

## DETERMINAÇÃO MOLECULAR DO SEXO EM AVES POR MEIO DE *PRIMERS* CHD1: AVANÇOS, LIMITAÇÕES E PERSPECTIVAS

ANDRIA GOMES SEDREZ<sup>1</sup>; ADRIANA PINHEIRO DA FRANÇA E HEDEN LUIZ MARQUES MOREIRA<sup>2</sup>; RAFAEL ALDRIGHI TAVARES<sup>3</sup>

<sup>1</sup>UFPEL / Curso de Zootecnia – asedrez@yahoo.com

<sup>2</sup>UFPEL – heden.moreira@gmail.com

<sup>3</sup>UFPEL / Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel / DZ – r.tavares@ufpel.edu.br

### 1. INTRODUÇÃO

A determinação molecular do sexo em aves é essencial para estudos em ecologia, conservação e reprodução, principalmente em espécies monomórficas, onde machos e fêmeas não apresentam diferenças fenotípicas visíveis (ÇAKMAK et al., 2017). Métodos morfológicos e comportamentais se mostraram pouco confiáveis, enquanto as técnicas invasivas apresentam riscos e limitações éticas.

O gene CHD1 (chromo-helicase-DNA binding 1), presente nos cromossomos sexuais Z e W, tornou-se a principal base para sexagem molecular, por apresentar variações estruturais que permitem a distinção dos produtos amplificados por PCR (FRIDOLFSSON; ELLEGREN, 1999).

Diversos pares de *primers* vêm sendo utilizados, com destaque para P2/P8 (GRIFFITHS et al., 1998), 2550F/2718R (FRIDOLFSSON; ELLEGREN, 1999) e CHD1F/CHD1R (KORNFELD; BENTO, 2017). Esta revisão bibliográfica tem como objetivo discutir a aplicabilidade, limitações e avanços relacionados a esses *primers*, destacando sua importância para a ornitologia e conservação. A determinação precisa do sexo em aves tem implicações diretas na conservação de espécies ameaçadas em que o equilíbrio entre os sexos é determinante para eficiência reprodutiva e manejo populacional (Vuicicevic et al., 2012).

### 2. METODOLOGIA

Trata-se de uma revisão bibliográfica narrativa, baseada em artigos publicados em periódicos científicos entre 1998 e 2025, disponíveis em bases como PubMed, Scopus e Web of Science. Foram selecionados trabalhos que

descrevem a aplicação de *primers* na sexagem de aves, comparações entre espécies de diferentes ordens e propostas de novos métodos complementares.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A sexagem molecular em aves baseia-se no fato de que machos são homogaméticos (ZZ), enquanto fêmeas são heterogaméticas (ZW). A análise do gene CHD1, presente em ambos os cromossomos, mas com diferenças em inserções/deleções, permite distinguir o sexo com técnicas de PCR.

Os resultados apresentados na Tabela 1 demonstram que diferentes conjuntos de *primers* possuem vantagens e limitações distintas no sexamento molecular de aves. O par P2/P8, embora amplamente empregado desde sua proposição, apresenta restrições quanto à resolução em gel, devido à pequena diferença entre os amplicons dos cromossomos sexuais (Griffiths et al., 1998). Já os *primers* 2550F/2718R destacam-se pela ampla aplicabilidade, mas sua eficiência é reduzida em Strigiformes, limitando o uso em determinadas ordens (Fridolfsson; Ellegren, 1999; Wang et al., 2025). Por outro lado, o par CHD1F/CHD1R demonstra melhor desempenho em amostras de DNA degradado e espécies raras, embora sua difusão na literatura ainda seja restrita (Kornfeld; Bento, 2017; Panteri et al., 2024).

Tabela 1 – Comparação dos *primers* utilizados na sexagem molecular de aves

<b>Primers</b>	<b>Amplicons típicos (Z/W)</b>	<b>Vantagens</b>	<b>Limitações</b>	<b>Referências</b>
P2/P8	Diferença 10–15 pb	Tradicional, uso amplo	Baixa resolução em gel	Griffiths et al. (1998)
2550F/2718R	600–700 / 400–500 pb	Alta aplicabilidade	Ineficaz em Strigiformes	Fridolfsson; Ellegren (1999); Wang et al. (2025)
CHD1F/CHD1R	443 / 327 pb	Eficaz em DNA degradado, espécies raras	Menor difusão na literatura	Kornfeld; Bento (2017); Panteri et al. (2024)

Embora os *primers* baseados no gene CHD1 sejam amplamente utilizados e considerados padrão desde os trabalhos clássicos de Fridolfsson e Ellegren (1999), diferentes estudos demonstraram que a eficiência varia entre ordens, como observado em Strigiformes, onde estruturas genômicas específicas dificultam a aplicação universal (Esaki et al., 2025). Portanto, um dos grandes desafios atuais reside na validação interespecies, assegurando confiabilidade diagnóstica.

#### 4. CONCLUSÕES

A sexagem molecular por PCR utilizando os *primers* baseados no gene CHD1 consolidou-se como técnica padrão para aves, permitindo avanços em programas de conservação e reprodução. Entretanto, a variabilidade de desempenho entre ordens evidencia a necessidade de validação prévia em cada espécie.

O desenvolvimento de *primers* específicos e a incorporação de métodos complementares, como HRM e sequenciamento de nova geração, representam caminhos promissores para superar as limitações atuais. O futuro da sexagem molecular em aves dependerá da integração entre métodos clássicos baseados em PCR e novas tecnologias (HRM/NGS), que oferecem maior sensibilidade, possibilidade de detecção de polimorfismos intraespecíficos e padronização em larga escala (Kitpipit et al., 2019; Hatakeyama et al., 2020).

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ÇAKMAK, E. et al. A comparative study for sexing birds using CHD genes. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, v.29, n.6, p.849-853, 2017.

FRIDOLFSSON, A.K.; ELLEGREN, H. A simple and universal method for molecular sexing of non-ratite birds. *Journal of Avian Biology*, v.30, p.116-121, 1999.

GRIFFITHS, R. et al. A DNA test to sex most birds. *Molecular Ecology*, v.7, n.8, p.1071-1075, 1998.

KORNFELD, J.; BENTO, M. Bird sexing protocol with primers CHD1F/CHD1R. Bento Lab Protocols, 2017.

VUCICEVIC, M. et al. Sex determination in 58 bird species and evaluation of CHD gene as a universal molecular marker in bird sexing. *Zoo Biology*, v.32, n.3, p.269-276, 2013.

ESAKI, M. et al. Molecular sexing in owls (Aves, Strigiformes) and the unique genetic structure of the CHD1 gene on chromosome W. *Genes*, v.16, n.6, 653, 2025.

KITPIPIT, T. et al. In-house validation of four common PCR assays for avian gender investigation. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, v.7, p.353-354, 2019.

HATAKEYAMA, H. et al. Molecular sexing in Japanese murrelet (*Synthliboramphus wumizusume*) and a tandem-repeat polymorphism on the W chromosome. *Scientific Reports*, v.10, n.8576, 2020.