

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

LUIS ANTONIO CASTILLO CEVALLOS

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE CAPRINOS
LOCALMENTE ADAPTADOS DA AMÉRICA DO SUL E DA EUROPA**

**RECIFE
2024**

LUIS ANTONIO CASTILLO CEVALLOS

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE
CAPRINOS LOCALMENTE ADAPTADOS DA AMÉRICA DO SUL E
DA EUROPA**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação
em Zootecnia da Universidade Federal Rural de
Pernambuco, como parte dos requisitos para
obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

Área de concentração: Zootecnia

Orientadora:

Prof^ª. Dr^ª. Maria Norma Ribeiro

Coorientadoras:

Prof^ª. Dr^ª. Laura Leandro da Rocha

Prof^ª. Dr^ª. Janaina Kelli Gomes Arandas

**RECIFE
2024**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE
Bibliotecário(a): Auxiliadora Cunha – CRB-4 1134

C424d Cevallos, Luis Antonio Castillo.

Diversidade genética e estrutura populacional de caprinos localmente adaptados da América do Sul e da Europa / Luis Antonio Castillo Cevallos. – Recife, 2024.

125 f.; il.

Orientador(a): Maria Norma Ribeiro.

Co-orientador(a): Laura Leandro da Rocha.

Co-orientador(a): Janaina Kelli Gomes Arandas.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Recife, BR-PE, 2024.

Inclui referências.

1. Genética. 2. Caprinos . 3. Correlação genética e ambiental .
4. Análise quantitativa 5. Bibliometria.

I. Ribeiro, Maria Norma, orient. II. Rocha, Laura Leandro da,
coorient. III. Arandas, Janaina Kelli Gomes, coorient. IV. Título

CDD 636



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE
CAPRINOS LOCALMENTE ADAPTADOS DA AMÉRICA DO SUL E
DA EUROPA**

Tese elaborada por:

LUIS ANTONIO CASTILLO CEVALLOS

Aprovado em 26/08/2024

BANCA EXAMINADORA

Prof.^a. Dr.^a. Laura Leandro da Rocha - Presidente
Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)

Prof. Dr. Henrique Silva Sérvio - Avaliador
Instituto Federal de Rondônia (IF-RO)

Prof. Dr. Aderbal Cavalcante Neto - Avaliador
Universidade Federal do Sul e Sudoeste do Pará (UNIFESSPA)

Prof. Dr. Riccardo Bozzi - Avaliador
Università degli Studi di Firenze (UniFI/Itália)

Prof. Dr. Edgar Lenin Aguirre Riofrio - Avaliador
Universidad Nacional de Loja (UNL/Equador)

Aos meus pais, Fernando e Isabel, e aos meus irmãos, Mauricio e Fernanda. A força e o apoio constante de vocês tornaram esta conquista possível. Esta vitória é tão de vocês quanto minha.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, expresso minha profunda gratidão à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia pelo acolhimento caloroso e pelo suporte constante ao longo de toda a minha jornada acadêmica.

Agradeço à Organização dos Estados Americanos (OEA) e ao Grupo de Cooperação Internacional de Universidades Brasileiras (GCUB), pelo patrocínio da bolsa acadêmica no âmbito do Programa de Alianças para a Educação e a Capacitação da OEA (PAEC OEA-GCUB), e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado.

Meu agradecimento mais sincero vai para a minha orientadora, Profa. Dra. Maria Norma Ribeiro, cuja orientação, paciência e expertise foram fundamentais para a realização deste trabalho. Sou igualmente grato às minhas coorientadoras, Profa. Dra. Laura Leandro Rocha e Profa. Dra. Janaina Kelli Gomes Arandas, por suas valiosas contribuições e orientações ao longo deste processo.

Expresso minha gratidão aos membros da banca examinadora da minha defesa: Prof. Dr. Henrique Silva Sérgio, Prof. Dr. Aderbal Cavalcante Neto, Prof. Dr. Riccardo Bozzi e Prof. Dr. Edgar Lenin Aguirre Riofrio. Agradeço profundamente pela atenção dedicada, pelas observações pertinentes e pelo impacto positivo que tiveram no aprimoramento deste trabalho.

A todos os membros do Grupo de Conservação de Recursos Genéticos Animais (CRGAN) da UFRPE, meu agradecimento mais sincero pelos conhecimentos compartilhados e pela amizade preciosa.

Finalmente, agradeço a todos os amigos e amigas que conheci ao longo deste período. Seu apoio e amizade foram fundamentais para tornar esta experiência mais gratificante e especial.

"Imagination is more important than knowledge. For knowledge is limited, whereas imagination embraces the entire world, stimulating progress, giving birth to evolution."

Albert Einstein

RESUMO GERAL

Os caprinos localmente adaptados são vitais para a economia e a cultura, além de constituírem um importante reservatório de diversidade genética. Contudo eles enfrentam ameaças, como a substituição por raças especializadas e os impactos das mudanças climáticas. Conhecer a diversidade e a estrutura genética dessas populações é necessário para implementar estratégias eficazes de conservação e manejo sustentável. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi investigar os padrões de diversidade genética, a estrutura genética populacional e as relações genéticas intra e interpopulacionais de caprinos localmente adaptados da América do Sul e da Europa, utilizando uma abordagem integrada que incluiu a genética da paisagem e a meta-análise de resultados de estudos primários. Adicionalmente, foi realizada uma análise bibliométrica para mapear as tendências e os padrões na pesquisa relacionada à variabilidade genética molecular em caprinos, abrangendo, assim, três capítulos. No primeiro, foi explorada, por meio da genética da paisagem, a influência da geografia na diversidade e na estruturação genética das raças caprinas adaptadas localmente do Brasil, da Espanha e do Equador. Foram utilizadas informações geoespaciais, obtidas a partir do geodatabase Google Earth Pro, e informações genotípicas, obtidas a partir de um painel de 23 marcadores microssatélites, referentes a 15 populações (561 caprinos), incluindo seis raças brasileiras, três espanholas, uma equatoriana, uma população sem padrão racial definido e quatro raças exóticas. As análises revelaram níveis significativos de diversidade genética nas raças locais, com destaque para as espanholas ($H_o = 0,629$ e $H_e = 0,685$) e equatoriana ($H_o = 0,628$ e $H_e = 0,704$), que apresentaram maior diversidade em comparação às brasileiras ($H_o = 0,583$ e $H_e = 0,628$). As raças brasileiras Moxotó e Serrana Azul apresentaram a menor diversidade genética. A correlação significativa entre as distâncias geográficas e as genéticas das populações indicou que o isolamento geográfico é um fator crucial na diferenciação genética das raças ($R^2 = 0,59$; $P = 0,000000$), além de identificar barreiras genéticas que restringem o fluxo gênico entre algumas populações, gerando um padrão geográfico de variação e diferenciação genética. No segundo capítulo, comparou-se, por meio de uma meta-análise, a diversidade genética entre populações caprinas nativas sul-americanas e europeias. Foram analisados artigos que exploram a diversidade genética dessas populações utilizando marcadores microssatélites e SNPs. Os resultados demonstraram uma menor diversidade genética nas raças sul-americanas, com tamanhos de efeito (*g de Hedges*) negativos e significativamente diferentes de zero para o número médio de alelos ($MNA = -0,22$) e para a heterozigosidade observada ($H_o = -2,08$) e esperada ($H_e = -0,59$). Esses achados sugerem uma redução assimétrica na diversidade genética das populações sul-americanas, influenciada por diferentes mecanismos genéticos e demográficos subjacentes ao estabelecimento das populações caprinas nas duas regiões. No terceiro capítulo, foi conduzida uma análise bibliométrica para entender a dinâmica e as tendências da pesquisa sobre diversidade genética em caprinos, abrangendo o período de 1999 a 2023. Utilizando dados da base de dados bibliográficos Web of Science, a análise revelou um crescimento linear na produção acadêmica, com uma taxa anual de crescimento de 8,86%, superior à de várias outras áreas do conhecimento. As tecnologias moleculares evoluíram significativamente, com uma transição dos microssatélites para SNPs e o surgimento de metodologias avançadas como WGS e GBS. A análise abrangeu 1.586 pesquisadores, com Verma NK, Aggarwal RAK e Dixit SP, do NBAGR, na Índia, e Martinez AM e Delgado JV, da Universidade de Córdoba, na Espanha, como os mais produtivos. A colaboração internacional, especialmente na Europa e na Ásia, foi fundamental para o avanço do campo, com 59% dos países europeus e 47% dos asiáticos envolvidos na pesquisa. A Europa e a Ásia estão na vanguarda do crescimento, com taxas de crescimento anual iguais ou superiores a 15% em 25% e 22% de seus países respectivamente. Todavia, África, Américas e Oceania ainda enfrentam desafios que limitam sua capacidade de expansão. Cerca de 29,7% dos artigos foram publicados em periódicos de alto fator de impacto (≥ 3) e 45,2% em revistas de acesso aberto, com um fator de impacto médio de 2,5, favorecendo a disseminação do conhecimento científico. Em conjunto, os três capítulos proporcionam uma compreensão abrangente da diversidade genética, da estrutura genética populacional e das tendências das pesquisas em caprinos adaptados localmente, fornecendo informações essenciais para a formulação de estratégias eficazes de conservação e uso sustentável desses valiosos recursos genéticos, promovendo a conservação da rica diversidade genética das populações caprinas em face das ameaças atuais.

Palavras-chave: Variabilidade genética, caprinos nativos, genética da paisagem, síntese quantitativa, bibliometria.

ABSTRACT

Locally adapted goats are vital to the economy and culture, in addition to being an important reservoir of genetic diversity. However, they face threats such as replacement by specialized breeds and the impacts of climate change. Understanding the diversity and genetic structure of these populations is necessary to implement effective conservation and sustainable management strategies. In this context, the objective of this study was to investigate the patterns of genetic diversity, population genetic structure, and intra- and interpopulation genetic relationships of locally adapted goats from South America and Europe, using an integrated approach that included landscape genetics and a meta-analysis of primary study results. Additionally, a bibliometric analysis was conducted to map trends and patterns in research related to molecular genetic variability in goats, thus covering three chapters. In the first chapter, landscape genetics was used to explore the influence of geography on the diversity and genetic structuring of locally adapted goat breeds from Brazil, Spain, and Ecuador. Geospatial information obtained from the Google Earth Pro geodatabase and genotypic information from a panel of 23 microsatellite markers of 15 populations (561 goats) were used, including six Brazilian breeds, three Spanish breeds, one Ecuadorian breed, one population with no defined breed pattern, and four exotic breeds. The analyses revealed significant levels of genetic diversity in local breeds, particularly the Spanish ($H_o = 0.629$ and $H_e = 0.685$) and Ecuadorian breeds ($H_o = 0.628$ and $H_e = 0.704$), which showed greater diversity compared to the Brazilian breeds ($H_o = 0.583$ and $H_e = 0.628$). The Brazilian Moxotó and Serrana Azul breeds presented the lowest genetic diversity. The significant correlation between the geographic and genetic distances of the populations indicated that geographic isolation is a crucial factor in the genetic differentiation of the breeds ($R^2 = 0.59$; $P = 0.000000$), in addition to identifying genetic barriers that restrict gene flow between some populations, generating a geographic pattern of genetic variation and differentiation. In the second chapter, genetic diversity between native South American and European goat populations was compared through a meta-analysis. Articles that explored the genetic diversity of these populations using microsatellite and SNP markers were analyzed. The results showed lower genetic diversity in South American breeds, with negative *Hedges' g* effect sizes that were significantly different from zero for the mean number of alleles (MNA = -0.22), observed heterozygosity ($H_o = -2.08$), and expected heterozygosity ($H_e = -0.59$). These findings suggest an asymmetrical reduction in genetic diversity in South American populations, influenced by different genetic and demographic mechanisms underlying the establishment of goat populations in both regions. In the third chapter, a bibliometric analysis was conducted to understand the dynamics and trends in research on genetic diversity in goats, covering the period from 1999 to 2023. Using data from the Web of Science bibliographic database, the analysis revealed linear growth in academic production, with an annual growth rate of 8.86%, surpassing several other fields of knowledge. Molecular technologies have evolved significantly, with a transition from microsatellites to SNPs and the emergence of advanced methodologies such as WGS and GBS. The analysis covered 1,586 researchers, with Verma NK, Aggarwal RAK, and Dixit SP from NBAGR in India, and Martinez AM and Delgado JV from the University of Córdoba in Spain being the most productive. International collaboration, especially in Europe and Asia, was crucial to the field's advancement, with 59% of European countries and 47% of Asian countries involved in the research. Europe and Asia are at the forefront of growth, with an annual growth rate equal to or greater than 15% in 25% and 22% of their countries, respectively. However, Africa, the Americas, and Oceania still face challenges that limit their capacity for expansion. About 29.7% of the articles were published in high-impact journals (≥ 3) and 45.2% in open-access journals, with an average impact factor of 2.5, favoring the dissemination of scientific knowledge. Taken together, the three chapters provide a comprehensive understanding of genetic diversity, population genetic structure, and research trends in locally adapted goats, providing essential information for formulating effective conservation and sustainable use strategies for these valuable genetic resources, promoting the conservation of the rich genetic diversity of goat populations in the face of current threats.

Keywords: Genetic variability, native goats, landscape genetics, quantitative synthesis, bibliometrics.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

- Fig. 1.** Representação gráfica da matriz das distâncias F_{ST} por pares entre as 15 populações caprinas estudadas. Os valores das cores que indicam as distâncias raciais são determinados pela escala no lado direito da imagem..... 55
- Fig. 2.** Análise fatorial de correspondência das 15 populações caprinas estudadas..... 56
- Fig. 3.** Gráfico Neighbor-Net das distâncias genéticas D_A de Nei representando as relações raciais entre as 15 populações caprinas. 57
- Fig. 4. a)** Sobreposição espacial das 10 populações caprinas localmente adaptadas com a heterozigosidade observada (círculos) e o agrupamento bayesiano (retângulos) inferido pelo programa Structure, baseado nos dados genéticos de 561 indivíduos das 15 populações para o melhor $K=13$. **b)** Gráfico de barras do agrupamento bayesiano mostrando todas as populações incluídas no estudo, em que cada barra horizontal representa um indivíduo, e a proporção de cada cor na barra corresponde ao coeficiente de pertinência estimado para cada indivíduo considerando um $K=13$ 58
- Fig. 5.** Resultados da análise da estrutura genética considerando as populações locais do BR, ES e EC, utilizando o programa BAPS. **a)** Resultados da análise bayesiana da estrutura populacional com o uso de modelo espacial. **b)** Análise de mistura de clusters identificados ($K=6$). 59
- Fig. 6.** Rede genética (com base nos valores F_{ST}) gerada no software EDENetwork considerando: **a)** as populações do BR, ES e EC e **b)** as populações do BR. A magnitude da borda está em correlação inversa com o valor de F_{ST} , bordas mais substanciais representam valores de F_{ST} de pares menos significativos. O tamanho do nó é proporcional aos valores de centralidade de intermediação. 61
- Fig. 7.** Barreiras (descontinuidades genéticas) mais prováveis identificadas com o programa Barrier, **a)** considerando as populações locais do BR, ES e EC e **b)** unicamente as populações do BR (mapa principal). 62

CAPÍTULO II

- Fig. 1.** Fluxograma do processo de seleção dos estudos incluídos na meta-análise..... 79
- Fig. 2.** Padrões de distribuição geográfica (interpolação espacial) da H_0 na região sul-americana e europeia estimada com **a)** Microssatélites e **b)** SNPs..... 83
- Fig. 3.** Gráfico de floresta do MNA nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%..... 84
- Fig. 4.** Gráfico de floresta da H_0 nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%. 85
- Fig. 5.** Gráfico de floresta da H_0 com análise de subgrupos nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD:

desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

86

Fig. 6. Gráfico de floresta da H_e nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%. 86

Fig. 7. Gráfico de floresta da H_e com análise de subgrupos nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

87

Fig. 8. Gráficos de funil para as variáveis **a)** MNA, **b)** H_o e **c)** H_e nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. 88

Fig. 9. Gráficos radiais para a meta-análise das variáveis **a)** MNA, **b)** H_o e **c)** H_e incluindo a linha de regressão (linha sólida) para o teste de Egger. 89

CAPÍTULO III

Fig. 1. Distribuição da produção científica anual sobre caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos). 104

Fig. 2. Análise de regressão do número de documentos produzidos por ano no tema. 104

Fig. 3. Evolução no uso de tecnologias moleculares para a caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos). 105

Fig. 4. Distribuição (%) do uso pelos pesquisadores das tecnologias para a caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos). 106

Fig. 5. Distribuição da frequência da produção científica por autores (linha contínua) e a esperada pela Lei de Lotka (linha tracejada). 107

Fig. 6. Rede de colaboração entre os autores. A distância e a espessura das linhas conectando os círculos indicam a força de relacionamento entre os autores; os círculos representam os autores; e o tamanho do círculo é proporcional ao número de publicações. **a)** A cor representa os clusters da rede; e **b)** a cor indica o ano médio de publicação de acordo com as legendas.

109

Fig. 7. Instituições de pesquisa mais relevantes de acordo com o número de trabalhos científicos. 110

Fig. 8. a) Mapa de calor dos países; e **b)** gráfico de rosca (%) dos continentes de acordo com o número de publicações sobre o tema. 111

Fig. 9. Rede de colaboração entre países. A distância e a espessura das linhas conectando os círculos indicam a força de relacionamento entre os países; os círculos representam os países; e o tamanho do círculo é proporcional ao número de publicações. **a)** A cor indica os clusters da rede; e **b)** a cor indica o ano médio de publicação de acordo com as legendas. 112

Fig. 10. Revistas científicas mais relevantes de acordo com **a)** número de artigos científicos e **b)** fator de impacto. 113

Fig. 11. Gráfico da Lei de Bradford indicando as principais fontes da literatura no campo da diversidade genética dos caprinos. 113

Fig. 12. Diagrama de três campos representando o conhecimento científico sobre a caracterização da diversidade genética em caprinos. **AU:** principais autores, **DE:** tecnologias moleculares de caracterização genética e **SO:** revistas científicas..... 114

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela 1. Número médio de alelos (N_a), número efetivo de alelos (N_e), riqueza alélica (R_t), heterozigosidade observada (H_o) e esperada imparcial (uH_e), número de loci com desvios das proporções do EHW (EHW) e coeficiente de endogamia (F_{IS}) com seus intervalos de confiança (F_{IS} IC) para as 15 populações caprinas incluídas no estudo. 54

CAPÍTULO II

Tabela 1. Principais características dos estudos incluídos na meta-análise. 82

CAPÍTULO III

Tabela 1. Os dez pesquisadores mais produtivos da área da caracterização da diversidade genética em caprinos em nível global..... 106

Tabela 2. Os 15 artigos científicos sobre caracterização da diversidade genética de caprinos mais citados segundo a base de dados WOS. 116

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	16
2	REVISÃO DE LITERATURA	19
2.1	RECURSOS GENÉTICOS CAPRINOS NATIVOS: CONTEXTO SUL-AMERICANO E EUROPEU	19
2.1.1	CAPRINOS NATIVOS DO BRASIL, DO EQUADOR E DA ESPANHA	20
2.2	IMPORTÂNCIA DOS RECURSOS GENÉTICOS CAPRINOS LOCALMENTE ADAPTADOS	23
2.3	CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DOS CAPRINOS.....	25
2.3.1	FERRAMENTAS MOLECULARES PARA A CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA	26
2.3.2	DIVERSIDADE GENÉTICA INTRARRACIAL	30
2.3.3	RELAÇÕES GENÉTICAS INTER-RACIAIS E ESTRUTURA POPULACIONAL	32
2.3.4	GENÉTICA DA PAISAGEM	35
2.4	META-ANÁLISE E BIBLIOMETRIA NO MELHORAMENTO E NA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS	36
3	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37
	CAPÍTULO I: Padrão genético espacial da diversidade dos caprinos localmente adaptados do Brasil, da Espanha e do Equador	45
	RESUMO	46
	1. INTRODUÇÃO	48
	2. MATERIAL E MÉTODOS	50
	2.1 Amostragem dos caprinos	50
	2.2 Genotipagem dos marcadores microssatélites.....	50
	2.3 Análises estatísticas dos dados	51
	3. RESULTADOS	53
	3.1 Diversidade genética dentro das populações	53
	3.2 Relações genéticas entre populações.....	55
	3.3 Análises de agrupamento bayesiano.....	57
	3.4 Análise de rede e barreiras genéticas	60
	4. DISCUSSÃO	62
	5. CONCLUSÃO	66
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67

CAPÍTULO II: Diversidade genética dos caprinos sul-americanos e europeus: revisão sistemática e meta-análise	72
RESUMO	73
1. INTRODUÇÃO	75
2. MATERIAL E MÉTODOS	77
2.1 Pesquisa bibliográfica e seleção de estudos	77
2.2 Extração de dados	79
2.3 Análises estatísticas	80
3. RESULTADOS	81
3.1 Coleta de dados e características dos estudos	81
3.2. Comparação de MNA nas raças locais sul-americanas e europeias	84
3.3. Comparação de H_o nas raças locais sul-americanas e europeias	85
3.4. Comparação de H_e nas raças locais sul-americanas e europeias	86
3.5 Viés de publicação	87
4. DISCUSSÃO	89
5. CONCLUSÃO	92
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	92
CAPÍTULO III: Diversidade genética na espécie caprina (<i>Capra hircus</i>): análise bibliométrica	96
RESUMO	97
1. INTRODUÇÃO	99
2. MATERIAL E MÉTODOS	101
2.1. Estratégia de pesquisa	101
2.2. Levantamento de banco de dados	102
2. 3. Análises dos dados e visualização	103
3. RESULTADOS	103
3.1. Características e tendências temporais	103
3.2. Análise de autores e colaboração científica	106
3.3. Revistas científicas mais relevantes e fator de impacto	112
3.4 Análise de citações e literatura científica mais relevante	114
4. DISCUSSÃO	117
5. CONCLUSÃO	121
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	122

1 INTRODUÇÃO GERAL

Após a domesticação, cerca de 10.000 anos atrás (NADERI *et al.*, 2008), a migração humana e o comércio internacional ajudaram a disseminar os caprinos globalmente (YI *et al.*, 2022). No final do século XV, com a descoberta da América e a conquista das Ilhas Canárias, esse último ponto geográfico tornou-se uma das travessias marítimas mais importantes entre África, América e Europa, facilitando o intercâmbio de recursos genéticos de animais domésticos. Dessa forma, esses territórios estavam estreitamente ligados pela pecuária, um dos pilares econômicos da época (CAPOTE; FRESNO, 2016; DELGADO *et al.*, 1990).

Na América do Sul, as populações de caprinos são muitas vezes adaptadas a ambientes áridos e semiáridos, onde outras espécies de gado não prosperam. Por exemplo, no Brasil, Argentina, Equador e Peru, os caprinos são essenciais para a agricultura familiar e a economia local (VARGAS *et al.*, 2016; RIBEIRO *et al.*, 2017). Na Europa, os caprinos também são altamente valorizados, especialmente em regiões montanhosas e mediterrâneas, onde desempenham um papel significativo tanto para a atividade agrícola quanto para a manutenção das terras florestais (GINJA *et al.*, 2018).

Além de fundamentais para a produção de alimentos e outros recursos, os caprinos desempenham um papel importante na sustentabilidade econômica, ecológica e sociocultural de diversas comunidades rurais (BERTOLINI *et al.*, 2018; TIXIER-BOICHARD *et al.*, 2015). Os caprinos nativos são um valioso reservatório de variabilidade genética (COLLI *et al.*, 2018; SEVANE *et al.*, 2018; YI *et al.*, 2022), que, atualmente, está em risco devido ao cruzamento com raças especializadas ou à sua substituição por estas (COLLI *et al.*, 2018; RIBEIRO *et al.*, 2017).

A importância de se manter a diversidade genética em caprinos reside na capacidade de essas populações adaptarem-se a diferentes condições ambientais e resistirem a doenças (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017; MILLER; LU, 2019). Um pool genético amplo aumenta a probabilidade de indivíduos possuírem combinações alélicas que lhes conferem resistência a patógenos ou adaptabilidade a mudanças climáticas. Assim, a conservação da variabilidade genética é crucial para garantir a sustentabilidade a longo prazo da pecuária caprina.

A caracterização genética dos caprinos é essencial para guiar a conservação e o aprimoramento das raças, oferecendo dados críticos sobre sua diversidade e estrutura genética,

o que apoia a formulação de estratégias eficazes de manejo e de conservação (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014, 2023; GAMA, 2023). Estudos de diversidade genética em caprinos geralmente utilizam marcadores moleculares, como microssatélites e SNPs (Polimorfismo de sítio único), para avaliar a variabilidade genética intra e interpopulacional (CORTES *et al.*, 2022). Essas ferramentas moleculares têm permitido revelar padrões de diversidade genética, fluxo gênico e estrutura populacional (MANUNZA *et al.*, 2023; PAKPAHAN *et al.*, 2023; WHANNOU *et al.*, 2023; ZHONG *et al.*, 2023), proporcionando informações valiosas que ampliam nossa compreensão sobre esses valiosos recursos.

No contexto das Américas e da Europa, várias pesquisas têm explorado a diversidade genética, a estrutura genética populacional e as relações genéticas entre as populações caprinas dessas regiões. Diversos estudos, como os de Ginja *et al.* (2017) e Sevane *et al.* (2018), revelaram que, embora os caprinos crioulos americanos apresentem significativa variabilidade genética, esses níveis são geralmente inferiores aos observados nas populações europeias. Em contraste, Colli *et al.* (2018) relataram que as populações sul-americanas e europeias possuem níveis de diversidade genética comparáveis. Presume-se que as populações localizadas próximas ao centro de domesticação apresentam maior diversidade genética e menor desequilíbrio de ligação (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; ZHENG *et al.*, 2020). Nesse contexto, os padrões de variabilidade genética das populações crioulas americanas podem ter sido influenciados tanto pela sua distância do centro de domesticação quanto pela sua posição nos estágios finais de dispersão e evolução (GINJA *et al.*, 2017). Contudo, essa questão permanece sem um esclarecimento definitivo.

Nesse sentido, além das tradicionais análises de genética de populações, é possível integrar abordagens complementares e inovadoras como a genética da paisagem (MCMANUS *et al.*, 2020; PIMENTEL *et al.*, 2023; TRAORÉ *et al.*, 2012), a meta-análise (CHENG *et al.*, 2016; LINO *et al.*, 2019; PINSKY; PALUMBI, 2014) e a bibliometria (MCMANUS *et al.*, 2024; SOBRINHO *et al.*, 2020). Embora ainda subutilizadas no estudo da variabilidade genética caprina, essas metodologias oferecem uma visão mais abrangente e multidimensional dos recursos genéticos, permitindo uma compreensão mais profunda de seus aspectos genéticos. As informações proporcionadas por essas abordagens são cruciais para o desenvolvimento de estratégias eficazes de gestão e conservação, fortalecendo a genética caprina e promovendo a sustentabilidade destes recursos.

Assim, o presente estudo teve como objetivo investigar os padrões de diversidade, estrutura populacional e relações genéticas intra e interpopulacional de caprinos sul-americanos e europeus. Para isso, foi empregada uma abordagem metodológica de genética da paisagem e meta-análise de resultados de estudos primários. Adicionalmente, foi realizada uma análise bibliométrica para explorar as tendências, os padrões e a estrutura do conhecimento científico global sobre a caracterização molecular da variabilidade genética da espécie caprina. Espera-se que as informações geradas por este estudo possam contribuir para o desenvolvimento de estratégias de conservação e de práticas de manejo adequadas, e promover a sustentabilidade dos recursos genéticos caprinos a longo prazo.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 RECURSOS GENÉTICOS CAPRINOS NATIVOS: CONTEXTO SUL-AMERICANO E EUROPEU

A revolução agrícola durante a transição neolítica, que incluiu a domesticação do gado, marcou um ponto decisivo na trajetória da humanidade. Já a domesticação dos caprinos (*Capra hircus*) ocorreu há aproximadamente 10.000 anos no sudoeste da Ásia (NADERI *et al.*, 2008), a partir de seus ancestrais selvagens, os bezoares (*Capra aegagrus*) (ZHENG *et al.*, 2020), tornando-os um dos primeiros ungulados a passar por esse processo. A diversidade genética capturada durante a domesticação foi transformada por adaptação local, seleção artificial, mutação e deriva genética, culminando em um vasto conjunto de variações em aparência, fisiologia e características agrícolas (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023), resultando nas diferentes raças que se encontram na atualidade.

Após a domesticação, a disseminação dos caprinos pelo mundo foi impulsionada tanto pela migração humana quanto pelo comércio internacional (YI *et al.*, 2022). Nas últimas décadas do século XV, com o descobrimento da América e a concretização da conquista das Ilhas Canárias, este último ponto geográfico tornou-se uma das mais importantes travessias marítimas entre África, América e Europa, favorecendo o intercâmbio de recursos genéticos de animais domésticos, por ser porto obrigatório nas viagens de Cristóvão Colombo. Desse modo, esses territórios estavam intimamente ligados pela partilha de um dos pilares da economia da época, a pecuária (CAPOTE; FRESNO, 2016; DELGADO *et al.*, 1990). Presume-se que os caprinos chegaram à América durante a segunda viagem de Cristóvão Colombo, no ano de 1493 (RODERO; DELGADO; RODERO, 1992), e, desde então, instalaram-se em diferentes áreas geográficas.

Em nível mundial, em 2022 a população caprina atingiu aproximadamente 1.145 milhões de animais (FAO, 2024a), com a mais amplamente distribuída na Ásia (50,7%) e na África (44,2%); no entanto, existem populações significativas também na América (3,4%) e na Europa (1,3%). De acordo com o último relatório da FAO (2022) sobre o estado dos recursos genéticos animais, 688 raças caprinas foram registradas em todo o mundo, das quais 601 (87,4%) correspondem a raças locais. Desse total, a América Latina e o Caribe possuem 37 raças nativas, enquanto a Europa e o Cáucaso registram 207. A determinação de um número preciso é, no entanto, dificultada pela falta de padronização fenotípica, pela ausência de

registros genealógicos e pela reprodução descontrolada em várias populações locais (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017).

A produção de caprinos é predominantemente realizada em países em desenvolvimento, onde são criados em sistemas de baixo consumo e são essenciais para a subsistência das populações locais (GAMA; BRESSAN, 2011). Contudo, os caprinos podem ser encontrados atualmente em praticamente todas as nações do mundo, não estando mais restritos a produtores de baixa renda ou regiões áridas (MILLER; LU, 2019).

Os caprinos localmente adaptados enfrentam uma série de desafios que colocam em risco a sua sobrevivência e sustentabilidade. Esses desafios incluem as mudanças climáticas, a competição com raças exóticas ou comerciais mais produtivas, o abandono progressivo de atividades rurais de baixo rendimento e a ausência de programas de conservação genética (GINJA *et al.*, 2017; RIBEIRO *et al.*, 2017; TABERLET *et al.*, 2011). Na América Latina e no Caribe, apenas 20,51% das raças nativas estão fora de risco, enquanto 5,13% estão em perigo de extinção; 2,56%, em perigo-mantida; 5,13%, em situação crítica; e 5,13%, em situação crítica-mantida. A maioria das raças desta região, 61,54%, tem situação de risco desconhecida. Em contraste, na Europa e no Cáucaso, 22,8% das raças não possuem informações. Nessa região, 11,26% das raças estão fora de risco, 7,79% são vulneráveis, 18,61% estão em perigo, 10,39% em perigo-mantida, 22,51% em situação crítica, e 5,63% já foram extintas (FAO, 2024b). A compreensão do status de risco dessas populações é essencial para desenvolver estratégias de conservação eficazes e garantir a manutenção da diversidade genética que é crucial para a resiliência e adaptação futura.

2.1.1 CAPRINOS NATIVOS DO BRASIL, DO EQUADOR E DA ESPANHA

No Brasil, no Equador e na Espanha, os caprinos nativos são parte essencial da história e da cultura dessas nações, desempenhando um papel importante na produção de alimentos, no manejo de recursos naturais e na preservação da biodiversidade (VARGAS *et al.*, 2016). Além disso, são altamente adaptados aos ambientes locais, demonstrando características fenotípicas e genéticas únicas (FERNÁNDEZ DE SIERRA *et al.*, 2016; GÓMEZ-CARPIO *et al.*, 2016; RIBEIRO *et al.*, 2017), que os tornam valiosos tanto para a sustentabilidade da produção agropecuária quanto para a conservação da biodiversidade.

2.1.1.1 *Caprinos Nativos do Brasil*

A formação das raças nativas de caprinos brasileiros ocorreu a partir da introdução das raças ibéricas pelos colonizadores, que evoluíram ao longo dos séculos, adaptando-se às condições locais dos diferentes habitats (RIBEIRO *et al.*, 2016). Desde então, se tornaram parte integrante das atividades agropecuárias brasileiras, especialmente em regiões com baixa disponibilidade de recursos hídricos e forrageiros.

A região nordeste possui o 96% do efetivo nacional caprino (IBGE, 2024), composto em grande parte por animais do tipo Sem Padrão Racial Definido (SRD), de raças exóticas, como a Saanen, a Anglo Nubiana, a Alpina, a Toggenburg e a Boer, e de animais nativos, entre as quais se destacam a Azul, a Grauna, a Marota, a Repartida, a Moxotó, a Canindé, dentre outras (RIBEIRO *et al.*, 2016). De acordo com o Sistema de Informação sobre Diversidade de Animais Domésticos da FAO (DAD-IS), as quatro primeiras supracitadas não possuem informação sobre a sua situação de risco de extinção, enquanto que as duas últimas se encontram em risco (FAO, 2024b).

Os caprinos nativos brasileiros apresentam características comuns como pequeno porte, pelagem curta, orelhas pequenas e eretas e baixa produção de leite, diferenciando-se principalmente pela cor da pelagem (RIBEIRO *et al.*, 2016). Geneticamente, mostram alta diversidade (CARVALHO *et al.*, 2015; MENEZES *et al.*, 2020; RIBEIRO *et al.*, 2012), o que é essencial para a manutenção de sua capacidade adaptativa diante das mudanças climáticas e pressões ambientais. O principal desafio enfrentado por esses recursos é o cruzamento e a sua substituição por raças exóticas mais produtivas em termos de carne e leite, o que coloca em risco a sua sobrevivência (DA ROCHA *et al.*, 2016; RIBEIRO *et al.*, 2017). Programas de conservação e o incentivo ao uso dessas raças em sistemas de produção sustentável, são essenciais para manter essa diversidade genética (RIBEIRO *et al.*, 2017).

2.1.1.2 *Caprinos Nativos do Equador*

Os caprinos nativos do Equador, conhecidos como crioulos, descendem de populações ibéricas trazidas pelos colonizadores espanhóis há cerca de cinco séculos. Adaptados aos ecossistemas tropicais e subtropicais secos do país, esses animais desempenham um papel vital nas pequenas propriedades familiares, fornecendo carne, leite e pele, especialmente em áreas onde a agricultura é limitada por fatores ambientais (GÓMEZ-CARPIO *et al.*, 2016). Um

exemplo é a população crioula conhecida como 'Chusca Lojana', que apresenta alta diversidade genética e está adaptada à Floresta Seca no sul do Equador, na província de Loja, onde enfrenta longas estações secas e recursos naturais escassos (AGUIRRE-RIOFRIO *et al.*, 2020). Essa adaptação tem permitido que se desenvolvam de forma sustentável nesse ambiente desafiador.

Apesar de a maioria dos caprinos se concentrar na zona sul do país, é possível encontrar também caprinos crioulos em áreas mais ao norte, ao longo do litoral, especialmente na Floresta Seca das províncias de Manabí e Santa Elena. Esses rebanhos demonstram características de adaptação aos ambientes locais, cujos sistemas de produção e fenótipos têm sido bem caracterizados (LEÓN-OVIEDO *et al.*, 2023; SOLÍS LUCAS; LANARI; OYARZABAL, 2020; VICUÑA, 2020). No entanto, a falta de estudos genéticos aprofundados sobre esses recursos dificulta a implementação de políticas e programas de conservação adequados. De forma geral, os caprinos crioulos do Equador se encontram em situação de risco de extinção (FAO, 2024b).

2.1.1.3 *Caprinos Nativos da Espanha*

A Espanha recebeu influências caprinas da Europa Central, que chegaram através dos Pirineus, povoando o Noroeste e alcançando a Serra de Guadarrama. Além disso, houve influências mediterrâneas, como a da raça maltesa, mas a mais significativa veio do norte da África, através do estreito de Gibraltar. Existe uma vasta gama de raças caprinas espanholas, refletindo a variedade de ecossistemas presentes no país (FERNÁNDEZ DE SIERRA *et al.*, 2016). Predominantemente nativas, essas raças são altamente rústicas e estão bem adaptadas aos diferentes ecossistemas da península e dos arquipélagos (MARTÍNEZ *et al.*, 2011). Na Espanha, há um total de 23 raças nativas e duas variedades oficialmente reconhecidas, tornando o país o detentor da maior diversidade genética caprina da Europa (FERNÁNDEZ DE SIERRA *et al.*, 2016). Atualmente, apenas sete dessas raças estão classificadas como fora de risco no DAD-IS (FAO, 2024b): Florida, Jurdana, Majorera, Malagueña, Murciana-Granadina, Payoya e Tinerfeña. As demais estão ameaçadas de extinção.

Entre as raças mais conhecidas e bem-sucedidas, destaca-se a raça Murciana-Granadina, que cresceu significativamente nas últimas décadas, tanto em termos de números populacionais quanto de estrutura, consolidando-se como líder no setor caprino espanhol e ganhando reconhecimento internacional. Adaptada a climas tropicais e subtropicais, essa raça se destaca

pelo ótimo desempenho e elevada produção de leite, graças à sua capacidade de adaptação (DELGADO *et al.*, 2017).

A fusão das raças originais Murciana e Granadina, no ano de 1975 visou aumentar os censos populacionais para intensificar a seleção genética, mas resultou na quase extinção da população Granadina (DELGADO *et al.*, 2017). No entanto, de acordo com os resultados de Martínez *et al.* (2010), as raças Murciana e Granadina continuam sendo dois grupos genéticos distintos, apesar de estarem incluídas na denominação Murciano-Granadina. Desde a fusão decidida nos anos setenta, essas populações têm mantido certos níveis de diversidade genética. Atualmente, a raça Murciano-Granadina se beneficia de um programa de seleção moderno e eficaz, que tem promovido avanços significativos na produção e na qualidade do leite ao longo da última década (DELGADO *et al.*, 2017).

2.2 IMPORTÂNCIA DOS RECURSOS GENÉTICOS CAPRINOS LOCALMENTE ADAPTADOS

O conhecimento local e diversas investigações evidenciam a notável capacidade de sobrevivência dos recursos genéticos locais, mesmo em ambientes adversos (MUJICA, 2006). Nesse contexto, os caprinos destacam-se por sua adaptação a climas e a terrenos hostis, suportando calor, escassez de água e percorrendo longas distâncias em busca de alimento de baixa qualidade (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017; SIERRA *et al.*, 2016). Ademais, além de serem fáceis de manejar e de fornecerem uma fonte crucial de alimento (BERTOLINI *et al.*, 2018), as raças nativas oferecem benefícios ecológicos e socioculturais, como desenvolvimento rural, gestão da paisagem e ecoturismo (TIXIER-BOICHARD *et al.*, 2015).

Além dos atributos anteriormente mencionados, os caprinos localmente adaptados representam um importante reservatório de diversidade genética (COLLI *et al.*, 2018; SEVANE *et al.*, 2018; YI *et al.*, 2022), fundamental para sua notável capacidade de adaptação a diversos desafios ambientais. Nesse sentido, o interesse pelo valor genético das raças nativas de caprinos, particularmente sua resistência à seca e aos parasitas, aumentou devido às mudanças climáticas que expandem as áreas secas do planeta (MILLER; LU, 2019).

Apesar de sua importância, esses recursos genéticos encontram-se ameaçados pelo cruzamento e pela substituição por raças especializadas (COLLI *et al.*, 2018; GINJA *et al.*,

2017; RIBEIRO *et al.*, 2017), o que coloca em risco sua existência. O cruzamento entre raças autóctones e raças mais produtivas pode levar à rápida perda de traços adaptativos essenciais, como resistência a doenças, adaptação a forragem de baixa qualidade e comportamento gregário. Esses traços são vitais para a sobrevivência e o manejo eficaz dos rebanhos na agricultura extensiva, e sua recuperação pode ser difícil (TABERLET *et al.*, 2011).

Além disso, sabe-se que com a introdução do conceito de raça no final do século XVIII ou início do século XIX (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022), ocorreu uma transformação drástica na diversidade genética, resultado do aumento da seleção e da padronização das características fenotípicas nas raças, o que levou à diminuição do fluxo gênico entre as populações e, conseqüentemente, aumentando os riscos de deriva genética, endogamia e redução da diversidade genética (TABERLET *et al.*, 2011).

Nesse sentido, Ginja *et al.* (2018) alertam que a perda da diversidade genética das raças caprinas localmente adaptadas pode ter significativas implicações econômicas, ecológicas, científicas e sociais. Conservar altos níveis de diversidade é necessário para a adaptação dessas raças às futuras mudanças ambientais e para sua conservação sustentável. Da mesma forma, a FAO (2009) ressalta que a diversidade genética animal será ainda mais importante, pois agricultores e criadores precisarão adaptar seus animais às mudanças nas demandas socioeconômicas e às condições ambientais.

Uma alternativa verdadeiramente sustentável em contraste com o uso de raças transfronteiriças ou especializadas, que são utilizadas simplesmente para atender às necessidades nacionais, seria a conservação e o desenvolvimento dos recursos genéticos locais, pois se for necessário enfrentar as supostas mudanças futuras nas condições da pecuária, um pré-requisito fundamental, é ter um recurso abundante de diversidade genética em cada espécie e raça (BENNEWITZ *et al.*, 2006; RIBEIRO *et al.*, 2017).

A avaliação contínua do estado de conservação genética do gado é vital para prevenir a erosão genética e conservar a diversidade (YARO *et al.*, 2017). A perda de biodiversidade antes da sua caracterização pode resultar em uma perda irrecuperável de oportunidades valiosas para pesquisa científica e desenvolvimento agrícola (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014). Além disso, para garantir a segurança alimentar global e sustentável, é essencial gerenciar os recursos genéticos dos animais de fazenda de modo eficaz (TABERLET *et al.*, 2011). De modo geral, as raças localmente adaptadas são entidades bem diferenciadas, que requerem medidas

direcionadas para sua conservação e seu uso sustentável (GINJA *et al.*, 2017), algo que, sem dúvida, deverá ser uma prioridade nos próximos anos.

2.3 CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DOS CAPRINOS

A caracterização da diversidade genética dos caprinos desempenha um papel fundamental em conservação e aprimoramento das raças. A caracterização da estrutura e da diversidade, bem como a identificação dos fatores que podem influenciar sua conservação e utilização, é a primeira tarefa de qualquer programa de gestão dos recursos genéticos animais (GAMA, 2023). Nesse sentido, a análise molecular da variabilidade genética em caprinos é fundamental para direcionar abordagens para conservar e utilizar o germoplasma, oferecendo informações significativas, além das características fenotípicas convencionais. Conseqüentemente, isso expande a compreensão da história das raças de caprinos e facilita o processo de tomada de decisão (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014, 2023).

Segundo Mahmoudi *et al.* (2019), o estudo da estrutura e da diversidade genética de uma população pode fornecer informações valiosas para elucidar a origem e determinar a conservação e o melhoramento genético desses animais. Em 1990, o Conselho da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) recomendou a preparação de um programa abrangente para o manejo sustentável dos recursos genéticos animais em todo o mundo. Compreender a diversidade genética animal do mundo foi uma das primeiras prioridades do programa. Assim, em 1991, a FAO iniciou estudos globais sobre a situação das raças de animais domésticos para sete principais espécies de mamíferos domésticos (burro, búfalo, bovino, caprinos, cavalos, porcos e ovelhas) (FAO, 2009).

Diversos eventos e avanços tecnológicos têm contribuído significativamente para a caracterização genética na espécie caprina. Em 2002, pela primeira vez foi determinada a sequência completa de nucleotídeos do genoma mitocondrial caprino (*Capra hircus*) (PIETRO *et al.*, 2003). Por sua vez, o 2010 marcou o sequenciamento e a montagem do genoma de referência inicial caprino (DONG *et al.*, 2013), e, pouco depois, foi estabelecido o Consórcio Internacional do Genoma Caprino (IGGC, <http://www.goatgenome.org>) em 2012, que tem como missão facilitar o avanço de ferramentas genômicas e o aumento dos dados de acesso aberto relativos às espécies caprinas (DENOYELLE *et al.*, 2021).

Outro importante passo no avanço da tecnologia de caracterização genética dos caprinos foi o desenvolvimento do GoatSNP50 BeadChip no ano 2013 (TOSSER-KLOPP *et al.*, 2014), um chip de densidade moderada com um total de 53.347 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) cobrindo 93% do genoma. Além disso, nos anos subsequentes, várias iniciativas internacionais, como o projeto AdaptMap (STELLA *et al.*, 2018), o programa internacional VarGoats (DENOYELLE *et al.*, 2021), o projeto NEXTGEN (<https://archiveweb.epfl.ch/nextgen.epfl.ch/>) e o Banco de Dados de Variação do Genoma Caprino (GGVD) (FU *et al.*, 2021), produziram, de modo abrangente, dados de sequenciamento genômico de populações ao redor do mundo. Esses esforços contribuíram para a exploração e melhor compreensão da diversidade e diferenciação genética, processos de domesticação, especiação e hibridização, além das variações genéticas, assinaturas de seleção e regiões de introgressão.

De modo geral, nas últimas três décadas, o uso da genética molecular, especialmente microssatélites e tecnologias de polimorfismo de nucleotídeo único, tem recebido foco significativo para caracterizar diferentes raças de gado (HALL, 2022). Dessa forma, a caracterização tradicional, baseada em atributos fenotípicos, pode ser complementada por um número cada vez maior de marcadores moleculares e técnicas estatísticas avançadas para análise de dados.

2.3.1 FERRAMENTAS MOLECULARES PARA A CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA

Atualmente, os marcadores genéticos moleculares são essenciais para estudar a variação genômica associada a características hereditárias, sendo fundamentais para a análise da diversidade genética e das relações entre populações (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). Os polimorfismos proteicos foram os primeiros marcadores moleculares usados na pecuária para estimar variabilidade e distâncias genéticas (TANAKA *et al.*, 1983). No entanto sua variabilidade genética baixa limitava os estudos de diversidade. Com a descoberta da técnica de PCR e o desenvolvimento dos marcadores moleculares baseados em DNA, estes passaram a ter total protagonismo, aumentando a eficácia na pesquisa genética (VIRYANSKI, 2019).

A utilização de marcadores moleculares tem sido uma abordagem amplamente adotada para avaliar a diversidade genética em muitas espécies de interesse zootécnico (OLSCHEWSKY, HINRICHS, 2021). Esses marcadores permitem a detecção de variações genéticas tanto inter quanto intrapopulacionalmente, fornecendo um panorama detalhado da

estrutura genética, das relações genéticas e do fluxo gênico (AGUIRRE-RIOFRIO *et al.*, 2020; MENEZES *et al.*, 2020; PAKPAHAN *et al.*, 2023; WHANNOU *et al.*, 2023; YI *et al.*, 2022; ZHONG *et al.*, 2023).

As características ideais para um marcador de DNA incluem neutralidade, multialelismo, co-dominância, alta heterozigosidade, distribuição uniforme pelo genoma e especificidade da espécie (DORJI, DAUGJINDA, 2014). Nesse contexto, a FAO (2011) não recomenda o uso de categorias de marcadores anteriormente utilizadas, como o complexo principal de histocompatibilidade (MHC) ou outros polimorfismos proteicos, nem marcadores de DNA menos específicos, como RAPD e AFLP, a menos que seu uso seja indispensável para responder a uma questão de investigação específica.

O desenvolvimento e a aplicação de técnicas de genotipagem possibilitam aos pesquisadores obterem um entendimento detalhado dos parâmetros da diversidade genética, fundamentando decisões sobre priorização, conservação ou gestão de raças (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019; OLSCHESKY; HINRICHS, 2021). Segundo Olschewsky e Hinrichs (2021), atualmente as tecnologias mais importantes para a caracterização molecular da diversidade genética em espécies de interesse zootécnico, em ordem decrescente de frequência de utilização são: (i) polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs); (ii) microssatélites; (iii) sequenciamento do genoma completo (WGS); e (iv) DNA mitocondrial (mtDNA). A seguir, cada uma dessas tecnologias será detalhada em ordem cronológica de uso ao longo da história.

2.3.1.1 *Microssatélites*

Os microssatélites, também chamados de repetições curtas em tandem ou repetições de sequência simples, são encontrados no genoma de todas as espécies de mamíferos e podem ser identificados através do uso de primers de PCR que se ligam às regiões flanqueadoras dos microssatélites (GIPSON, 2019). São frequentemente utilizados para avaliar a diversidade genética devido ao seu polimorfismo e sua reprodutibilidade superiores em comparação aos marcadores genéticos alternativos, de tal forma que servem como marcadores altamente informativos (AGUIRRE-RIOFRIO *et al.*, 2020; GÜL *et al.*, 2020; KARSLI *et al.*, 2020; MENEZES *et al.*, 2020; PAKPAHAN *et al.*, 2023; WHANNOU *et al.*, 2023), podendo ser aplicados de forma eficiente em decisões de conservação (VIRYANSKI, 2019).

Além disso, microssatélites são um método econômico para avaliar a variabilidade genética dentro e entre raças em ambientes de pequena escala, como laboratórios, devido a considerações de custo, tempo e mão de obra (GIPSON, 2019; SEKI; WADA; KIKKAWA, 2016). No entanto uma das principais preocupações nas análises com microssatélites é a potencial inconsistência na comparação de genótipos entre estudos, devido às variações nas condições de PCR, que podem levar a diferentes pontuações de tamanho de alelos para o mesmo marcador microssatélite (CORTES *et al.*, 2022) ou à genotipagem de diferentes números ou subconjuntos de microssatélites (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019).

Nesse contexto, a FAO e o Grupo Consultivo ISAG-FAO sobre Diversidade Genética Animal recomendaram painéis de 30 marcadores microssatélites para as nove principais espécies pecuárias. A omissão na utilização desses marcadores limita a aplicação do estudo em nível nacional e dificulta os esforços para alcançar uma perspectiva global da diversidade genética animal (FAO, 2011). Apesar de suas limitações e da utilização predominante de SNPs na atualidade, os microssatélites continuam sendo uma tecnologia econômica e informativa para a conservação genética (HAUSER; ATHREY; LEBERG, 2021).

2.3.1.2 DNA mitocondrial (mtDNA)

Diferentemente do DNA nuclear, o mitocondrial (mtDNA) é herdado exclusivamente pela linhagem materna e apresenta uma alta taxa de mutação (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023). A filogenia molecular do gado tem sido tradicionalmente baseada na análise de fragmentos curtos da região de controle do mtDNA, conhecida como d-loop (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014). No entanto, com o rápido desenvolvimento da tecnologia de sequenciamento, o genoma mitocondrial do caprino foi completamente sequenciado e montado, permitindo sua aplicação em uma ampla variedade de estudos (PIETRO *et al.*, 2003).

O mtDNA tem sido utilizado amplamente na área da genética evolutiva e populacional, abrangendo estudos de avaliação da origem materna, diversidade genética, estrutura populacional, relações filogenéticas, história demográfica e a conservação de recursos locais (NGULUMA *et al.*, 2021; YI *et al.*, 2022). Além disso, a aplicação de métodos baseados em mtDNA tem elucidado, de modo significativo, o cenário de domesticação do caprino, previamente sugerido pelas evidências arqueológicas (NADERI *et al.*, 2008). Esses dados são essenciais para formular estratégias de manejo e de conservação dos recursos genéticos caprinos.

2.3.1.3 Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs)

Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs - Single Nucleotide Polymorphisms, em inglês) são a forma mais básica de variação do DNA entre indivíduos (KOMAR, 2009). Esses podem surgir de mutações pontuais no DNA, como transições e transversões. As primeiras envolvem trocas entre bases purínicas (A/G) ou pirimidínicas (C/T), enquanto as últimas ocorrem quando há troca entre bases purínicas e pirimidínicas (A/T, G/C, T/A e C/G) (KOMAR, 2009; TURCHETTO-ZOLET *et al.*, 2017). Devido à maior resolução genômica, precisão superior, e facilidade na comparação entre diferentes conjuntos de dados, os SNPs estão substituindo os microssatélites (LAOUN *et al.*, 2020).

Atualmente, matrizes comerciais de SNPs de alto rendimento estão acessíveis para a maioria das espécies pecuárias, abrangendo variantes genéticas amplamente distribuídas ao longo de todo o genoma (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). Painéis de SNPs de alta densidade tornaram possíveis novas análises ou mais detalhadas no genoma caprino, do que aquelas realizadas com marcadores moleculares convencionais (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022), permitindo a análise de diversidade genética, estrutura populacional, história demográfica, mistura genética, identificação de assinaturas de seleção e estudos de associação genômica ampla (MANUNZA *et al.*, 2023; VIJH *et al.*, 2023; ZHONG *et al.*, 2023).

Como os SNPs estão localizados tanto em regiões não codificantes quanto em áreas que afetam características de interesse, podem ser utilizados como uma medida de diversidade genética não neutra. Essas informações podem ser aplicadas em programas de conservação para manter a diversidade genética, assegurar o desempenho em características funcionais e aumentar a probabilidade de sobrevivência da população (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019).

2.3.1.4 Sequenciamento do Genoma Completo (WGS)

O desenvolvimento das tecnologias de sequenciamento tem ampliado consideravelmente o alcance das análises genéticas possíveis. Nesse sentido, a caracterização da diversidade genética dos caprinos utilizando o sequenciamento do genoma completo (Whole-Genome Sequencing, WGS) marcou um avanço na compreensão da variação completa do genoma dessas populações (BENJELLOUN *et al.*, 2015; YAO *et al.*, 2023). Essa técnica, ao permitir a análise detalhada de todo o DNA, evita o viés de amostragem presente nos painéis

SNP (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019), que são desenvolvidos a partir de um número limitado de raças e não capturam completamente a variação genética existente em uma espécie (TOSSER-KLOPP *et al.*, 2014).

As novas tecnologias de sequenciamento diminuíram significativamente o custo do sequenciamento de genomas, tornando os procedimentos de WGS atualmente mais acessíveis que há alguns anos (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022; EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). Na escolha entre SNP e WGS, o WGS oferece muito mais informações, proporcionando maior precisão nas análises genômicas subsequentes (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023). As sequências genômicas permitem identificar todos os tipos de variantes, incluindo SNPs, indels (inserções e deleções), variação no número de cópias (CNV) e variação estrutural (SV), como inversões e grandes deleções (DENOYELLE *et al.*, 2021; GUO *et al.*, 2020; YAO *et al.*, 2023).

Ao analisar o genoma completo, é possível identificar além da variação neutra, genes e regiões genômicas associadas a características fenotípicas importantes e adaptação às condições locais (BENJELLOUN *et al.*, 2015; YAO *et al.*, 2023). A aplicação do WGS é relevante em áreas como adaptação a mudanças climáticas e ambientes extremos, perda de diversidade genética, impacto de alelos raros em estimativas de relacionamento genômico, e caracterização da diversidade genômica de raças de gado (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). De modo geral, ambas as tecnologias, SNP e WGS, oferecem várias vantagens na avaliação da diversidade de raças locais, evitando vieses de apuração e fornecendo um conteúdo altamente informativo, com custos cada vez mais baixos. Portanto, essas técnicas devem ser priorizadas sempre que possível (OLSCHEWSKY, HINRICHS, 2021).

2.3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA INTRARRACIAL

A variabilidade genética intrarracial ou intrapopulacional é avaliada comumente através da diversidade alélica ou número de alelos polimórficos por locus (MNA) e das heterozigosidades observadas (H_o) e esperadas (H_e) (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; DORJI; DAUGJINDA, 2014; EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). É provável que a mais amplamente usada seja H_e (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). Uma maior variabilidade genética é indicada por altos valores de heterozigosidade e vice-versa (DORJI; DAUGJINDA, 2014).

A relação entre H_o e H_e é importante para avaliar os padrões de acasalamento em uma população, com $H_o = H_e$ indicando acasalamento aleatório, $H_o < H_e$ apontando endogamia e $H_e < H_o$ sugerindo uma potencial ausência de endogamia (DORJI; DAUGJINDA, 2014). Populações naturais geralmente não estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), o que significa que as relações entre H_e e H_o podem indicar um déficit de heterozigotos, o que pode ser utilizado para estimar a endogamia de uma população através do índice de fixação intrapopulacional (F_{IS}) (EUSEBI; MARTINEZ; CORTES, 2019). A presença de endogamia pode ser verificada ao testar se o F_{IS} é significativamente maior que zero (FAO, 2011). O valor do F_{IS} varia entre -1 e 1, representando exogamia máxima e endogamia, respectivamente (DORJI; DAUGJINDA, 2014), e pode ser calculado por:

$$F_{IS} = \frac{(H_S - H_I)}{H_S}$$

Em que H_S , H_e da média das subpopulações; H_I , H_o média da subpopulação.

Pequenos tamanhos populacionais e acasalamentos seletivos podem aumentar os níveis de homozigidade, indicando depressão por endogamia, que compromete a saúde e a fertilidade (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023). Além dos parâmetros descritos, para estudar a variação populacional, medidas complementares como diversidade de nucleotídeos (π), tamanho efetivo da população (N_e) e o EHW podem ser estimados (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; DORJI; DAUGJINDA, 2014). Diferenças entre a heterozigidade esperada e observada, bem como desvios do EHW, podem indicar acasalamento não aleatório ou a presença de subestruturas populacionais (FAO, 2011).

A diversidade genética intrarracial tem sido analisada em nível molecular por várias pesquisas abrangentes. Nesse sentido, o estudo de Ginja *et al.* (2017) usando um conjunto de 21 microssatélites mostrou que a diversidade genética das populações crioulas do continente americano ($MNA = 5,82$ e $H_o = 0,585 \pm 0,074$) foi moderada e ligeiramente menor do que raças de outras regiões. Além disso, níveis significativos de endogamia foram detectados ($F_{IS} > 0$, $P < 0,05$) na maioria das populações caprinas crioulas. Por sua vez, Sevane *et al.* (2018) avaliaram a diversidade genética de uma ampla variedade de raças caprinas ibéricas, canárias, africanas e americanas com o uso de 20 marcadores microssatélites. As populações caprinas africanas mostraram maior variabilidade (Riqueza alélica = 5,00 e $H_e = 0,67$), seguidas pelas ibéricas (Riqueza alélica = 4,76 e $H_e = 0,65$), canárias (Riqueza alélica = 4,52 e $H_e = 0,63$) e crioulas americanas (Riqueza alélica = 4,36 e $H_e = 0,62$). Valores positivos de F_{IS} foram encontrados

em todos os grupos geográficos, com os maiores apresentados pelos grupos crioulo americano (0,08) e canário (0,07).

Por outro lado, Colli *et al.* (2018) descreveram os padrões globais de variação molecular usando dados de SNPs de 144 populações caprinas. Os resultados destacam uma diversidade notável em escala global, que é localmente particionada e frequentemente afetada pela introgressão de raças cosmopolitas. A heterozigidade observada média e a esperada foram, respectivamente, 0,355 e 0,379 na Europa e 0,362 e 0,379 na América do Sul. Além disso, os resultados destacam uma forte partição da diversidade molecular entre e dentro dos continentes.

Populações localizadas ou originadas próximas ao centro de domesticação presumivelmente mostram maior diversidade genética e menor desequilíbrio de ligação (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; ZHENG *et al.*, 2020). Nesse sentido, algumas pesquisas mostram que as populações caprinas da América do Sul possuem níveis de diversidade genética mais baixos em comparação com outras regiões do mundo (GINJA *et al.*, 2017; SEVANE *et al.*, 2018), o que pode ser atribuído à sua maior distância do centro de domesticação e à sua localização nos estágios finais da dispersão e evolução (GINJA *et al.*, 2017). No entanto, mais estudos são necessários para que isso seja demonstrado conclusivamente.

2.3.3 RELAÇÕES GENÉTICAS INTER-RACIAIS E ESTRUTURA POPULACIONAL

Como parte fundamental da análise de dados, a FAO (2011) recomenda calcular as distâncias genéticas entre raças com base em dados de frequência alélica e, em seguida, visualizar os relacionamentos por meio de árvores, redes ou gráficos espaciais. Uma medida de diferenciação genética comumente utilizada para caracterizar os relacionamentos entre raças é a estatística F_{ST} (HALL, 2022). O F_{ST} pode ser compreendido como o déficit de heterozigose das subpopulações em relação à população total (GAMA, 2023), e é estimado por Hedrick (2005) como:

$$F_{ST} = \frac{(H_T - H_S)}{H_T}$$

Em que, H_T , H_e da população geral; H_S , H_e da média da subpopulação.

De modo geral, de acordo com a descrição original, a diferenciação moderada entre populações é indicada por valores de F_{ST} de 0,05 a 0,15, alta diferenciação de 0,15 a 0,25 e

diferenciação muito alta por valores maiores que 0,25 (WRIGHT, 1965). Para caprinos, o Hall (2022) sugere que valores de referência de 0,04 a 0,14 em marcadores microssatélites e 0,08 a 0,16 em SNPs poderiam ser usados para indicar diferenciação.

A distância genética entre duas populações é uma medida de suas diferenças genéticas (NEI; ROYCHOUDHURY, 1974) e reflete o grau de proximidade na frequência genética (DORJI; DAUGJINDA, 2014). A análise das distâncias genéticas com base nas frequências alélicas pode indicar se uma raça passou por um longo período de isolamento em um ambiente específico, resultando em características adaptativas únicas (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023).

Na pesquisa desenvolvida por Sevane *et al.* (2018), as distâncias genéticas de Reynolds estimadas para os vários pares de grupos raciais variaram de 0,027 a 0,095 para os grupos africano-crioulo e ibérico-canário, respectivamente. As populações africanas e crioulas americanas apresentaram o menor nível de divergência genética quando comparadas com os outros grupos raciais (0,044 e 0,045, respectivamente). A distância genética média entre raças do mesmo grupo foi maior para o crioulo americano (0,16), seguida pelo africano (0,11) e raças ibéricas (0,05).

Um dendrograma pode ser construído utilizando dados genotípicos, que é uma abordagem amplamente empregada para ilustrar as relações genéticas nas populações estudadas (DORJI; DAUGJINDA, 2014). No estudo de Sevane *et al.* (2018), o dendrograma Neighbour-net mostrou que a maioria das populações crioulas americanas se agrupou em torno de raças ibéricas, consistente com uma relação genética próxima entre todos os caprinos, com exceção das brasileiras, colombiana e cubana. As raças brasileiras formaram um grupo separado, junto com os caprinos de Cabo Verde. Raças isoladas de ilhas e raras mostraram maiores distâncias genéticas, refletidas por seus longos ramos.

Colli *et al.* (2018), ao usarem diversas análises, incluindo a de escala multidimensional, a rede de vizinhos com base nas distâncias de Reynolds entre raças e a análise de clustering, demonstraram consistentemente subdivisões notáveis na variação genética dos caprinos no nível molecular, mostrando uma diferenciação clara entre grupos continentais de populações. Em particular, o gráfico de rede de vizinhos mostrou que as raças da América do Sul ocupam uma posição intermediária entre aquelas do noroeste da África e do sul da Europa (Espanha). Os resultados mostraram que os caprinos sul-americanos (Criolla da Argentina, mais em

particular, Canindé e Moxotó do Brasil) apresentam um forte componente de ancestralidade da África Ocidental.

Além daquelas abordagens, a investigação da estrutura genética entre diferentes populações e suas inter-relações é uma prática comum em pesquisa, proporcionando dados cruciais para o manejo efetivo das populações (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023). A estrutura genética de uma população ou raça evolui devido a fatores como seleção, mutação, deriva genética e migração. Esta última, que envolve entrada e saída de reprodutores, promove o fluxo gênico e é uma força evolutiva significativa em programas de melhoramento e conservação (RIBEIRO *et al.*, 2017).

A estrutura genética de amostras multipopulacionais (multirraciais) é comumente visualizada através da análise de componentes principais (ACP) aplicada aos genótipos multilocus individuais (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023) ou análise fatorial de correspondência (AFC) (SEVANE *et al.*, 2018). Por outro lado, a abordagem bayesiana para análise da estrutura populacional (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000), implementado no software STRUCTURE, tem ganhado popularidade. Este método assume que as subpopulações atuais podem ter uma origem comum e algum grau de miscigenação. O STRUCTURE utiliza a metodologia Monte Carlo Markov Chains (MCMC) para calcular a verossimilhança das frequências gênicas das raças atuais, testando diferentes números de populações ancestrais (K). A análise determina o K que melhor explica a diversidade observada, identificando a contribuição ancestral para as raças modernas (GAMA, 2023).

Em seu estudo, Sevane *et al.* (2018) detectaram importantes assinaturas ibéricas na maioria das populações crioulas americanas estudadas, e muitas delas, particularmente a crioula cubana, também revelaram uma contribuição significativa de raças africanas. Por outro lado, as brasileiras mostraram uma estrutura genética particular e foram claramente separadas das outras populações crioulas, com alguma influência dos caprinos de Cabo Verde. Além disso, os resultados de STRUCTURE, ao definir K em 2 dividiu as origens genéticas nos componentes ibérico e africano. K=3 separou o grupo de populações brasileiras, que se dividiram em dois em valores de K mais altos, indicando seu alto nível de diferenciação. A estrutura genética detectada para as raças crioulas americanas restantes corroborou as principais relações destacadas pelo clustering Neighbour-net, com pequenas diferenças resultantes da imposição de uma estrutura semelhante a uma árvore em populações que são o resultado de eventos complexos de miscigenação.

2.3.4 GENÉTICA DA PAISAGEM

A abordagem que combina ecologia da paisagem e genética populacional é conhecida como genética da paisagem. Esta permite obter uma visão sobre como as características geográficas e ambientais moldam a variação genética nos níveis populacional e individual, com implicações para a ecologia, evolução e biologia da conservação (MANEL *et al.*, 2003). Nesse sentido, os Sistemas de Informação Geográfica (GIS) são altamente aplicáveis em pesquisas evolutivas, integrando informações geográficas com dados fenotípicos, genotípicos e ambientais. Isso possibilita visualizar a distribuição espacial de variantes genéticas e entender os fatores que influenciam os processos evolutivos (LEEMPOEL *et al.*, 2017).

Embora os diferentes tipos de dados sejam analisados separadamente devido às dificuldades que muitos profissionais enfrentam ao utilizar ferramentas de SIG de forma eficaz (LEEMPOEL *et al.*, 2017), integrar as diferentes fontes de informação melhora a compreensão dos dados genéticos e os métodos para estabelecer prioridades na conservação dos recursos genéticos pecuários (JOOST *et al.*, 2010). A integração de informações genéticas e espaciais oferece a oportunidade de explorar a correlação entre medidas genéticas individuais ou populacionais e variáveis ambientais ou paisagísticas explicitamente espaciais (HALL; BEISSINGER, 2014).

O objetivo principal da genética da paisagem é compreender como o fluxo gênico é afetado pela distância geográfica e pelas características da paisagem, revelando padrões de diferenciação genética que indicam a resistência da paisagem ao fluxo gênico quando este é relativamente baixo em comparação com a deriva genética (SHIRK; LANDGUTH; CUSHMAN, 2017). Nesse sentido, a genética da paisagem é uma abordagem integrativa que permite otimizar a conservação do germoplasma e melhorar o gerenciamento de recursos genéticos de animais de fazenda (PIMENTEL *et al.*, 2023).

A genética da paisagem frequentemente utiliza microssatélites como marcadores, pois são eficazes na investigação de vários aspectos do fluxo gênico (MCMANUS *et al.*, 2021; TRAORÉ *et al.*, 2012). Contudo, os microssatélites não são adequados para estudos de diversidade genética adaptativa. Nesse aspecto, os SNPs se sobressaem, pois são capazes de abordar essa questão de forma eficaz (CORTELLARI *et al.*, 2021).

O processo envolve três etapas principais: definir os objetivos, coletar marcadores genéticos e dados espaciais e integrar essas informações por meio de métodos estatísticos para

obter conclusões significativas (YADAV *et al.*, 2023). As hipóteses sobre como as paisagens impedem o fluxo gênico geralmente são avaliadas por meio de testes estatísticos que vinculam distâncias geográficas às genéticas observadas (SHIRK; LANDGUTH; CUSHMAN, 2017). A redução ou a ausência do fluxo gênico pode ser causada por barreiras na paisagem ou limitações de dispersão física das espécies (grandes distâncias entre as populações) (VAN STRIEN, 2017).

De modo geral, a genética da paisagem melhora a compreensão do impacto da heterogeneidade da paisagem na estrutura populacional, no fluxo gênico e na adaptação genética. Assim, dados espaciais das raças são essenciais para sua categorização e para o desenvolvimento de políticas públicas e estratégias de conservação (MCMANUS *et al.*, 2020).

2.4 META-ANÁLISE E BIBLIOMETRIA NO MELHORAMENTO E NA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

Nos últimos anos, a aplicação de ferramentas analíticas avançadas, como meta-análise e bibliometria, tem proporcionado uma compreensão mais profunda e abrangente das práticas científicas na área de genética animal (GHAVI HOSSEIN-ZADEH, 2023; LINO *et al.*, 2019; MUCHA *et al.*, 2022). Essas metodologias permitem a síntese de grandes volumes de dados e a avaliação quantitativa da literatura científica, podendo contribuir significativamente para o desenvolvimento de estratégias mais eficientes e informadas para a preservação e o aprimoramento dos recursos genéticos animais.

A meta-análise, uma técnica estatística que combina os resultados de múltiplos estudos independentes, tem sido amplamente utilizada, sobretudo no campo do melhoramento genético animal (BANGAR *et al.*, 2021; GHAVI HOSSEIN-ZADEH, 2023; MUCHA *et al.*, 2022). Essa técnica destaca-se por sua capacidade de aumentar o poder estatístico, explorar a heterogeneidade, identificar padrões em grande escala e apoiar decisões baseadas em evidências, algo que métodos individuais não conseguem alcançar (STEWART, 2010).

Estudos de meta-análise, por exemplo, têm fornecido estimativas mais confiáveis da frequência alélica e da associação do gene da prolactina com características de desempenho em vacas leiteiras indianas (BANGAR *et al.*, 2021). Outro exemplo do uso da meta-análise é a estimação de parâmetros genéticos mais robustos para características produtivas, de saúde, eficiência e emissão de gases de efeito estufa (GHAVI HOSSEIN-ZADEH, 2023; MUCHA *et*

al., 2022). Ao consolidar dados de diversas fontes, esses estudos proporcionam uma visão mais abrangente e detalhada.

Na área de conservação de recursos genéticos animais, a meta-análise oferece uma abordagem sistemática para avaliar a variabilidade genética de populações animais e identificar fatores críticos para o sucesso das estratégias de conservação (CHENG *et al.*, 2016; LINO *et al.*, 2019; PINSKY; PALUMBI, 2014; SÉRVIO, 2020). Esses estudos são particularmente importantes em um contexto de exploração inadequada de recursos, mudanças climáticas e perda de habitats, nos quais estratégias de conservação adaptativas e baseadas em evidências são necessárias para garantir a sustentabilidade das populações animais.

A bibliometria, por sua vez, utiliza métodos quantitativos para analisar a produção científica, fornecendo informações sobre tendências de pesquisa, padrões de colaboração e áreas emergentes de interesse (DONTHU *et al.*, 2021). No contexto do melhoramento e da conservação dos recursos genéticos animais, a bibliometria tem sido aplicada para mapear a evolução da pesquisa, identificar os principais grupos de pesquisa, revelar lacunas no conhecimento e sugerir novas direções para futuras investigações (GONZALES-MALCA *et al.*, 2022; MCMANUS *et al.*, 2024; VIEIRA; MCMANUS, 2023). Assim, as análises bibliométricas contribuem substancialmente para o avanço do conhecimento científico, oferecem informações importantes para estabelecer prioridades de pesquisa e alocar recursos em áreas estratégicas.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIRRE-RIOFRIO, L. *et al.* Genetic characterization of the “chusca lojana”, a creole goat reared in Ecuador, and its relationship with other goat breeds. **Animals**, v. 10, n. 6, p. 1–11, 2020.

AJMONE-MARSAN, P. *et al.* The characterization of goat genetic diversity: Towards a genomic approach. **Small Ruminant Research**, v. 121, n. 1, p. 58–72, set. 2014.

AJMONE-MARSAN, P. *et al.* **Genomic characterization of animal genetic resources - Practical guide**. Rome, Italy: FAO, 2023.

AMILLS, M.; CAPOTE, J.; TOSSER-KLOPP, G. Goat domestication and breeding: a jigsaw of historical, biological and molecular data with missing pieces. **Animal genetics**, v. 48, n. 6, p. 631–644, dez. 2017.

BANGAR, Y. C. *et al.* Meta-analysis of Genetic Structure and Association of Prolactin Gene

with Performance Traits in Dairy Cattle in India. **Biochemical Genetics**, v. 59, n. 3, p. 668–677, 27 jun. 2021.

BENJELLOUN, B. *et al.* Characterizing neutral genomic diversity and selection signatures in indigenous populations of Moroccan goats (*Capra hircus*) using WGS data. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, 2015.

BENNEWITZ, J. *et al.* Estimation of breed contributions to present and future genetic diversity of 44 North Eurasian cattle breeds using core set diversity measures. **Genetics Selection Evolution**, v. 38, n. 2, p. 201–220, 2006.

BERTOLINI, F. *et al.* Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication 06 Biological Sciences 0604 Genetics. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, n. 1, 2018.

CAPOTE, J.; FRESNO, M. La colonización americana y el ganado caprino. In: VARGAS, J. *et al.* (Eds.). **Biodiversidad caprina iberoamericana**. Bogota: Fondo Editorial de la Universidad Cooperativa de Colombia, 2016. p. 24.

CARVALHO, G. M. C. *et al.* Genetic structure of goat breeds from Brazil and the United States: Implications for conservation and breeding programs. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 10, p. 4629–4636, 2015.

CHENG, D.; LIANG, G.; XU, Y. Meta-analysis reveals asymmetric reduction in the genetic diversity of introduced populations of exotic insects. **Biological Invasions**, v. 18, n. 4, p. 1163–1175, 13 abr. 2016.

COLLI, L. *et al.* Genome-wide SNP profiling of worldwide goat populations reveals strong partitioning of diversity and highlights post-domestication migration routes. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, nov. 2018.

CORTELLARI, M. *et al.* The climatic and genetic heritage of Italian goat breeds with genomic SNP data. **Scientific reports**, v. 11, n. 1, p. 10986, maio 2021.

CORTES, O.; CAÑÓN, J.; GAMA, L. T. Applications of Microsatellites and Single Nucleotide Polymorphisms for the Genetic Characterization of Cattle and Small Ruminants: An Overview. **Ruminants**, v. 2, n. 4, p. 456–470, 7 nov. 2022.

DA ROCHA, L. L. *et al.* Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. **Small Ruminant Research**, v. 134, p. 28–33, 2016.

DELGADO, J. V. *et al.* **Exposición de Animales Domésticos Autóctonos Canarios**. TenerifeConsejería de Agricultura y Pesca del Gobierno de Canarias, , 1990. Disponível em: <<https://www.gobiernodecanarias.org/cmsgobcan/export/sites/ganaderia/galerias/doc/publicaciones/agrocanarias90-FOLLETO-EXPOSICION-DE-ANIMALES-DOMESTICOS.pdf>>

DELGADO, J. V. *et al.* Murciano-Granadina Goat: A Spanish Local Breed Ready for the Challenges of the Twenty-First Century. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume II**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 2p. 205–219.

DENOYELLE, L. *et al.* VarGoats project: a dataset of 1159 whole-genome sequences to dissect *Capra hircus* global diversity. **Genetics Selection Evolution**, v. 53, n. 1, 2021.

DONG, Y. *et al.* Sequencing and automated whole-genome optical mapping of the genome of a domestic goat (*Capra hircus*). **Nature Biotechnology**, v. 31, n. 2, p. 135–141, 2013.

DONTHU, N. *et al.* How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. **Journal of Business Research**, v. 133, n. May, p. 285–296, set. 2021.

DORJI, N.; DAUGJINDA, M. A Fundamental Statistical Tools Application for Livestock Diversity Studies from Microsatellite Data - A Mini Review. **OALib**, v. 01, n. 03, p. 1–8, 2014.

EUSEBI, P. G.; MARTINEZ, A.; CORTES, O. Genomic Tools for Effective Conservation of Livestock Breed Diversity. **Diversity**, v. 12, n. 1, p. 8, 20 dez. 2019.

FAO. **Preparation of national strategies and action plans for animal genetic resources – guidelines (edited version)**. Roma Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, , 2009.

FAO. **Molecular genetic characterization of animal genetic resources**. No. 9 ed. Rome: [s.n.].

FAO. **Status and trends of animal genetic resources - 2022**. Rome, Italy: FAO, 2022.

FAO. **FAOSTAT**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>>. Acesso em: 2 jun. 2024a.

FAO. **Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS)**. Disponível em: <<https://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/es/>>. Acesso em: 27 jul. 2024b.

FERNÁNDEZ DE SIERRA, G. E. *et al.* Biodiversidad caprina en España. In: VARGAS, J. *et al.* (Eds.). **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogota: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016. p. 244.

FU, W. *et al.* GGVD: A goat genome variation database for tracking the dynamic evolutionary process of selective signatures and ancient introgressions. **Journal of genetics and genomics = Yi chuan xue bao**, v. 48, n. 3, p. 248–256, mar. 2021.

GAMA, L. . **Melhoramento Genético Animal**. Ribeirão Preto, SP: [s.n.].

GAMA, L. T.; BRESSAN, M. C. Biotechnology applications for the sustainable management of goat genetic resources. **Small Ruminant Research**, v. 98, n. 1–3, p. 133–146, jun. 2011.

GHAVI HOSSEIN-ZADEH, N. A meta-analysis of the genetic contribution to greenhouse gas emission in sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 140, n. 1, p. 49–59, 20 jan. 2023.

GINJA, C. *et al.* Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas. **Animal Genetics**, v. 48, n. 3, p. 315–329, 17 jun. 2017.

GINJA, C. *et al.* Conservation of goat populations from southwestern Europe based on

molecular diversity criteria. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments**. [s.l.] Springer International, 2018. v. 1p. 509–533.

GIPSON, T. A. Recent advances in breeding and genetics for dairy goats. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1275–1283, 2019.

GÓMEZ-CARPIO, M. M. *et al.* Recursos genéticos caprinos locales en el Ecuador. In: VARGAS, J. *et al.* (Eds.). **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogotá: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016. p. 244.

GONZALES-MALCA, J. A. *et al.* Bibliometric Analysis of Research on the Main Genes Involved in Meat Tenderness. **Animals**, v. 12, n. 21, p. 1–20, 2022.

GÜL, S. *et al.* The genetic structure of the goat breeds belonging to Northwest part of Fertile Crescent. **Small Ruminant Research**, v. 182, p. 22 – 28, 2020.

GUO, J. *et al.* Identification and population genetic analyses of copy number variations in six domestic goat breeds and Bezoar ibexes using next-generation sequencing. **BMC Genomics**, v. 21, n. 1, 2020.

HALL, L. A.; BEISSINGER, S. R. A practical toolbox for design and analysis of landscape genetics studies. **Landscape Ecology**, v. 29, n. 9, p. 1487–1504, 2014.

HALL, S. J. G. Genetic Differentiation among Livestock Breeds-Values for F-st. **Animals**, v. 12, n. 9, 2022.

HAUSER, S. S.; ATHREY, G.; LEBERG, P. L. Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics. **Ecology and Evolution**, v. 11, n. 22, p. 15800–15814, 2021.

HEDRICK, P. W. A standardized genetic differentiation measure. **Evolution**, v. 59, n. 8, p. 1633–1638, 2005.

IBGE. **Rebanho de Caprinos (Bodes e Cabras)**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/caprinos/br>>. Acesso em: 11 set. 2024.

JOOST, S. *et al.* Integrating geo-referenced multiscale and multidisciplinary data for the management of biodiversity in livestock genetic resources. **Animal Genetics**, v. 41, n. SUPPL. 1, p. 47–63, 2010.

KARSLI, T. *et al.* Determination of genetic variability, population structure and genetic differentiation of indigenous Turkish goat breeds based on SSR loci. **Small Ruminant Research**, v. 190, 2020.

KOMAR, A. A. **Single Nucleotide Polymorphisms**. Totowa, NJ: Humana Press, 2009. v. 578

LAOUN, A. *et al.* Inference of Breed Structure in Farm Animals: Empirical Comparison between SNP and Microsatellite Performance. **Genes**, v. 11, n. 1, p. 57, 4 jan. 2020.

LEEMPOEL, K. *et al.* Simple rules for an efficient use of geographic information systems in molecular ecology. **Frontiers in Ecology and Evolution**, v. 5, n. APR, p. 1–10, 2017.

LEÓN-OVIEDO, H. *et al.* Caracterización de los caprinos criollos y los sistemas productivos del litoral ecuatoriano, Santa Elena. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal**, v. 18, p. 68–73, 2023.

LINO, A. *et al.* A meta-analysis of the effects of habitat loss and fragmentation on genetic diversity in mammals. **Mammalian Biology**, v. 94, p. 69–76, jan. 2019.

MAHMOUDI, B. *et al.* Population genetic structure and performing assignment test on six iranian native goats using simple sequence repeat markers. **Journal of Central European Agriculture**, v. 20, n. 1, p. 74–92, 2019.

MANEL, S. *et al.* Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, n. 4, p. 189–197, 2003.

MANUNZA, A. *et al.* Genetic diversity and historical demography of underutilised goat breeds in North-Western Europe. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, nov. 2023.

MARTÍNEZ, A. M. *et al.* Is the Murciano-Granadina a single goat breed? A molecular genetics approach. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia**, v. 62, n. 5, p. 1191 – 1198, 2010.

MARTÍNEZ, A. M. *et al.* Biodiversidad caprina en España. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 437 – 440, 2011.

MCMANUS, C. *et al.* Landscape genetics of sheep in Brazil using SNP markers. **Small Ruminant Research**, v. 192, n. 106239, 2020.

MCMANUS, C. *et al.* Livestock breeding, conservation and genomics in Brazil: Who, when, where, and what. **Livestock Science**, v. 281, n. August 2023, p. 105429, mar. 2024.

MCMANUS, C. M. *et al.* Integration of georeferenced and genetic data for the management of biodiversity in sheep genetic resources in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 1, 2021.

MENEZES, M. P. C. *et al.* Diversity analysis and genetic relationships among local Brazilian goat breeds using SSR markers. **Animals**, v. 10, n. 10, p. 1–8, 2020.

MILLER, B. A.; LU, C. D. Current status of global dairy goat production: An overview. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1219–1232, 2019.

MUCHA, S. *et al.* Animal Board Invited Review: Meta-analysis of genetic parameters for resilience and efficiency traits in goats and sheep. **Animal**, v. 16, n. 3, p. 100456, mar. 2022.

MUJICA, F. **Diversidad, conservación y utilización de los recursos genéticos animales en Chile**. Boletín IN ed. Osorno, Chile.: Instituto de Investigaciones Agropecuarias, 2006.

NADERI, S. *et al.* Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. **PLoS ONE**, v. 2, n. 10, p. e1012, 2007.

NADERI, S. *et al.* The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, n. 46, p. 17659–17664, 2008.

NEI, M.; ROYCHOUDHURY, A. . Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. **Population**, v. 76, n. 2, p. 379–390, 1974.

NGULUMA, A. *et al.* Mitochondrial DNA D-loop sequence analysis reveals high variation and multiple maternal origins of indigenous Tanzanian goat populations. **Ecology and Evolution**, v. 11, n. 22, p. 15961 – 15971, 2021.

OLSCHEWSKY, A.; HINRICHS, D. An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. **Animals**, v. 11, n. 7, p. 2016, 6 jul. 2021.

PAKPAHAN, S. *et al.* Genetic diversity analysis of Indonesian indigenous goat breeds based on microsatellite markers. **Small Ruminant Research**, v. 225, p. 107011, ago. 2023.

PIETRO, P. *et al.* The Complete Nucleotide Sequence of Goat (*Capra hircus*) Mitochondrial Genome. **DNA Sequence**, v. 14, n. 3, p. 199–203, 27 jun. 2003.

PIMENTEL, F. *et al.* Landscape Genetics for Brazilian Equines. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 126, p. 104251, 2023.

PINSKY, M. L.; PALUMBI, S. R. Meta-analysis reveals lower genetic diversity in overfished populations. **Molecular Ecology**, v. 23, n. 1, p. 29–39, 2014.

PRITCHARD, J. .; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945–959, 2000.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Drift across the Atlantic: Genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, n. 1, p. 79–87, 2012.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Threatened Goat Breeds from the Tropics: The Impact of Crossbreeding with Foreign Goats. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume I**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 1p. 101–110.

RIBEIRO, N. M. *et al.* Recursos genéticos de caprinos de raças locais do Brasil. In: VARGAS, J. *et al.* (Eds.). **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogota: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016. p. 244.

RODERO, A.; DELGADO, J. V.; RODERO, E. Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. **Archivos de Zootecnia**, v. 41, p. 383–400, 1992.

SEKI, Y.; WADA, K.; KIKKAWA, Y. Practical Applications of Microsatellite Markers in Goat Breeding. In: INTECH (Ed.). **Microsatellite Markers**. [s.l.] InTech, 2016. p. 141–152.

SÉRVIO, H. S. **Revisão sistemática e meta-análise para estudo da conservação de recursos genéticos de caprinos: a experiência sulamericana**. 2020. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia) – Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Universidade Federal da Paraíba e Universidade Federal do Ceará, Recife.

SEVANE, N. *et al.* Dissection of ancestral genetic contributions to Creole goat populations. **Animal**, v. 12, n. 10, p. 2017–2026, 2018.

- SHIRK, A. J.; LANDGUTH, E. L.; CUSHMAN, S. A. A comparison of individual-based genetic distance metrics for landscape genetics. **Molecular Ecology Resources**, v. 17, n. 6, p. 1308–1317, 2017.
- SOBRINHO, F. A. D. *et al.* Aplicação de marcadores SNP em estudos de diversidade genética em *Capra hircus*: tendências, vieses e progressos. **Archivos de Zootecnia**, v. 69, n. 267, p. 328–336, 15 jul. 2020.
- SOLÍS LUCAS, L. A.; LANARI, M. R.; OYARZABAL, M. I. Tipificación integral de sistemas caprinos de la provincia de Santa Elena, Ecuador. **La Granja**, v. 31, n. 1, p. 82–95, 28 fev. 2020.
- STELLA, A. *et al.* AdaptMap: exploring goat diversity and adaptation. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, n. 1, p. 61, 19 dez. 2018.
- TABERLET, P. *et al.* Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. **Comptes Rendus Biologies**, v. 334, n. 3, p. 247–254, 2011.
- TANAKA, K. *et al.* Genetic relationship among several pig populations in East Asia analysed by blood groups and serum protein polymorphisms. **Animal Blood Groups and Biochemical Genetics**, v. 14, n. 2, p. 191–200, 24 abr. 1983.
- TIXIER-BOICHARD, M. *et al.* Farm animal genetic and genomic resources from an agroecological perspective. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, p. 2013–2015, 2015.
- TOSSER-KLOPP, G. *et al.* Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. **PLoS ONE**, v. 9, n. 1, 2014.
- TRAORÉ, A. *et al.* Ascertaining gene flow patterns in livestock populations of developing countries: a case study in Burkina Faso goat. **BMC genetics**, v. 13, p. 35, maio 2012.
- TURCHETTO-ZOLET, A. C. *et al.* **Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações**. [s.l: s.n.].
- VAN STRIEN, M. J. Consequences of population topology for studying gene flow using link-based landscape genetic methods. **Ecology and Evolution**, v. 7, n. 14, p. 5070–5081, 2017.
- VARGAS, J. E. *et al.* **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogota: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016.
- VICUÑA, Y. **Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra criolla (*Capra hircus*) del bosque seco del cantón Jipijapa**. [s.l.] Universidad Estatal Del Sur De Manabí, 2020.
- VIEIRA, R. A.; MCMANUS, C. Bibliographic mapping of animal genetic resources and climate change in farm animals. **Tropical Animal Health and Production**, v. 55, n. 4, p. 259, ago. 2023.
- VIJH, R. K. *et al.* Design and validation of high-density SNP array of goats and population stratification of Indian goat breeds. **Gene**, v. 885, nov. 2023.
- VIRYANSKI, D. Microsatellite markers – a tool for molecular characterization of cattle genetic resources. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v. 25, n. 1, p. 158–165, 2019.

WHANNOU, H. R. V. *et al.* Genetic diversity assessment of the indigenous goat population of Benin using microsatellite markers. **Frontiers in Genetics**, v. 14, 17 mar. 2023.

WRIGHT, S. The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating. **Evolution**, v. 19, n. 3, p. 395–420, 1965.

YADAV, N. *et al.* Approach and prospects of landscape genetics in livestock: A review. **Emergent Life Sciences Research**, v. 09, n. 01, p. 33–39, 2023.

YAO, Z. *et al.* Genetic diversity and signatures of selection in BoHuai goat revealed by whole-genome sequencing. **BMC genomics**, v. 24, n. 1, p. 116, mar. 2023.

YARO, M. *et al.* Molecular identification of livestock breeds: a tool for modern conservation biology. **Biological Reviews**, v. 92, n. 2, p. 993–1010, 22 maio 2017.

YI, G. *et al.* Investigation of mitochondrial DNA genetic diversity and phylogeny of goats worldwide. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 6, p. 1830–1837, jun. 2022.

ZHENG, Z. *et al.* The origin of domestication genes in goats. **Science Advances**, v. 6, n. 21, 2020.

ZHONG, T. *et al.* A genome-wide perspective on the diversity and selection signatures in indigenous goats using 53 K single nucleotide polymorphism array. **Animal**, v. 17, n. 3, mar. 2023.

CAPÍTULO I

**Padrão genético espacial da diversidade dos caprinos localmente adaptados
do Brasil, da Espanha e do Equador**

RESUMO

Os caprinos localmente adaptados apresentam importância econômica, social e cultural, como fonte de alimento, e constituem um grande reservatório de diversidade genética. Contudo, atualmente, encontram-se ameaçados pelo cruzamento ou substituição com raças especializadas. A caracterização genética desses recursos e a compreensão dos fatores que influenciam seus padrões de diversidade e estruturação genética são de vital importância para a tomada de decisões e implementação de medidas práticas que visem sua conservação e uso sustentável. Assim, o presente estudo teve como objetivo investigar a influência da geografia nos padrões de diversidade, estruturação e relações genéticas das raças caprinas localmente adaptadas do Brasil, da Espanha e do Equador, a partir do uso integrado das informações genéticas e espaciais. Um total de 561 caprinos de 15 populações (seis raças locais brasileiras, três espanholas e uma de Equador, além de uma população sem padrão racial definido e quatro raças exóticas) foi genotipado com um painel de 23 marcadores moleculares microssatélites. As raças locais foram georreferenciadas, e os dados foram usados para realizar diversas análises a fim de quantificar a variabilidade genética nas populações, suas relações genéticas, padrões geográficos de estruturação populacional, fluxo gênico e a identificação de potenciais barreiras que poderiam gerar descontinuidades genéticas entre as populações. As populações localmente adaptadas mostraram níveis de diversidade genética importantes, com destaque para as espanholas ($H_o = 0,629$ e $H_e = 0,685$) e equatoriana ($H_o = 0,628$ e $H_e = 0,704$), em comparação com as brasileiras ($H_o = 0,583$ e $H_e = 0,628$). As brasileiras Moxotó e Serrana Azul apresentaram a menor diversidade. As distâncias geográficas e genéticas das populações estão significativamente associadas, o que foi observado ao incluir todas as raças locais ($r = 0,77$; $R^2 = 0,59$; $P = 0,000000$), assim como somente as brasileiras ($r = 0,65$; $R^2 = 0,43$; $P = 0,007500$). Nesse sentido, o isolamento geográfico mostrou ser um fator importante para explicar parcialmente as diferenças genéticas entre as raças. Consistentemente com os resultados das outras análises, também foram identificadas barreiras genéticas que provavelmente restringem o fluxo gênico entre algumas populações, gerando um padrão geográfico de variabilidade e diferenciação genética. Pesquisas futuras devem ter como objetivo coletar e analisar dados genéticos, paisagísticos e ambientais em resoluções e escalas maiores para obter resultados mais detalhados e abrangentes.

Palavras chave: Caprino crioulo, marcador molecular, diferenciação genética, genética da paisagem, endogamia.

ABSTRACT

Locally adapted goats hold economic, social, and cultural importance as a source of food and serve as a major reservoir of genetic diversity. However, they are currently threatened by crossbreeding or replacement with specialized breeds. The genetic characterization of these resources and the understanding of the factors that influence their patterns of genetic diversity and structuring are vital for decision-making and the implementation of practical measures aimed at their conservation and sustainable use. Therefore, the present study aimed to investigate the influence of geography on the patterns of genetic diversity, structuring, and relationships of locally adapted goat breeds from Brazil, Spain, and Ecuador, through the integrated use of genetic and spatial information. A total of 561 goats from 15 populations (six local Brazilian breeds, three Spanish breeds, and one Ecuadorian breed, in addition to one population with no defined breed pattern and four exotic breeds) were genotyped using a panel of 23 microsatellite molecular markers. The local breeds were georeferenced, and the data were used to conduct various analyses to quantify the genetic variability within the populations, their genetic relationships, geographical patterns of population structuring, gene flow, and the identification of potential barriers that might generate genetic discontinuities between populations. The locally adapted populations showed significant levels of genetic diversity, with the Spanish ($H_o = 0.629$ and $H_e = 0.685$) and Ecuadorian ($H_o = 0.628$ and $H_e = 0.704$) breeds standing out in comparison to the Brazilian breeds ($H_o = 0.583$ and $H_e = 0.628$). The Brazilian Moxotó and Serrana Azul breeds showed the lowest diversity. The geographic and genetic distances of the populations were significantly correlated, as observed when including all local breeds ($r = 0.77$; $R^2 = 0.59$; $P = 0.000000$), as well as when considering only the Brazilian ones ($r = 0.65$; $R^2 = 0.43$; $P = 0.007500$). In this sense, geographic isolation proved to be an important factor in partially explaining the genetic differences among breeds. Consistent with the results of other analyses, genetic barriers were also identified, likely restricting gene flow between some populations, creating a geographic pattern of genetic variability and differentiation. Future research should aim to collect and analyze genetic, landscape, and environmental data at higher resolutions and scales to achieve more detailed and comprehensive results.

Keywords: Creole goat, molecular marker, genetic differentiation, landscape genetics, inbreeding.

1. INTRODUÇÃO

O surgimento da agricultura durante a transição neolítica, incluindo a domesticação do gado, marcou um ponto crítico na evolução da humanidade. A espécie caprina (*Capra hircus*) foi um dos primeiros ungulados a serem domesticados, ocorrendo há aproximadamente 10.000 anos no sudoeste da Ásia (NADERI *et al.*, 2008), a partir de populações de ancestrais selvagens, os bezoares (*Capra aegagrus*) (ZHENG *et al.*, 2020). Após a domesticação, os caprinos se espalharam por todo o globo através da migração humana ou do comércio (YI *et al.*, 2022), passaram por processos adaptativos às diferentes condições agroclimáticas ao longo de várias gerações, e sofreram diferenciação devido à deriva por efeito fundador (BERTOLINI *et al.*, 2018), levando à diversidade de raças que observamos atualmente.

Através do conhecimento local e de múltiplas investigações, é bem conhecida a importância dos caprinos, devido à sua capacidade de adaptação a climas e terrenos adversos (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017), pois podem suportar o calor e a escassez de água, bem como percorrer longas distâncias em busca de alimento (VARGAS *et al.*, 2016). Nesse sentido, o interesse pelo valor genético das raças nativas de caprinos, particularmente sua resistência à seca e aos parasitas, aumentou devido às mudanças climáticas que expandem as áreas áridas do planeta (MILLER; LU, 2019).

Por outro lado, os caprinos são fáceis de acomodar e manejar, o que os torna adequados para famílias pequenas, mulheres e crianças, e servem como fonte essencial de alimento para milhões de pessoas (BERTOLINI *et al.*, 2018). Adicionalmente, as raças localmente adaptadas ou nativas também podem oferecer benefícios ecológicos ou serviços socioculturais, que abrangem vários aspectos, como desenvolvimento rural, gestão da paisagem e o crescente campo do ecoturismo (TIXIER-BOICHARD *et al.*, 2015). A grande maioria dos caprinos localmente adaptados crioulos constitui um importante reservatório de diversidade genética, vital para o futuro (GINJA *et al.*, 2017), mas o cruzamento e/ou a substituição por raças comerciais transfronteiriças ameaçam sua permanência (RIBEIRO *et al.*, 2017). Portanto as raças localmente adaptadas representam entidades bem diferenciadas e requerem medidas que visam à sua conservação e uso sustentável (GINJA *et al.*, 2017).

Segundo Mahmoudi *et al.* (2019), o estudo da diversidade genética e estrutura populacional pode fornecer informações valiosas para determinar origem, conservação e melhoramento genético dos recursos animais. Nas últimas décadas, ocorreu um enorme desenvolvimento de ferramentas para análise de DNA, aumentando exponencialmente a

capacidade de caracterizar variações e relações genéticas intra e interpopulacionalmente, com foco significativo no uso de marcadores moleculares microssatélites e tecnologias de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) (HALL, 2022). Hoje, apesar da utilização predominante dos SNPs, os microssatélites continuam a ser uma tecnologia econômica e informativa para a genética da conservação (HAUSER; ATHREY; LEBERG, 2021), permitindo investigar aspectos fundamentais, como níveis de diversidade genética, estrutura populacional, relações genéticas entre raças, efeitos fundadores, deriva genética, paternidade, etc. (AGUIRRE-RIOFRIO *et al.*, 2020; GÜL *et al.*, 2020; KARSLI *et al.*, 2020; KESKIN *et al.*, 2019; MENEZES *et al.*, 2020; PAKPAHAN *et al.*, 2023; RIBEIRO *et al.*, 2012; SEVANE *et al.*, 2018; WHANNOU *et al.*, 2023a).

Estruturação populacional, adaptação local, mistura genética e especiação são processos evolutivos espacialmente dependentes (GAGNAIRE, 2020), de tal forma que as características geográficas e ambientais possuem a capacidade de moldar a variabilidade genética, seja em nível individual seja populacional. Nesse sentido, os Sistemas de Informação Geográfica (GIS) possuem capacidades significativas para aplicação na pesquisa evolutiva (LEEMPOEL *et al.*, 2017), permitindo integrar dados genotípicos com informações geográficas e ambientais, numa abordagem conhecida como genética da paisagem (MANEL *et al.*, 2003). O principal objetivo da genética da paisagem é alcançar uma compreensão abrangente da maneira pela qual o fluxo gênico é limitado pela distância geográfica e pela heterogeneidade da paisagem (SHIRK; LANDGUTH; CUSHMAN, 2017).

Apesar da importância da sua integração, os dados genéticos e espaciais geralmente são analisados separadamente (JOOST *et al.*, 2010), em parte devido ao fato de que os profissionais não estão familiarizados e têm dificuldade em usar as ferramentas de SIG de forma eficaz (LEEMPOEL *et al.*, 2017), ou porque as equipes de pesquisa não possuem formação interdisciplinar. Esse tipo de metodologia é mais comumente empregada em estudos considerando espécies de animais silvestres (DELLICOUR *et al.*, 2019; GUETA; TEMPLETON; BAR-DAVID, 2014; LECIS *et al.*, 2022; RENNER *et al.*, 2016), de tal forma que, as investigações que implementam análises usando a genética da paisagem na área da conservação de espécies pecuárias são bastante limitadas (DE SOUZA *et al.*, 2021; MCMANUS *et al.*, 2021; PIMENTEL *et al.*, 2023; UPASNA *et al.*, 2011), principalmente aquelas sobre influência da paisagem sobre a estrutura genética e o fluxo gênico entre populações caprinas (TRAORÉ *et al.*, 2012).

A integração de dados de natureza genética e espacial permitiria o aprofundamento da influência dos fatores geográficos sobre os padrões de variabilidade e estrutura genética das raças locais, aumentando a compreensão desses processos evolutivos e, portanto, melhorando os critérios para o estabelecimento de prioridades e formulação de estratégias melhor adaptadas para a conservação desses recursos genéticos. Assim, o objetivo deste trabalho foi investigar a influência da geografia nos níveis de diversidade genética, padrões de estrutura populacional e relações genéticas das raças caprinas localmente adaptadas do Brasil, da Espanha e do Equador, a partir do uso integrado de dados genéticos de microssatélites e geográficos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostragem dos caprinos

O conjunto de dados usado (AGUIRRE-RIOFRIO *et al.*, 2020; DA ROCHA *et al.*, 2016) incluiu 561 animais não aparentados, pertencentes a seis populações localmente adaptadas do Brasil (BR), nomeadamente Serrana Azul (SAZUL, n = 40), Moxotó (MOX, n = 40), Marota (MAR, n = 40), Canindé (CAN, n = 40), Repartida (REPAR, n = 40) e Graúna (GRAU, n = 39), além de uma população sem padrão racial definido (SRD, n = 40), quatro raças exóticas (EX), nomeadamente Alpina (ALP, n = 40), Boer (BOER, n = 40), Anglo-Nubiana (ANG, n = 26), e Saanen (SAAN, n = 36), três raças caprinas locais da Espanha (ES), nomeadamente Murciana (MUR, n = 35), Murciana-Granadina (MG, n = 20) e Granadina (GRAN, n = 35), e, finalmente, uma população nativa do Equador (EC), conhecida como Chusca Lojana (LOJ, n=50), totalizando 15 populações.

2.2 Genotipagem dos marcadores microssatélites

Foi analisado um painel de 23 marcadores microssatélites de acordo com as recomendações da FAO (FAO, 2011) e da Sociedade Internacional de Genética Animal (ISAG) para estudos de diversidade genética em caprinos. Os marcadores microssatélites incluídos neste estudo foram BM1329, BM6506, BM8125, BM1818, CSRD247, HSC, MM12, OarFCB48, SRCRSP8, INRA63, MAF209, ILSTS011, SPS115, TGLA122, BM6526, CSRM60, CSSM66, McM527, OarFCB11, OarFCB304, MAF65, ETH225 e ETH10.

O DNA genômico foi isolado e os marcadores selecionados foram amplificados pela técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) de acordo com o protocolo de Martinez *et al.*

(2004). Após a amplificação, a separação por tamanho dos fragmentos amplificados foi realizada por eletroforese capilar em gel de poliacrilamida por meio de sequenciador automático e os resultados foram analisados diretamente com o software Genescan. A tipagem alélica foi realizada utilizando o software Genotyper.

2.3 Análises estatísticas dos dados

O número médio de alelos (N_a), heterozigosidade observada (H_o) e heterozigosidade esperada imparcial (uH_e) foram estimados com o uso do programa GenAIEX versão 6.5 (PEAKALL; SMOUSE, 2012). O número de loci com desvios das proporções do Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) e o número efetivo de alelos (N_e) foram obtidos utilizando o software Genepop versão 4.7.5 (ROUSSET; RAYMOND, 1995) e Popgene versão 1.32 (YEH; BOYLE, 1997), respectivamente. Foi empregado o programa Fstat, versão 2.9.4 (GOUDET, 1995), para obter as estimativas de Riqueza alélica (R_t) e as estatísticas F de Wright, com intervalos de confiança de 95% para F_{IS} estimados por meio do Genetix, versão 4.05 (BELKHIR *et al.*, 2004). O Arlequin versão 3.5.2.2 (EXCOFFIER; LISCHER, 2010) foi utilizado para obter e representar graficamente as estimativas de F_{ST} entre pares de raças.

Foi realizada uma análise fatorial de correspondência com o software Genetix, versão 4.05 (BELKHIR *et al.*, 2004). As Distâncias populacionais (D_A) pareadas de Nei (Nei, 1978) foram estimadas com o emprego do programa Populations, versão 1.2.32 (LANGELLA, 2002). Foi gerada uma rede de relações raciais, seguindo o método Neighbour-Net e usando as distâncias D_A de Nei, com o software SplitsTree4, versão 4.19.1 (HUSON; BRYANT, 2006).

Utilizou-se o procedimento de agrupamento Bayesiano implementado no software Structure versão 2.3.4 (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000) para investigar a estrutura genética e o nível de mistura das 15 populações caprinas incluídas no estudo. O número mais provável de populações ancestrais (K), conforme os dados genotípicos obtidos, foi estimado realizando um período de queima de 150.000, seguido por 450.000 iterações da cadeia de Markov Monte Carlo (MCMC). O número de populações ancestrais inferidas (K) foi avaliado com cinco execuções independentes em cada K , com valores de K variando de dois a 15. O parâmetro alfa, que denota o grau de mistura, foi deduzido dos dados utilizando as configurações padrão e um modelo de mistura com frequências alélicas correlacionadas (FALUSH; STEPHENS; PRITCHARD, 2003). Utilizou-se do software Structure Selector, baseado na web (LI; LIU, 2018) (disponível em: <https://lmme.ac.cn/StructureSelector/>), para

determinar o valor ideal de K segundo o método de Evanno *et al.* (2005). A matriz de consenso resultante, Q, foi obtida através de cinco réplicas do K ideal e, posteriormente, visualizada usando a versão web do pacote POPHELPER, versão 1.0.10 (FRANCIS, 2017). Os modos maiores e menores de padrões de agrupamento para cada K foram verificados por meio da utilização de Clumpak (KOPELMAN *et al.*, 2015).

Dado que as populações locais (SAZUL, MOX, MARO, CANIN, REPAR, GRAU, MUR, MG, GRAN e LOJ) constituem o principal grupo a analisar, os dados genéticos foram agregados e vinculados à posição do centroide da distribuição da população para identificar cada raça com uma única localização no mapa geográfico, e os centroides foram então usados em análises subsequentes para inferir os modelos espaciais (JOOST, 2006). As coordenadas geográficas das populações foram aproximadas com o uso da geodatabase Google Earth Pro, versão 7.3.6, dada sua particular utilidade no fornecimento de coordenadas em formato digital.

Foi executada análise espacial da estrutura genética das dez populações localmente adaptadas por meio de análise bayesiana, utilizando o software Bayesian Analysis of Population Structure (BAPS), versão 6.0 (CORANDER *et al.*, 2008), assumindo que os marcadores não estão ligados e que estão em EHW, seguido por análises adicionais de mistura. A referida análise foi baseada na utilização de coordenadas geográficas pertencentes a cada uma das populações. O melhor valor de K foi determinado depois de realizadas 20 réplicas, com K variando de dois até dez.

Por meio da aplicação de análise de rede foram examinados os padrões de conectividade entre as populações locais, com base nos valores de F_{ST} (REYNOLDS; WEIR; COCKERHAM, 1983) e sem a premissa a priori de grupos genéticos, utilizando o software EDENetworks, versão 2.18 (KIVELÄ; ARNAUD-HAOND; SARAMÄKI, 2015). As populações são representadas por diferentes cores dos nós na rede, com os links na rede sendo limitados por uma distância máxima, estabelecida automaticamente pelo programa como o limite. Quaisquer links que excedam esse limite foram eliminados. O grau de conectividade, que é o número de bordas que ligam um nó, serve como um indicador da extensão em que uma população está interconectada com outras populações. Por outro lado, a centralidade de intermediação (BC) é o número de caminhos mais curtos que passam por um nó, entre outros nós. Para avaliar a robustez dos valores de BC da rede resolvida, submetem-se os resultados a 10.000 bootstraps. Calcularam-se as distribuições dos valores de BC para os nós que tiveram o maior BC no total, levando-se em consideração todas as redes geradas.

Com o objetivo de avaliar o isolamento por distância e examinar a correlação entre distâncias genéticas e geográficas entre pares de raças locais, foi efetuado um teste de Mantel com 10.000 iterações, utilizando o software Arlequin versão 3.5.2.2 (EXCOFFIER; LISCHER, 2010). Posteriormente, foi empregada a abordagem geométrica computacional usando o algoritmo de diferença máxima de Monmonier (1973), por meio do uso do programa Barrier, versão 2.2 (MANNI; GUÉRARD; HEYER, 2004), com o fim de identificar barreiras (descontinuidades genéticas) entre as raças locais. Empregou-se a matriz de distâncias genéticas linearizadas de Slatkin [$F_{ST} / (1 - F_{ST})$], gerada por meio do uso do software Arlequin v. 3.5.2.2 (EXCOFFIER; LISCHER, 2010), juntamente com as coordenadas geográficas pertencentes a cada população. Para as avaliações espaciais, análises adicionais foram realizadas, com o fim de identificar padrões de diferenciação mais sutis, considerando somente as raças locais do BR. Os mapas para realizar a sobreposição espacial dos resultados genéticos foram construídos com o uso dos pacotes de processamento de dados geoespaciais e gráficos do software R, versão 4.3.1 (R CORE TEAM, 2023).

3. RESULTADOS

3.1 Diversidade genética dentro das populações

As estimativas da diversidade genética das populações consideradas no estudo estão resumidas na Tabela 1. As raças locais com maiores valores para número médio de alelos, número efetivo de alelos e riqueza alélica, são a equatoriana LOJ e a espanhola GRAN, acompanhadas pela exótica ALP, que possui valores semelhantes. Os menores valores foram observados nas raças BOER, MARO e SAZUL.

As raças exóticas ANG e ALP apresentam os níveis mais elevados de H_o (0,693) e H_e (0,724) respectivamente. No entanto, considerando as populações locais, GRAN, MG e LOJ apresentam os níveis mais significativos de diversidade genética. Por sua vez, os níveis menos significativos foram obtidos para MOX e SAZUL. Todas as populações apresentaram loci com desvios significativos do EHW, variando de um (ANG e GRAN) a oito (MG). Um excesso de homozigotos ($F_{IS} > 0,10$) foi detectado em algumas populações (SRD, MOX, MUR e LOJ).

Tabela 1. Número médio de alelos (N_a), número efetivo de alelos (N_e), riqueza alélica (R_t), heterozigosidade observada (H_o) e esperada imparcial (uH_e), número de loci com desvios das proporções do EHW (EHW) e coeficiente de endogamia (F_{IS}) com seus intervalos de confiança (F_{IS} IC) para as 15 populações caprinas incluídas no estudo.

Raças	N	N_a	N_e	R_t	H_o	uH_e	EHW	F_{IS}	F_{IS} IC (95%)
SRD	40	6,957	4,078	6,188	0,636	0,71	7	0,106	(0,07656 - 0,12715)
ALP	40	7,304	4,429	6,38	0,661	0,724	6	0,088	(0,04826 - 0,09924)
BOER	40	5,087	2,87	4,515	0,594	0,624	4	0,05	(0,02082 - 0,06907)
ANG	26	5,217	2,947	4,807	0,693	0,636	1	-0,092	(-0,16167 - -0,06605)
SAAN	36	7,174	3,811	6,138	0,63	0,666	6	0,055	(-0,00346 - 0,05501)
SAZUL	40	5,913	2,743	4,832	0,541	0,576	3	0,062	(0,02147 - 0,07877)
MOX	40	5,826	3,037	4,941	0,54	0,623	8	0,135	(0,09084 - 0,13648)
MARO	40	5,696	2,955	4,839	0,573	0,608	4	0,058	(0,01667 - 0,05831)
CANIN	40	5,957	3,274	5,205	0,607	0,655	4	0,074	(0,05001 - 0,10379)
REPAR	40	6,696	3,446	5,666	0,615	0,663	5	0,074	(0,04622 - 0,09162)
GRAU	39	6,739	3,209	5,589	0,62	0,644	3	0,039	(0,00696 - 0,05622)
MUR	35	6,826	3,724	5,896	0,609	0,677	4	0,102	(0,04144 - 0,10419)
MG	20	6,391	3,746	6,131	0,632	0,692	8	0,089	(0,00743 - 0,13477)
GRAN	35	7,304	3,986	6,391	0,646	0,686	1	0,06	(0,02566 - 0,07376)
LOJ	50	7,826	4,291	6,332	0,628	0,704	7	0,109	(0,07518 - 0,14594)

SRD, Sem padrão racial definido; ALP, Alpina; BOER, Boer; ANG, Anglo-Nubiana; SAAN, Saanen; SAZUL, Serrana Azul; MOX, Moxotó; MAR, Marota; CAN, Canindé; REPAR, Repartida; GRAU, Graúna; MUR, Murciana; MG, Murciana-Granadina; GRAN, Granadina; LOJ, Chusca Lojana.

EHW, Equilíbrio de Hardy-Weinberg para $P < 0,05$

3.2 Relações genéticas entre populações

Todos os valores das distâncias F_{ST} por pares de populações (Fig. 1 e Tabela S1) foram significativos para $P < 0,05$. A análise revelou um importante nível de diferenciação genética entre as raças do BR com as da ES, EC, e EX. Em contraste, foi observada diferenciação genética média entre a população LOJ do EC e as da ES, e entre a população SRD com a maioria das outras populações. Ao considerar as raças locais do BR, foi confirmada baixa diferenciação genética entre GRAU e SAZUL ($F_{ST} = 0,03351$), CANIN e REPAR ($F_{ST} = 0,0496$), MOX e CANIN ($F_{ST} = 0,050$) e entre MOX e REPAR ($F_{ST} = 0,0533$). Por sua vez, as raças da ES apresentam uma diferenciação genética baixa.

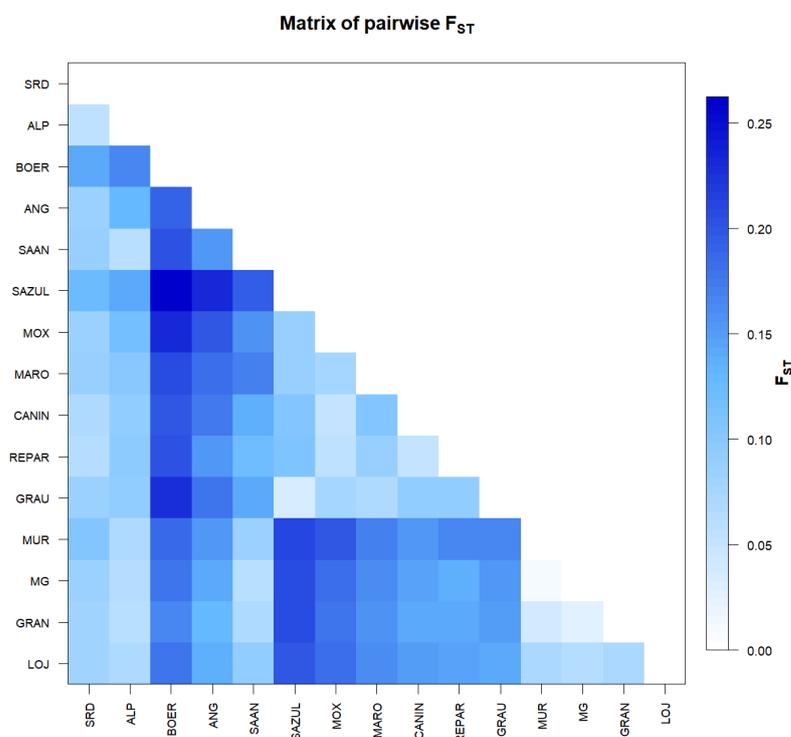


Fig. 1. Representação gráfica da matriz das distâncias F_{ST} por pares entre as 15 populações caprinas estudadas. Os valores das cores que indicam as distâncias raciais são determinados pela escala no lado direito da imagem.

Por meio dos métodos de agrupamento, implementou-se análise de correspondência fatorial para verificar a estrutura genética das populações incluídas no estudo. Os resultados (Fig. 2) mostraram que as populações do BR são diferentes das ES, as quais, por sua vez, se encontram mais relacionadas com a nativa equatoriana LOJ. Por outro lado, dentre as raças EX, ALP e SAAN parecem estar mais relacionadas com as raças da ES.

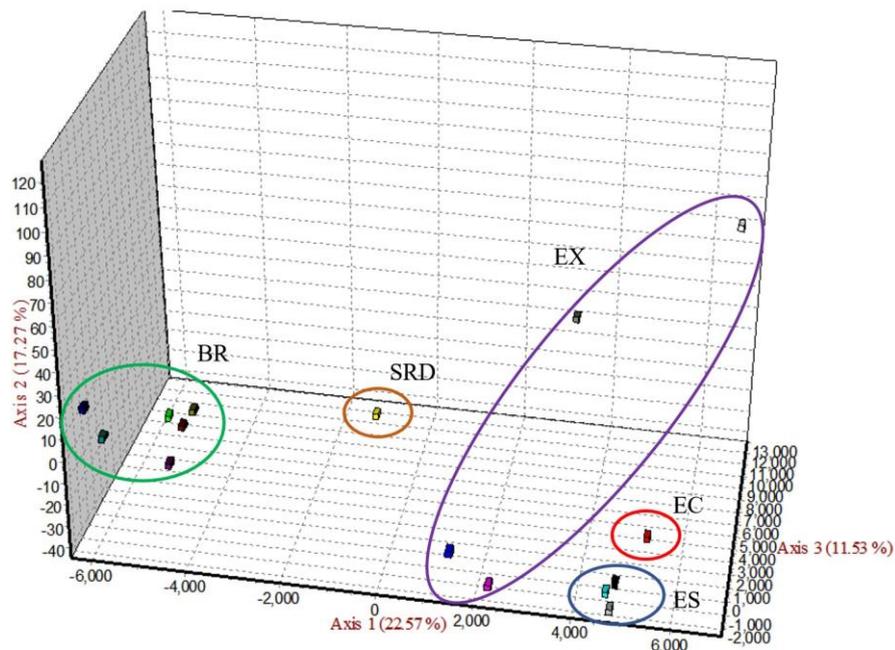


Fig. 2. Análise fatorial de correspondência das 15 populações caprinas estudadas.

O gráfico de Neighbor-Net (Fig. 3) construído a partir das distâncias genéticas D_A (Tabela S2) indica a formação de diferentes grupos, em que as populações do BR formam uma rede estreita e distante dos outros grupos geográficos, que ficaram no outro extremo. As raças da ES também formaram outro grupo racial fechado, com a população LOJ sendo a mais próxima destas. A raça transfronteiriça BOER, foi a que se separou mais dos outros grupos raciais. Além disso, no grupo das populações do BR, foram identificados subgrupos, com MOX, REPAR e CANIN por um lado, e GRAU e SAZUL por outro.

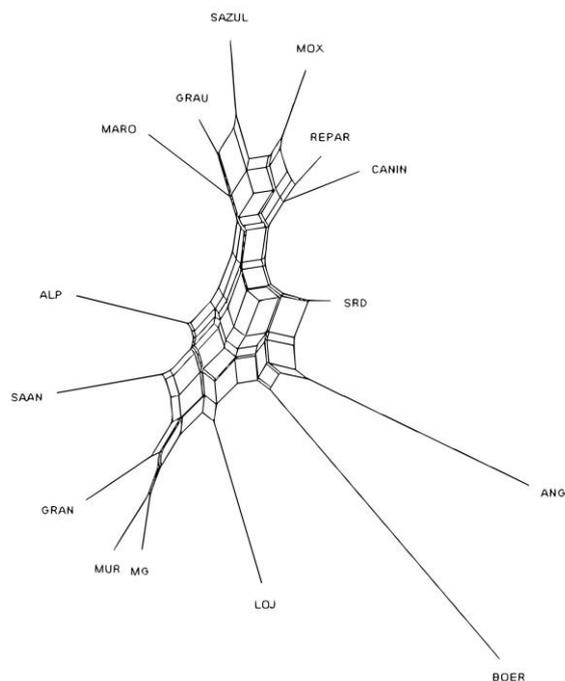


Fig. 3. Gráfico Neighbor-Net das distâncias genéticas D_A de Nei representando as relações raciais entre as 15 populações caprinas.

3.3 Análises de agrupamento bayesiano

A partir dos resultados obtidos com a abordagem Bayesiana implementada no Structure e a aplicação do método de Evanno, foi inferido que um $K = 13$ (Delta $K = 19,8$; ver Fig. S1) é o número mais provável de populações ancestrais que contribuem para a variabilidade genética observada nas 15 populações estudadas. Os valores proporcionais das contribuições das populações ancestrais inferidas para cada raça estão na Tabela S3. A representação gráfica das contribuições das populações ancestrais assumidas para cada indivíduo (q) das 15 raças estudadas considerando um $K=13$ é mostrada na Fig. 4. Ao considerar as populações localmente adaptadas, a LOJ do EC se diferenciou claramente, com a maior contribuição de uma população ancestral única. Por sua vez, as populações BR, SAZUL e GRAU compartilharam uma importante fração do mesmo grupo ancestral. Da mesma forma, MOX, REPAR, e CANIN compartilharam importante contribuição de um mesmo grupo ancestral, no entanto, nessa última, foi menos expressiva. A raça MARO mostrou-se um pouco mais isolada das outras populações, com contribuição principal de um grupo genético diferente.

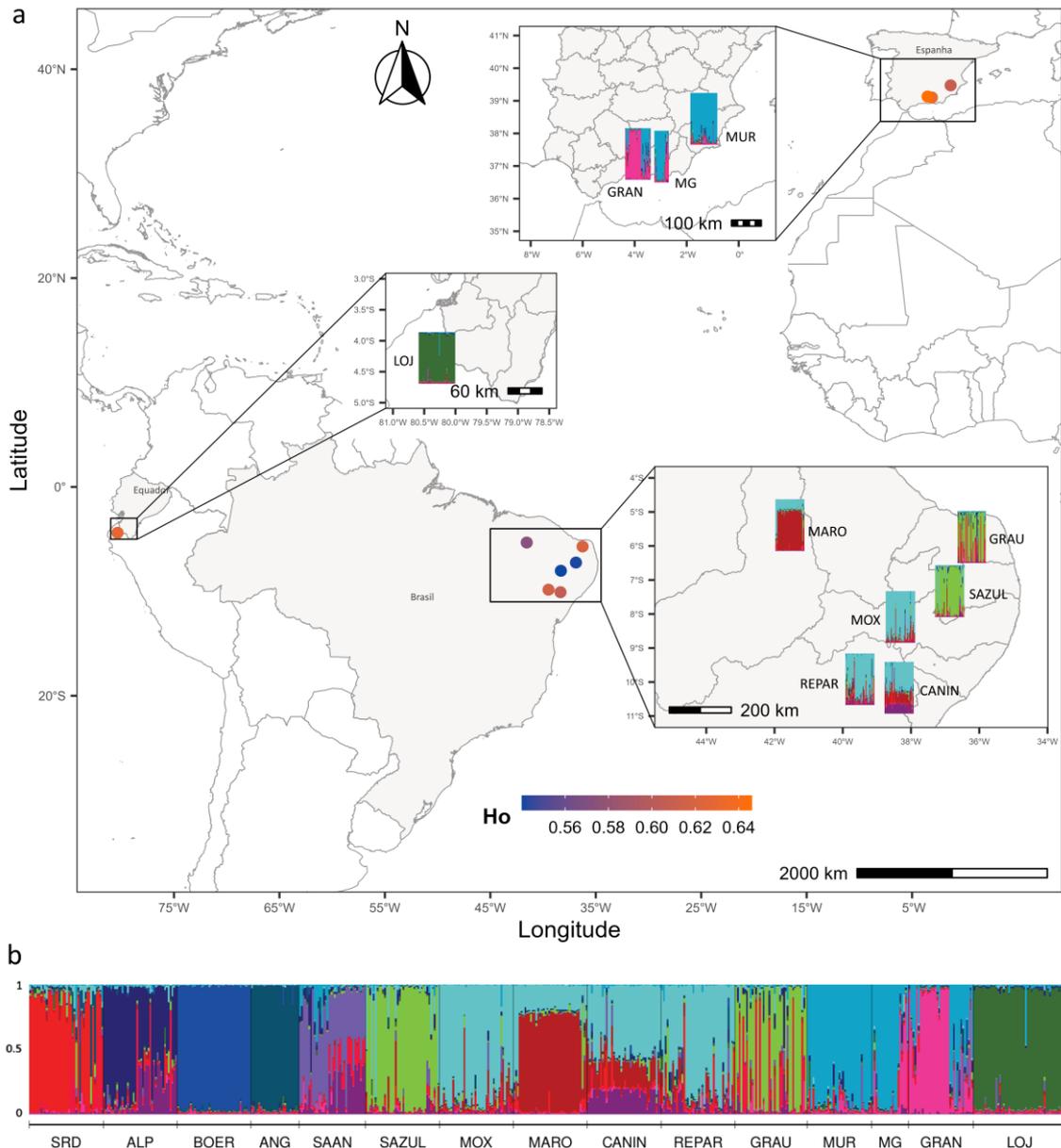


Fig. 4. a) Sobreposição espacial das dez populações caprinas localmente adaptadas com a heterozigosidade observada (círculos) e o agrupamento bayesiano (retângulos) inferido pelo programa Structure, baseado nos dados genéticos de 561 indivíduos das 15 populações para o melhor $K=13$. **b)** Gráfico de barras do agrupamento bayesiano mostrando todas as populações incluídas no estudo, em que cada barra horizontal representa um indivíduo, e a proporção de cada cor na barra corresponde ao coeficiente de pertinência estimado para cada indivíduo considerando um $K=13$.

Foram observados importantes padrões espaciais da estrutura genética nas populações localmente adaptadas (Fig. 4a). Como esperado, os grupos de populações do BR, ES e EC, seguem uma estruturação genética consistente com a região geográfica à qual pertencem. Ao centrar nossa atenção nas populações do BR, foi possível verificar que as dos grupos que compartilham maiores proporções genéticas ancestrais também seguem estruturação espacial

definida, encontrando-se mais próximas geograficamente. Nesse sentido, foi evidenciada importante correlação entre as distâncias genéticas (F_{ST}) e geográficas entre pares de raças ($r = 0,77$; $R^2 = 0,59$; $P = 0,000000$), ao considerar as raças locais do BR, ES e EC. Ao considerar somente as raças do BR, a correlação foi menor ($r = 0,65$), no entanto, as distâncias geográficas ainda explicaram importante proporção da variabilidade genética das raças consideradas ($R^2 = 0,43$; $P = 0,007500$).

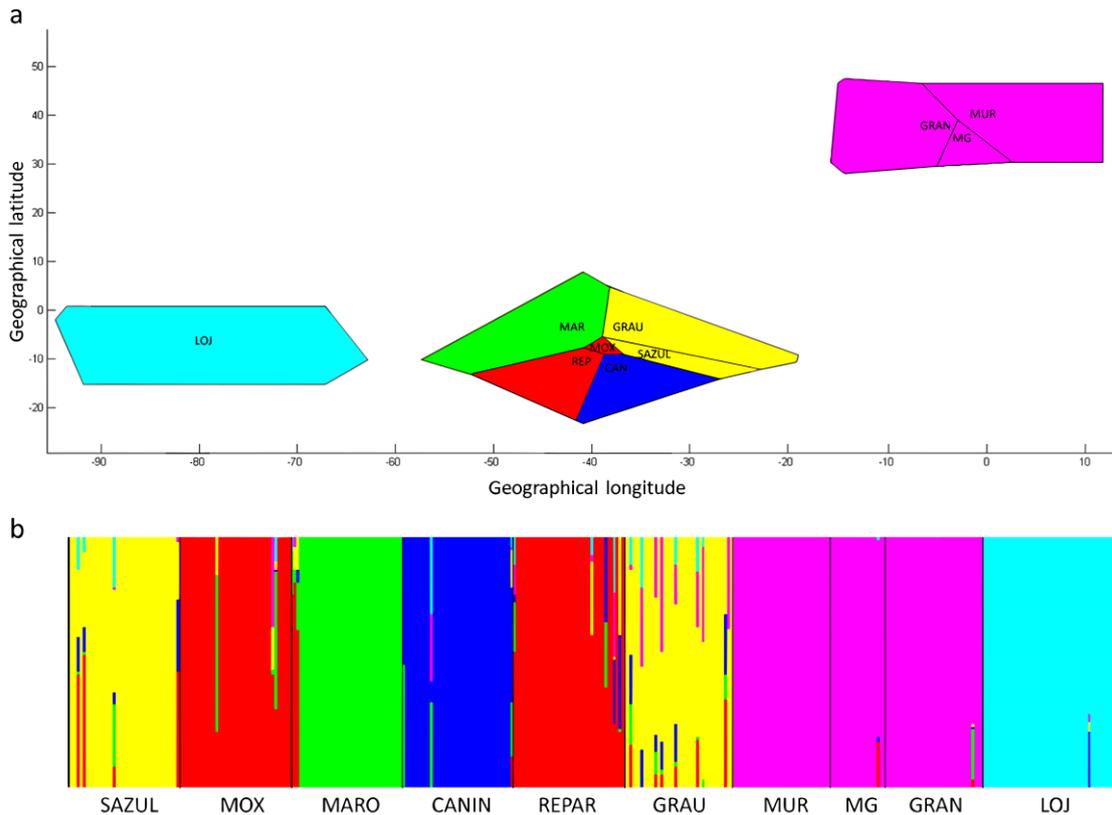


Fig. 5. Resultados da análise da estrutura genética considerando as populações locais do BR, ES e EC, utilizando o programa BAPS. **a)** Resultados da análise bayesiana da estrutura populacional com o uso de modelo espacial. **b)** Análise de mistura de clusters identificados ($K=6$).

Com base na análise bayesiana da estrutura populacional com modelamento espacial implementada no programa BAPS, considerando as populações do BR, ES e EC, foi estabelecida a melhor partição dos dados ($P = 0,98264$) em seis grupos genéticos, que são indicados por polígonos de Voronoi de cores diferentes (Fig. 5. a). Essa estrutura teve o maior valor de máxima verossimilhança de log entre as partições (-26891,442). Foi verificado agrupamento espacial, com mistura limitada entre os grupos genéticos (Fig. 5a e 5b), onde todas as raças da ES foram agrupadas no mesmo cluster. Entre as populações do BR, a SAZUL com

GRAU e MOX com REPAR foram colocadas nos mesmos grupos genéticos. Esses resultados foram consistentes com os obtidos no programa Structure.

3.4 Análise de rede e barreiras genéticas

A análise de rede suporta os resultados encontrados anteriormente. A rede F_{ST} revelou dois grupos principais (Fig. 6a), com o primeiro contendo as populações da ES e EC, e o segundo as do BR, sem componentes individuais desconectados (ou seja, sem ausência de bordas conectando-os a outros locais de amostragem). Ao analisar o grupo do BR de forma independente (Fig. 6b.), verificaram-se padrões de conectividade bem mais visíveis, com os maiores valores de centralidade de intermediação para as populações MOX e MARO. Observou-se evidência de restrição de fluxo gênico entre MARO e outras populações (SAZUL, CANIN e REPAR). Por outro lado, maior grau de conectividade foi encontrado entre as populações GRAU e SAZUL, sugerindo elevado fluxo gênico entre elas. As populações MOX, CANIN e REPAR também mostraram importante nível de conectividade. Por sua vez, foi evidenciado elevado fluxo gênico entre as raças da ES, principalmente entre MUR e MG, resultado esperado devido à história de formação das duas raças.

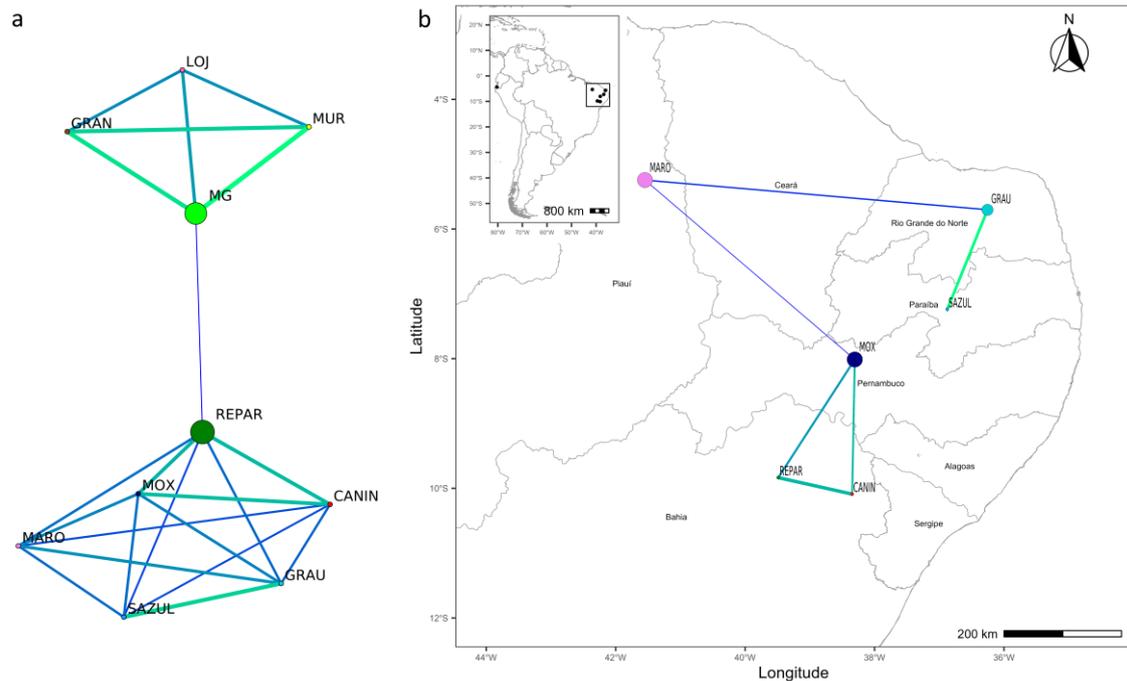


Fig. 6. Rede genética (com base nos valores F_{ST}) gerada no software EDENetwork considerando: **a)** as populações do BR, ES e EC e **b)** as populações do BR. A magnitude da borda está em correlação inversa com o valor de F_{ST} , bordas mais substanciais representam valores de F_{ST} de pares menos significativos. O tamanho do nó é proporcional aos valores de centralidade de intermediação.

Foram identificadas três barreiras genéticas em nosso conjunto de dados (Fig. 7a). A primeira foi observada entre os grupos geográficos do BR e EC; a segunda, entre os grupos do BR e ES; e a terceira, no grupo de populações do BR. A Fig. 7b mostra, com mais detalhe, a barreira identificada entre as populações do BR, a qual indica possível limite genético que separa os grupos populações MOX, REPAR e CANIN do grupo formado pelas populações SAZUL e GRAU, além de mostrar certo nível de isolamento da MARO. Essas barreiras são consistentes com as restrições de fluxo gênico mostrado na análise de rede genética (Fig. 6).

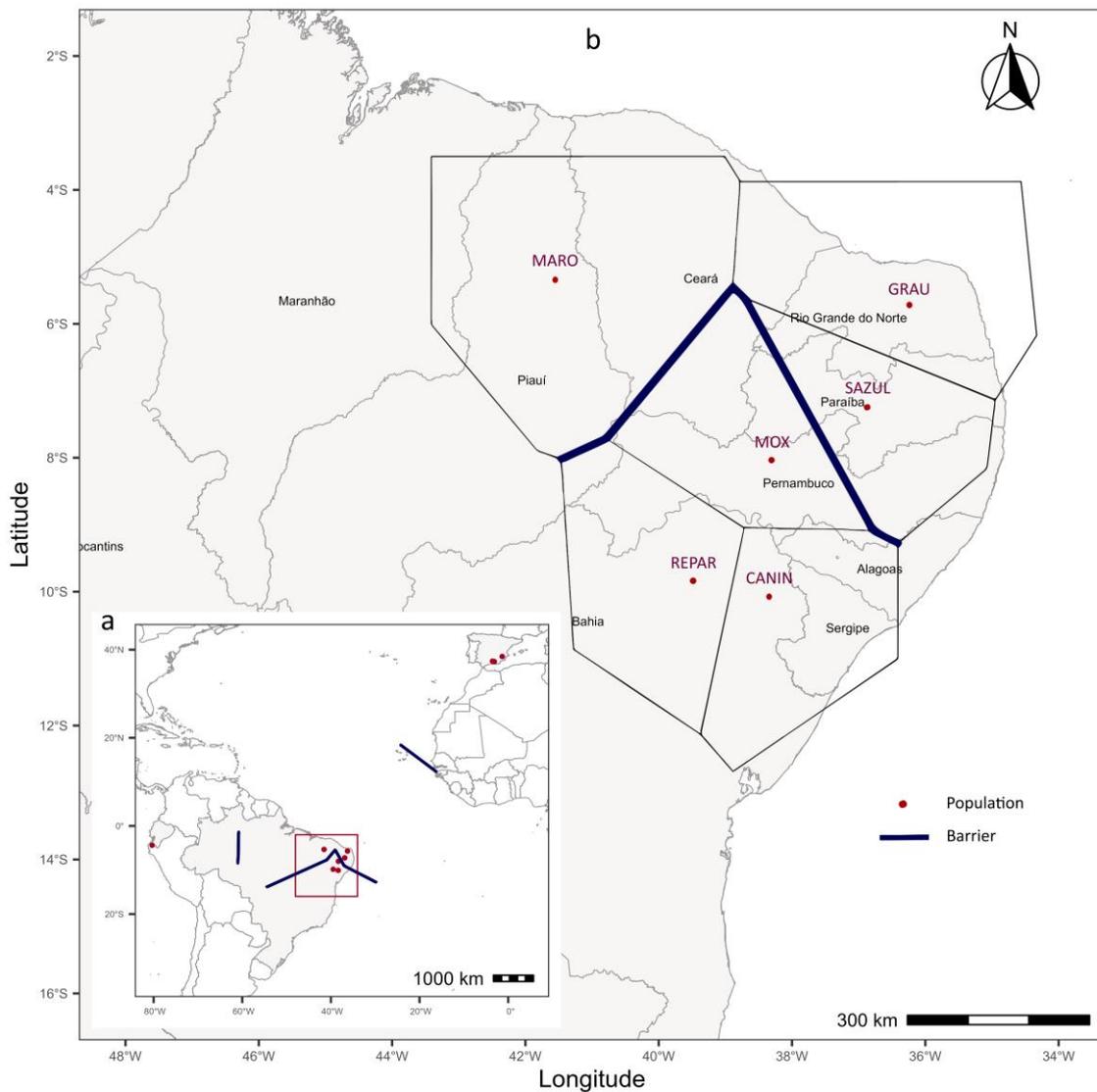


Fig. 7. Barreiras (descontinuidades genéticas) mais prováveis identificadas com o programa Barrier, **a)** considerando as populações locais do BR, ES e EC e **b)** unicamente as populações do BR (mapa principal).

4. DISCUSSÃO

Através de um painel de 23 marcadores moleculares microssatélites recomendados pela FAO (FAO, 2011) e pela ISAG, estudamos níveis de variabilidade genética, estrutura populacional e relações genéticas de 15 populações caprinas (dez localmente adaptadas, quatro especializadas de distribuição global e uma sem padrão racial definido), com foco nos padrões espaciais nas populações locais, por meio da integração das informações genéticas e geográficas nas análises. Os marcadores moleculares usados para este estudo se mostraram eficientes para investigar os aspectos genéticos mencionados nas populações consideradas nesta pesquisa,

dado que mostraram níveis de polimorfismo elevados, com número médio de alelos global superior a seis, e um total de 169 alelos observados em todas as populações caprinas estudadas.

De modo geral, as populações locais analisadas neste estudo mostraram diversidade genética substancial (média geral de $H_o = 0,601$ e $H_e = 0,652$), com valores médios superiores para as raças da ES ($H_o = 0,629$ e $H_e = 0,685$) e a LOJ ($H_o = 0,628$ e $H_e = 0,704$), em relação às populações do BR, que mostraram níveis mais baixos ($H_o = 0,583$ e $H_e = 0,628$). Embora não seja possível comparar efetivamente os valores de parâmetros de diversidade genética de pesquisas que usaram diferentes marcadores microssatélites ou métodos de determinação do tamanho alélico, níveis de diversidade semelhantes ($H_o = 0,585$ e $H_e = 0,638$) foram observados por Ginja *et al.* (2017), em 24 populações de caprinos crioulos americanos de dez diferentes países, usando um painel de 21 microssatélites. Da mesma forma, Menezes *et al.* (2020), ao estudar as raças caprinas nativas do Brasil com um painel de 27 microssatélites, encontraram níveis de diversidade genética similares.

Por sua vez, as raças portuguesas, que presumivelmente contribuíram para a formação das brasileiras, possuem níveis de diversidade genética superiores, segundo constatado por Ribeiro *et al.* (2012) ($H_o = 0,635$ e $H_e = 0,675$) e Martínez *et al.* (2015) ($H_o = 0,618$ e $H_e = 0,669$), com o uso de 15 e 20 marcadores microssatélites, respectivamente. As populações brasileiras MOX e SAZUL apresentam a menor diversidade genética entre todas as populações consideradas no presente estudo (Tabela 1 e Fig. 4a), o que possivelmente seja resultado de gargalos populacionais (efeito fundador) durante o estabelecimento das raças.

Um estudo abrangente conduzido por Sevane *et al.* (2018) indica que os níveis de diversidade genética nas populações caprinas sul-americanas são inferiores aos encontrados em raças de outras partes do mundo, possivelmente porque estão mais distantes do centro de domesticação e representam os últimos estágios de dispersão e evolução, mas também se pode atribuir esse fato aos efeitos fundadores, que estão relacionados ao processo de colonização subjacente à sua origem (GINJA *et al.*, 2017). Além disso, fenômenos demográficos e adaptativos, como migração, ocorrências de gargalos genéticos e processos de seleção, são forças evolutivas que exercem impacto nos padrões de diversidade presentes nos genomas (BENJELLOUN *et al.*, 2019).

Algumas populações (SRD, MOX, MG e LOJ) mostraram um número elevado de loci com desvios das proporções do EHW. Essas também mostraram estimativas de F_{IS} elevadas

(próximas ou acima de 10%), indicando uma deficiência de heterozigotos, o que pode ser devido à endogamia e/ou subestruturação da população (GINJA *et al.*, 2017).

Além disso, níveis elevados de homozigosidade em caprinos estão associados à redução do tamanho da população, efeitos fundadores significativos e isolamento geográfico, enquanto a mistura populacional exibe um impacto inverso (BERTOLINI *et al.*, 2018). Em algumas raças caprinas nativas, é comumente observado que as populações são manejadas em rebanhos fechados e isolados, com um número reduzido de reprodutores, o que pode favorecer a endogamia, como acontece na raça brasileira MOX (MENEZES *et al.*, 2020).

Por outro lado, a seleção tem provado ser fundamental para aumentar os níveis de homozigosidade de regiões específicas do genoma caprino (BERTOLINI *et al.*, 2018). Nesse sentido, o surgimento do conceito de raça há dois séculos provocou uma mudança dramática na diversidade genética, produto do aumento da seleção e padronização de características fenotípicas nas raças, levando à redução do fluxo gênico entre as populações e, posteriormente, aumentando o risco de deriva genética, endogamia e redução da variabilidade genética (TABERLET *et al.*, 2011). Segundo Ginja *et al.* (2017), a diluição genética por meio dos cruzamentos com raças comerciais transfronteiriças parece ter um impacto mínimo na maioria das raças crioulas, embora uma proporção notável dessas raças exiba níveis substanciais de consanguinidade.

As análises permitiram identificar alguns padrões geográficos que exibem um alto grau de consistência com as distâncias genéticas entre as raças e os resultados obtidos nas análises da estruturação bayesiana. Nesse sentido, as populações localmente adaptadas do BR se diferenciaram claramente das ES e EC, formando grupos distantes mostrados nos gráficos de correspondência fatorial e Neighbor-Net das distâncias genéticas (D_A) de Nei. É provável que a diferenciação genética observada entre as populações sul-americanas do BR e EC esteja associada principalmente às diferentes rotas usadas pelos portugueses e espanhóis durante a colonização do continente americano, dadas as relações genéticas mais próximas entre as raças da ES e a LOJ do EC.

Nas análises bayesianas de estrutura genética, ao considerar números baixos de populações ancestrais ($K = 2$ até $K = 5$; Fig. S2), as raças da ES e a LOJ foram agrupadas, reafirmando a influência das raças espanholas na formação da crioula equatoriana, com separação destas ao considerar K superiores. Por sua vez, as populações do BR formaram um

grupo distinto, diferenciando-se na medida em que o K aumentou. Ao considerar o K mais provável ($K = 13$), foram observados alguns padrões espaciais de estruturação mais refinados. Algumas populações do BR geograficamente mais próximas se agruparam (GRAU com SAZUL e MOX com REPAR), como mostrado na Fig. 4a e verificado na Fig. 5a. Por sua vez, a população CANIN, que foi designada a um cluster diferente no modelo espacial de agrupamento bayesiano, está mais relacionada ancestralmente com as populações MOX e REPAR. A MARO (geograficamente mais distante) também foi designada a um cluster genético diferente.

Foi encontrada associação significativa entre a geografia e as distâncias genéticas das populações locais, tanto ao incluir todas as populações quanto ao considerar apenas as do BR nas análises, de forma que o isolamento geográfico é um fator relevante na explicação das diferenças genéticas entre as populações estudadas, porém destaca-se que pode haver outros fatores influenciando esses padrões (adaptação, migração, seleção artificial, etc.). Nesse sentido, Martínez *et al.* (2015) também identificaram elevada associação entre distâncias genéticas e geográficas ao avaliar conjuntamente as raças caprinas da Península Ibérica e das Canárias ($R^2 = 0,72$), no entanto, esse valor caiu significativamente ($R^2 = 0,029$) quando esse último grupo foi removido da análise. Por sua vez, na espécie ovina no Brasil, McManus *et al.* (2020) encontraram correlação significativa entre distâncias genéticas e geográficas.

As possíveis explicações para os padrões de diversidade e agrupamento espacial observados podem ser atribuídas aos níveis variáveis de fluxo gênico entre populações com base em sua proximidade geográfica, conforme evidenciado pela rede genética gerada (Fig. 6). Foi encontrada evidência de barreira genética entre algumas populações do BR, dado que mostraram ligações fracas, ou não mostraram ligações relevantes de acordo com as análises (Fig. 6b). Por sua vez, as raças da ES mostraram elevado fluxo gênico, o que era esperado, dado que, historicamente, é bem sabido que as raças MUR e GRAN receberam manejo genético caracterizado pela mistura dessas raças originais, dando como resultado a formação da MG (DELGADO *et al.*, 2017).

A redução ou a ausência do fluxo gênico podem ser causadas por barreiras na paisagem ou grandes distâncias físicas entre as populações (VAN STRIEN, 2017). Nesse sentido, as análises permitiram identificar três prováveis barreiras genéticas (Fig. 7), zonas onde as diferenças genéticas entre pares de populações são mais altas, que são claramente consistentes com os resultados obtidos através das anteriores metodologias usadas. A quebra de fluxo gênico

promovido pela barreira identificada entre as populações brasileiras promoveu diferenças genéticas específicas entre algumas populações, possivelmente relacionadas a fatores geográficos, mas também a características únicas, históricas ou adaptativas. O maior grau de isolamento de alguns grupos de populações sugere que estas podem ter uma história genética distinta das outras. A consistência entre as barreiras genéticas e as restrições ao fluxo gênico fortalece a evidência de que essas discontinuidades não são aleatórias, mas representam padrões reais de isolamento genético.

De modo geral, os resultados observados sugerem que também vem ocorrendo fluxo gênico entre rebanhos e até mesmo entre algumas raças diferentes, o que também foi observado por McManus *et al.* (2020) em raças localmente adaptadas ovinas no Brasil, indicando que pode ter havido algum nível de cruzamento desconhecido recentemente. Por outro lado, os níveis moderados de diferenciação genética, observados em algumas populações caprinas, também podem ser explicados parcialmente por suas características como espécie pecuária, incluindo sua adaptabilidade a condições adversas, e seu uso histórico em migrações e comércio humano, resultando em trocas genéticas generalizadas (TRAORÉ *et al.*, 2012).

O entendimento de como as distâncias geográficas influenciam a variabilidade e a estrutura genética permite identificar quebras genéticas naturais entre populações. Isso é fundamental para determinar áreas onde o fluxo gênico é limitado e fornece uma base essencial para o estabelecimento de estratégias de conservação mais eficazes e adaptadas às realidades específicas de cada região. Pesquisas futuras devem se esforçar para reunir e examinar informações genéticas, paisagísticas e ambientais em resoluções e escalas maiores, com o objetivo de obter resultados mais refinados e abrangentes. No entanto, os resultados das análises realizadas neste trabalho foram consistentes e permitiram abordar, com eficácia, questões relevantes que poderiam ser comprovadas com abordagens genômicas em estudos subsequentes.

5. CONCLUSÃO

De modo geral, os caprinos localmente adaptados, incluídos no presente estudo, mostraram importantes níveis de diversidade genética, de tal forma que representam importantes reservatórios de biodiversidade, cujo valor a cada dia ganha maior relevância. Isso ocorre em razão da sua notável capacidade de adaptação a ambientes adversos e doenças, o que

será de vital importância para lidar com as alterações climáticas atuais e futuras, e, assim, garantir a continuidade dos sistemas de produção de forma sustentável. Padrões geográficos de variabilidade genética foram evidenciados, de tal forma que a estruturação genética foi concordante com a diferenciação genética pareada, os padrões de fluxo gênico e as barreiras detectadas. Assim, as distâncias geográficas representam um fator relevante nos padrões de diversidade e estrutura genética dos caprinos localmente adaptados estudados; no entanto, fatores como a adaptação aos diferentes ambientes, a seleção, a fragmentação da população, entre outros, também deveriam ser levados em consideração.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIRRE-RIOFRIO, L. *et al.* Genetic characterization of the “chusca lojana”, a creole goat reared in Ecuador, and its relationship with other goat breeds. **Animals**, v. 10, n. 6, p. 1–11, 2020.

AMILLS, M.; CAPOTE, J.; TOSSER-KLOPP, G. Goat domestication and breeding: a jigsaw of historical, biological and molecular data with missing pieces. **Animal genetics**, v. 48, n. 6, p. 631–644, dez. 2017.

BELKHIR, K. *et al.* **GENETIX: logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations**. Montpellier: Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS, Université de Montpellier II, 2004.

BENJELLOUN, B. *et al.* An evaluation of sequencing coverage and genotyping strategies to assess neutral and adaptive diversity. **Molecular Ecology Resources**, v. 19, n. 6, p. 1497–1515, 2019.

BERTOLINI, F. *et al.* Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication 06 Biological Sciences 0604 Genetics. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, n. 1, 2018.

CORANDER, J. *et al.* Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. **BMC bioinformatics**, v. 9, p. 539, 2008.

DA ROCHA, L. L. *et al.* Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. **Small Ruminant Research**, v. 134, p. 28–33, jan. 2016.

DE SOUZA, A. C. B. *et al.* Bovine landscape genetics in Brazil. **Scientia Agricola**, v. 79, n. 1, p. 1–8, 2021.

DELGADO, J. V. *et al.* Murciano-Granadina Goat: A Spanish Local Breed Ready for the Challenges of the Twenty-First Century. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume II**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 2p. 205–219.

- DELLICOUR, S. *et al.* Landscape genetic analyses of *Cervus elaphus* and *Sus scrofa*: comparative study and analytical developments. **Heredity**, v. 123, n. 2, p. 228–241, 2019.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611–2620, 2005.
- EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 3, p. 564–567, 2010.
- FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. . Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. **Genetics**, v. 164, n. 4, p. 1567–1587, 2003.
- FAO. **Molecular genetic characterization of animal genetic resources**. No. 9 ed. Rome: [s.n.].
- FRANCIS, R. M. pophelper: an R package and web app to analyse and visualize population structure. **Molecular Ecology Resources**, v. 17, n. 1, p. 27–32, 2017.
- GAGNAIRE, P. A. Comparative genomics approach to evolutionary process connectivity. **Evolutionary Applications**, v. 13, n. 6, p. 1320–1334, 2020.
- GINJA, C. *et al.* Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas. **Animal Genetics**, v. 48, n. 3, p. 315–329, 17 jun. 2017.
- GOUDET, J. FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-Statistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, p. 485–486, 1995.
- GUETA, T.; TEMPLETON, A. R.; BAR-DAVID, S. Development of genetic structure in a heterogeneous landscape over a short time frame: the reintroduced Asiatic wild ass. **Conservation Genetics**, v. 15, n. 5, p. 1231–1242, 2014.
- GÜL, S. *et al.* The genetic structure of the goat breeds belonging to Northwest part of Fertile Crescent. **Small Ruminant Research**, v. 182, p. 22 – 28, 2020.
- HALL, S. J. G. Genetic Differentiation among Livestock Breeds-Values for F-st. **Animals**, v. 12, n. 9, 2022.
- HAUSER, S. S.; ATHREY, G.; LEBERG, P. L. Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics. **Ecology and Evolution**, v. 11, n. 22, p. 15800–15814, 2021.
- HUSON, D. H.; BRYANT, D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. **Molecular Biology and Evolution**, v. 23, n. 2, p. 254–267, 2006.
- JOOST, S. **The geographic dimension of genetic diversity: a GIScience contribution for the conservation of animal genetic resources**. [s.l.] École Polytechnique Fédérale de Lausanne, 2006.
- JOOST, S. *et al.* Integrating geo-referenced multiscale and multidisciplinary data for the

management of biodiversity in livestock genetic resources. **Animal Genetics**, v. 41, n. SUPPL. 1, p. 47–63, 2010.

KARSLI, T. *et al.* Determination of genetic variability, population structure and genetic differentiation of indigenous Turkish goat breeds based on SSR loci. **Small Ruminant Research**, v. 190, 2020.

KESKIN, M. *et al.* Microsatellite panels for parentage testing of Kilis goats reared in Turkey. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v. 43, n. 1, p. 94–101, 12 fev. 2019.

KIVELÄ, M.; ARNAUD-HAOND, S.; SARAMÄKI, J. EDENetworks: A user-friendly software to build and analyse networks in biogeography, ecology and population genetics. **Molecular Ecology Resources**, v. 15, n. 1, p. 117–122, 2015.

KOPELMAN, N. M. *et al.* Clumpak: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. **Molecular Ecology Resources**, v. 15, n. 5, p. 1179–1191, 2015.

LANGELLA, O. **Populations 1.2.28**. CNRS UPR9034, 2002. Disponível em: <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>. Acesso em: 07 ago. 2023.

LECIS, R. *et al.* Main roads and land cover shaped the genetic structure of a Mediterranean island wild boar population. **Ecology and Evolution**, v. 12, n. 4, p. 1–13, 2022.

LEEMPOEL, K. *et al.* Simple rules for an efficient use of geographic information systems in molecular ecology. **Frontiers in Ecology and Evolution**, v. 5, n. APR, p. 1–10, 2017.

LI, Y. L.; LIU, J. X. StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. **Molecular Ecology Resources**, v. 18, n. 1, p. 176–177, 2018.

MAHMOUDI, B. *et al.* Population genetic structure and performing assignment test on six iranian native goats using simple sequence repeat markers. **Journal of Central European Agriculture**, v. 20, n. 1, p. 74–92, 2019.

MANEL, S. *et al.* Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, n. 4, p. 189–197, 2003.

MANNI, F.; GUÉRARD, E.; HEYER, E. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: How barriers can be detected by using Monmonier's algorithm. **Human Biology**, v. 76, n. 2, p. 173–190, 2004.

MARTINEZ, A. M. *et al.* Genetic characterisation of the Blanca Andaluza goat based on microsatellite markers. **South African Journal of Animal Science**, v. 34, n. 1, p. 17–19, 2004.

MARTÍNEZ, A. M. *et al.* The Southwestern fringe of Europe as an important reservoir of caprine biodiversity. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, n. 1, p. 86, 5 dez. 2015.

MCMANUS, C. *et al.* Landscape genetics of sheep in Brazil using SNP markers. **Small Ruminant Research**, v. 192, n. 106239, 2020.

MCMANUS, C. M. *et al.* Integration of georeferenced and genetic data for the management of

biodiversity in sheep genetic resources in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 1, 2021.

MENEZES, M. P. C. *et al.* Diversity analysis and genetic relationships among local Brazilian goat breeds using SSR markers. **Animals**, v. 10, n. 10, p. 1–8, 2020.

MILLER, B. A.; LU, C. D. Current status of global dairy goat production: An overview. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1219–1232, 2019.

NADERI, S. *et al.* The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, n. 46, p. 17659–17664, 2008.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583–590, 1978.

PAKPAHAN, S. *et al.* Genetic diversity analysis of Indonesian indigenous goat breeds based on microsatellite markers. **Small Ruminant Research**, v. 225, p. 107011, ago. 2023.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenALEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics**, v. 28, n. 19, p. 2537–2539, 2012.

PIMENTEL, F. *et al.* Landscape Genetics for Brazilian Equines. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 126, p. 104251, 2023.

PRITCHARD, J. .; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945–959, 2000.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 16 jun. 2023.

RENNER, S. C. *et al.* Using multiple landscape genetic approaches to test the validity of genetic clusters in a species characterized by an isolation-by-distance pattern. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 118, n. 2, p. 292–303, 2016.

REYNOLDS, J.; WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. **Genetics**, v. 105, n. 3, p. 767–779, 1 nov. 1983.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Drift across the Atlantic: Genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, n. 1, p. 79–87, 2012.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Threatened Goat Breeds from the Tropics: The Impact of Crossbreeding with Foreign Goats. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume I**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 1p. 101–110.

ROUSSET, F.; RAYMOND, M. Testing Heterozygote Excess and Deficiency. **Genetics**, v. 140, n. 4, p. 1413–1419, 1995.

SEVANE, N. *et al.* Dissection of ancestral genetic contributions to Creole goat populations. **Animal**, v. 12, n. 10, p. 2017–2026, 2018.

- SHIRK, A. J.; LANDGUTH, E. L.; CUSHMAN, S. A. A comparison of individual-based genetic distance metrics for landscape genetics. **Molecular Ecology Resources**, v. 17, n. 6, p. 1308–1317, 2017.
- TABERLET, P. *et al.* Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. **Comptes Rendus Biologies**, v. 334, n. 3, p. 247–254, 2011.
- TIXIER-BOICHARD, M. *et al.* Farm animal genetic and genomic resources from an agroecological perspective. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, p. 2013–2015, 2015.
- TRAORÉ, A. *et al.* Ascertaining gene flow patterns in livestock populations of developing countries: a case study in Burkina Faso goat. **BMC genetics**, v. 13, p. 35, maio 2012.
- UPASNA, S. *et al.* Genetic landscape and demography of buffaloes in Indo-Gangetic plains. **Indian Journal of Animal Sciences**, v. 81, n. 8, p. 58–69, 2011.
- VAN STRIEN, M. J. Consequences of population topology for studying gene flow using link-based landscape genetic methods. **Ecology and Evolution**, v. 7, n. 14, p. 5070–5081, 2017.
- VARGAS, J. E. *et al.* **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogota: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016.
- WHANNOU, H. R. V. *et al.* Genetic diversity assessment of the indigenous goat population of Benin using microsatellite markers. **Frontiers in Genetics**, v. 14, 17 mar. 2023.
- YEH, F. C.; BOYLE, T. J. B. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. **Belgian Journal of Botany**, v. 129, p. 157-163, 1997.
- YI, G. *et al.* Investigation of mitochondrial DNA genetic diversity and phylogeny of goats worldwide. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 6, p. 1830–1837, jun. 2022.
- ZHENG, Z. *et al.* The origin of domestication genes in goats. **Science Advances**, v. 6, n. 21, 2020.

CAPÍTULO II

Diversidade genética dos caprinos sul-americanos e europeus: revisão sistemática e meta-análise

RESUMO

Os caprinos localmente adaptados desempenham um papel crucial, não apenas nos âmbitos econômico, social e cultural, mas também como fonte de alimento. Eles também representam um significativo reservatório de diversidade genética. Contudo, enfrentam ameaças iminentes devido ao cruzamento ou substituição por raças especializadas. Estudos indicam que a diversidade genética dos caprinos sul-americanos pode ser inferior à dos europeus, possivelmente devido a diferentes contextos históricos desde sua formação até sua evolução atual. No entanto, essa disparidade ainda não foi conclusivamente estabelecida. Tais informações são fundamentais para embasar decisões estratégicas, priorizar e implementar medidas práticas regionais, visando à conservação e ao uso sustentável desses valiosos recursos. O presente estudo buscou preencher essa lacuna, realizando uma meta-análise estruturada de artigos científicos, que exploram a diversidade genética de populações caprinas nativas sul-americanas e europeias com o uso de marcadores microssatélites e SNPs. A busca dos artigos foi realizada nas bases de dados bibliográficas Scopus, Web of Science e PubMed, além de fontes complementares. Foram incluídos na meta-análise sete artigos que detalhavam as informações necessárias. O tamanho do efeito dos estudos foi medido com o *g de Hedges* para comparar a diversidade entre os caprinos das duas regiões geográficas. Realizou-se a meta-análise aplicando um modelo de efeitos fixos quando a heterogeneidade dos estudos foi baixa ($I^2 < 50\%$) e um modelo de efeitos aleatórios quando foi alta ($I^2 > 50\%$). Os resultados indicam menor diversidade genética global nas raças localmente adaptadas sul-americanas em comparação às europeias, em razão dos tamanhos de efeito (*g de Hedges*) diferentes de zero e negativos para o número médio de alelos (MNA= -0,22), heterozigosidade observada ($H_o = -2,08$) e heterozigosidade esperada ($H_e = -0,59$) estimados na presente meta-análise. Esses resultados sugerem uma redução assimétrica na diversidade genética das populações sul-americanas, indicando diferentes mecanismos genéticos e demográficos subjacentes ao estabelecimento das populações caprinas dessas duas regiões geográficas.

Palavras chave: Caprino crioulo, marcador molecular, conservação, síntese quantitativa.

ABSTRACT

Locally adapted goats play a crucial role, not only in economic, social, and cultural aspects but also as a source of food. They also represent a significant reservoir of genetic diversity. However, they face imminent threats due to crossbreeding or replacement by specialized breeds. Studies suggest that the genetic diversity of South American goats may be lower than that of European goats, possibly due to different historical contexts from their formation to their current evolution. However, this disparity has not yet been conclusively established. Such information is essential to support strategic decision-making, prioritize, and implement practical regional measures aimed at the conservation and sustainable use of these valuable resources. The present study sought to fill this gap by conducting a structured meta-analysis of scientific articles that explore the genetic diversity of native South American and European goat populations using microsatellite and SNP markers. The search for articles was carried out in the bibliographic databases Scopus, Web of Science, and PubMed, in addition to complementary sources. Seven articles that provided the necessary information were included in the meta-analysis. The effect size of the studies was measured using *Hedges' g* to compare the diversity between goats from the two geographic regions. The meta-analysis was performed using a fixed-effects model when the heterogeneity of the studies was low ($I^2 < 50\%$) and a random-effects model when it was high ($I^2 > 50\%$). The results indicate lower overall genetic diversity in locally adapted South American breeds compared to European ones, due to effect sizes (*Hedges' g*) that were negative and significantly different from zero for the mean number of alleles (MNA = -0.22), observed heterozygosity ($H_o = -2.08$), and expected heterozygosity ($H_e = -0.59$) estimated in this meta-analysis. These findings suggest an asymmetric reduction in the genetic diversity of South American populations, pointing to different genetic and demographic mechanisms underlying the establishment of goat populations in these two geographical regions.

Keywords: Creole goat, molecular marker, conservation, quantitative synthesis.

1. INTRODUÇÃO

A produção global de caprinos é predominantemente encontrada em países em desenvolvimento, caracterizada por sistemas de baixo insumo que sustentam as comunidades locais (GAMA; BRESSAN, 2011). Apesar disso, essa atividade não se limita apenas a regiões áridas ou a produtores de baixa renda, sendo observada em quase todos os países do mundo (MILLER; LU, 2019). Em 2022, a população mundial de caprinos atingiu aproximadamente 1.145 milhões de animais (FAO, 2024a), com a Ásia e a África detendo a maior parte, representando 50,7% e 44,2%, respectivamente. Censos significativos também são encontrados na América (3,4%) e na Europa (1,3%), regiões historicamente conectadas pelo intercâmbio de recursos genéticos de animais domésticos (CAPOTE; FRESNO, 2016; DELGADO *et al.*, 1990).

Segundo a FAO (2022), há 688 raças de caprinos registradas globalmente, sendo 601 (87,4%) adaptadas localmente. A América Latina e o Caribe contribuem com 37 raças nativas, enquanto a Europa e o Cáucaso apresentam um número expressivo de 207. No entanto, estabelecer um número preciso é desafiador devido à falta de padronização fenotípica, registros genealógicos e controle reprodutivo em diversas populações locais (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017).

O conhecimento local e algumas pesquisas destacam a notável importância dos caprinos devido à sua extraordinária adaptação a ambientes desafiadores, suportando calor e escassez de água, e percorrendo longas distâncias em busca de alimento (AMILLS; CAPOTE; TOSSER-KLOPP, 2017; VARGAS *et al.*, 2016). Ademais, os caprinos são facilmente manejáveis, tornando-os ideais para famílias pequenas, mulheres e crianças, desempenhando um papel fundamental como fonte de alimento para milhões de pessoas (BERTOLINI *et al.*, 2018). Além disso, as raças nativas oferecem benefícios ecológicos e serviços socioculturais, contribuindo para o desenvolvimento rural, para a gestão da paisagem e para o crescimento do ecoturismo (TIXIER-BOICHARD *et al.*, 2015).

Assim, a crescente valorização genética das raças nativas de caprinos destaca-se, especialmente por sua resistência e adaptabilidade, tornando-se vital diante das mudanças climáticas que expandem as áreas áridas do planeta (MILLER; LU, 2019). Esses recursos, ricos em diversidade genética, enfrentam, no entanto, ameaças de cruzamento e substituição por raças comerciais transfronteiriças, colocando em risco sua permanência (GINJA *et al.*, 2017; RIBEIRO *et al.*, 2017). Portanto, a conservação e o uso sustentável das raças localmente

adaptadas são essenciais para preservar suas contribuições e identidade única (GINJA *et al.*, 2017).

Nas últimas décadas, avanços significativos nas ferramentas de análise de DNA, particularmente marcadores moleculares como microssatélites e SNPs, transformaram e aumentaram exponencialmente a capacidade de compreensão da diversidade genética intra e inter populações caprinas (HALL, 2022). Presume-se que as populações localizadas ou originadas próximas ao centro de domesticação apresentem maior diversidade genética e menor desequilíbrio de ligação do que em outras populações (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; ZHENG *et al.*, 2020). Nesse sentido, o estudo de Sevane *et al.* (2018) revela que as populações caprinas sul-americanas exibem níveis de diversidade genética inferiores quando comparadas a outras regiões do mundo, possivelmente devido à sua distância do centro de domesticação e à sua posição nos estágios finais de dispersão e evolução (GINJA *et al.*, 2017). Efeitos fundadores ligados à colonização também desempenham um papel importante. Além disso, os fenômenos demográficos e adaptativos, incluindo migração, gargalos genéticos e seleção, emergem como forças evolutivas que moldam os padrões de diversidade genética nos genomas caprinos (BENJELLOUN *et al.*, 2019).

Por outro lado, nas raças europeias, cuja formação aconteceu mais perto do centro de domesticação caprina, e cuja expansão teve contextos históricos relativamente diferentes (MARTINEZ *et al.*, 2015), os níveis de diversidade genética podem ter sido menos afetados por eventos genéticos e demográficos significativos. Algumas pesquisas que estudaram simultaneamente diferentes raças de caprinos crioulos sul-americanos e europeus (COLLI *et al.*, 2018; SEVANE *et al.*, 2018) têm permitido comparar seus níveis de diversidade genética e evidenciar de alguma forma o efeito que os eventos de colonização e expansão desta espécie tiveram sobre a sua biodiversidade. No entanto, existem várias populações de caprinos nativos que não têm sido amostradas, inclusive em estudos notavelmente completos, limitando comparações mais amplas e conclusivas.

Portanto, uma questão pendente seria determinar, de forma global e conclusiva, se há uma diminuição na diversidade genética caprina sul-americana em relação à europeia, através da análise de um número significativo de populações que representem amplamente sua distribuição geográfica nessas regiões, melhorando dessa forma, a compreensão de como os processos genéticos subjacentes à colonização, distribuição geográfica e de manejo desta espécie influenciaram na sua biodiversidade.

A respeito, uma meta-análise dos estudos disponíveis oferece uma oportunidade para responder essa questão com base na síntese e na comparação estatística dos resultados de estudos independentes, que avaliaram a variabilidade genética conjuntamente em populações dessas duas regiões. Essa metodologia estatística é particularmente útil para aumentar o poder estatístico, explorar a heterogeneidade, identificar padrões em grande escala e facilitar a tomada de decisões baseada em evidências (STEWART, 2010).

A meta-análise de data secundária tem sido usada amplamente na área da ecologia e evolução, para testar diferentes hipóteses relacionadas à diversidade genética de diferentes espécies animais silvestres (CHENG; LIANG; XU, 2016; CONORD; GUREVITCH; FADY, 2012; LINO *et al.*, 2019; PINSKY; PALUMBI, 2014), ou, na área do melhoramento genético de espécies pecuárias, principalmente envolvendo parâmetros genéticos e associação de polimorfismos de genes específicos com caracteres de eficiência produtiva e adaptação (BANGAR *et al.*, 2021; GHAVI HOSSEIN-ZADEH, 2023; MUCHA *et al.*, 2022). Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar os níveis de diversidade genética entre as raças caprinas localmente adaptadas sul-americanas e europeias, por meio da compilação e síntese quantitativa de resultados de pesquisas científicas abordando o tema de interesse.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Pesquisa bibliográfica e seleção de estudos

Foi implementada uma revisão sistemática da literatura científica explorando a diversidade genética dos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. A equação de pesquisa usada na execução da busca de alta sensibilidade foi construída através de técnicas de mineração de texto e análise de redes de coocorrência de palavras-chave, por meio do uso do pacote litsearchr versão 1.0.0 (GRAMES *et al.*, 2019) implementado no software R versão 4.3.1 (R CORE TEAM 2023). A equação final foi composta pelos seguintes termos e operadores booleanos: ("allele frequency" OR "allelic richness" OR "bottleneck analysis" OR "diversity analysis" OR "effective allele" OR "expected heterozygosity" OR "genetic bottleneck" OR "genetic characterization" OR "genetic differentiation" OR "genetic distance" OR "genetic diversity" OR "genetic relationship" OR "genetic structure" OR "genetic variability" OR "genetic variation" OR "hardy-weinberg equilibrium" OR "inbreeding coefficient" OR "linkage disequilibrium" OR "molecular variance" OR "nucleotide diversity")

OR "observed heterozygosity" OR "polymorphic information" OR "polymorphism information" OR "population structure") AND \("capra hircus" OR goat OR caprine\) AND \("molecular marker" OR "single nucleotide polymorphism" OR SNP OR microsatellite OR SSR OR "mitochondrial DNA" OR mtDNA OR AFLP\)).

A pesquisa considerou trabalhos científicos revisados por pares publicados entre janeiro de 2000 e dezembro de 2023, relatando os resultados de interesse, nas línguas inglesa, espanhola e portuguesa. A pesquisa foi executada nas bases de dados bibliográficas Scopus, Web of Science e PubMed, onde foram realizadas adaptações da equação de pesquisa de acordo com a sintaxe exigida por cada base. Em cada uma das bases de dados científicas, a busca foi refinada com o uso dos diferentes filtros disponíveis, com a finalidade de excluir a maior quantidade de artigos que estiverem fora do escopo do tema. Os resultados foram exportados, e as duplicidades eliminadas com o uso do gerenciador de referências bibliográficas Mendeley® versão 1.19.8 e da ferramenta web Deduplicator (<https://sr-accelerator.com/#/deduplicator>) (CLARK *et al.*, 2020). Além disso, uma busca complementar foi realizada em fontes bibliográficas adicionais.

Após a leitura do título e resumo, os trabalhos foram classificados em incluídos ou excluídos. Os incluídos foram recuperados integralmente para avaliação do texto completo e elegibilidade dos que entrariam na meta-análise. Uma vez examinado o texto completo desses artigos, os que preencheram os critérios de inclusão e forneceram todas as informações necessárias foram incluídos para a meta-análise. O processo de exclusão e inclusão dos estudos elegíveis para a meta-análise é mostrado na Figura 1.

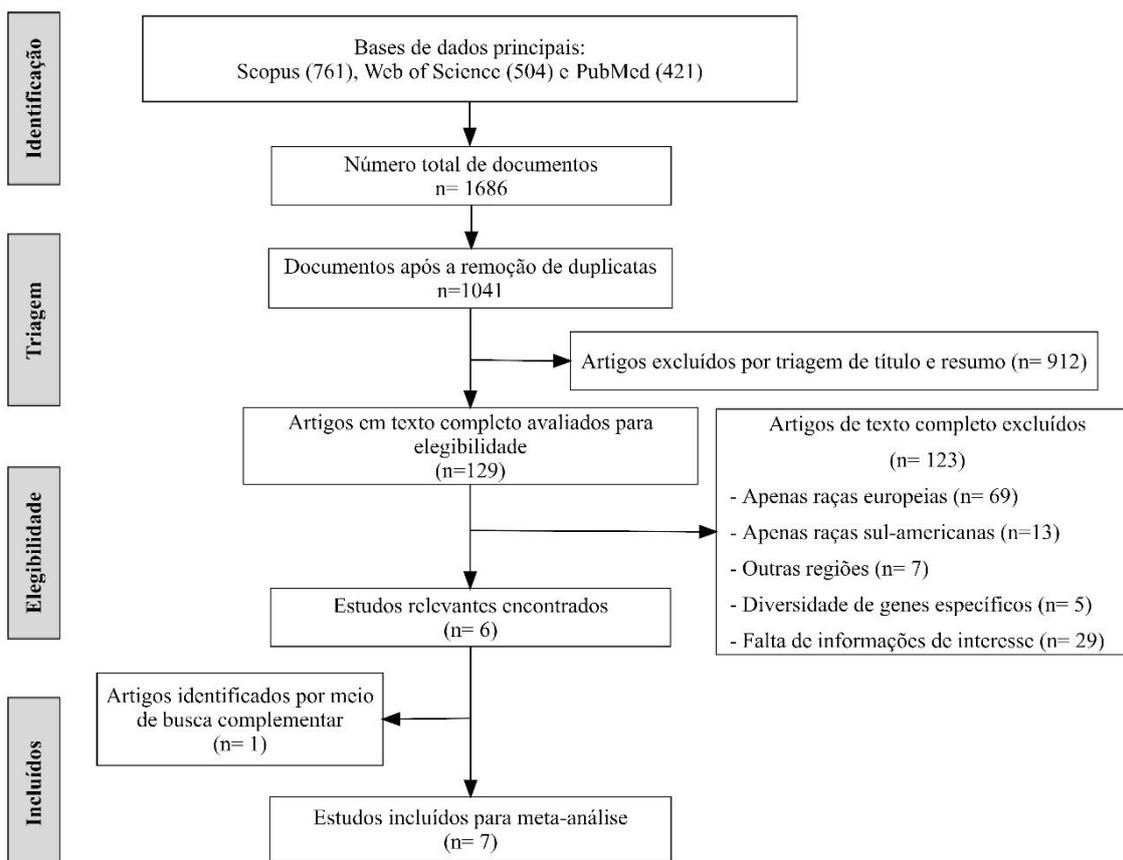


Fig. 1. Fluxograma do processo de seleção dos estudos incluídos na meta-análise.

2.2 Extração de dados

Após verificar a independência dos conjuntos de dados em cada artigo, realizaram-se a avaliação metódica de cada um dos trabalhos e a extração dos dados referentes à diversidade genética de caprinos localmente adaptados. As variáveis consideradas incluíram o Número Médio de Alelos por Loco (MNA), Heterozigosidade Observada (H_o) e Heterozigosidade Esperada (H_e). Para cada parâmetro, foram coletadas médias, desvios padrão e tamanhos de amostra (n) de acordo com as informações disponíveis nos artigos selecionados.

Em razão dos artigos declararem várias populações no mesmo estudo, as médias e desvios padrão foram agrupados utilizando a abordagem recomendada no Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions (HIGGINS; GREEN, 2011).

Para os artigos que não apresentaram desvio padrão, um valor aproximado foi calculado com base nos trabalhos que reportaram essa medida de precisão. Para H_o , o desvio padrão médio foi 0,018 e não variou com a magnitude da heterozigosidade ($P = 0.2128$), então esse valor médio foi usado no caso de um estudo não o ter relatado para sua média. Para MNA e H_e , o

desvio padrão foi proporcional às médias dentro de cada estudo (inclinação de 0,42 com $P < 0,0001$ e 0,29 com $P = 0,0049$, respectivamente), de tal forma que se usou essa relação para adicionar erro onde um estudo não conseguiu reportá-lo.

2.3 Análises estatísticas

Para determinar o tamanho do efeito de cada estudo, ou seja, as diferenças nos níveis de diversidade entre caprinos sul-americanos e europeus, calculou-se uma medida de efeito adimensional. Foi usada a diferença média padronizada, conhecida como *g de Hedges*, devido ao fato de que, ao contrário de algumas das métricas de diferença padronizadas anteriores, não ser afetada por variâncias amostrais desiguais nos grupos pareados e incluir um fator de correção para amostras pequenas; portanto, funciona bem quando há poucos estudos (KORICHEVA; GUREVITCH; MENGERSEN, 2013). O *g de Hedges* para o estudo k foi calculado como:

$$\hat{g}_k = \left(1 - \frac{3}{4n_k - 9}\right) \frac{\hat{u}_{ek} - \hat{u}_{ck}}{\sqrt{\left((n_{ek} - 1)s_{ek}^2 + (n_{ck} - 1)s_{ck}^2\right)/(n_k - 2)}}$$

Em que $n_k = n_{ek} + n_{ck}$ e o fator $1 - 3 / (4 n_k - 9)$ corrige o viés no erro padrão estimado.

A variância do *g de Hedges* foi calculada da seguinte forma:

$$\hat{V}(\hat{g}_k) = \frac{n_k}{n_e \cdot n_{ck}} + \frac{\hat{g}_k^2}{2(n_k - 2.94)}$$

Uma vez calculados \hat{g}_k e $\hat{V}(\hat{g}_k)$, um intervalo de confiança bilateral $(1 - \alpha)$ foi calculado por:

$$\hat{g}_k \pm z_{1-\frac{\alpha}{2}} S.E.(\hat{g}_k)$$

com erro padrão $S.E.(\hat{g}_k) = \sqrt{\hat{V}(\hat{g}_k)}$, e $z_{1-\frac{\alpha}{2}}$ denotando o $1 - \frac{\alpha}{2}$ quantil da distribuição normal padrão.

Após calculadas a diferença média padronizada e a sua variância, foi estimado um tamanho de efeito geral ponderado para cada parâmetro de diversidade genética por meio de

meta-análise. Adicionalmente, a estatística do teste de homogeneidade Q foi calculada ($P < 0,01$ considerado significativo) para avaliar o padrão de heterogeneidade entre os estudos incluídos na meta-análise. É importante destacar que um valor não significativo para o teste Q não implica necessariamente que os estudos sejam completamente homogêneos, especialmente devido ao pequeno número de comparações contribuindo para a meta-análise (VESTERINEN *et al.*, 2014). De tal forma que, para quantificar a heterogeneidade dos estudos incluídos, adicionalmente usou-se a estatística I^2 (variando de 0% a 100%). Em seguida, foi ajustado um modelo de efeitos fixos para realizar a meta-análise, quando a heterogeneidade era baixa ($I^2 < 50\%$), e um modelo de efeitos aleatórios, quando a heterogeneidade era alta ($I^2 > 50\%$). Quando os tamanhos dos efeitos dos estudos se mostraram significativamente heterogêneos, os estudos também foram analisados em subgrupos de acordo com o tipo de marcador molecular empregado nos estudos primários. Os resultados da meta-análise foram resumidos e mostrados em gráficos de floresta. Por fim, o gráfico de funil e teste de Egger (EGGER *et al.*, 1997) foram utilizados para avaliar visual e quantitativamente o risco de viés de publicação. A meta-análise foi executada utilizando o pacote geral meta, versão 6.5, do software R, versão 4.3.1 (R CORE TEAM, 2023).

3. RESULTADOS

3.1 Coleta de dados e características dos estudos

Ao pesquisar a literatura científica publicada entre janeiro de 2000 e dezembro de 2023 sobre a diversidade genética dos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus, foram identificadas um total de sete pesquisas científicas publicadas entre 2010 e 2020, que relataram de forma simultânea resultados para raças das duas regiões geográficas consideradas. As principais características dos estudos incluídos na meta-análise são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Principais características dos estudos incluídos na meta-análise.

Estudo	Revista	Marcador molecular	Número de loci	N (América do Sul)	N (Europa)
AGUIRRE-RIOFRIO <i>et al.</i> (2020)	Animals	Microsatélite	24	554	704
COLLI <i>et al.</i> (2018)	Genetics, Selection, Evolution	SNP	48.827	146	672
DA ROCHA <i>et al.</i> (2016)	Small Ruminants Research	Microsatélite	23	239	90
OLIVEIRA <i>et al.</i> (2010)	Small Ruminant Research	Microsatélite	20	187	46
RIBEIRO <i>et al.</i> (2012)	Journal of Animal Breeding and Genetics	Microsatélite	15	238	198
SEVANE <i>et al.</i> (2018)	Animal	Microsatélite	20	590	975
VISSER <i>et al.</i> (2016)	PloS one	SNP	47.075	27	26

N = Tamanho de amostra

Foram relatadas um total de 21 diferentes raças sul-americanas (1981 amostras) e 59 europeias (2711 amostras). Cinco estudos reportaram um total de 40 estimativas para a variável MNA em populações sul-americanas e 53 em populações europeias, todas utilizando marcadores microsatélites. Entretanto, estimativas de H_o e H_e foram reportadas em sete estudos, sendo que cinco deles utilizaram marcadores microsatélites e dois utilizaram painéis de SNPs, resultando em 45 estimativas para raças sul-americanas e 87 para raças europeias (Tabela S1).

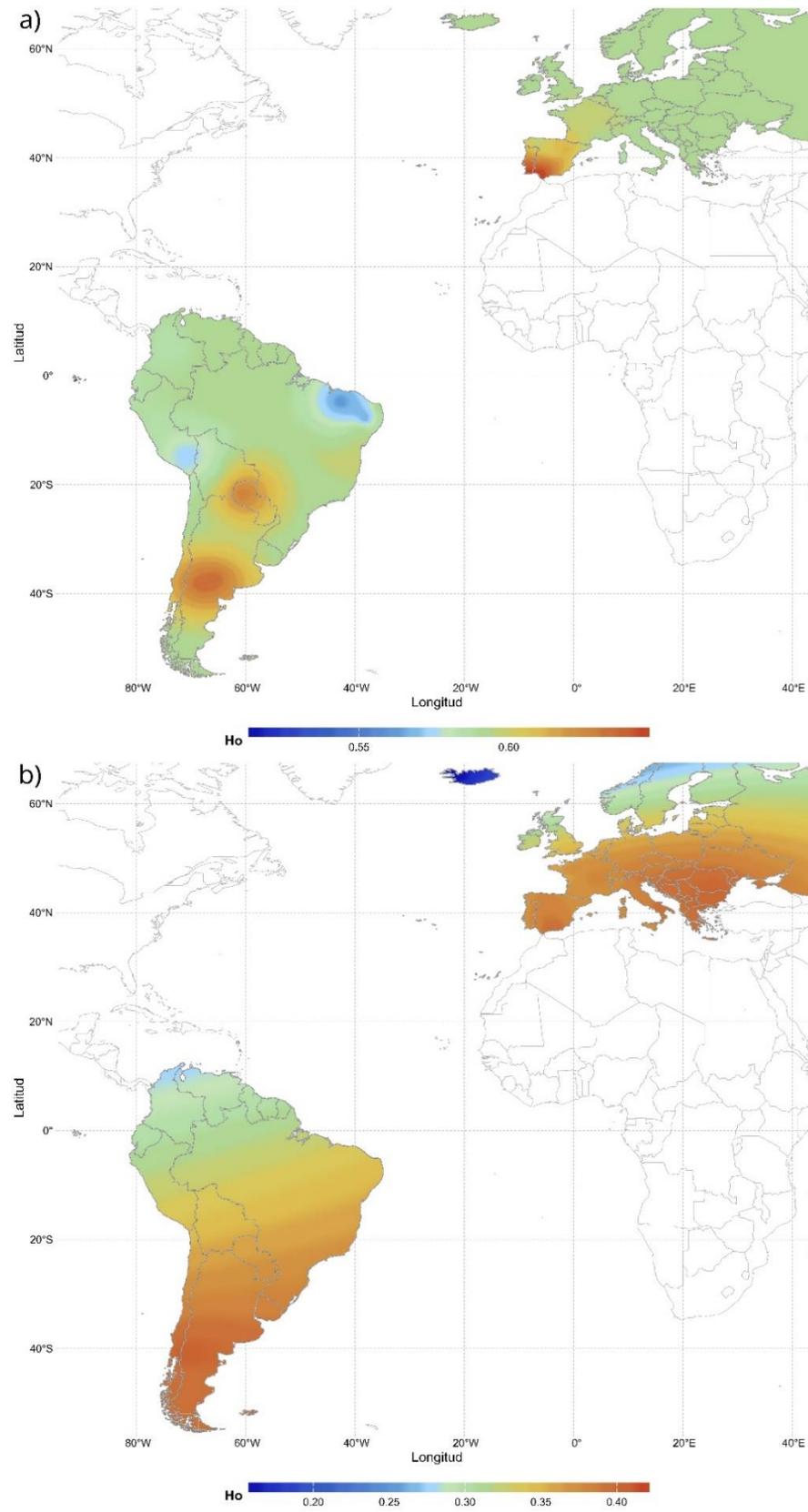


Fig. 2. Padrões de distribuição geográfica (interpolação espacial) da H_0 na região sul-americana e europeia estimada com **a)** Microssatélites e **b)** SNPs.

As pesquisas que reportaram estimativas de parâmetros genéticos calculadas a partir de marcadores microssatélites usaram painéis de entre 15 e 24 loci, recomendados pela FAO (FAO, 2011) e pela Sociedade Internacional de Genética Animal (ISAG), para estudos de diversidade genética em caprinos. Já os estudos que empregaram SNPs utilizaram o Illumina GoatSNP50 BeadChip, com entre 47.075 e 48.827 SNPs considerados para o cálculo das estimativas dos parâmetros de diversidade genética após o controle de qualidade. O número de amostras por estudo variou de 27 a 590 para raças sul-americanas e de 26 a 975 para raças europeias. Os padrões de distribuição geográfica da H_o reportada pelos trabalhos considerados no presente estudo são mostrados na Figura 2, tanto para os marcadores a) microssatélites quanto para b) SNPs.

3.2. Comparação de MNA nas raças locais sul-americanas e europeias

No presente estudo, o tamanho do efeito médio (*g de Hedges*) para a variável MNA foi calculado em -0,22, com um intervalo de confiança de 95% entre -0,29 e -0,15. Este resultado sugere um tamanho de efeito médio claramente diferente de zero, indicando que o MNA foi menor para as raças localmente adaptadas sul-americanas em relação às raças europeias. Foi evidenciado um efeito decrescente no MNA nos caprinos sul-americanos em quase todos os estudos, a exceção do trabalho de Oliveira *et al.* (2010) (Fig. 3). Por outro lado, os tamanhos dos efeitos dos estudos considerados na meta-análise para este parâmetro foram homogêneos ($Q = 3,10$; d.f. = 4; $P = 0,5405$; $I^2 = 0,0\%$).

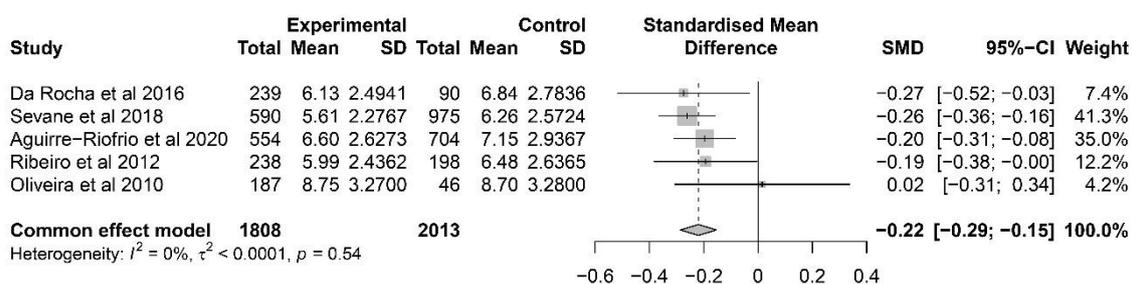


Fig. 3. Gráfico de floresta do MNA nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

3.3. Comparação de H_0 nas raças locais sul-americanas e europeias

O tamanho do efeito médio para H_0 foi diferente de zero, com uma estimativa de -2,08, e um intervalo de confiança de 95% entre -4,58 e 0,41. Esse resultado indica uma importante diferença de diversidade genética entre os caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus, com níveis inferiores para o primeiro grupo geográfico (Fig. 4). Os tamanhos dos efeitos dos estudos incluídos na meta-análise foram significativamente heterogêneos ($Q = 667,91$; d.f. = 6; $P < 0,0001$; $I^2 = 99,1\%$). Portanto, os estudos foram analisados também de acordo com o tipo de marcador molecular empregado, como mostrado na Fig. 5.

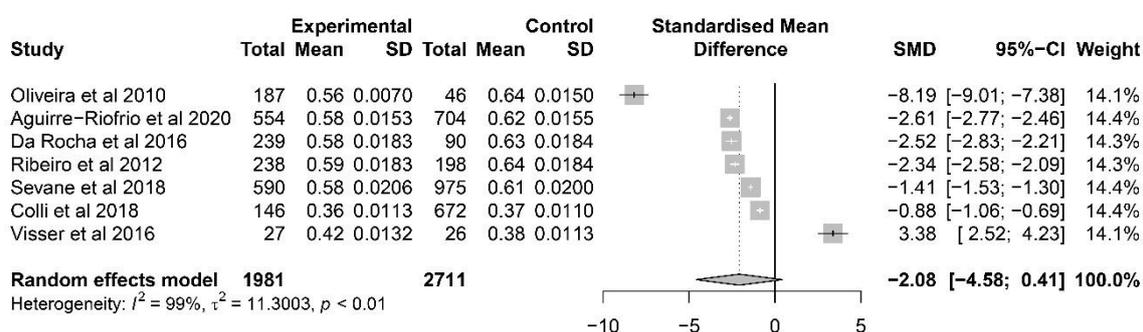


Fig. 4. Gráfico de floresta da H_0 nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

Foram detectados efeitos decrescentes da região geográfica sobre os caprinos nativos sul-americanos na H_0 quando foram empregados marcadores microssatélites para sua avaliação, cujo tamanho médio do efeito foi de -3,39, com intervalo de confiança de 95% entre -5,74 e -1,05. O tamanho médio do efeito do grupo com SNPs foi de 1,23, com um intervalo de confiança de 95% entre -2,94 e 5,39. Isso sugere níveis mais altos de diversidade nos caprinos sul-americanos, embora a diferença não seja significativamente distinta de zero (Fig. 5).

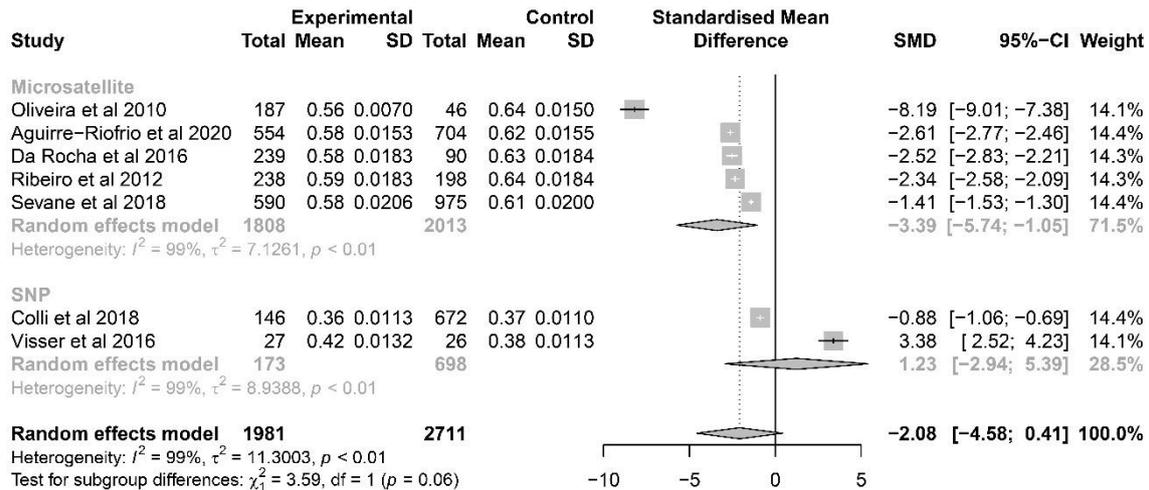


Fig. 5. Gráfico de floresta da H_o com análise de subgrupos nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

3.4. Comparação de H_e nas raças locais sul-americanas e europeias

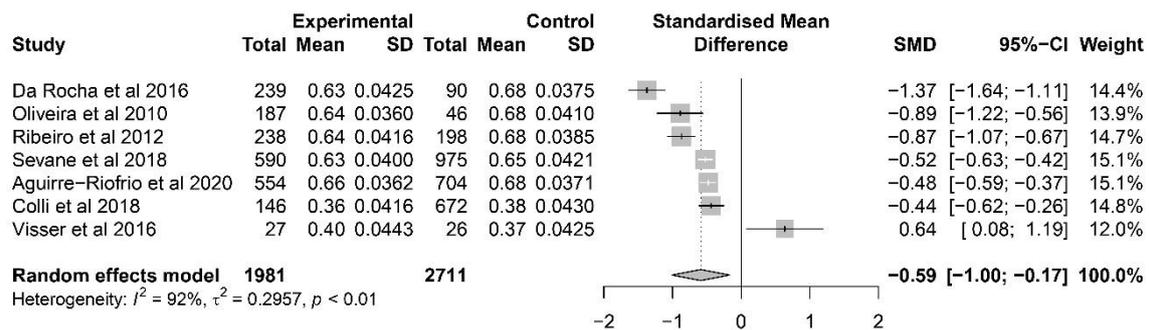


Fig. 6. Gráfico de floresta da H_e nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

Ao analisar a variável de H_e nos estudos incluídos na meta-análise, o tamanho de efeito ponderado estimado com o ajuste de modelo de efeitos aleatórios foi significativamente diferente de zero (-0,59), com um intervalo de confiança entre -1,00 e -0,17, indicando um efeito decrescente da região geográfica sobre a diversidade nos caprinos sul-americanos, em relação aos europeus (Fig. 6). No entanto, em razão da heterogeneidade dos tamanhos dos efeitos individuais dos estudos ($Q = 71,32$; $df = 6$; $P < 0,0001$; $I^2 = 91,6\%$), estes foram agrupados tendo como base o tipo de marcador molecular para análise.

Ao considerar o tipo de marcador empregado para a estimação de H_e nos estudos da presente meta-análise, o tamanho do efeito médio no grupo de microssatélites teve intervalos

de confiança de 95%, claramente diferentes de zero, em contraste com os SNPs. Nesse sentido, o grupo de estudos que usaram microssatélites teve uma estimativa de tamanho do efeito médio para H_e de -0,81 com intervalo de confiança de 95% entre -1,13 e -0,50. Por sua vez, o grupo com SNPs apresentou um tamanho do efeito médio de 0,07, com um intervalo de confiança de 95% entre -0,98 e 1,11, indicando diferenças mínimas e não significativamente diferentes de zero na H_0 entre regiões geográficas, mas favoráveis para os caprinos locais sul-americanos (Fig. 7).

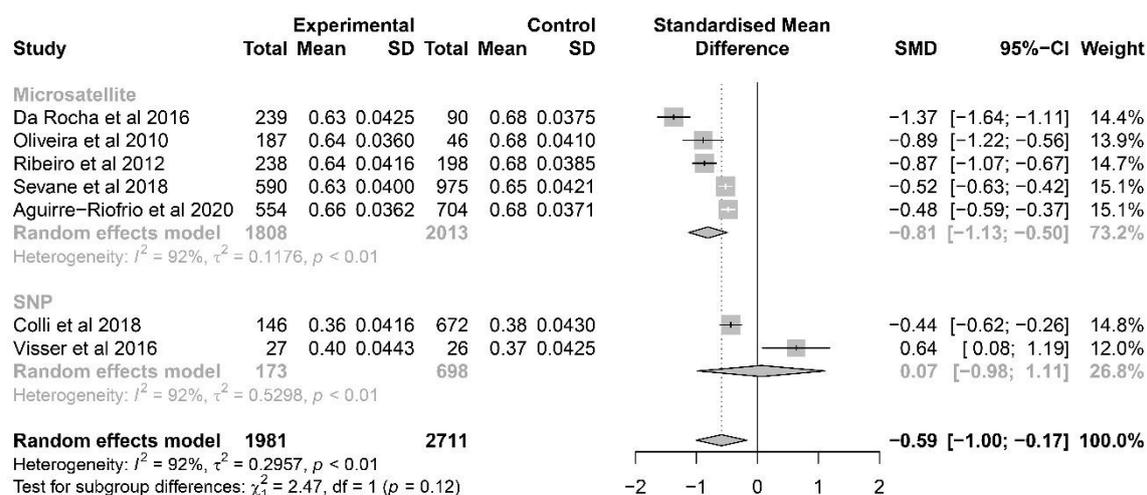


Fig. 7. Gráfico de floresta da H_e com análise de subgrupos nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus. Experimental: raças sul-americanas; Controle: raças europeias; SD: desvio padrão; SMD: diferença média padronizada; 95%-CI: intervalo de confiança de 95%.

3.5 Viés de publicação

O gráfico de funil foi utilizado para avaliar visualmente o viés de publicação (Fig. 8). Os padrões observados por meio do gráfico de funil indicaram que os resultados dos estudos que relataram a variável de MNA foram distribuídos uniformemente (Fig. 8a), diferente dos trabalhos relatando as variáveis H_0 e H_e , que mostraram uma distribuição pouco simétrica, sugerindo possível risco de viés de publicação (Fig. 8b e c).

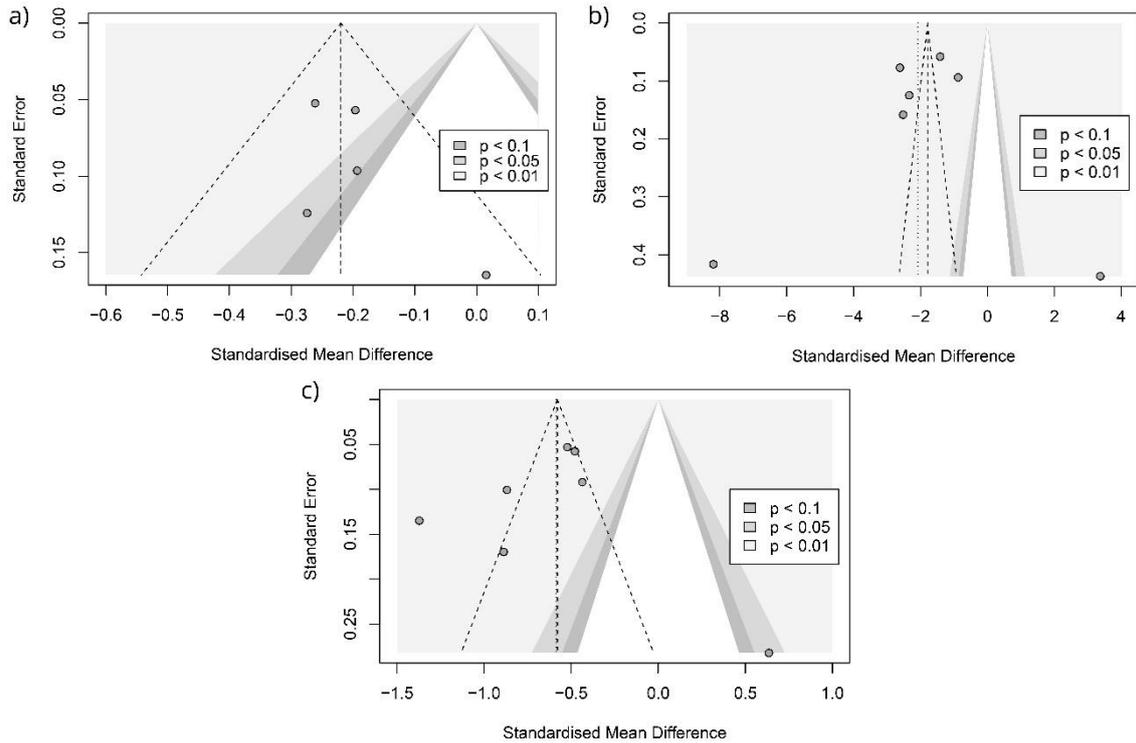


Fig. 8. Gráficos de funil para as variáveis **a)** MNA, **b)** H_o e **c)** H_e nos caprinos localmente adaptados sul-americanos e europeus.

Dado que o gráfico de funil serve como um meio qualitativo de inspeção, sua suscetibilidade a influências subjetivas exige uma abordagem cautelosa ao interpretar suas descobertas. Nesse sentido, para avaliar quantitativamente o viés de publicação foi utilizado o teste de Egger. Na figura 9, são mostradas as linhas de regressão do teste de Egger para as três variáveis. Os resultados mostraram que o intercepto do modelo de regressão não foi significativamente maior que zero para as três variáveis de diversidade genética consideradas, MNA (intercepto = -0,2995; $P = 0,3156$); H_o (intercepto = -1,4423; $P = 0,6537$); e H_e (intercepto = -0,4787; $P = 0,6868$), indicando simetria nos gráficos de funil, portanto, descartando o possível risco de viés de publicação.

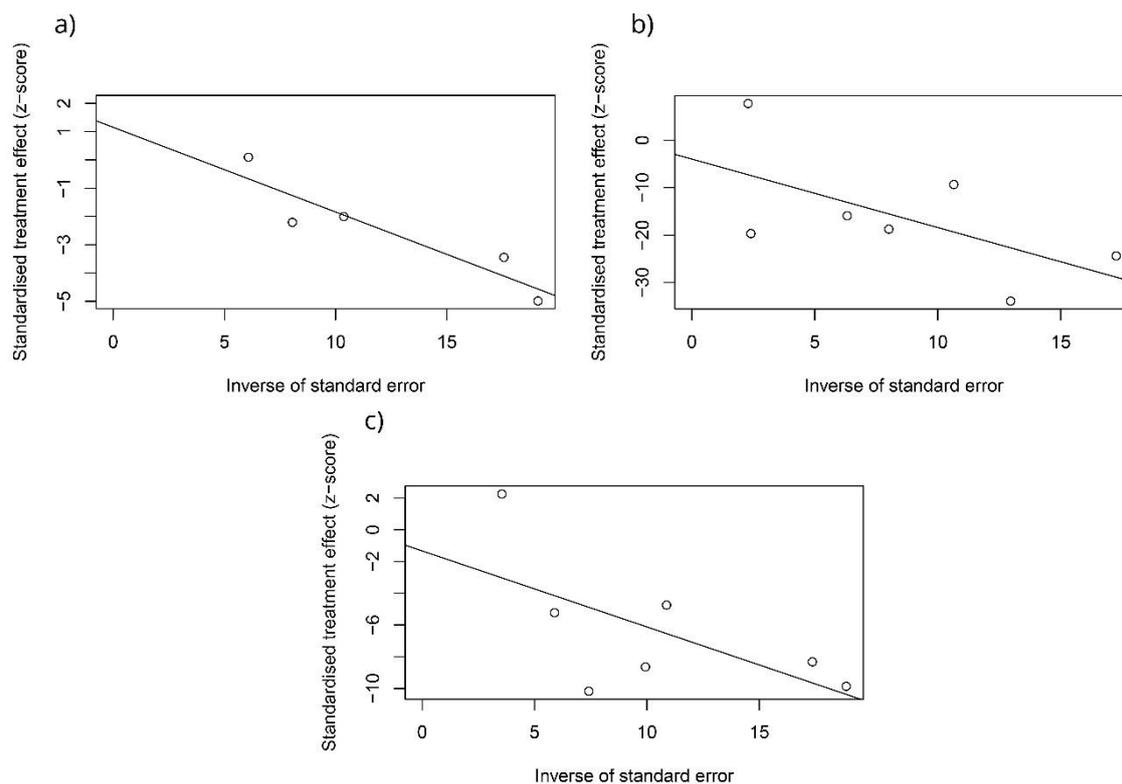


Fig. 9. Gráficos radiais para a meta-análise das variáveis **a)** MNA, **b)** H₀ e **c)** H_e incluindo a linha de regressão (linha sólida) para o teste de Egger.

4. DISCUSSÃO

O pool genético caprino existente na América do Sul originou-se nas últimas cinco décadas, devido à chegada dessa espécie às Américas pelos colonizadores espanhóis e portugueses (AMILLS *et al.*, 2009), cujas características podem ser atribuídas à combinação de efeitos fundadores e deriva genética, que foram posteriormente influenciados pela seleção artificial e natural em resposta às novas circunstâncias ambientais (BERTOLINI *et al.*, 2018). Desse modo, é altamente interessante ter uma compreensão abrangente das consequências desses eventos sobre os níveis de diversidade genética geral das populações caprinas nativas desta região.

Embora não seja possível comparar efetivamente de forma direta as estimativas de parâmetros de diversidade genética de pesquisas que usaram diferentes marcadores moleculares ou métodos de determinação do tamanho alélico, a técnica de meta-análise permite estimar os tamanhos de efeito de estudos individuais como uma medida adimensional (*g de Hedges*) e gerar tamanhos de efeito ponderados globais, que permitem inspecionar as diferenças entre

grandes grupos de interesse, no caso deste estudo, os caprinos nativos das regiões geográficas da América do Sul e da Europa.

Ao comparar as populações nativas das regiões sul-americana e europeia, todas as estimativas de diversidade genética analisadas na presente meta-análise, sem agrupar por marcador, mostraram tamanhos de efeito gerais expressos em forma de diferenças médias padronizadas (*g de Hedges*) diferentes de zero (MNA = -0,22; $H_o = -2,08$; e $H_e = -0,59$), cujos valores, de acordo com Harrer *et al.* (2021), indicariam, em termos práticos, um efeito decrescente pequeno, grande e moderado, dos diferentes processos genéticos e geográficos durante a formação e distribuição das populações caprinas sul-americanas sobre o MNA, H_o e H_e , respectivamente.

Neste estudo, ao agrupar os estudos considerando o tipo de marcador empregado, o tamanho do efeito médio no grupo de SNPs não diferiu significativamente de zero, enquanto no grupo com microssatélites, houve uma diferença claramente significativa. Esses achados indicam uma tendência para maior diversidade genética nas populações sul-americanas ao serem avaliadas com SNPs, embora sem significância estatística robusta. Isso pode ser atribuído ao número menor de estudos que usaram SNPs na meta-análise, o que pode ter reduzido o poder estatístico necessário para detectar diferenças significativas, além do menor número de amostras empregado, particularmente no estudo de Visser *et al.* (2016).

Nesse sentido, segundo Hauser *et al.* (2021), a maior parte das disparidades entre os resultados de SNPs e microssatélites pode ser atribuída à presença de um maior número de loci nos conjuntos de dados de SNPs, conferindo assim um poder estatístico mais robusto. Apesar disso, os microssatélites têm uma extensa trajetória na caracterização da variação genética, revelando-se altamente eficazes e confiáveis para a estimativa precisa de métricas de diversidade genética para as espécies domésticas mais importantes (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; CORTES; CAÑON; GAMA, 2022; SEVANE *et al.*, 2018).

De modo geral, os resultados desta pesquisa indicam que a diversidade genética é menos expressiva nos caprinos sul-americanos em relação às raças europeias, consistente com os relatos de que algumas populações nativas sul-americanas frequentemente passam por um gargalo genético no seu estabelecimento ou expansão (CAMARA *et al.*, 2017; DA ROCHA *et al.*, 2016; GINJA *et al.*, 2017; RIBEIRO *et al.*, 2012) e, portanto, apresentam níveis mais moderados de diversidade. Assim, a sugestão de que o fato de as populações caprinas nativas

americanas estarem relativamente mais distantes do centro de domesticação e representarem os últimos estágios de dispersão e evolução poderia comprometer sua diversidade genética, diminuindo-a (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; GINJA *et al.*, 2017; ZHENG *et al.*, 2020), é apoiada pela nossa meta-análise.

É importante, no entanto, ter em conta que outros fatores, como as diferentes práticas de manejo, a deriva genética, a seleção natural e o fluxo gênico (CORTELLARI *et al.*, 2021; RIBEIRO *et al.*, 2012; TRAORÉ *et al.*, 2012), também podem contribuir para moldar os padrões de diversidade genética dos caprinos localmente adaptados das diferentes regiões do mundo.

A diversidade genética dos caprinos sul e centro-americanos também tem sido comparada com a de outras regiões do mundo através do sequenciamento parcial da região de controle mitocondrial (AMILLS *et al.*, 2009), mostrando níveis de diversidade de nucleotídeos semelhantes aos observados nas populações europeias. No entanto, foi evidenciado que as diversidades de haplótipos foram um pouco inferiores nos caprinos sul e centro-americanos, e as proporções entre o número de haplótipos diferentes e o número total de sequências foram muito menores. O mencionado estudo também sugere que a diversidade genética é particularmente reduzida nas populações caprinas argentinas e chilenas; contudo, esses resultados devem ser tomados com cautela, dado o pequeno tamanho da amostra de várias das populações analisadas.

Apesar de apresentarem níveis de diversidade genética inferiores em comparação com os caprinos europeus, os caprinos localmente adaptados sul-americanos representam um valioso reservatório de biodiversidade. A importância desses recursos cresce diariamente, devido à notável capacidade de esses animais se adaptarem a ambientes adversos e doenças (MILLER; LU, 2019). Essa capacidade torna-se vital para enfrentar os desafios das atuais e futuras alterações climáticas, desempenhando um papel crucial na continuidade de forma sustentável dos sistemas de produção pecuários. A perda dessa biodiversidade, antes que seja adequadamente estudada, pode levar à perda irreparável de oportunidades valiosas para avanços na pesquisa científica e no desenvolvimento agrícola (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014). Portanto, é essencial implementar estratégias de conservação e manejo sustentável para as raças crioulas americanas, que são diferenciadas e possuem um valor significativo para a diversidade genética global (GINJA *et al.*, 2017).

O conhecimento a um nível mais global e conclusivo sobre a biodiversidade dos recursos caprinos locais permite um melhor entendimento do processo de declínio genético desses valiosos recursos e seu estado atual, que, por sua vez, permite lançar mais luz sobre o horizonte na tomada de decisões em termos de políticas públicas, implementação de apoio financeiro efetivo e construção de planos regionais de conservação que permitam seu uso e gestão sustentável.

5. CONCLUSÃO

Os resultados da condução do presente estudo de meta-análise permitiram resumir a magnitude das diferenças nos níveis de diversidade genética dos caprinos localmente adaptados das regiões sul-americana e europeia. De forma geral, constata-se que os caprinos autóctones da América do Sul exibem níveis menos significativos de diversidade genética, quando contrastados com as raças nativas da Europa. Essa análise abrangente abre perspectivas relevantes para compreendermos melhor os mecanismos subjacentes a essas variações genéticas, lançando luz sobre as particularidades no processo de estabelecimento, capacidades adaptativas e evolutivas dessas populações caprinas em distintos contextos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIRRE-RIOFRIO, L. *et al.* Genetic characterization of the “chusca lojana”, a creole goat reared in Ecuador, and its relationship with other goat breeds. **Animals**, v. 10, n. 6, p. 1–11, 2020.

AJMONE-MARSAN, P. *et al.* **Genomic characterization of animal genetic resources - Practical guide**. Rome, Italy: FAO, 2023.

AMILLS, M. *et al.* Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. **Animal genetics**, v. 40, n. 3, p. 315–322, jun. 2009.

AMILLS, M.; CAPOTE, J.; TOSSER-KLOPP, G. Goat domestication and breeding: a jigsaw of historical, biological and molecular data with missing pieces. **Animal genetics**, v. 48, n. 6, p. 631–644, dez. 2017.

BANGAR, Y. C. *et al.* Meta-analysis of Genetic Structure and Association of Prolactin Gene with Performance Traits in Dairy Cattle in India. **Biochemical Genetics**, v. 59, n. 3, p. 668–677, 27 jun. 2021.

BENJELLOUN, B. *et al.* An evaluation of sequencing coverage and genotyping strategies to assess neutral and adaptive diversity. **Molecular Ecology Resources**, v. 19, n. 6, p. 1497–1515,

2019.

BERTOLINI, F. *et al.* Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication 06 Biological Sciences 0604 Genetics. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, n. 1, 2018.

CAMARA, T. S. *et al.* Genetic diversity and relatedness between Caninde and British Alpine goat breeds in Northeastern Brazil accessed by microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, mar. 2017.

CAPOTE, J.; FRESNO, M. La colonización americana y el ganado caprino. In: VARGAS, J. *et al.* (Eds.). **Biodiversidad caprina iberoamericana**. Bogota: Fondo Editorial de la Universidad Cooperativa de Colombia, 2016. p. 24.

CHENG, D.; LIANG, G.; XU, Y. Meta-analysis reveals asymmetric reduction in the genetic diversity of introduced populations of exotic insects. **Biological Invasions**, v. 18, n. 4, p. 1163–1175, 13 abr. 2016.

CLARK, J. *et al.* A full systematic review was completed in 2 weeks using automation tools: a case study. **Journal of Clinical Epidemiology**, v. 121, p. 81–90, 2020.

COLLI, L. *et al.* Genome-wide SNP profiling of worldwide goat populations reveals strong partitioning of diversity and highlights post-domestication migration routes. **Genetics, Selection, Evolution : GSE**, v. 50, n. 1, p. 58, nov. 2018.

CONORD, C.; GUREVITCH, J.; FADY, B. Large-scale longitudinal gradients of genetic diversity: a meta-analysis across six phyla in the Mediterranean basin. **Ecology and Evolution**, v. 2, n. 10, p. 2600–2614, 14 out. 2012.

CORTELLARI, M. *et al.* The climatic and genetic heritage of Italian goat breeds with genomic SNP data. **Scientific reports**, v. 11, n. 1, p. 10986, maio 2021a.

CORTELLARI, M. *et al.* Runs of homozygosity in the Italian goat breeds: impact of management practices in low-input systems. **Genetics, selection, evolution : GSE**, v. 53, n. 1, p. 92, dez. 2021b.

CORTES, O.; CAÑÓN, J.; GAMA, L. T. Applications of Microsatellites and Single Nucleotide Polymorphisms for the Genetic Characterization of Cattle and Small Ruminants: An Overview. **Ruminants**, v. 2, n. 4, p. 456–470, 7 nov. 2022.

DA ROCHA, L. L. *et al.* Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. **Small Ruminant Research**, v. 134, p. 28–33, 2016.

DELGADO, J. V. *et al.* **Exposición de Animales Domésticos Autóctonos Canarios**. Tenerife: Consejería de Agricultura y Pesca del Gobierno de Canarias, 1990. Disponible em: <<https://www.gobiernodecanarias.org/cmsgobcan/export/sites/ganaderia/galerias/doc/publicaciones/agrocanarias90-FOLLETO-EXPOSICION-DE-ANIMALES-DOMESTICOS.pdf>>

EGGER, M. *et al.* Bias in meta-analysis detected by a simple, graphical test. **BMJ**, v. 315, n. 7109, p. 629–634, 13 set. 1997.

FAO. **Molecular genetic characterization of animal genetic resources**. No. 9 ed. Rome: [s.n.].

FAO. **Status and trends of animal genetic resources - 2022**. Rome, Italy: FAO, 2022.

FAO. **FAOSTAT**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>>. Acesso em: 2 jun. 2024.

GAMA, L. T.; BRESSAN, M. C. Biotechnology applications for the sustainable management of goat genetic resources. **Small Ruminant Research**, v. 98, n. 1–3, p. 133–146, jun. 2011.

GHAVI HOSSEIN-ZADEH, N. A meta-analysis of the genetic contribution to greenhouse gas emission in sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 140, n. 1, p. 49–59, 20 jan. 2023.

GINJA, C. *et al.* Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas. **Animal Genetics**, v. 48, n. 3, p. 315–329, 17 jun. 2017.

GRAMES, E. M. *et al.* An automated approach to identifying search terms for systematic reviews using keyword co-occurrence networks. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 10, n. 10, p. 1645–1654, 2019.

HALL, S. J. G. Genetic Differentiation among Livestock Breeds-Values for F-st. **Animals**, v. 12, n. 9, 2022.

HARRER, M. *et al.* **Doing Meta-Analysis with R: A Hands-On Guide**. 1st Editio ed. Boca Raton: Chapman and Hall/CRC, 2021.

HAUSER, S. S.; ATHREY, G.; LEBERG, P. L. Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics. **Ecology and Evolution**, v. 11, n. 22, p. 15800–15814, 2021.

HIGGINS, J. P. T.; GREEN, S. (ed.). **Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions**. Version 5.1.0 [updated March 2011]. The Cochrane Collaboration, 2011. Disponível em: www.handbook.cochrane.org. Acesso em: 15 jun. 2023.

KORICHEVA, J.; GUREVITCH, J.; MENGERSEN, K. **Handbook of Meta- analysis in Ecology and Evolution**. Princeton, New Jersey: Princeton University Press, 2013.

LINO, A. *et al.* A meta-analysis of the effects of habitat loss and fragmentation on genetic diversity in mammals. **Mammalian Biology**, v. 94, p. 69–76, jan. 2019.

MARTINEZ, A. M. *et al.* The Southwestern fringe of Europe as an important reservoir of caprine biodiversity. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, nov. 2015.

MILLER, B. A.; LU, C. D. Current status of global dairy goat production: An overview. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1219–1232, 2019.

MUCHA, S. *et al.* Animal Board Invited Review: Meta-analysis of genetic parameters for resilience and efficiency traits in goats and sheep. **Animal**, v. 16, n. 3, p. 100456, mar. 2022.

OLIVEIRA, J. C. V *et al.* Genetic relationships between two homologous goat breeds from

Portugal and Brazil assessed by microsatellite markers. **Small Ruminant Research**, v. 93, n. 2–3, p. 79–87, 2010.

PINSKY, M. L.; PALUMBI, S. R. Meta-analysis reveals lower genetic diversity in overfished populations. **Molecular Ecology**, v. 23, n. 1, p. 29–39, 2014.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 16 jun. 2023.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Drift across the Atlantic: Genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 129, n. 1, p. 79–87, 2012.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Threatened Goat Breeds from the Tropics: The Impact of Crossbreeding with Foreign Goats. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume I**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 1p. 101–110.

SEVANE, N. *et al.* Dissection of ancestral genetic contributions to Creole goat populations. **Animal**, v. 12, n. 10, p. 2017–2026, 2018.

STEWART, G. Meta-analysis in applied ecology. **Biology Letters**, v. 6, n. 1, p. 78–81, 23 fev. 2010.

TIXIER-BOICHARD, M. *et al.* Farm animal genetic and genomic resources from an agroecological perspective. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, p. 2013–2015, 2015.

TRAORÉ, A. *et al.* Ascertaining gene flow patterns in livestock populations of developing countries: a case study in Burkina Faso goat. **BMC genetics**, v. 13, p. 35, maio 2012.

VARGAS, J. E. *et al.* **Biodiversidad Caprina Iberoamericana**. Bogota: Universidad Cooperativa de Colombia, 2016.

VESTERINEN, H. M. *et al.* Meta-analysis of data from animal studies: A practical guide. **Journal of Neuroscience Methods**, v. 221, p. 92–102, jan. 2014.

VISSER, C. *et al.* Genetic Diversity and Population Structure in South African, French and Argentinian Angora Goats from Genome-Wide SNP Data. **PloS one**, v. 11, n. 5, p. e0154353, 2016.

ZHENG, Z. *et al.* The origin of domestication genes in goats. **Science Advances**, v. 6, n. 21, 2020.

CAPÍTULO III

Diversidade genética na espécie caprina (*Capra hircus*): análise bibliométrica

RESUMO

A intensificação das preocupações com as mudanças climáticas e seus efeitos sobre a agricultura e a pecuária tem fomentado um crescente interesse pela adaptabilidade das raças nativas de caprinos, decorrente de sua rica diversidade genética. Como consequência, houve um aumento significativo nas pesquisas voltadas à exploração da diversidade genética em nível molecular. Para entender a dinâmica, tendências e estrutura global da pesquisa sobre a diversidade genética em caprinos, foi conduzida uma análise bibliométrica abrangendo o período de 1999 a 2023. Os dados foram extraídos da base de dados bibliográficos Web of Science, e as análises de mapeamento científico e estatísticas descritivas foram realizadas utilizando o pacote Bibliometrix 4.1.4, implementado no software R, versão 4.3.1, e o programa VOSviewer® 1.6.20. A análise de 347 artigos científicos identificados revelou um crescimento linear na produção acadêmica, com uma taxa anual de crescimento de 8.86%, superior a várias outras áreas do conhecimento. As tecnologias moleculares evoluíram consideravelmente, com uma transição do domínio dos microssatélites para os SNPs e o surgimento de metodologias avançadas como WGS e GBS, embora estas últimas ainda sejam usadas de forma incipiente. A análise de autoria destacou 1586 pesquisadores, com Verma NK, Aggarwal RAK e Dixit SP, do NBAGR na Índia, e Martinez AM e Delgado JV, da Universidade de Córdoba, na Espanha, como os mais produtivos. A colaboração internacional tem se mostrado fundamental, com a Europa servindo como um ponto de ligação crucial entre diferentes regiões, com 59% dos países europeus envolvidos na pesquisa desse campo, comparado a 47% dos países asiáticos, 44% dos africanos e 40% dos americanos, enquanto a Oceania teve menor participação, com 14%. A Europa e a Ásia estão na vanguarda do crescimento desse campo, com 25% e 22% de seus países, respectivamente, apresentando uma taxa de crescimento anual $\geq 15\%$. Isso sugere que essas regiões continuarão a liderar nessa área do conhecimento. Por outro lado, a África, as Américas e a Oceania ainda enfrentam desafios que limitam sua capacidade de expansão. O 29,7% dos artigos foram publicados em periódicos de alto fator de impacto (≥ 3), e 45,2% em revistas de acesso aberto, com um fator de impacto médio de 2,5, favorecendo assim, a disseminação do conhecimento científico. Promover e sustentar constantemente a pesquisa nesse campo é essencial para impulsionar o progresso do conhecimento e para formular estratégias eficazes de conservação e gestão sustentável dos recursos genéticos caprinos.

Palavras-chave: Variabilidade genética, Marcador molecular, Sequenciamento, Cientometria, Tendências de pesquisa.

ABSTRACT

The intensification of concerns about climate change and its effects on agriculture and livestock has sparked growing interest in the adaptability of native goat breeds due to their rich genetic diversity. Consequently, there has been a significant increase in research focused on exploring genetic diversity at the molecular level. To understand the dynamics, trends, and global structure of research on genetic diversity in goats, a bibliometric analysis was conducted covering the period from 1999 to 2023. Data were extracted from the Web of Science bibliographic database, and the scientific mapping and descriptive statistical analyses were performed using the Bibliometrix 4.1.4 package implemented in R software version 4.3.1 and the VOSviewer® 1.6.20 program. The analysis of 347 identified scientific articles revealed a linear growth in academic production, with an annual growth rate of 8.86%, higher than in several other fields of knowledge. Molecular technologies have evolved considerably, with a shift from the dominance of microsatellites to SNPs and the emergence of advanced methodologies such as WGS and GBS, although the latter are still used only incipiently. The authorship analysis highlighted 1586 researchers, with Verma NK, Aggarwal RAK, and Dixit SP from NBAGR in India, and Martinez AM and Delgado JV from the University of Córdoba in Spain, being the most productive. International collaboration has proven essential, with Europe serving as a crucial linking point between different regions, with 59% of European countries involved in this field of research, compared to 47% of Asian countries, 44% of African countries, and 40% of American countries, while Oceania had the lowest participation with 14%. Europe and Asia are at the forefront of growth in this field, with 25% and 22% of their countries, respectively, showing an annual growth rate $\geq 15\%$. This suggests that these regions will continue to lead in this area of knowledge. On the other hand, Africa, the Americas, and Oceania still face challenges that limit their capacity for expansion. About 29.7% of the articles were published in high-impact journals (≥ 3), and 45.2% in open-access journals, with an average impact factor of 2.5, thus favoring the dissemination of scientific knowledge. Promoting and consistently sustaining research in this field is essential for advancing knowledge and formulating effective strategies for the conservation and sustainable management of goat genetic resources.

Keywords: Genetic variability, Molecular marker, Sequencing, Scientometrics, Research trends.

1. INTRODUÇÃO

A espécie caprina (*Capra aegagrus hircus*) tem desempenhado um papel crucial na economia agrícola e na subsistência de comunidades em todo o mundo. Sua versatilidade na produção de carne, leite, pele e fibra tem sido explorada desde sua domesticação no sudoeste da Ásia, há aproximadamente dez mil anos (NADERI *et al.*, 2008), tornando-a uma espécie de grande importância econômica, social, cultural e como fonte de alimento (BERTOLINI *et al.*, 2018; TIXIER-BOICHARD *et al.*, 2015).

A diversidade genética capturada através da domesticação tem sido moldada pela adaptação ao ambiente local, pela seleção artificial, pelas mutações e pela deriva genética, resultando em uma ampla gama de variações na aparência, na fisiologia e nas características agrícolas (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023). A habilidade dos caprinos de se adaptarem a uma variedade de ambientes e condições climáticas é particularmente importante para comunidades rurais em regiões áridas e semiáridas. Essa espécie, no entanto, pode ser encontrada em quase todas as nações do mundo, indicando que atualmente não está exclusivamente associada a produtores de baixa renda ou a regiões áridas (MILLER; LU, 2019).

As mudanças climáticas, que estão ampliando as áreas áridas do planeta, têm impulsionado um interesse crescente no valor genético das raças nativas de caprinos, especialmente devido à sua resistência à seca e aos parasitas (MILLER; LU, 2019). A elevada resistência e capacidade adaptativa dos caprinos nativos radica na sua considerável variabilidade genética (COLLI *et al.*, 2018b; SEVANE *et al.*, 2018; YI *et al.*, 2022). No entanto, esses recursos estão seriamente ameaçados pelas práticas de cruzamento e/ou substituição por raças comerciais transfronteiriças (RIBEIRO *et al.*, 2017).

Nas últimas décadas, pesquisas abordando diversidade genética têm aumentado significativamente (OLSCHEWSKY; HINRICHS, 2021). Avaliar regularmente o estado de conservação genética do gado é crucial para evitar a erosão genética e conservar a diversidade (YARO *et al.*, 2017). A análise da variabilidade genética em caprinos é fundamental para direcionar abordagens para conservar e utilizar o germoplasma, oferecendo, assim, informações significativas, além das características fenotípicas convencionais. Conseqüentemente, isso expande a compreensão da história das raças caprinas e facilita o processo de tomada de decisão (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014). Assim, compreender a variabilidade genética é crucial para desenvolver estratégias eficazes de manejo, conservação e melhoramento genético, bem como para garantir a sustentabilidade da produção de caprinos.

De acordo com Olschewsky e Hinrichs (2021), há diferentes tipos de técnicas de marcadores que têm sido predominantemente utilizadas em estudos de diversidade genética de animais de interesse zootécnico; são elas: polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP), análise do DNA mitocondrial (mtDNA), DNA polimórfico amplificado ao acaso (RAPD), a técnica de polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados (AFLP), a técnica do cromossomo Y, microssatélites (SSR) e polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). Com o avanço das tecnologias de sequenciamento, as análises genéticas passaram a ser mais abrangentes. Nesse sentido, o uso do sequenciamento do genoma completo (Whole-Genome Sequencing, WGS) em caprinos proporcionou avanços importantes, permitindo uma compreensão mais ampla da variabilidade genética em todo o genoma (BENJELLOUN *et al.*, 2015; YAO *et al.*, 2023). Além disso, Ajmone-Marsan *et al.* (2023) mencionam a genotipagem por sequenciamento (GBS) como outra importante tecnologia genômica para a caracterização molecular da diversidade dos recursos genéticos animais, a qual possui duas abordagens: (i) WGS de baixa profundidade e (ii) sequenciamento de um subconjunto específico do genoma.

Os avanços nas tecnologias moleculares e nas abordagens analíticas bioinformáticas resultaram em um aumento significativo no número de publicações científicas nessa área (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2014; CORTES; CAÑON; GAMA, 2022; OLSCHESKY; HINRICHS, 2021). Esses estudos variam desde descrições de populações locais até avaliações mais abrangentes dos padrões de diversidade genética em larga escala (COLLI *et al.*, 2018; WHANNOU *et al.*, 2023; YI *et al.*, 2022; ZHONG *et al.*, 2023), permitindo uma compreensão detalhada da variabilidade e da estrutura genética das populações caprinas em nível global. Diante do crescimento contínuo do volume de publicações, a síntese e o mapeamento da evolução e do impacto do conhecimento científico nesse campo podem não apenas elucidar o desenvolvimento histórico e o estado atual da pesquisa, como também direcionar futuras investigações, colaborações e políticas científicas.

Diante do exposto, a abordagem bibliométrica surge como uma ferramenta poderosa para avaliar o estado atual do conhecimento científico e identificar tendências de pesquisa em diferentes áreas de interesse (DUCROT *et al.*, 2016; IDAMOKORO; HOSU, 2022; MCMANUS *et al.*, 2024; ZHOU *et al.*, 2022). O termo “bibliometria” é definido como “o estudo dos aspectos quantitativos de produção, divulgação e uso da informação registrada” (TAGUE-SUTCLIFFE, 1992). Ao analisar a produção científica, essa metodologia permite obter uma visão geral abrangente, identificar lacunas de conhecimento, derivar novas ideias

para investigação e posicionar suas contribuições pretendidas para o campo (DONTHU *et al.*, 2021).

Nesse sentido, o presente trabalho tenta responder às seguintes questões: Quais as tendências no uso de tecnologias moleculares no estudo da diversidade genética em caprinos ao longo do tempo? Que autores e grupos de pesquisa lideram a investigação sobre a caracterização da diversidade genética dos caprinos locais? Quais as regiões mais desfavorecidas nessa área de investigação? Quais as principais fontes de conhecimento científico nesse campo da pesquisa? Ao fornecer uma visão abrangente do estado atual do conhecimento sobre a caracterização molecular da diversidade genética em caprinos, este artigo contribui para o avanço do conhecimento científico nessa área e oferece insights valiosos para pesquisadores, criadores e formuladores de políticas interessados na conservação e na promoção de práticas sustentáveis na criação e na conservação dessa importante espécie. Assim, o objetivo deste trabalho é analisar tendências, padrões e estrutura do conhecimento científico em nível global sobre a diversidade genética dos caprinos (*capra hircus*), com fins de conservação e de uso sustentável.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Estratégia de pesquisa

O desenvolvimento da equação de pesquisa foi realizado por meio de técnicas de mineração de texto e análise de redes de coocorrência de palavras-chave para a identificação de termos pertinentes a serem incorporados, por meio do uso do pacote litsearchr, versão 1.0.0 (GRAMES *et al.*, 2019), dentro do software R, versão 4.3.1 (R CORE TEAM 2023).

A equação resultante foi a seguinte: TS=(("genetic analys*" OR "genetic characterization" OR "genetic diversity" OR "genetic variability" OR "genetic variation" OR "genetic differentiation" OR "genetic distance*" OR "genetic polymorphism*" OR "genetic relationship" OR "genomic variation" OR "haplotype diversity" OR "genetic structure" OR "population structure" OR "population genetic" OR "structure analys*" OR "principal component analysis" OR "phylogenetic analys*" OR "sequence analys*" OR "observed heterozygosity" OR "allele frequenc*" OR "allelic richness" OR "runs of homozygosity" OR "FROH" OR "inbreeding coefficient*" OR "effective number" OR "effective population" OR "fixation index" OR "genetic bottleneck" OR "hardy-weinberg equilibrium" OR "linkage

disequilibrium" OR "nucleotide polymorphism*" OR "phylogenetic relationship*" OR "polymorphi* information") AND ("capra hircus" OR caprine* OR goat*) AND ("genetic marker*" OR "molecular marker*" OR "DNA marker*" OR AFLP OR RFLP OR "fragment length polymorphism*" OR RAPD OR microsatellite* OR SSR OR "mitochondrial DNA" OR mtDNA OR "y-chromosome*" OR "single nucleotide polymorphism*" OR SNP* OR "sequencing data" OR "next-generation sequencing" OR "genome-wide*" OR "whole-genome*"))).

2.2. Levantamento de banco de dados

Foi executada uma busca de alta sensibilidade no banco de dados bibliográficos Web of Science Core Collection com o uso da equação de pesquisa gerada. O resultado inicial, sem a aplicação das ferramentas de refinamento, foi 1.808 artigos da coleção principal do Web of Science. Após refinada por ano (até 2023), língua (inglesa, espanhola, portuguesa), tipo de documento (artigos), Categorias Web of Science, Temas de citas Meso, Temas de citas Micro e Áreas de Pesquisa, a busca diminuiu o número de artigos para 577.

Para a seleção final dos artigos, foram definidos alguns critérios de inclusão, de tal forma que somente estudos com o escopo da pesquisa fossem considerados nas análises subsequentes, ou seja: 1) Que fossem artigos científicos de pesquisa primária; 2) que fossem em inglês, português ou espanhol; 3) que a data de publicação fosse até dezembro de 2023; 4) que o alvo de estudo fosse populações de caprinos de todo o mundo; 5) que o estudo avaliasse a diversidade genética por meio de da genotipagem, com o uso de técnicas de marcadores moleculares ou sequenciamento; e 6) que fossem considerados aspectos quantitativos da diversidade genética, incluindo parâmetros intra e inter-raciais. Estudos avaliando a variabilidade em genes específicos e sua associação com características de interesse econômico não foram considerados, assim como marcadores não aconselhados pela FAO (2011) para estudos de diversidade, como o complexo principal de histocompatibilidade (MHC) ou outros polimorfismos proteicos e grupos sanguíneos. Após a seleção dos artigos de acordo com os critérios definidos, os resultados da base de dados foram exportados, e o banco de dados resultante foi submetido a uma limpeza e padronização para posterior análise.

2. 3. Análises dos dados e visualização

Para as análises de mapeamento científico e estatísticas descritivas, foram utilizados o pacote Bibliometrix 4.1.4 (ARIA; CUCCURULLO, 2017), implementado no programa R, versão 4.3.1 (R CORE TEAM, 2023), e o programa VOSviewer® 1.6.20 (VAN ECK; WALTMAN, 2010; MCALLISTER *et al.*, 2022). Foram analisadas as tendências temporais da publicação dos artigos sobre o tema, as tendências no uso de tecnologias moleculares e a correlação entre o número de publicações e os anos de publicação. Realizou-se a identificação de autores, instituições, revistas e países mais relevantes nesse tema. A Lei de Lotka (LOTKA, 1926) e a Lei de Espalhamento de Bradford (BRADFORD, 1934) foram verificadas. Utilizando técnicas de análise de redes, foram mapeadas as conexões entre autores e países. Ademais, para visualizar as inter-relações entre principais autores, tecnologias de caracterização genética e principais revistas científicas, foi utilizado o princípio do diagrama de Sankey para criar um gráfico de três campos e, assim, obter uma melhor compreensão da estrutura do conhecimento científico nesse tema. Por fim, uma análise de citação e produção científica mais relevante foi executada. Os gráficos foram gerados, usando-se o software R, e o programa VOSviewer®.

3. RESULTADOS

3.1. Características e tendências temporais

Na base de dados bibliográficos Web of Science, após a seleção dos artigos de acordo com os critérios definidos, foram encontrados 347 artigos científicos que abordaram a caracterização da variabilidade genética em caprinos, publicados entre os anos de 1999 e 2023. A Figura 1 mostra um crescimento linear no número de publicações nesse campo da ciência, com uma taxa de crescimento anual de 8,86% e uma média anual de publicações de 13,88 artigos. Desde o começo da produção científica nesse campo da investigação (1999), 2000 foi o único ano em que não foram publicados trabalhos. A média de antiguidade de publicação dos documentos foi de 9,19 anos.

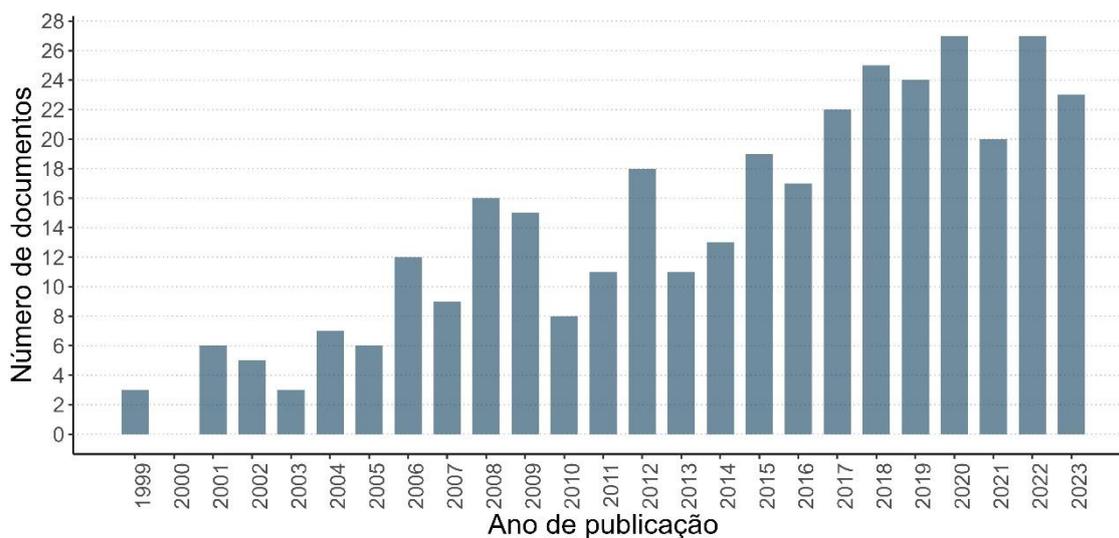


Fig. 1. Distribuição da produção científica anual sobre caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos).

Foi conduzida uma análise de regressão para investigar a relação entre a produção da pesquisa na área e os anos de publicação. Os resultados apontaram uma elevada dependência entre a evolução do tempo e o aumento da produção científica ($r = 0,925$; $R^2 = 0,86$), com um valor de $p < 0,01$ (Fig. 2).

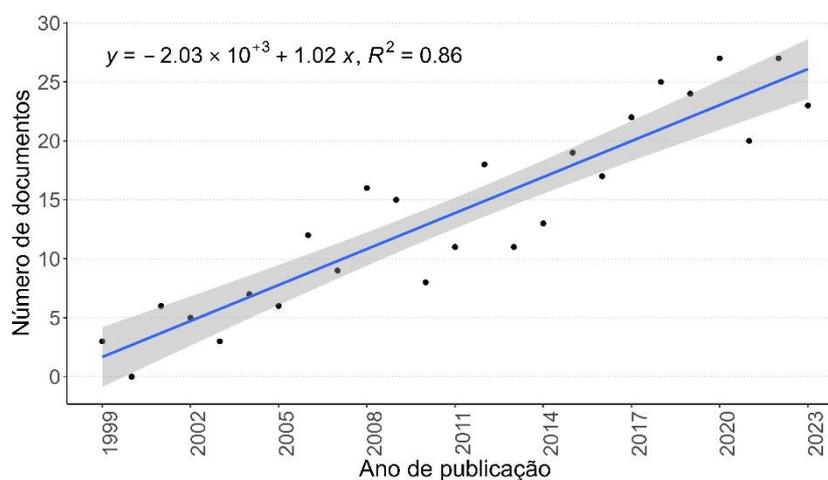


Fig. 2. Análise de regressão do número de documentos produzidos por ano no tema.

Ao longo do tempo, diferentes tecnologias moleculares de genotipagem têm sido usadas na exploração da diversidade genética na espécie caprina. Os microssatélites são o tipo de marcador que tem sido mais usado para essa finalidade, seguidos pelos SNPs. Outros marcadores moleculares, como RAPD e AFLP, também têm sido usados na espécie caprina, mas com uma frequência muito menor em relação aos supramencionados (Fig. 3 e 4). Os

microsatélites, um dos primeiros marcadores utilizados na espécie caprina (desde 1999), tiveram um incremento significativo em 2008, com a publicação de 14 artigos, atingindo seu auge em 2017, com 15 artigos. No entanto, nos anos subsequentes, seu uso foi gradualmente diminuindo devido ao aumento da utilização de sequenciadores, o que permitiu um acesso mais amplo à variabilidade genética por meio dos SNPs. O uso desses marcadores deu um salto exponencial a partir de 2018, com a publicação de dez artigos. Na atualidade, por meio do sequenciamento de nova geração, os painéis de SNPs são os marcadores mais usados na caracterização da variabilidade genética dos recursos genéticos caprinos. Além disso, abordagens mais sofisticadas e abrangentes, como WGS e GBS, começaram a ser usadas a partir de 2015 e 2016, respectivamente. Ambas as tecnologias (WGS e GBS) ainda são empregadas com baixa frequência na atualidade (Fig. 3).

O DNA nuclear, marcador biparental, é o mais utilizado para as pesquisas de diversidade genética em caprinos, seguido do DNA mitocondrial e, na sequência, do Cromossomo Y, ambos marcadores uniparentais.

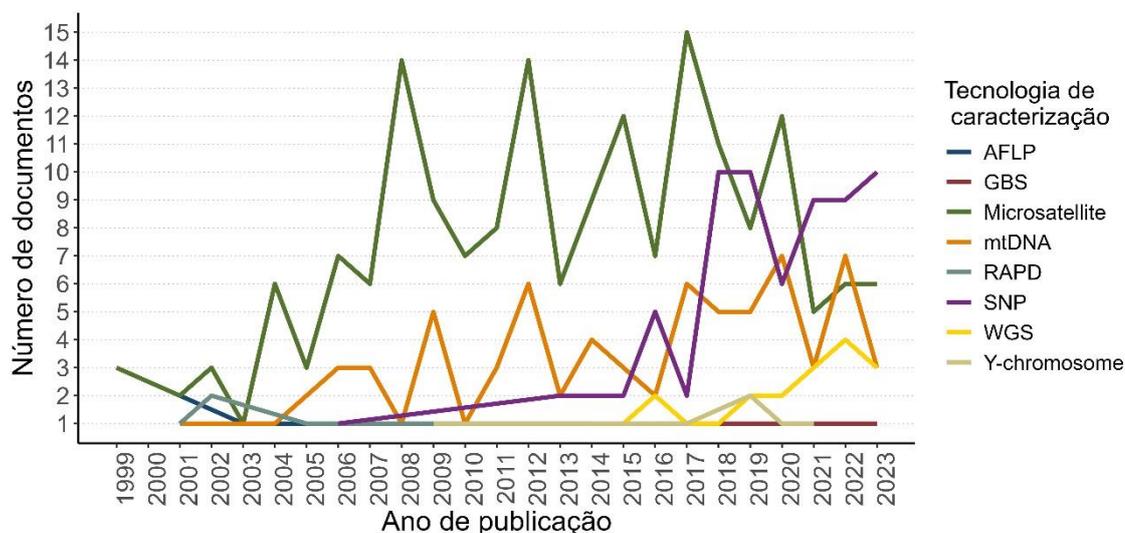


Fig. 3. Evolução no uso de tecnologias moleculares para a caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos).

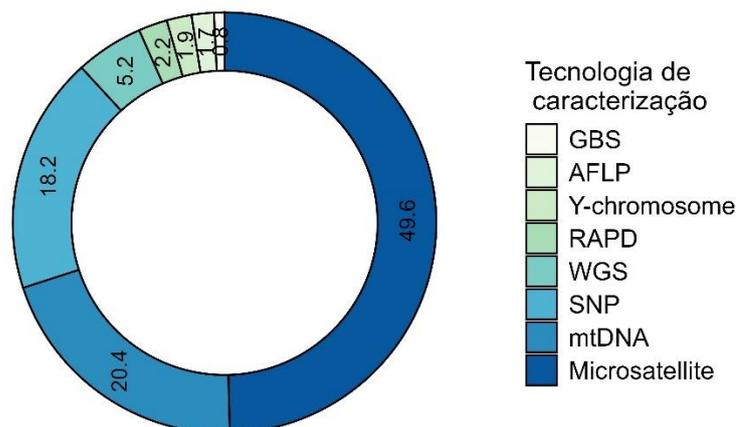


Fig. 4. Distribuição (%) do uso pelos pesquisadores das tecnologias para a caracterização da diversidade genética em caprinos entre 1999 e 2023 (n = 347 estudos incluídos).

3.2. Análise de autores e colaboração científica

Um total de 1.586 autores foi identificado como produtores de conteúdo relevante na área de estudo em questão. Os mais importantes em termos de número de artigos publicados, citações e índice h foram Verma NK, Aggarwal RAK, Dixit SP, Martinez AM e Delgado JV, com 25, 25, 23, 20 e 18 publicações, respectivamente (Tabela 1). Os três primeiros autores estão afiliados ao National Bureau of Animal Genetic Resources da Índia, enquanto Martinez AM e Delgado JV são da Universidade de Córdoba, na Espanha.

Tabela 1. Os dez pesquisadores mais produtivos da área da caracterização da diversidade genética em caprinos em nível global.

Autor	ND	CT	Índice h	Cluster	Links	FTL	AMP	AIP	AUP
Verma, NK	25	334	12	4	27	129	2011	2005	2022
Aggarwal, RAK	25	315	11	4	26	128	2012	2005	2022
Dixit, SP	23	310	11	4	25	116	2010	2005	2021
Martinez, AM	20	304	9	8	45	131	2014	2006	2022
Delgado, JV	18	298	9	8	45	130	2014	2006	2022
Ahlawat, SPS	17	205	9	4	21	82	2011	2005	2023
Ma, Y	16	282	10	2	54	107	2017	2009	2023
Sharma, R	16	142	7	4	8	24	2012	2005	2022
Crepaldi, P	12	287	9	3	55	121	2016	2001	2023
Amills, M	12	248	9	6	57	113	2016	2009	2022

ND, Número de documentos; CT, Citações totais; FTL, Força total do link; AMP, Ano médio de publicação; AIP, Ano de início de publicações; AUP, Ano de última publicação.

Entre os dez autores mais produtivos, Crepaldi P destaca-se por ter a cronologia mais longa e consistente (2001-2023), publicando artigos científicos sobre o tema até o final do período de busca desta pesquisa. Por outro lado, Amills M tem a cronologia mais curta, publicando sobre o tema entre os anos de 2009 e 2022. Além disso, é observado que a maioria dos principais autores publicou consistentemente ao longo dos anos.

Um teste foi conduzido para verificar se a produção científica nesta área do conhecimento segue a distribuição prevista pela Lei de Lotka (LOTKA, 1926). Foi observado que a grande maioria dos autores (73%) publicou apenas um artigo científico, enquanto uma parcela muito pequena (0,7%) se destacou por produzir mais de dez artigos, seguindo a distribuição esperada (Fig. 5). Do total de autores, foi identificado um pesquisador como autor de documentos de autoria única. Por outro lado, a média de coautores por documento foi de 7,55, com uma importante participação de coautorias internacionais (40,06%), indicando que a colaboração é uma prática comum no presente tema de pesquisa.

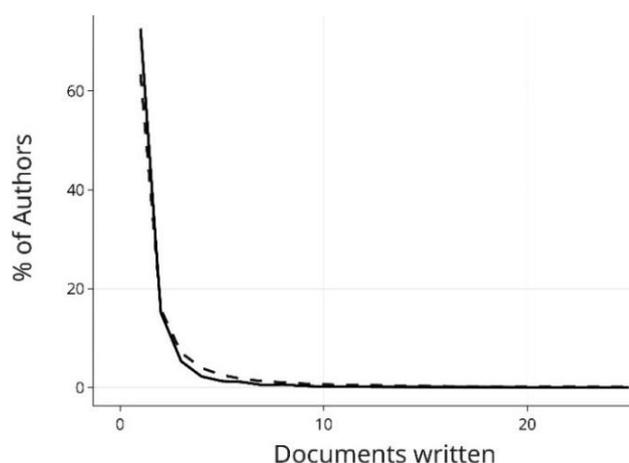


Fig. 5. Distribuição da frequência da produção científica por autores (linha contínua) e a esperada pela Lei de Lotka (linha tracejada).

Entre os 1.586 autores identificados, 423 tiveram pelo menos dois artigos publicados, e 317 desses autores tiveram conexões com outros pesquisadores. Uma rede de colaboração foi construída a partir dessas relações (Fig. 6), que mostra a presença de 33 grupos distintos. A análise mostrou que os grupos na área eram consistentes e incluíam uma grande quantidade de pesquisadores. Os clusters de um a oito foram os mais notáveis, cada um contendo mais de 20 pesquisadores. Com exceção do cluster quatro, que se mostrou mais isolado dos outros, todos esses grupos demonstraram uma forte conexão entre si. O cluster quatro, no entanto, destacou-

se pela presença dos três principais pesquisadores (Verma NK, Aggarwal RAK, Dixit SPP) e do sexto (Ahlawat SPS).

Além disso, foram identificados 14 clusters compostos por menos de cinco pesquisadores (clusters 20 a 33), caracterizados por terem poucas conexões com outros grupos de pesquisa. Por outro lado, autores emergentes com mais de uma publicação no tema (Gopalakrishnan R, Thazhathuveetil A e Thomas M) foram identificados no cluster 25.

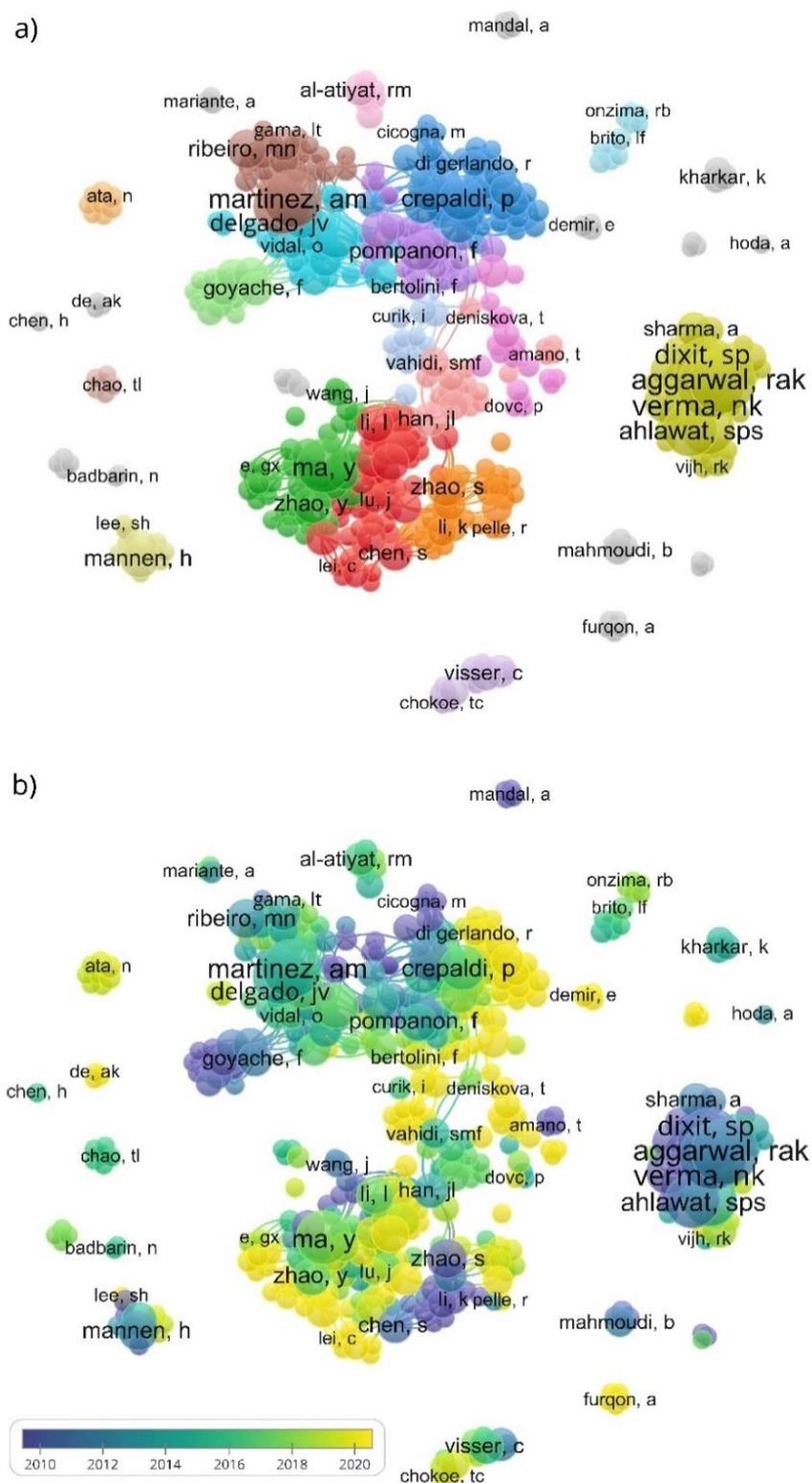


Fig. 6. Rede de colaboração entre os autores. A distância e a espessura das linhas conectando os círculos indicam a força de relacionamento entre os autores; os círculos representam os autores; e o tamanho do círculo é proporcional ao número de publicações. **a)** A cor representa os clusters da rede; e **b)** a cor indica o ano médio de publicação de acordo com as legendas.

Os resultados mostraram que o Conselho Indiano de Pesquisa Agrícola (ICAR) e o Departamento Nacional de Recursos Genéticos Animais (ICAR- NBAGR) lideraram a produção de artigos científicos entre as instituições de pesquisa consideradas, com um total de 43 e 39 publicações, respectivamente (Fig. 7). O ICAR é uma instituição nacional responsável por coordenar e supervisionar a pesquisa agrícola na Índia, enquanto o NBAGR é um órgão do ICAR, especializado em recursos genéticos animais. Em seguida, o Instituto de Ciência Animal, a Universidade Autônoma de Barcelona e a Academia Chinesa de Ciências Agrícolas são instituições que também têm contribuído significativamente com uma importante produção científica, com 22, 19 e 18 trabalhos, respectivamente.

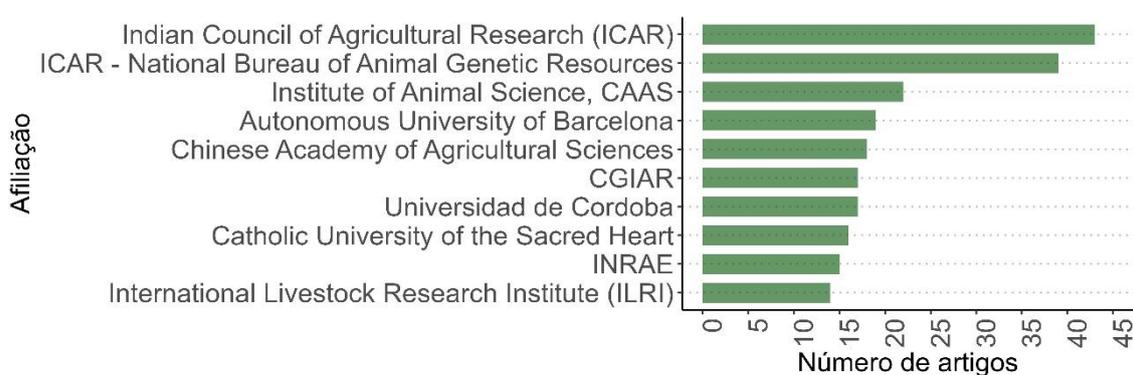


Fig. 7. Instituições de pesquisa mais relevantes de acordo com o número de trabalhos científicos.

Analisou-se a produção científica por país, utilizando-se de uma abordagem que conta o número de vezes em que os autores de cada país são mencionados nas afiliações dos artigos científicos, o que implica que cada artigo é atribuído a todos os países de seus respectivos coautores, resultando em um aumento no número de menções para cada país em questão. Como resultado, a soma do indicador de produção excede o número total de artigos.

Os resultados indicaram que 92 países contribuíram para a pesquisa do tema, sendo que China (n=198), Itália (n=128), Índia (n=108), Espanha (n=100) e Brasil (n=62) foram os mais produtivos, com base na frequência de menções de seus autores nos trabalhos científicos (Fig. 8a). Os continentes mais relevantes em termos de participação de seus autores em pesquisas sobre o tema de interesse foram Ásia (40%) e Europa (34,7%), enquanto África (13,52%), América (10,67%) e Oceania (1,11%) foram os menos produtivos (Fig. 8.b). Os países asiáticos mais relevantes, China e Índia, iniciaram a publicação de estudos no campo da caracterização genética molecular na espécie caprina a partir de 1999 e 2001, respectivamente.

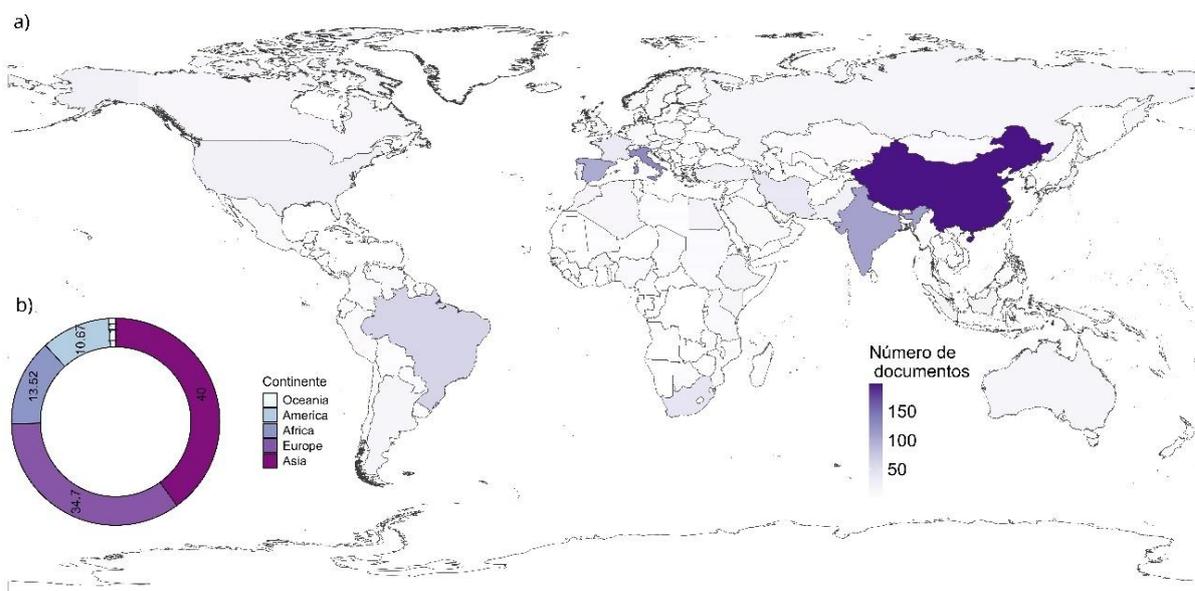


Fig. 8. a) Mapa de calor dos países; e **b)** gráfico de rosca (%) dos continentes de acordo com o número de publicações sobre o tema.

Por meio da utilização de técnicas de análise de redes, foram identificadas as conexões entre países (Fig. 9), evidenciando que, dos 92 países identificados nos artigos científicos, 89 deles mantêm conexões com outras nações, indicando uma notável tendência à internacionalização. A análise resultou na identificação de 11 clusters, considerando-se os países conectados. Os resultados apontam que, apesar de serem os mais produtivos, China (cluster 9) e Índia (cluster 8) possuem menor número de conexões (24 e seis, respectivamente) com outros países, em comparação com Espanha, Itália e Brasil, que possuem 40, 34 e 33 conexões, respectivamente. Adicionalmente, foram identificadas nações emergentes, como a Bélgica, a Estônia, o Uruguai e a República Democrática do Congo, com as três primeiras apresentando uma média de publicação anual de 2023, e a última, de 2022.

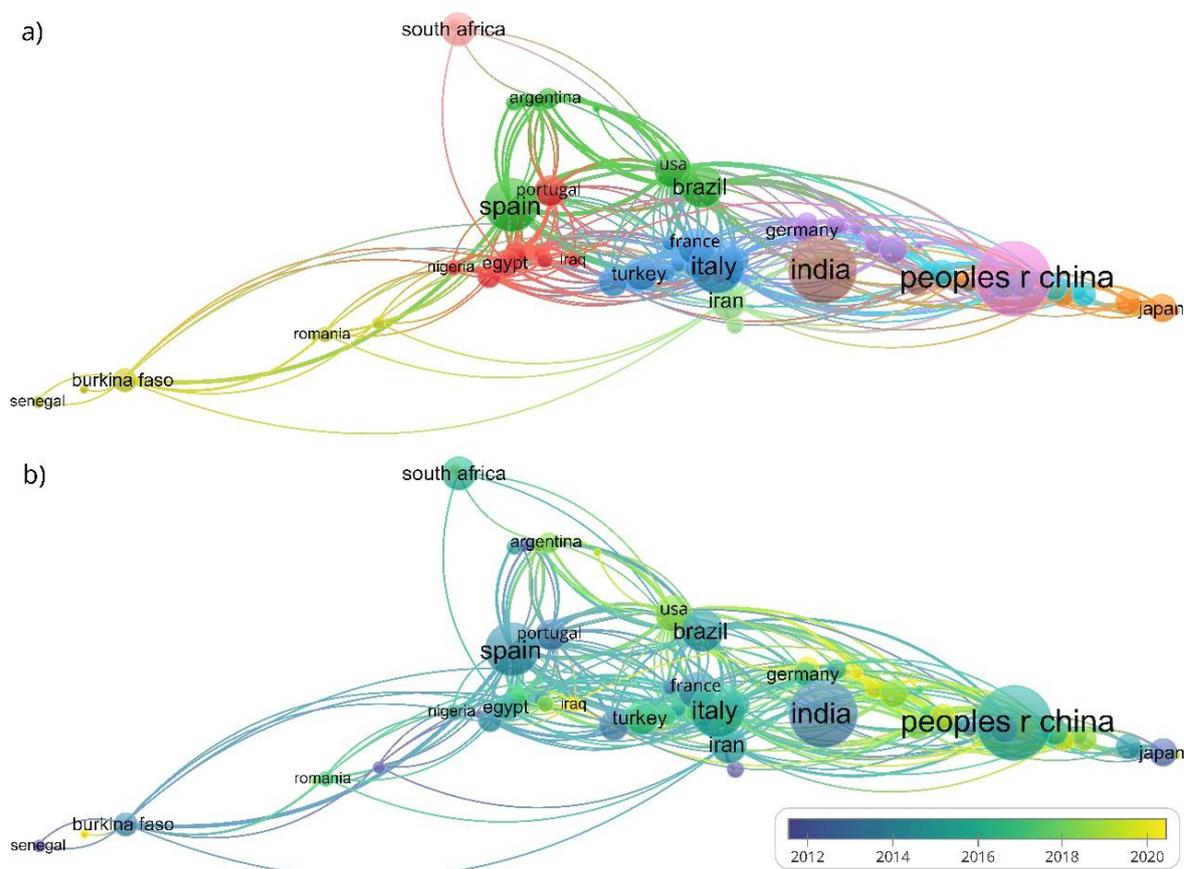


Fig. 9. Rede de colaboração entre países. A distância e a espessura das linhas conectando os círculos indicam a força de relacionamento entre os países; os círculos representam os países; e o tamanho do círculo é proporcional ao número de publicações. **a)** A cor indica os clusters da rede; e **b)** a cor indica o ano médio de publicação de acordo com as legendas.

3.3. Revistas científicas mais relevantes e fator de impacto

Um total de 86 periódicos publicou estudos científicos sobre caracterização da diversidade genética em caprinos, dos quais os dez mais produtivos publicaram mais da metade dos trabalhos na área (55,9%). Os mais proeminentes em termos de quantidade de artigos foram o Small Ruminant Research, o Indian Journal of Animal Science, o Animal Genetics e o Animals, com 53 (15,3%), 31 (8,9%), 22 (6,3%) e 18 (5,2%) trabalhos, respectivamente (Fig. 10a).

Essa tendência é corroborada pelo gráfico da Lei de Dispersão de Bradford (Fig. 11), no qual esses quatro jornais são posicionados na primeira zona (zona 1). Esta é composta por um pequeno grupo de revistas que publicaram a maioria dos artigos sobre o tema, ou seja, as mais populares. Além disso, a análise revelou duas zonas adicionais: a periférica (zona 2), que incluiu um maior número de periódicos (13) que publicaram menos artigos sobre o assunto; e a de

dispersão (zona 3), que abrangeu um grande número de periódicos (69) que publicaram apenas um número limitado de artigos.

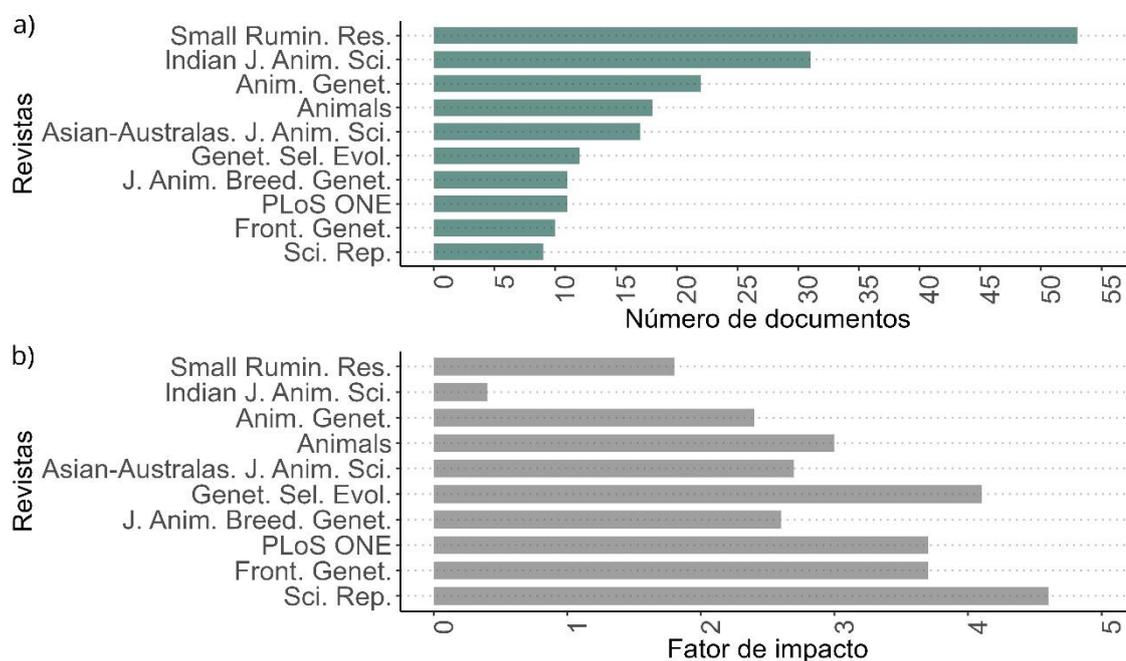


Fig. 10. Revistas científicas mais relevantes de acordo com **a)** número de artigos científicos e **b)** fator de impacto.

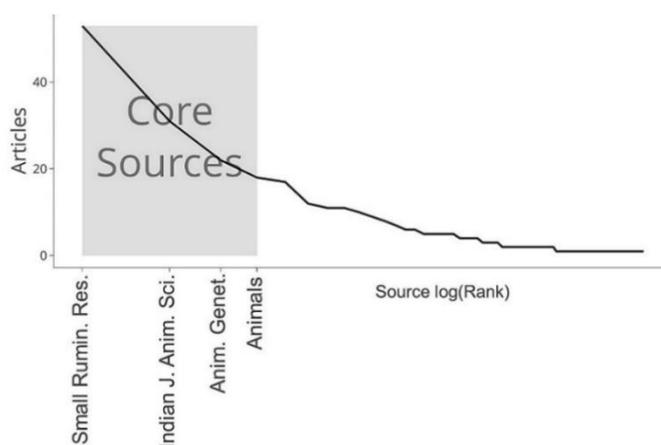


Fig. 11. Gráfico da Lei de Bradford indicando as principais fontes da literatura no campo da diversidade genética dos caprinos.

O fator de impacto das dez revistas mais produtivas variou de 0,4 (Indian Journal of Animal Science) a 4,6 (Scientific Reports), com uma média de 2,9. A revista científica mais produtiva (Small Ruminant Research) teve um fator de impacto de 1,8 (Fig. 10b). Por outro lado, a média do fator de impacto geral foi de 2,05, variando de 10,7 (Molecular Biology and Evolution) a 0,056 (Indian Veterinary Journal).

A síntese do conhecimento científico sobre o tema foi delineada através da identificação da relação dos principais autores, informações das tecnologias moleculares de análise da diversidade genética e periódicos científicos. O diagrama de três campos (Fig. 12) revelou os mesmos dez principais autores encontrados nas análises anteriores (Tabela 1), os quais avaliaram a diversidade genética em caprinos utilizando predominantemente marcadores moleculares microssatélites, com exceção de Crepaldi P e Amills M, que usaram outras tecnologias. Além disso, o diagrama de três campos foi consistente com a Lei de Bradford (Fig. 11), pois identificou os mesmos principais periódicos nos quais os autores mais produtivos publicaram seus trabalhos. Por outro lado, verificou-se que os artigos que usaram tecnologias mais recentes para o estudo da diversidade tenderam a ser publicados em revistas com maior fator de impacto, o que resulta, conseqüentemente, em aumento no número de citações desses trabalhos.

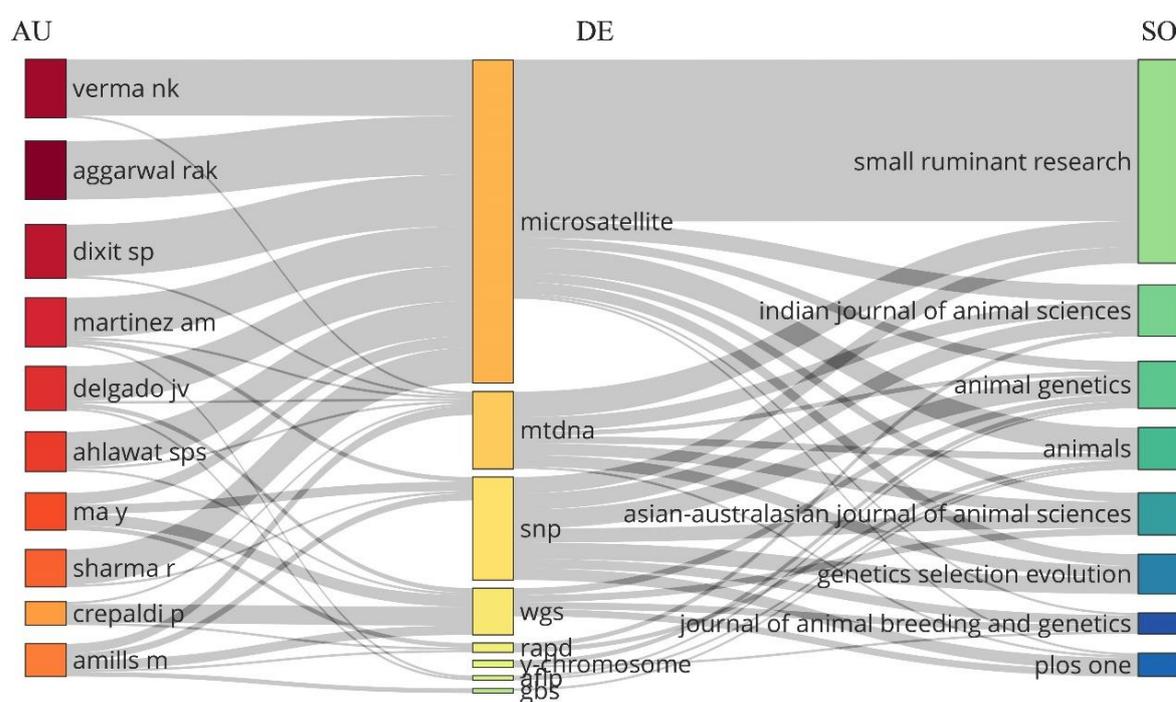


Fig. 12. Diagrama de três campos representando o conhecimento científico sobre a caracterização da diversidade genética em caprinos. **AU**: principais autores, **DE**: tecnologias moleculares de caracterização genética e **SO**: revistas científicas.

3.4 Análise de citações e literatura científica mais relevante

Foi contabilizado um total de 6.031 referências nos 347 documentos recuperados na busca, e uma média de 16,11 citações por documento, totalizando 5.591 citações. Dos artigos incluídos nesta análise cientométrica, 152 (43,8%) receberam mais de dez citações, enquanto a

maioria, 162 (46,7%), recebeu de um a dez citações. Um total de 33 (9,5%) não recebeu citações até a data de exportação dos resultados da pesquisa na base de dados bibliográficos.

Além da análise dos índices de citação, foram identificados os artigos mais citados na área de estudo. Essa abordagem possibilita uma avaliação minuciosa da relevância e do impacto dos trabalhos de pesquisa previamente publicados. Na Tabela 2, encontram-se os 15 artigos mais citados, publicados em nove periódicos distintos, representando 26,4% (n = 1.476) do total de citações na coleção. Esses artigos foram publicados entre 1999 e 2018, com um total de citações variando de 60 (NICOLOSO *et al.*, 2015) a 166 (NADERI *et al.*, 2007). Apesar de ocupar o décimo primeiro lugar na lista, o trabalho de Colli *et al.* (2018) apresentou o maior número de citações por ano (11,14). As revistas *Animal Genetics* e *Genetics Selection Evolution* foram responsáveis pela publicação da maioria dos artigos (n = 6) na lista dos documentos mais relevantes, contribuindo com 10,6% (n = 591) do total de citações.

Tabela 2. Os 15 artigos científicos sobre caracterização da diversidade genética de caprinos mais citados segundo a base de dados WOS.

Artigo	DOI	Citações totais	CT por ano	CT Normalizadas
NADERI S, 2007, PLOS ONE	10.1371/journal.pone.0001012	166	9,22	5,37
CAÑÓN J, 2006, ANIM GENET	10.1111/j.1365-2052.2006.01461.x	152	8,00	4,54
JOSHI MB, 2004, MOL BIOL EVOL	10.1093/molbev/msh038	131	6,24	3,26
BARKER JSF, 2001, J ANIM BREED GENET	NA	120	5,00	2,49
SAITBEKOVA N, 1999, ANIM GENET	10.1046/j.1365-2052.1999.00429.x	117	4,50	2,11
CHEN SY, 2005, MOL PHYLOGENET EVOL	10.1016/j.ympev.2005.06.014	99	4,95	2,33
LI MH, 2002, GENET SEL EVOL	10.1186/1297-9686-34-6-729	95	4,13	2,64
SULTANA S, 2003, ANIM GENET	10.1046/j.0268-9146.2003.01040.x	89	4,05	2,23
BRITO LF, 2017, BMC GENOMICS	10.1186/s12864-017-3610-0	87	10,88	6,23
PEREIRA F, 2009, MOL BIOL EVOL	10.1093/molbev/msp200	81	5,06	3,13
COLLI L, 2018, GENET SEL EVOL	10.1186/s12711-018-0422-x	78	11,14	4,06
ONZIMA RB, 2018, FRONT GENET	10.3389/fgene.2018.00318	69	9,86	3,59
BENJELLOUN B, 2015, FRONT GENET	10.3389/fgene.2015.00107	68	6,80	3,39
GUO JZ, 2018, SCI REP-UK	10.1038/s41598-018-28719-w	64	9,14	3,33
NICOLOSO L, 2015, GENET SEL EVOL	10.1186/s12711-015-0140-6	60	6,00	2,99

* CT = Citações totais

4. DISCUSSÃO

A presente análise bibliométrica oferece uma visão global do cenário da pesquisa sobre a caracterização molecular da diversidade genética da espécie caprina. A quantidade de estudos científicos primários recuperados (347) na base de dados Web of Science sobre esse assunto foi considerável e atingiu o limite aceitável para a análise bibliométrica, que requer um tamanho mínimo de amostra de 200 artigos (ROGERS; SZOMSZOR; ADAMS, 2020). Os resultados revelam um aumento constante no número de publicações ao longo do período de 1999 a 2023, evidenciando um crescente e contínuo interesse da pesquisa sobre genética caprina, tanto do ponto de vista acadêmico quanto prático.

A taxa de crescimento anual nesse campo é de 8,86%, superior às taxas de 5% e 4,92% reportadas por Ducrot *et al.* (2016) e Banchi *et al.* (2022) nos campos de pesquisa sobre “doenças infecciosas que afetam animais de criação” e “tendências na reprodução de pequenos animais”, respectivamente. Além disso, o campo do conhecimento analisado neste trabalho também é superior à taxa de crescimento global reportada na Web of Science para o conjunto de todas as disciplinas científicas. Porém, uma taxa de crescimento anual superior (12,93%) foi observada por Idamokoro e Hosu (2022) na área de “produção rural de frango e segurança alimentar”.

A taxa de crescimento superior no presente tema de pesquisa em relação a outras áreas do conhecimento se justifica. Uma das principais razões pode ser atribuída ao valor da diversidade dos recursos genéticos caprinos, especialmente das raças nativas, que é fundamental para a adaptabilidade, sobretudo no contexto atual e futuro das mudanças climáticas globais (MILLER; LU, 2019). Por conseguinte, é essencial realizar um monitoramento contínuo do estado de conservação genética desses recursos, para garantir uma gestão adequada e conservar sua diversidade (YARO *et al.*, 2017).

Por outro lado, outro importante fator, que tem desempenhado um papel crucial para o crescimento desse campo de pesquisa, é a evolução das tecnologias moleculares ocorrida ao longo do tempo. Inicialmente, os microssatélites foram os marcadores moleculares mais amplamente utilizados para caracterizar a variabilidade genética caprina, atingindo seu pico de uso em 2017. Esse tipo de marcador tem sido favorecido por seu elevado polimorfismo, ser um método econômico e ter utilidade em estudos de diversidade genética e estrutura populacional (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022; GIPSON, 2019; WHANNOU *et al.*, 2023).

Os microssatélites, embora ainda sejam úteis na atualidade, têm sofrido um declínio em sua utilização à medida que os SNPs oferecem vantagens significativas em termos de resolução genômica, precisão e facilidade de comparação entre diferentes conjuntos de dados, promovendo uma integração mais eficiente das informações (LAOUN *et al.*, 2020). Além disso, esse deslocamento é reflexo da evolução natural das técnicas de genotipagem, cujas tecnologias mais novas e abrangentes substituem as anteriores à medida que se tornam mais acessíveis e oferecem benefícios claros em termos de resolução e aplicabilidade (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022).

Além dos microssatélites e dos SNPs no DNA nuclear, marcadores no mtDNA tiveram um importante protagonismo em estudos sobre a variabilidade genética da espécie caprina. Os estudos usando mtDNA têm sido úteis, sobretudo, para avaliação de origem materna, diversidade genética, estrutura populacional, relações filogenéticas e história demográfica de caprinos (NGULUMA *et al.*, 2021; YI *et al.*, 2022). Da mesma forma, estudos com marcadores no cromossomo Y, assim como com outros marcadores no DNA nuclear, como RAPD e AFLP, também foram úteis na área, embora tenham sido empregados com menos frequência.

Nos últimos anos, tecnologias ainda mais avançadas, como WGS e GBS, começaram a ser empregadas (AJMONE-MARSAN *et al.*, 2023; OLSCHESKY; HINRICHS, 2021). Essas abordagens oferecem uma visão mais abrangente da variabilidade genética em nível do genoma caprino (CHEN *et al.*, 2022; MA *et al.*, 2023), embora ainda sejam utilizadas com menor frequência devido a custos mais elevados e maior complexidade técnica no processamento dos dados. A tendência sugere, no entanto, que essas técnicas podem tornar-se mais prevalentes à medida que os custos diminuem, e a tecnologia se torna mais acessível (CORTES; CAÑON; GAMA, 2022).

Em relação às instituições mais produtivas na área, o ICAR e o NBAGR destacaram-se como as principais. Elas colaboram para proteger e conservar os recursos genéticos dos animais de fazenda na Índia, conduzindo pesquisas, promovendo o registro de novas raças e desenvolvendo tecnologias voltadas para a conservação genética. A análise bibliométrica mostrou que o NBAGR, a segunda instituição mais relevante em termos de produção no campo, tem desempenhado um papel crucial na liderança de estudos sobre a conservação e o melhoramento genético de caprinos na Índia, o terceiro país mais produtivo em nível global. Essa instituição concentra os três autores mais relevantes no campo, Verma NK, Aggarwal

RAK e Dixit SP, que emergem como líderes na produção científica desse campo, o que sugere um foco estratégico e bem-sucedido em pesquisas genéticas caprinas nesse país asiático.

Por outro lado, Martinez AM e Delgado JV, afiliados à Universidade de Córdoba na Espanha, também figuram entre os principais geradores de conteúdo relevante. Essa universidade tem sido um polo de pesquisa importante no estudo da genética caprina, contribuindo para a compreensão da variabilidade genética, especialmente no contexto europeu e americano. Além dos autores espanhóis, outros estudiosos de países europeus, como Itália, França e Portugal, têm contribuído consistentemente no avanço do conhecimento científico desse campo.

O avanço nesse campo da pesquisa tem sido sustentado por importantes investimentos em pesquisa e desenvolvimento, bem como pela colaboração internacional. Os artigos com coautoria internacional revelam uma rede diversificada e interconectada, com a Europa desempenhando um papel central na conexão entre diferentes regiões. Tais colaborações são essenciais para abordar questões de diversidade genética com uma visão mais holística e abrangente. Nesse sentido, a rede COMBIAND (<https://conbiand.site/>) tem contribuído substancialmente, atuando como um importante elo entre os países da América, Espanha, Portugal e outros com os mesmos objetivos, facilitando a cooperação em investigação, desenvolvimento, inovação e transferência de tecnologia.

Além disso, várias iniciativas internacionais, como o projeto AdaptMap (STELLA *et al.*, 2018), o programa internacional VarGoats (DENOYELLE *et al.*, 2021), o projeto NEXTGEN (<https://archiveweb.epfl.ch/nextgen.epfl.ch/>) e o Banco de Dados de Variação do Genoma Caprino (GGVD) (FU *et al.*, 2021), produziram de forma abrangente dados de sequenciamento genômico de populações no mundo, contribuindo para exploração e melhor compreensão da diversidade genética, diferenciação genética, processos de domesticação, especiação e hibridização, além de exploração de variabilidade genética, assinaturas de seleção e regiões de introgressão.

Em termos regionais, o continente asiático destacou-se em relação ao europeu na contribuição dos seus autores na geração de publicações sobre o tema, com China e Índia como os dois mais importantes ao longo do tempo. Nesse contexto, a presença de grandes rebanhos de caprinos em ambos os países (132.359.660 e 149.994.093 cabeças, respectivamente, na China e na Índia) (FAO, 2024), e uma importante diversidade de raças (FAO, 2022), tem

proporcionado uma base rica para estudos aprofundados, permitindo-lhes se destacarem na produção de conhecimento e inovação na área. Por outro lado, embora o continente asiático tenha participado da publicação de maior quantidade de trabalhos científicos nesse campo, a Europa mostrou um envolvimento proporcionalmente maior de seus países. Especificamente, 59% dos países europeus participaram de estudos sobre a diversidade genética caprina, em comparação com 47% dos países asiáticos, 44% dos africanos e 40% dos americanos. O continente cujos países tiveram uma participação proporcionalmente menor foi a Oceania, com apenas 14% de seus países contribuindo para essa área de pesquisa.

Essa distribuição revela que, enquanto a Ásia lidera em volume absoluto de publicações, a Europa possui uma participação mais disseminada entre seus países, indicando uma abordagem colaborativa e ampla no continente. Em contraste, a participação proporcionalmente menor observada na Oceania pode ser atribuída a diversos fatores, incluindo menor censo populacional caprino (FAO, 2024) e, talvez, limitações em recursos específicos para pesquisa no campo dos recursos genéticos dessa espécie. No entanto, isso também indica uma oportunidade para desenvolvimento e ampliação da pesquisa genética nesse continente, potencialmente através de colaborações internacionais e aumento de investimentos na área.

Outro aspecto relevante é a taxa de crescimento anual dos países em diferentes continentes. Nesse sentido, a Europa também se destaca, com uma importante proporção de seus países (25%) apresentando uma taxa de crescimento anual igual ou superior a 15%, seguida pela Ásia (22%), América (11%) e África (9%). Em contraste, nenhum país da Oceania possui uma taxa de crescimento anual igual ou superior a 15%. Se essa tendência de crescimento continuar nos próximos anos, os continentes asiático e europeu manterão sua liderança nesse campo de pesquisa. A alta taxa de crescimento em muitos países europeus e asiáticos sugere um ambiente de pesquisa dinâmico e em expansão, possivelmente impulsionado por investimentos contínuos, infraestrutura robusta e políticas favoráveis à pesquisa científica.

Por outro lado, as taxas de crescimento mais modestas observadas nas Américas, na África e na Oceania podem refletir desafios estruturais ou de financiamento que limitam a expansão da pesquisa nesses continentes. Portanto, é crucial para a produtividade e sustentabilidade dos sistemas de produção caprinos continuar promovendo o reconhecimento da importância da diversidade genética entre produtores, pesquisadores e formuladores de políticas. Incentivar a pesquisa nesse campo pode ajudar essas regiões menos representadas a se integrarem plenamente à rede global de estudos sobre a diversidade genética dos caprinos.

Os estudos sobre a caracterização da variabilidade genética caprina têm sido publicados comumente em revistas científicas especializadas e de alto fator de impacto, refletindo a qualidade e a relevância dessas pesquisas. A respeito, quase um terço (29,7%) dos artigos foram publicados em periódicos com um fator de impacto igual ou superior a três. Além disso, cerca de metade (45,2%) dos trabalhos foi publicada em revistas de acesso aberto, com uma média de fator de impacto de 2,5. Esse tipo de publicação é especialmente relevante, porque facilita a disseminação de forma ampla e imediata do conhecimento científico, permitindo que pesquisadores de todo o mundo, incluindo aqueles em países com menos recursos, possam acessar e utilizar os resultados dessas pesquisas sem barreiras financeiras.

É importante considerar que uma possível limitação desse tipo de análise é o potencial viés dos dados, como a citação insuficiente de artigos recentes que podem possuir alta qualidade ou daqueles que não estão indexados na base de dados Web of Science. Isso implica que quaisquer artigos ausentes do banco de dados serão desconsiderados, o que pode levar a uma subestimação da literatura, portanto, não refletindo a totalidade da atividade acadêmica (ROMANELLI *et al.*, 2021). No entanto, a utilização de um único banco de dados bibliográfico é justificada, pois essa estratégia permite a utilização da totalidade dos dados extraídos a partir da busca.

De modo geral, é essencial adotar medidas cautelares para evitar que as possíveis limitações distorçam as interpretações dos resultados deste estudo. Além disso, considera-se que a amostra de artigos recuperados nessa pesquisa é suficientemente representativa para proporcionar uma compreensão abrangente das tendências e da estrutura do conhecimento nesse campo. Isso oferece informações valiosas para acadêmicos e tomadores de decisões, auxiliando na formulação de pesquisas e políticas públicas voltadas para a conservação e promoção de práticas sustentáveis na criação dos recursos genéticos caprinos.

5. CONCLUSÃO

A análise bibliométrica realizada demonstrou um aumento contínuo nas investigações acadêmicas sobre a biodiversidade dos recursos genéticos de caprinos no cenário global ao longo dos últimos 24 anos. A evolução das tecnologias moleculares de genotipagem observada reflete o progresso e a sofisticação crescente das metodologias disponíveis para estudar a variabilidade genética em nível molecular na espécie caprina. O uso de SNPs como a principal

ferramenta de genotipagem na atualidade demonstra um avanço significativo em relação aos microssatélites e outras tecnologias menos informativas, enquanto o surgimento de WGS e GBS aponta para um futuro em que a caracterização da variabilidade genética caprina será mais detalhada, precisa e abrangente. O progresso contínuo desse campo depende não apenas do desenvolvimento de novas tecnologias moleculares e métodos estatísticos, mas também da colaboração internacional e do suporte institucional robusto. Além disso, a disseminação ampla do conhecimento através de publicações de acesso aberto e de alto impacto garante que os avanços científicos dessa área beneficiem uma comunidade global diversificada, promovendo a sustentabilidade e a eficiência na conservação e no melhoramento genético dos caprinos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AJMONE-MARSAN, P. *et al.* The characterization of goat genetic diversity: Towards a genomic approach. **Small Ruminant Research**, v. 121, n. 1, p. 58–72, set. 2014.

AJMONE-MARSAN, P. *et al.* **Genomic characterization of animal genetic resources - Practical guide**. Rome, Italy: FAO, 2023.

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. **Journal of Informetrics**, v. 11, n. 4, p. 959–975, 2017.

BANCHI, P. *et al.* Trends in Small Animal Reproduction: A Bibliometric Analysis of the Literature. **Animals**, v. 12, n. 3, p. 1–16, 2022.

BENJELLOUN, B. *et al.* Characterizing neutral genomic diversity and selection signatures in indigenous populations of Moroccan goats (*Capra hircus*) using WGS data. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, 2015.

BERTOLINI, F. *et al.* Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, n. 1, p. 57, 19 dez. 2018.

BRADFORD, S. Sources of information on specific subjects. **Engineering**, v. 137, n. 3550, p. 85–86, 1934.

CHEN, Q. *et al.* Whole-Genome Sequencing Reveals the Genomic Characteristics and Selection Signatures of Hainan Black Goat. **Genes**, v. 13, n. 9, 2022.

COLLI, L. *et al.* Genome-wide SNP profiling of worldwide goat populations reveals strong partitioning of diversity and highlights post-domestication migration routes. **Genetics Selection Evolution**, v. 50, nov. 2018.

CORTES, O.; CAÑON, J.; GAMA, L. T. Applications of Microsatellites and Single Nucleotide Polymorphisms for the Genetic Characterization of Cattle and Small Ruminants: An Overview. **Ruminants**, v. 2, n. 4, p. 456–470, 7 nov. 2022.

DENOYELLE, L. *et al.* VarGoats project: a dataset of 1159 whole-genome sequences to dissect *Capra hircus* global diversity. **Genetics Selection Evolution**, v. 53, n. 1, 2021.

DONTHU, N. *et al.* How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. **Journal of Business Research**, v. 133, n. May, p. 285–296, set. 2021.

DUCROT, C. *et al.* Scientific literature on infectious diseases affecting livestock animals, longitudinal worldwide bibliometric analysis. **Veterinary Research**, v. 47, n. 1, p. 42, 14 dez. 2016.

FAO. **Molecular genetic characterization of animal genetic resources**. No. 9 ed. Rome: [s.n.].

FAO. **Status and trends of animal genetic resources - 2022**. Rome, Italy: FAO, 2022.

FAO. **FAOSTAT**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>>. Acesso em: 2 jun. 2024.

FU, W. *et al.* GGVD: A goat genome variation database for tracking the dynamic evolutionary process of selective signatures and ancient introgressions. **Journal of genetics and genomics = Yi chuan xue bao**, v. 48, n. 3, p. 248–256, mar. 2021.

GIPSON, T. A. Recent advances in breeding and genetics for dairy goats. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1275–1283, 2019.

GRAMES, E. M. *et al.* An automated approach to identifying search terms for systematic reviews using keyword co-occurrence networks. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 10, n. 10, p. 1645–1654, 2019.

IDAMOKORO, E. M.; HOSU, Y. S. Village chicken production and food security: a two-decade bibliometric analysis of global research trends. **Agriculture and Food Security**, v. 11, n. 1, p. 1–20, 2022.

LAOUN, A. *et al.* Inference of Breed Structure in Farm Animals: Empirical Comparison between SNP and Microsatellite Performance. **Genes**, v. 11, n. 1, p. 57, 4 jan. 2020.

LOTKA, A. J. The frequency distribution of scientific productivity. **Journal of the Washington Academy of Sciences**, v. 16, n. 12, p. 317–323, 1926.

MA, K. *et al.* Population structure, runs of homozygosity analysis and construction of single nucleotide polymorphism fingerprinting database of Longnan goat population. **Food and Energy Security**, 2023.

MCALLISTER, J. T.; LENNERTZ, L.; ATENCIO MOJICA, Z. Mapping A Discipline: A Guide to Using VOSviewer for Bibliometric and Visual Analysis. **Science and Technology Libraries**, v. 41, n. 3, p. 319–348, 2022.

MCMANUS, C. *et al.* Livestock breeding, conservation and genomics in Brazil: Who, when, where, and what. **Livestock Science**, v. 281, n. August 2023, p. 105429, mar. 2024.

MILLER, B. A.; LU, C. D. Current status of global dairy goat production: An overview. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 32, n. 8, p. 1219–1232, 2019.

NADERI, S. *et al.* Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. **PLoS ONE**, v. 2, n. 10, p. e1012, 2007.

NADERI, S. *et al.* The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, n. 46, p. 17659–17664, 2008.

NGULUMA, A. *et al.* Mitochondrial DNA D-loop sequence analysis reveals high variation and multiple maternal origins of indigenous Tanzanian goat populations. **Ecology and Evolution**, v. 11, n. 22, p. 15961 – 15971, 2021.

NICOLOSO, L. *et al.* Genetic diversity of Italian goat breeds assessed with a medium-density SNP chip. **Genetics, selection, evolution : GSE**, v. 47, n. 1, p. 62, ago. 2015.

OLSCHEWSKY, A.; HINRICHS, D. An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. **Animals**, v. 11, n. 7, p. 2016, 6 jul. 2021.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 16 jun. 2023.

RIBEIRO, M. N. *et al.* Threatened Goat Breeds from the Tropics: The Impact of Crossbreeding with Foreign Goats. In: **Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume I**. Cham: Springer International Publishing, 2017. v. 1p. 101–110.

ROGERS, G.; SZOMSZOR, M.; ADAMS, J. Sample size in bibliometric analysis. **Scientometrics**, v. 125, n. 1, p. 777–794, 2020.

ROMANELLI, J. P. *et al.* Four challenges when conducting bibliometric reviews and how to deal with them. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 28, n. 43, p. 60448–60458, 2021.

SEVANE, N. *et al.* Dissection of ancestral genetic contributions to Creole goat populations. **Animal**, v. 12, n. 10, p. 2017–2026, 2018.

STELLA, A. *et al.* **AdaptMap: exploring goat diversity and adaptation**. **Genetics, selection, evolution : GSEFrance**, nov. 2018.

TAGUE-SUTCLIFFE, J. An introduction to informetrics. **Information Processing & Management**, v. 28, n. 1, p. 1–3, jan. 1992.

TIXIER-BOICHARD, M. *et al.* Farm animal genetic and genomic resources from an agroecological perspective. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. APR, p. 2013–2015, 2015.

VAN ECK, N. J.; WALTMAN, L. Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. **Scientometrics**, v. 84, n. 2, p. 523–538, 2010.

WHANNOU, H. R. V. *et al.* Genetic diversity assessment of the indigenous goat population of Benin using microsatellite markers. **Frontiers in Genetics**, v. 14, mar. 2023.

YAO, Z. *et al.* Genetic diversity and signatures of selection in BoHuai goat revealed by whole-

genome sequencing. **BMC genomics**, v. 24, n. 1, p. 116, mar. 2023.

YARO, M. *et al.* Molecular identification of livestock breeds: a tool for modern conservation biology. **Biological Reviews**, v. 92, n. 2, p. 993–1010, 22 maio 2017.

YI, G. *et al.* Investigation of mitochondrial DNA genetic diversity and phylogeny of goats worldwide. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 6, p. 1830–1837, jun. 2022.

ZHONG, T. *et al.* A genome-wide perspective on the diversity and selection signatures in indigenous goats using 53 K single nucleotide polymorphism array. **Animal : an international journal of animal bioscience**, v. 17, n. 3, p. 100706, mar. 2023.

ZHOU, Y.; TIEMUER, W.; ZHOU, L. Bibliometric analysis of smart livestock from 1998-2022. **Procedia Computer Science**, v. 214, n. C, p. 1428–1435, 2022.