



CARACTERIZAÇÃO E VARIABILIDADE GENÉTICA DE TLR4 EM DUAS ESPÉCIES DE AVES MIGRATÓRIAS DO GÊNERO CALIDRIS (SCOLOPACIDAE, CHARADRIIFORMES)

WELLINGTON COELHO DE OLIVEIRA; MARIA PAULA CRUZ SCHNEIDER; ALINE GRASIELLE COSTA DE MELO

Introdução: O Brasil pelo seu imenso litoral constitui um importante ponto de parada para aves migratórias neárticas (ORDEM CHARADRIIFORMES), que utilizam essa região para repouso e alimentação, durante o seu período não reprodutivo. Aves migratórias desenvolveram diversas adaptações fisiológicas a fim de responder às forças seletivas impostas por seu estilo de vida. Portanto, é esperado que seu sistema imune inato seja de alguma forma adaptado aos ambientes pelos quais passam. Os receptores semelhantes ao toll (TLRs), constituem um grupo de proteínas que atuam no reconhecimento de padrões moleculares associados a patógenos (PAMPS). **Objetivo:** Descrever através de sequenciamento de DNA, os alelos do éxon 3 do gene TLR4, das espécies *Calidris pusilla* e *C. canutus rufa*. **Metodologia:** As coletas de sangue dos espécimes, foram realizadas entre 1996 e 2000 em diversos sítios de invernada nas costas Norte e Nordeste brasileira. Foram utilizados 10 indivíduos de cada espécie, para isolamento e amplificação, clonagem e sequenciamento do éxon 3 do gene TLR4. As sequências nucleotídicas obtidas foram editadas e alinhadas no programa BioEdit. Os alelos foram identificados no programa DnaSP 6.12. O programa Mega 6 foi utilizado para identificar os sítios variáveis e fazer a reconstrução filogenética. **Resultados:** Em nossas análises, os fragmentos obtidos do éxon 3 do gene TLR4 tiveram 833 pb, com 59 sítios variáveis e um indel. Todos os indivíduos analisados das duas espécies eram heterozigotos. Foram identificados um total de cinco alelos diferentes em *C. canutus rufa* e 17 alelos para a espécie *C. pusilla*. Foram encontrados três alelos diferentes em um espécime de *C. canutus* e em seis espécimes de *C. pusilla*. **Conclusão:** A reconstrução filogenética indicou duplicação gênica, portanto mais clones deveriam ser sequenciados a fim de encontrarmos a real diversidade alélica desses genes. Nas Américas, estas aves vem sofrendo altíssimo declínio populacional e as espécies *C. canutus rufa* e *Calidris pusilla* estão classificadas como “quase ameaçadas” de risco de extinção, o que pode ser a causa do menor número de alelos encontrados em *C. canutus*. Dessa forma, por meio da análise dos padrões evolutivos dos TLRs podemos entender a eco-imunogenética aviária.

Palavras-chave: AVES MIGRATÓRIAS; TLR4; CALIDRIS CANUTUS RUFA; CALIDRIS PUSILLA; CHARADRIIFORMES