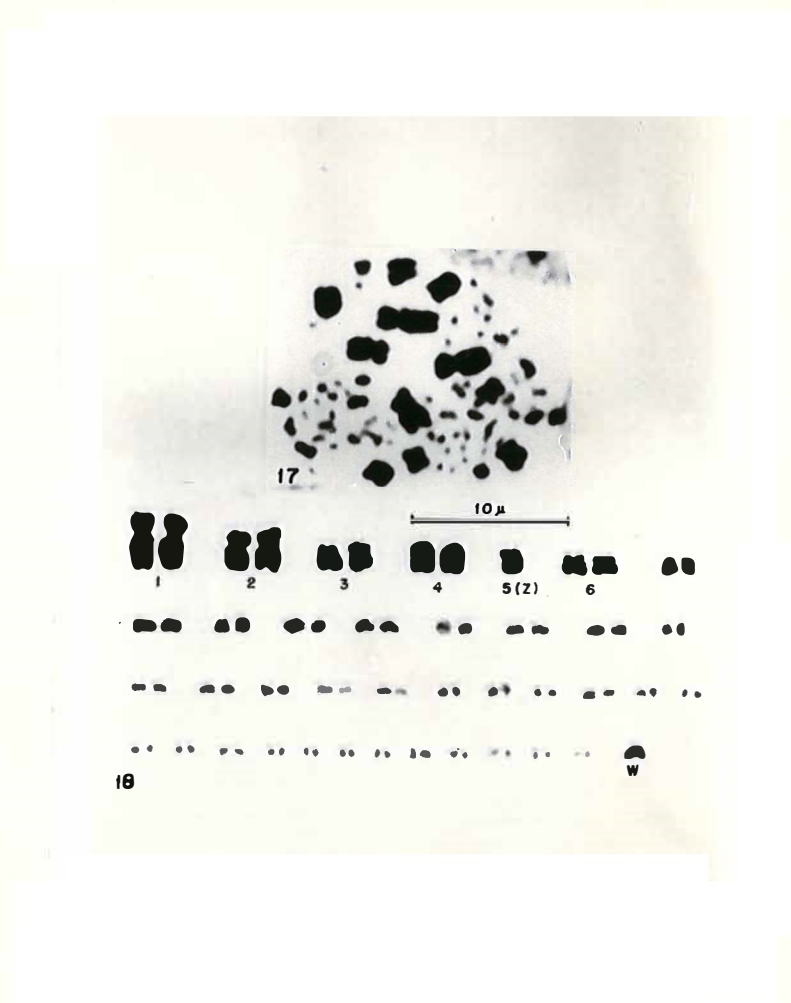
Figuras 6, 7, 8 e 9. *Aramides cajanea*. Figuras 6 e 8 - metáfases respectivamente da fêmea e do macho. Figuras 7 e 9 - cariótipos respectivamente da fêmea e do macho.



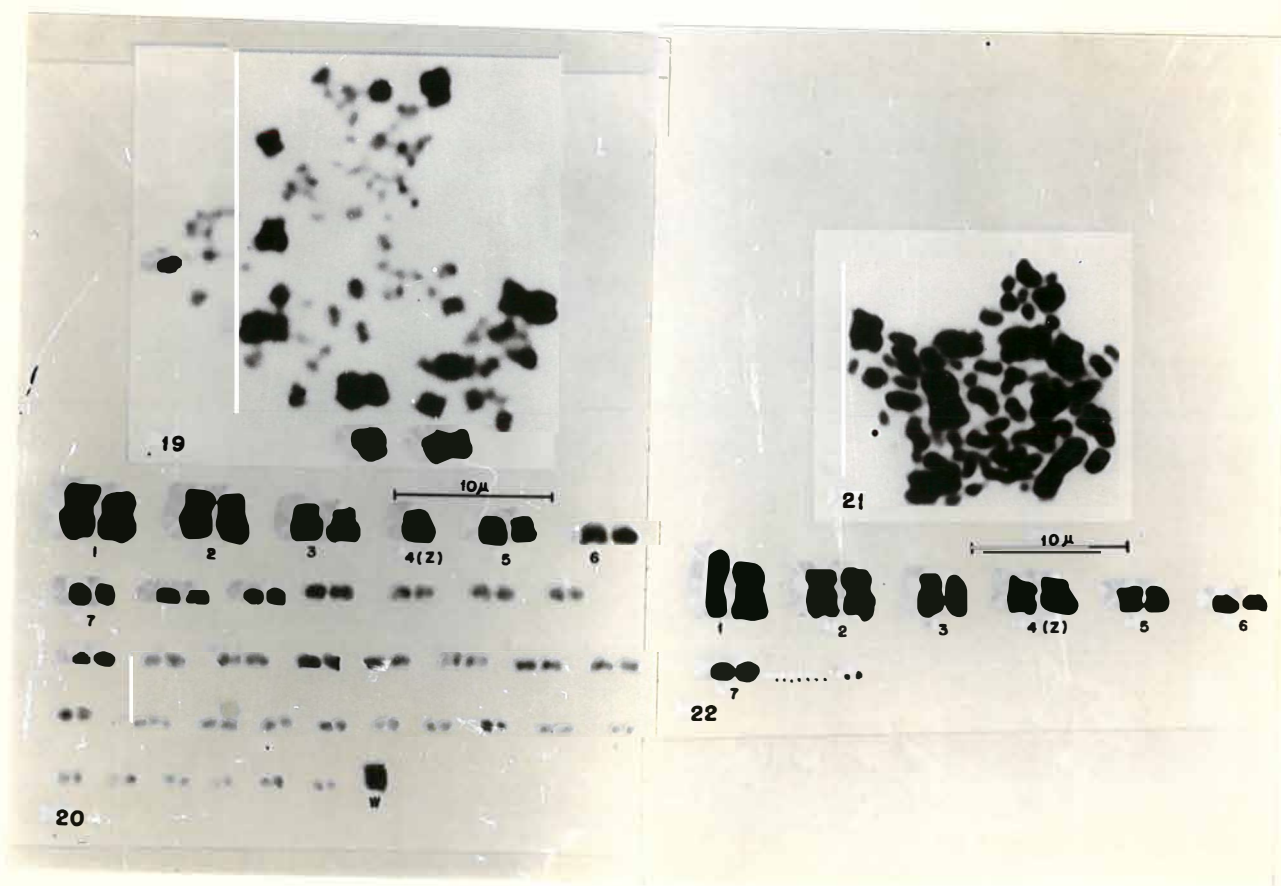
Figuras 10, 11, 12 e 13. *Aramides saracura*. Figuras 10 e 12 - metáfases respectivamente da fêmea e do macho. Figuras 11 e 12 - cariótipos respectivamente da fêmea e do macho.



Figuras 14, 15 e 16. *Porzana albicollis*. Figura 14 - metáfase do macho. Figura 15 - cariótipo do macho. Figura 16 - metáfase meiótica.



Figuras 17 e 18. *Laterallus viridis*. Figura 17 - metáfase da fêmea. Figura 18 - cariótipo da fêmea.



Figuras 19, 20, 21 e 22. *Porphyrula martinica*. Figuras 19 e 21 - metáfases respectivamente da fêmea e do macho. Figuras 20 e 22 - cariótipos respectivamente da fêmea e do macho.

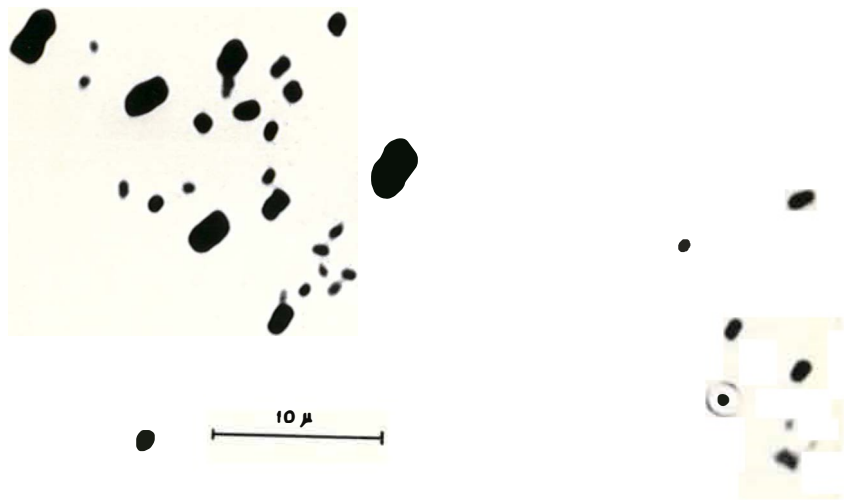


Figura 23. *Porphyrula martinica* - metáfase meiótica.