

Aplicação de marcadores SNP em estudos de diversidade genética em *Capra hircus*: tendências, vieses e progressos

Sobrinho, F.A.D.¹; Moura, J.O.²; Silva, G.R.³; Diniz, F.M.⁴; Araújo, A.M.⁵

¹Departamento de Ciência Animal. Universidade Federal do Piauí. Brasil.

²Instituto Federal do Piauí. Brasil.

³Departamento de Ciência Animal. Universidade Federal do Piauí. Brasil.

⁴Núcleo de Estudo em Produção Animal, Embrapa Meio-Norte. Brasil.

⁵Núcleo de Estudo em Produção Animal, Embrapa Meio-Norte. Universidade Federal do Piauí. Brasil.

PALAVRAS CHAVE ADICIONAIS

Conservação.

Raças locais

Genômica evolutiva.

Marcadores genéticos

Recursos genéticos.

RESUMO

Os caprinos (*Capra hircus*) estão distribuídos mundialmente favorecidos por sua capacidade de se adaptar a condições ambientais adversas. A sua importância socioeconômica, têm recebido atenção em pesquisas com o uso de marcadores genéticos (SNP), que possibilitam esclarecer questões envolvendo mudanças evolutivas e auxiliam na conservação da biodiversidade populacional. Com esta revisão, objetivou-se analisar a contribuição de marcadores SNP em estudos com caprinos, com foco na produção e na conservação genética. Utilizou-se o software de pesquisa bibliométrica Bibexcel para análise das publicações da Web of Science TM, até agosto de 2018, rastreando artigos com marcador genético SNP. Das 53.000 produções científicas registradas para a espécie *C. hircus*, 390 publicações empregaram os marcadores SNPs. Um total de 59 países apresentou publicações envolvendo o uso de SNPs nessa espécie, sendo a maioria das publicações de países asiáticos e europeus. Os cinco países de maior produtividade em publicações no tópico foram a China, a Índia, a Itália, a Espanha e os EUA. O Brasil apresentou-se na décima primeira posição, com registro de 05 publicações. Várias das palavras-chave foram agrupadas por serem de forma semântica equivalentes e associadas a um tema específico; assim, foi possível identificar 23% das produções científicas associadas ao tema polimorfismo de proteínas lácteas, 23% com aspectos da reprodução, 13% ligadas ao crescimento e ganho de peso; e diversidade genética com percentual de 34%. Estudos de GWAS foram citados em 7% das produções e menos de 1% dos estudos foi associado a características de adaptação.

Application of SNP markers in genetic diversity studies in *Capra hircus*: trends, biases and progress

SUMMARY

Capra hircus is distributed worldwide due to its extraordinary adaptability and robustness as a source of food, fibers and skin. Genetic markers of single nucleotide polymorphism (SNP) allow the investigation of issues involving evolutionary changes and conservation of population biodiversity. This study aimed to verify the main focus of studies in the world using the marker SNP in *Capra hircus* (goats). Bibexcel bibliometric research software was used to analyze the publications of Web of ScienceTM until August 2018, which adopted the genetic marker SNP. Of 53,000 registered publications, only 390 employed the SNP markers. The three countries that stood out in publications were China (146 publications), India (64) and Italy (42). Brazil was in eleventh position, with a record of five (05) publications. Several of the keywords were grouped as being semantically equivalent and associated to a specific theme, thus it was possible to identify 23% of the scientific productions associated with the polymorphism of milk proteins, 23% with aspects of reproduction 13% linked to growth and gain of weight; genetic diversity with a percentage of 34%. GWAS studies were cited in 7% of the productions and less than 1% of the studies were associated with adaptation characteristics. The number of publications was related to the technical qualification and laboratory capacity of the country.

ADDITIONAL KEYWORDS

Conservation.

Local breeds

Evolutionary genomics.

Genetic markers.

Genetic resources.

INFORMATION

Cronología del artículo.

Recibido/Received: 08.03.2019

Aceptado/Accepted: 21.03.2020

On-line: 15.07.2020

Correspondencia a los autores/Contact e-mail:

prof.diniz@ifpi.edu.br

INTRODUÇÃO

Os caprinos (*Capra hircus*) são provavelmente um dos primeiros ruminantes domesticados no mundo, fato ocorrido há aproximadamente 10 mil anos, na região oeste do Irã (Zeder & Hesse 2000). Favorecidas

pelos rotas migratórias e distribuição do ser humano, a espécie está presente em praticamente todo o globo (Egito, Mariante & Albuquerque 2002), adaptada a diversas condições climáticas, sendo um recurso natural importante dos sistemas de produção agrícola e pecuária. Em alguns países, são importantes na produção

em larga escala, principalmente de leite, mas também integram a subsistência rural contribuindo significativamente para a segurança alimentar e para agregar renda a famílias rurais de países em desenvolvimento (Lin et al. 2013; Periasamy et al. 2017).

O Brasil se enquadra nesse perfil, considerando-se a atividade rural configurada em duas classes, uma com a participação de grandes e médios produtores (Agrobusiness) e a outra classe composta pela grande maioria de pequenos produtores (Andrade et al. 2018) e onde a criação de caprinos está presente de forma mais intensa. No país, os caprinos foram introduzidos pelos portugueses, franceses e holandeses no período da colonização, a partir do século XVI, se estabelecendo mais na região Nordeste, onde foram adquirindo características próprias e resultando na formação da maior diversidade da espécie na América do Sul, com cerca de 21 raças catalogadas (Food and Agriculture Organization, 2011). Por vários séculos, esses animais passaram por processos adaptativos em diferentes ecossistemas, cujos aspectos climáticos e diversidade vegetal característicos contribuíram para a formação de raças de animais domésticos do país ou de grupos reconhecidos como naturalizados (Machado 2011) ou localmente adaptados (Araújo et al. 2009).

No Brasil, há várias raças caprinas que podem ser consideradas recursos genéticos ricos, com fonte de resistência a parasitas e doenças, atribuível a seu histórico evolutivo de adaptabilidade a condições adversas de ambiente no país. Essa variedade de raças constitui um reservatório de diversidade genética valioso. No entanto, quando comparadas a raças comerciais exóticas, elas apresentam baixo valor comercial (Egito, Mariante & Albuquerque 2002), fato este que levou à importação de raças comerciais de maior importância econômica a partir de 1950, com o objetivo de aperfeiçoar os grupos genéticos naturalizados.

Entretanto, a não consolidação do uso de registro zootécnico e implementação de programas de melhoramento consistentes gerou uma miscigenação ampla de raças a partir de cruzamentos sem planejamento. Isso acarretou a ameaça de extinção dos grupos naturalizados, por erosão e diluição genética, pois traços fenotípicos relacionados à produtividade foram valorizados em detrimento das características adaptativas, essenciais para a sustentabilidade dos sistemas pecuários tradicionais (Araújo et al. 2009).

Esse contexto não é exclusivo do Brasil; assim, além da caracterização do potencial adaptativo das raças locais, se torna necessária a identificação da diversidade genética a nível molecular (Alderson, 2018) para servir de suporte ou de referência para auxiliar na elaboração de políticas públicas de conservação e de reprodução sustentável desse patrimônio biológico (Colli et al. 2014). A esse respeito, avanços nas tecnologias de sequenciamento de genomas completos já estão bem adiantados na maioria das espécies de interesse zootécnico, inclusive, nos caprinos, a tendência é seguir no mesmo caminho, para se beneficiar desses recentes progressos que as tecnologias de sequenciamento de genomas completos propicia, conforme Amills, Capote & Tosser-Klopp (2017), Qiao et al. (2017).

Nas publicações científicas, constam as informações de tendências, vieses e progressos de tecnologias que compõem o estado da arte da genética moderna. Conhecê-los bem é um importante indicador de avaliação do desenvolvimento científico nessa área em uma espécie. Com esse fim, os métodos bibliométricos analíticos organizados que acessam de forma eficiente os bancos de dados disponíveis em plataformas consolidadas, são ferramentas importantes para avaliação do desempenho científico que, por sua vez, podem auxiliar na definição de estratégias de pesquisas e concepção de projetos (Zanotto, Vanz & Stumpf, 2017).

Dessa forma, a identificação, no genoma caprino, de genes candidatos ligados às mais diferentes características adaptativas e de produção, e assinaturas de seleção natural, torna-se passo fundamental para compreensão do processo evolutivo e da sua diversidade genética, pois variações nesses *loci* podem estar ligadas direta ou indiretamente a alterações na aptidão em diferentes ambientes. Assim, o uso dos marcadores moleculares SNP para estudos de associação genômica ampla (GWAS, Genome Wide Association Study) torna-se uma importante ferramenta, por permitir entender com maior precisão a forma como agem as forças ambientais que originam a variação genética adaptativa, úteis na conservação e produção animal, além de auxiliar na identificação, melhoramento e conservação desse importante recurso natural (Amills, Capote & Tosser-Klopp 2017; Qiao et al. 2017).

Associar esse aparato científico-tecnológico a traços fenotípicos adaptativos apresenta relevância econômica, incluindo termotolerância, funções ligadas a resposta imune a parasitas, conversão alimentar, crescimento, produção de carne e leite, além de tornar possível a construção de mapas genéticos para um grande número de animais de interesse zootécnico (Lin et al. 2013; Brito et al. 2017; Periasamy et al. 2017).

Com acesso a banco de dados extraídos do Web of Science™, Coleção Principal da Clarivate Analytics (WoS), objetivou-se, nesta revisão, analisar a contribuição de marcadores SNP como tecnologia inovadora em estudos com caprinos, com relação a produção e a conservação genética.

MATERIAL E MÉTODOS

Trata-se de um estudo de revisão de literatura, no qual, por meio do software de pesquisa bibliométrica Bibexcel (Person, Danell & Schneider, 2009), analisaram-se todas as publicações registradas no portal do WoS, até agosto de 2018.

Utilizou-se a plataforma WoS por apresentar características vantajosas, como a de ser uma base multidisciplinar que indexa mais de 12.700 periódicos, nas diferentes áreas científicas, contendo informações que datam do início do século XX e são atualizadas semanalmente, além de disponibilizar endereços completos de autores e coautores de cada trabalho científico (Adriaanse & Rensleigh, 2013). Centralizou-se a prospecção da produção científica nas publicações que envolviam uso do marcador genético SNP na pers-

pectiva de estudos gerais, genética de populações e conservação da biodiversidade na espécie *Capra hircus*.

A investigação com o software Bibexcel foi realizada acessando a opção “pesquisa avançada”. Em seguida, adotou-se uma sequência de palavras-chave, com a inclusão, de forma ordenada, das siglas TS (GOAT* AND SNP*) e CU. A sigla “TS” indica que a pesquisa foi realizada no resumo, nas palavras-chave e no título. Se for acrescido do asterisco “*” possibilita que a busca seja feita, também, utilizando as variações das palavras indicadas no plural ou palavras-compostas. O termo “AND” foi utilizado para que as palavras fossem pesquisadas. O termo “CU” funciona como delimitador do país a ser pesquisado, por exemplo, Brasil. Na revisão, adotou-se a metodologia sugerida por Moura, Dawson e Nogueira (2017), que prioriza o endereço fornecido pela instituição de pesquisa do primeiro autor, incluindo o campo geográfico dos países inseridos na abordagem. Nos casos em que o endereço do primeiro autor não foi identificado, o instituto da segunda autoria foi utilizado.

No entanto, quando o autor apresentou diferentes endereços, foi considerado, neste estudo, aquele indicado para a correspondência. Esse artifício teve como finalidade específica padronizar e organizar os dados por país de origem da instituição de vinculação do pesquisador. Além disso, partiu-se da perspectiva de considerar o primeiro e o segundo autores como os principais investigadores da publicação.

Os resultados foram salvos em arquivo de formato “txt”, para uma busca ampla, recurso encontrado na base de dados da WoS. Com o subsídio do Microsoft Excel®, foi aplicado o filtro dos pesquisadores relacionados aos países descritos na avaliação, conforme critérios e instituições aprimoradas referentes à temática descrita acima. Assim, foram realizadas, com o software, buscas pelas palavras-chave mais usadas para obter um padrão e direcionamento das pesquisas sobre a aplicação do marcador molecular SNP na conservação e produção animal na caprinocultura.

Para verificar a aplicação do uso do marcador SNP em caprinos, registrou-se a frequência de palavras-chave referentes aos principais temas que envolvem produção animal e conservação da biodiversidade: diversidade genética, associação genômica ampla (GWAS), polimorfismo das proteínas lácteas, adaptação, reprodução e crescimento. Várias das palavras-chave foram agrupadas por serem semanticamente equivalentes e associadas a um tema específico da zootecnia (Miguéis et al. 2013).

Por fim, organizou-se uma lista de instituições de ensino e pesquisa que forneceram o endereço de pesquisadores locais e de outros países, com a intenção de contribuir em estudos futuros, como guia para grupos de pesquisa voltados ao uso de marcadores SNP aplicados na produção animal e na conservação da *Capra hircus*. Nesse caso, ao ser constatado mais de um endereço apresentado do mesmo autor, utilizou-se

também o fornecido para correspondência, com outra finalidade específica, a de padronizar e organizar, por países, as informações obtidas (Moura, Dawson & Nogueira 2017).

RESULTADOS

MUNDO

De acordo com a estratégia de busca, a plataforma WoS apresentou 53.000 publicações científicas envolvendo a caprinocultura (*Capra hircus*). Constatou-se que a maior parte das produções se encontra distribuída em diferentes tipos de documentos, com destaque para mais de 44.000 artigos.

Os primeiros registros de publicações mais consistentes, referentes à utilização de marcadores SNP na caprinocultura, são de 2009, com 24 trabalhos depositados no WoS. Com o tempo, aumentaram significativamente em número a cada ano, tendo o ano de 2016 como o mais produtivo, com 55 publicações (Figura 1). Portanto, verificou-se que publicações direcionadas à utilização de marcadores SNP nos estudos sobre genética populacional, com enfoque para produção e conservação de caprinos, estão cada vez mais valorizadas, com especial contribuição de estudos de associação genômica ampla (GWAS).

Pesquisadores de 59 países participaram da produção de 390 publicações envolvendo o uso dos marcadores moleculares de DNA SNP em caprinos. Dentre esses países, a maioria das publicações é oriunda de instituições asiáticas e europeias. China (146), Índia (64) e Itália (42) foram os países mais produtivos em publicações. O Brasil apresentou-se na décima primeira posição com cinco trabalhos publicados por autores principais (Figura 2).

Nos artigos que envolveram publicação em que o autor era de uma instituição de um país que não corresponde ao seu endereço de origem nacional, incluído na busca com o critério do segundo autor, novamente se destacaram, no cenário mundial, os países China, Índia e Itália, com 93, 36 e 28 trabalhos, respectivamente (Figura 3).

Em termos quantitativos, identificaram-se 393 palavras-chave que se repetiram nas publicações selecionadas. São específicas e representam os conteúdos descritos nos textos de forma eficiente. Ao se avaliar o significado das palavras-chave, identificou-se que os estudos de diversidade genética e genômica populacional foram relacionados a 162 palavras-chave (aproximadamente 41%). Nas demais áreas, constatou-se, nas publicações voltadas para a produção animal, que 23% tratavam sobre polimorfismo das proteínas lácteas (90 palavras-chave); sobre aspectos da reprodução, 23% (89 palavras-chave); e crescimento corporal, 13% (52 palavras-chave), conforme Figura 4.

Algumas instituições se destacaram na produção de uma grande quantidade de publicações depositadas no WoS, como a North West O. F. University China, com registros de 81 publicações e a Indian Council of Agricultural Research Icar com contagem de 46 registros, até 08 de agosto de 2018. As dez organizações mais

conceituadas em relação a publicações com uso de marcador SNP na caprinocultura são de países asiáticos e europeus, de acordo com a **Tabela I**.

No Brasil, cinco produções científicas foram de autores principais. Comparando esses artigos, em relação ao uso do marcador molecular SNP na caprinocultura, houve pouca abrangência contextual, sendo que apenas uma publicação estava direcionada à diversidade gênica e resistência a endoparasitas gastrointestinais nos caprinos (**Tabela II**).

Em sete publicações, o trabalho envolveu a participação de pesquisadores brasileiros em grupos de estudos da Itália, Portugal, Espanha, Argentina e Colômbia. Neles, o uso de SNP em caprinos se relacionou a estudo de diversidade genética voltada para produção de leite e conservação animal (**Tabela II**).

DISCUSSÃO

A utilização da plataforma WoS, neste estudo, possibilitou acesso a 53.000 publicações, valor que demonstra, de forma consistente, as vantagens de se recorrer a uma base multidisciplinar que indexa mais de 12.700 periódicos, nas diferentes áreas científicas. Ela contém informações que datam do início do século XX e são atualizadas semanalmente, além de dispor de endereços completos de autores e coautores de cada trabalho científico (Adriaanse & Rensleigh, 2013).

Essa base de dados presta serviço de indexação de referências baseado em assinaturas e propicia a realização de pesquisa ampla sobre citações, ao permitir o acesso a vários bancos de dados relacionados com pesquisas de abrangência multidisciplinar. Nesse sentido, o uso do WoS vem crescendo e ajudando o mundo acadêmico a entender, com mais precisão, as publicações científicas (Liu et al. 2018).

O conhecimento detalhado das publicações permite aos pesquisadores avaliar tendências ou o foco principal dos trabalhos depositados nessa base de dados. Assim, nas áreas de produção e conservação animal, é imperativo ter o conhecimento detalhado da diversidade genética dentro das populações e entre elas, bem como ter ciência dos manejos adequados, da capacidade adaptativa e produtiva das raças e dos grupos genéticos caprinos locais ou naturalizados (Toro, Fernández & Caballero 2009) e também para ser usado na rastreabilidade dos produtos das raças (Caraballo et al., 2017). Dessa forma, discute-se a situação geral das publicações com enfoque no uso dos marcadores SNP para os estudos de produção e conservação dos recursos genéticos em *Capra hircus*, no mundo e no Brasil.

Os caprinos estão entre os pequenos ruminantes mais importantes dentre os animais de interesse zootécnico. Presentes mais nos países em desenvolvimento, desempenham, de forma eficiente, papel socioeconômico e cultural nos sistemas de produção da agricultura familiar (Onzima et al. 2018).

Em um contexto geral, Groeneveld et al. (2010) asseguram que as informações disponíveis sobre a caracterização genômica de recursos genéticos, dentre eles os caprinos, em todo o mundo, aumentaram nos

últimos anos. Neste estudo, o levantamento de publicações direcionadas à utilização de marcadores SNP, nos estudos sobre genômica evolutiva com enfoque para produção animal e conservação de caprinos, corroboram essa afirmação.

Os primeiros registros de publicações mais consistentes, referentes à utilização de marcadores SNP na caprinocultura, são de 2009, com 24 trabalhos depositados no WoS, e aumentaram significativamente em número a cada ano, tendo o ano de 2016 como o mais produtivo, com 55 publicações (**Figura 1**).

Esses resultados são decorrentes do progresso nas tecnologias de sequenciamento de genomas completos (WGS) associados com a metodologia de microarranjos de deoxyribonucleic acid (DNA), uso de single nucleotide polymorphism (SNP) ou polymerase chain reaction (PCR) em tempo real, que proporcionaram novos entendimentos sobre a história evolutiva e a diversidade genética dos caprinos. A automação tornou possível a redução de custos de sequenciamento em larga escala (Amills, Capote & Tosser-Klopp 2017; Qiao et al., 2017).

Associar esse aparato científico-tecnológico a traços fenotípicos, por exemplo, adaptativos, funções ligadas à resposta imune a parasitas, conversão alimentar, crescimento, produção de carne e leite, agrega relevância econômica suficiente para justificar essa evolução. Tornar possível a construção de mapas genéticos dos animais de interesse zootécnico (Lin et al. 2013; Brito et al. 2017; Periasamy et al. 2017) impactou positivamente na quantidade de publicações e isso foi detectado neste estudo.

A utilização de abordagens estatísticas mais robustas, associada ao desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento genômico mais recentes, tornou possível a compreensão mais clara da diversidade genética em caprinos e, como inovação, também pode influenciar a ocorrência de número crescente de publicações na área (Benjelloun et al. 2015; Ahrens et al. 2018).

Percebeu-se uma grande diferença na quantidade de trabalhos publicados por países asiáticos em relação aos demais (europeus, americanos e africanos), envolvendo o uso de marcadores moleculares SNP na produção animal e conservação dos caprinos. Em uma abordagem geral, a China e a Índia ocupam posição de destaque, pois respondem por mais de 54% das publicações depositadas no WoS, no período avaliado.

Esses resultados não podem ser justificados exclusivamente como sendo uma consequência da influência do efetivo de animais do país, pelo fato de o maior rebanho caprino do planeta estar localizado nos países da Ásia e da África, nos quais a caprinocultura é uma significativa atividade econômica e representa uma das mais importantes fontes de proteína animal para a alimentação humana. Mas, principalmente, por dispor de recursos humanos habilitados, aliado à capacidade tecnológica. A consistência dessa afirmação está embasada no fato de países com produção científica na área possuírem centros especializados para formação de pessoal qualificado.

Nesse contexto, a North West O. F. University China, Indian Council of Agricultural Research Icar e a University of Milan são instituições públicas, localizadas em países da Ásia e da Europa, que podem ser consideradas centros de alta produção científica e, portanto, fomentadores de conhecimento agropecuário de destaque no cenário mundial, sendo referência para pesquisadores e instituições de outras nações, conforme **Tabela I**.

Ao se estabelecer um paralelo, em termos quantitativos, entre rebanho caprino e produtividade científica, o continente europeu se apresenta como o segundo mais produtivo, com registros de mais de 32% dos trabalhos depositados na base de dados. No entanto, a Europa tem um rebanho bastante reduzido (1,65% do efetivo mundial), com a produção voltada ao ramo leiteiro. A Itália, a Espanha e a França são merecedoras de destaque, pois produziram 49, 22 e 18 publicações, respectivamente. Conforme Aziz (2010), a Espanha, a França e a Grécia são os países que estabeleceram programas eficientes de seleção, processamento e comercialização do leite de cabra, fato evidenciado pelo uso das palavras-chave que envolvem termos referentes ao leite, presentes nas publicações depositadas no WoS por países europeus.

Apesar de o continente africano possuir um rebanho caprino de cerca de 35% do quantitativo mundial, percentual relevante no cenário global, não apresenta um número de trabalhos depositados de forma representativa, visto que foi comprovada a ocorrência de apenas 41 publicações. Confrontando a relevância numérica do rebanho caprino e o número de publicações de pesquisadores africanos, o valor pode ser considerado pequeno. Mesmo assim, países, como a África do Sul (14 publicações), o Egito (07) e a Nigéria (07), respectivamente, superam países da América do Sul e se destacam no continente.

Os números apresentados podem ser justificados pela falta de centros especializados em formação de pessoal qualificado no desenvolvimento de tecnologias genéticas (**Tabela I**). Além disso, tendo em vista os equipamentos e tecnologias caros, não se destacam políticas públicas de financiamento para equipar laboratórios, tampouco transferência de conhecimento científico, fundamentais no estudo de diversidade genética aplicada na produção e conservação dos rebanhos caprinos. É possível que os pesquisadores africanos produzam seus trabalhos em parceria com autores de outros continentes, devido à melhor infraestrutura dos laboratórios e maior incentivo governamental.

Ao se analisarem os dados com base no significado das palavras-chave indexadoras, observa-se que, nos países mais produtivos em publicações, vários temas foram explorados, destacando-se: diversidade genética, associação genômica ampla, polimorfismo das proteínas lácteas, crescimento e reprodução. Portanto, há, nesses países, preocupação institucional e de pesquisadores na caracterização e entendimento da diversidade genética caprina (Guo et al. 2018; Ming-Xing et al. 2018).

Além disso, constata-se concordância entre pesquisadores quanto ao fato de o uso do SNP, no estudo

da diversidade genética, ter sido fundamental, pois fornece informações sobre a estrutura populacional dos grupos genéticos e de raças, bem como redução de diversidade, que são essenciais para o estabelecimento de metas de conservação e produção animal (Toro, Fernández & Caballero 2009; Brito et al. 2017).

Em síntese, a promoção e o desenvolvimento da pesquisa dentro de um país são dependentes da presença de instituições fortes e de profissionais qualificados para o desenvolvimento de tecnologias genômicas, programas de formação de pessoal qualificado, assim como a necessidade de políticas de financiamento para equipar laboratórios e a difusão de conhecimento científico. Nesse aspecto, acredita-se que essas sejam as principais diferenças entre o que ocorre nos continentes em relação ao estudo de caprinos.

Apesar de possuir um rebanho caprino de aproximadamente 9,6 milhões de cabeças, distribuído principalmente na região Nordeste, a produção brasileira de carne, leite e derivados dessa espécie é baixa, requerendo atenção política para esse ramo da pecuária. Essencialmente, o conhecimento da estrutura populacional e da diversidade genética dos grupos caprinos locais, no sentido de otimizar a produtividade animal e conservação de seu patrimônio genético, pode favorecer a expansão do setor, sendo os marcadores SNP ferramentas de auxílio a essa atividade (Onzima et al. 2018; Oliveira-Moura et al. 2019).

Embora o Brasil seja, nesse tema, o país mais produtivo da América do Sul, apenas 11 artigos foram publicados e depositados no WoS até o período de recuperação das publicações. Desses trabalhos, cinco envolveram pesquisadores classificados, no levantamento realizado, como primeiro autor, e os outros seis foram produzidos com colaboração de pesquisadores de outros países, como a Colômbia, Itália, Espanha e Portugal. Das cinco publicações que envolvem a aplicação de marcadores SNP na caprinocultura, apenas um efetivamente caracterizou o seu estudo no tema principal, o que coloca esse campo de pesquisa brasileiro promissor. Em contrapartida, os outros seis trabalhos que têm a cooperação de grupos estrangeiros e de pesquisadores brasileiros centralizaram seus estudos no conhecimento de diversidade genética populacional para melhoria na produção e conservação animal dos grupos genéticos caprinos.

Além disso, é possível que essa parceria científica entre pesquisadores brasileiros e instituições de outros países decorra da melhor infraestrutura laboratorial e do incentivo governamental para apoiar a pesquisa científica e a formação de pessoal qualificado encontradas nas instituições dos países parceiros. Parcerias são fundamentais para formação de pesquisadores mais qualificados.

Entretanto, é fundamental despertar, nas instituições públicas ou privadas, o interesse em fomentar o desenvolvimento e a disseminação das pesquisas científicas voltadas para os diferentes campos de interesse da sociedade, com vistas ao alcance de desenvolvimento social, econômico e sustentável do país. Essa visão despertou, nas instituições de diferentes países,

a necessidade de um olhar mais direcionado ao desenvolvimento das ciências e tecnologias.

CONCLUSÕES

Considerando essa pesquisa para aplicação de marcadores SNP em estudos de diversidade genética em *Capra hircus* pode-se concluir que:

Nos últimos 10 anos, inovações metodológicas envolvendo o marcador molecular SNP ocorreram e foram utilizadas em estudos genômicos e de estrutura populacional na caprinocultura, gerando informações aplicadas na conservação e produção animal;

A partir de 2009, verificou-se o interesse crescente dos pesquisadores pela aplicação dos SNPs na caprinocultura, com destaque para China, Índia e Itália, que despontaram com maior número de publicações, com prevalência de estudos voltados para diversidade genética populacional, polimorfismo das proteínas lácteas e aspectos reprodutivos;

As pesquisas com caprinos usando os marcadores SNP, direcionadas a aspectos produtivos e reprodutivos, relacionam a importância no mercado mundial da carne, principalmente para atender ao consumo asiático, ao do leite e derivados, onde se destaca a França e a China;

Embora já seja conhecido o genoma completo, percebe-se que existem ainda muitas limitações para a aplicação dos marcadores moleculares SNP em caprinos, principalmente de ordem econômica, como a falta de laboratórios e recursos humanos especializados, representando uma barreira para estudos genéticos baseados nessa tecnologia nos países em desenvolvimento, como o Brasil. Para superar limitações, políticas públicas voltadas para o aparelhamento de laboratórios e formação de pessoal qualificado devem ser priorizadas.

AGRADECIMENTOS

Ao Professor José Elivalto Guimarães Campelo da UFPI e a Fundação de Apoio a Pesquisa do Estado do Piauí – FAPEPI pelo aporte ao projeto.

BIBLIOGRAFIA

Adriaanse, L & Rensleigh, C 2013, 'Web of Science, Scopus and Google Scholar: A content comprehensiveness comparison', *The Electronic Library*, vol. 31, no. 6, pp.727-44.

Ahrens, C, Rymer, P, Stow, A, Bragg, J, Dillon, S, Umbers, K & Dudanic, R 2018, 'The search for loci under selection: trends, biases and progress', *Molecular ecology*, vol. 27, no. 6, pp. 1342-56.

Alderson, G.L.H. 2018. Conservation of breeds and maintenance of biodiversity: justification and methodology for the conservation of Animal Genetic Resources. *Arch. Zootec.* 67 (258): 300-309.

A Mills, M, Capote, J & Tossier-Klopp, G 2017, 'Goat domestication and breeding: a jigsaw of historical, biological and molecular data with missing pieces', *Animal Genetics*, vol. 48, no. 6, pp. 631-44.

Andrade, C, Barbosa, J & Driemeier, D 2018, 'Identification of single nucleotide polymorphisms in the prion protein gene in Santa Ines and Dorset sheep', *Pesquisa Veterinária Brasileira*, vol. 38, no. 4, pp. 624-8.

Araújo, A, Beffa, L, Almeida, M, Abreu, U, Cavalcante, D, Leal, T & Paiva, S 2009, 'Crescimento e Mortalidade em um Rebanho de Conservação de Caprinos Marota no Brasil', *Revista Científica de Produção Animal*, vol. 11, no. 2, pp.103-9.

Aziz, M 2010, 'Present status of the world goat populations and their productivity', *Lohmann Information*, vol. 45, no. 2, pp. 42-52.

Benjelloun, B, Alberto, F, Streeter, I, Boyer, F, Coissac, E, Stucki, S, BenBati, M, Ibbelbachyr, M, Chentouf, M, Bechchari, A, Leempoel, K, Alberti, A, Engelen, S, Chikhi, A, Clarke, L, Flicek, P, Joost, S, Taberlet, P, Pompanon, F & NextGen Consortium 2015, 'Characterizing neutral genomic diversity and selection signatures in indigenous populations of Moroccan goats (*Capra hircus*) using WGS data', *Frontiers In Genetic*, vol. 6, pp. 1-14.

Borges, A, Barbosa, J, Resende, L, Mota, L, Amorim, R, Carvalho, T, Garcia, J, Oliveira-Filho, J, Oliveira, C, Souza, J & Winand, N 2013, 'Clinical and molecular study of a new form of hereditary myotonia in Murrah water buffalo'. *Neuromuscular Disorders*, vol. 23, no. 3, pp. 206-13.

Campelo, J.E.; Bajay, M.M.; Lindenberg Rocha Sarmento, J.;Barros Brito, F.; Leal, T.M.; Silva Costa, M.; Helcias Cavalcante, D.; Figueiredo Carvalho, M.D1 e Mello Araújo, A. 2019. Diversidade genética em caprino Marota e manejo genético para rebanhos de conservação Oliveira Moura, J.; Guimarães Arch. Zootec. 68 (261): 138-145.

Bressani, F, Tizioto, P, Giglioti, R, Meirelles, S, Coutinho, R, Benvenuti, C, Malagó, W, Mudadu, M, Vieira, L, Zaros, L, Carrilho, E & Regitano, L 2014, 'Single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with gastrointestinal nematode infection in goats', *Genetics and Molecular Research Journal*, vol. 13, no. 4, pp. 8530-6.

Brito, L, Kijas, J, Ventura, R, Sargolzaei, M, Porto-Neto, L, Cánovas, A, Feng, Z, Jafarikia, M & Schenkel, F 2017, 'Genetic diversity and signatures of selection in various goat breeds revealed by genome-wide SNP markers', *BMC Genomics*, vol. 18, no. 1, pp. 1-20.

Caprera, A, Lazzari, B, Stella, A, Merelli, I, Caetano, A & Mariani, P 2007, 'GoSh: a web-based database for goat and sheep EST sequences', *Bioinformatics*, vol. 23, no. 8, pp. 1043-5.

Caprera, A, Lazzari, B, Stella, A, Merelli, I, Caetano, A & Mariani, P 2007, 'GoSh: a goat and sheep ESTs database', *Italian Journal of Animal Science*, vol. 6, pp. 60-2.

Caraballo, C.; Muñoz, M.; Rodríguez, C.; Silió, L. and García-Casco, J.M. 2018. Racial verification of Iberian ham and shoulders commercialized in Spanish supermarkets.. Arch. Zootec. PROCEEDINGS IX Simposio Internacional sobre el Cerdo Mediterráneo: 5-8.

Cardona, S, Álvarez, J, Sarmento, J, Herrera, L, & Cadavid, H 2015, 'Associação de SNPs nos genes para κ -caseína e β -lactoglobulina com curvas de lactação em cabras leiteiras', *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 50, no. 3, pp. 224-32.

Colli, L, Joost, S, Negrini, R, Nicoloso, L, Crepaldi, P, Ajmone-Marsan, P & ECONOGENE Consortium 2014, 'Assessing the spatial dependence of adaptive loci in 43 European and Western Asian goat breeds using AFLP markers', *PLoS ONE*, vol. 9, no. 1, pp. 1-12.

Food and Agriculture Organization 2011, *Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS)*, viewed 20 July 2018, <http://www.fao.org/dad-is/en/>

Egito, A, Mariante, A & Albuquerque, M 2002, 'The Brazilian Genetic Resources Conservation Program', *Archivos de Zootecnia*, vol. 51, pp. 39-52.

Gama, L & Bressan, M 2011, 'Biotechnology applications for the sustainable management of goat genetic resources'. *Small Ruminant Research*, vol. 98, no. 1-3, pp. 133-46.

Groeneveld, L, Lenstra, J, Eding, H, Toro, M, Scherf, B, Pilling, D, Negrini, R, Finlay, E, Jianlin, H, Groeneveld, E, Weigend, S & GLOBALDIV Consortium 2010, 'Genetic diversity in farm animals--a review', *Animal Genetics*, vol. 41, pp. 6-31.

Guo, J, Tao, H, Li, P, Li, L, Zhong, T, Wang, L, Ma, J, Chen, X, Song, T & Zhang, H 2018, 'Whole-genome sequencing reveals selection signatures associated with important traits in six goat breeds'. *Scientific Reports*, vol. 8, no. 10405, pp. 1-11.

- Kirikçi, K, Noce, A, Zidi, A, Serradilla, J, Carrizosa, J, Urrutia, B, Pilla, F, D'andrea, M, Capote, J, Bizelis, I, Balteanu, V, Cardoso, T, Eghbalsaid, S, Pons, A, Álvarez, L, Pazzola, M, Vacca, G, Obexer-Ruff, G & Amills, M 2016, 'Analysing the diversity of the caprine melanocortin 1 receptor (MC1R) in goats with distinct geographic origins', *Small Ruminant Research*, vol. 45, pp. 7-11.
- Lin, B, Kato, T, Kaneda, M, Matsumoto, H, Sasazaki, S & Mannen, H 2013, 'Genetic diversity and structure in Asian native goat analyzed by newly developed SNP markers', *Animal Science Journal*, vol. 84, no. 8, pp. 579-84.
- Liu, W, Ni, M, Jia, W, Wan, W & Tang, J 2018, 'Evidence-based medicine in neurosurgery: an academic publication view', *Neurosurgical Review*, vol. 41, no. 1, pp. 55-65.
- Machado, T 2011, 'História das raças caprinas no Brasil', in J Fonseca (ed.), *Produção de caprinos e ovinos de leite*, Sobral, Embrapa Caprinos e Ovinos.
- E, GX, Zhao, YJ, Chen, LP, Ma, YH, Chu, MX, Li, XL, Hong, QH, Li, LH, Guo, JJ, Zhu, L, Han, YG, Gao, HJ, Zhang, JH, Jiang, HZ, Jiang, CD, Wang, GF, Ren, HX, Jin, ML, Sun, YZ, Zhou, P & Huang, YF 2018, 'Genetic diversity of the Chinese goat in the littoral zone of the Yangtze River as assessed by microsatellite and mtDNA', *Ecology and Evolution*, vol. 8, no. 10, pp. 5111-23.
- Miguéis, A, Neves, B, Silva, A, Trindade, A & Bernardes, J 2013, 'A importância das palavras-chave dos artigos científicos da área das Ciências Farmacêuticas, depositados no Estudo Geral: estudo comparativo com os termos atribuídos na MEDLINE', *InCID: Revista de Ciência da Informação e Documentação*, vol. 4, no. 2, pp. 112-5.
- Moura, R, Dawson, D & Nogueira, D 2017, 'The use of microsatellite markers in neotropical studies of wild birds: A literature review. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, vol. 89, no. 1, pp. 145-54.
- Oliveiras, C, Fonseca, J, Camargo, L, Souza-Fabjan, J, Rodrigues, A & Brandão, F 2015, 'Comparison of different methods of goat sperm selection and capacitation for optimization of assisted reproductive technologies', *Small Ruminant Research*, vol. 107, pp. 44-9.
- Onzima, R, Upadhyay, M, Mukiibi, R, Kanis, E, Groenen, M & Crooijmans, R 2018, 'Genome-wide population structure and admixture analysis reveals weak differentiation among Ugandan goat breeds', *Animal Genetics*, vol. 49, no. 1, pp. 59-78.
- Periasamy, K, Vahidi, S, Silva, P, Faruque, M, Naqvi, A, Basar, M, Cao, J, Zhao, S, Thuy, L, Pichler, R, Podesta, M, Shamsuddin, M, Boettcher, P, Garcia, J, Han, J, Marsan, P, Diallo, A & Viljoen, G 2017, 'Mapping molecular diversity of indigenous goat genetic resources of Asia'. *Small Ruminant Research*, vol. 148, pp. 2-10.
- Persson, O, Dannell, R, Schneider, J, W, "How to use Bibexcel for various Types of bibliometric analysis. In Celebration scholarly communication studies: A festschrift for olle person at his 60th Birthday, ed. F. Astron, R. Danell, B. Larsen, J. Schneider, 2009. Leuven, Belgium: International society for scientometrics and informetrics, 2009, p.9-24.
- Qiao, H, Escobar, L, Saupé, E, Ji, L & Soberón, J 2017, 'Using the KDE method to model ecological niches: A response to Blonder et al. (2017)', *Global Ecology and Biogeography*, vol. 26, no. 9, pp. 1076-7.
- Sardina, M, Rosa, A, Davoli, R, Braglia, S & Portolano, B 2012, 'Polymorphisms of beta - lactoglobulin promoter region in three Sicilian goat breeds', *Molecular Biology Reports*, vol. 39, no. 3, pp. 3203-10.
- Stafuzza, N, Naressi, B, Borges, M & Amaral-Trusty M 2016, 'Sequence analysis of the S1PR1 gene in river buffalo', *Genetics and Molecular Research Journal*, vol. 15, no. 1, pp. 1-8.
- Toro, M, Fernández, J & Caballero, A 2009, 'Molecular characterization of breeds and its use in conservation', *Livestock Science*, vol. 120, no. 3, pp. 174-95.
- Zanotto, S, Vanz, S, & Stumpf, I 2017, 'Fator de difusão: uma medida da difusão do conhecimento através das citações', *Investigación bibliotecológica*, vol. 31, no. spe, pp. 101-22.
- Zeder, M & Hesse, B 2000, 'The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago', *Science*, vol. 287, no. 5461, pp. 2254-7.

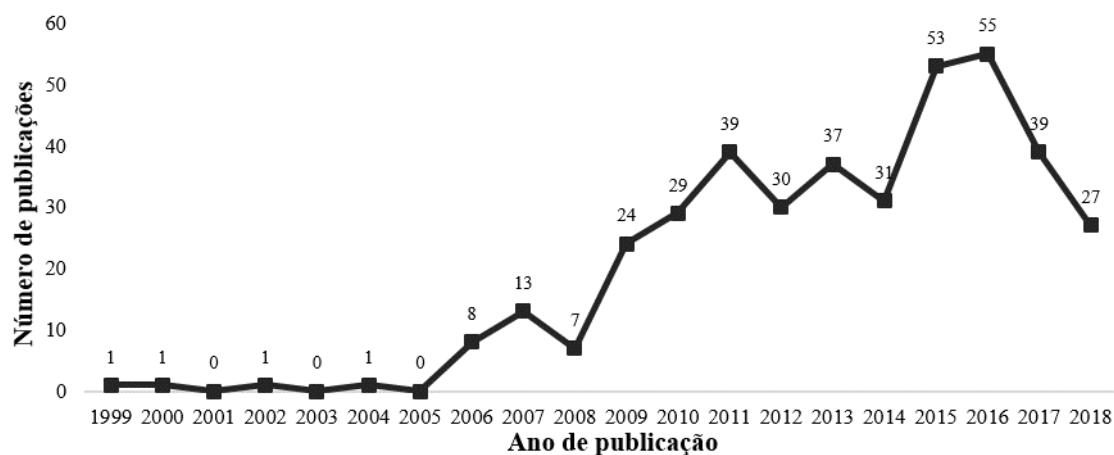


Figura 1. Número de publicações científicas baseadas na utilização de marcadores SNP para estudo de diversidade em *Capra hircus* por ano de publicação.

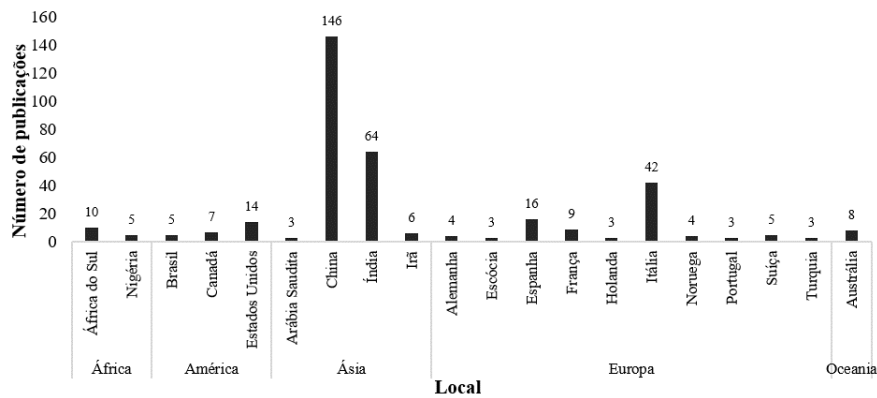


Figura 2. Número de publicações depositadas por autores principais de países com mais de três publicações que utilizaram o marcador SNP para estudos de diversidade genética em *Capra hircus*.

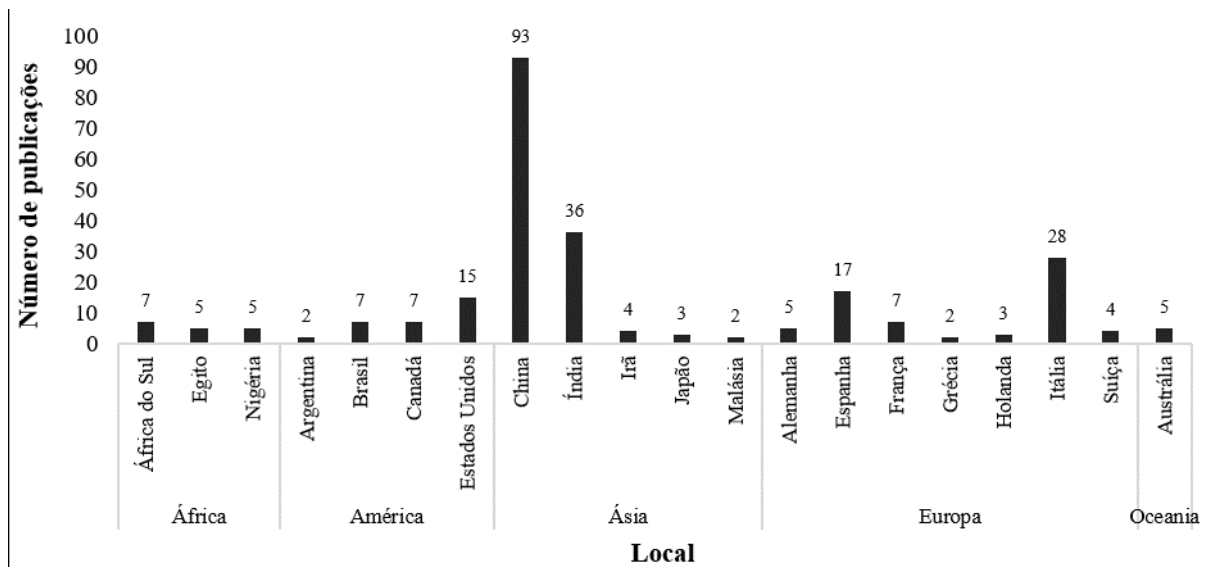


Figura 4. Número de palavras-chave referentes aos principais temas que envolvem produção animal e conservação da biodiversidade em *Capra hircus*.

Tabela 1. Dez principais organizações com publicações sobre uso de SNP em *Capra hircus*.

País	Organização	Registros	
		n	%
China	North West O. F. University China	81	30,57
	Jiangsu Normal University	27	10,19
	Chinese Academy of Agricultural Science	15	5,66
	Huazhong Agricultural University	12	4,53
Índia	Indian Council of Agricultural Research Icar	46	17,36
	Icar National Bureau of Animal Genetic Resources	36	13,58
Itália	University of Sassari	13	4,91
	University of Milan	11	4,15
França	Institut National de la Recherche Agronomique	14	5,28
Espanha	Autonomous University of Barcelona	10	3,77
Total		265	100,0

Fonte: Web of Science™

Tabela 2. Publicações depositadas por autor principal do Brasil (1) e em conjunto com autores de outros países (2) que envolvem o uso de SNP na *Capra hircus*.

(1) Publicações de autores principais brasileiros		
Organização/país	Referência	Título da publicação
Universidade Estadual Paulista	Stafuzza et al. 2016	Sequence analysis of the S1PR1 gene in river buffalo.
	Borges et al. 2013	Clinical and molecular study of a new form of hereditary myotonia in Murrah water buffalo.
Universidade Federal Fluminense	Olivares et al. 2015	Comparison of different methods of goat sperm selection and capacitation for optimization of assisted reproductive technologies.
Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, São Paulo	Bressani et al. 2014	Single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with gastrointestinal nematode infection in goats.
Universidade Federal do Rio Grande do Sul	Andrade, Barbosa & Driemeier 2018	Identification of single nucleotide polymorphisms in the prion protein gene in Santa Ines and Dorset.
(2) Publicações conjuntas		
Colômbia/Brasil/Espanha/Itália/Grécia/Irã/Romênia	Kirikçi et al. 2016	Analysing the diversity of the caprine melanocortin 1 receptor (MC1R) in goats with distinct geographic origins
Argentina/Brasil	Cardona et al. 2015	Association of SNPs in the genes for kappa-casein and beta-lactoglobulin with lactation curves in dairy goats
Itália/Brasil	Sardina et al. 2012	Polymorphisms of beta-lactoglobulin promoter region in three Sicilian goat breeds
Portugal/Brasil	Gama & Bressan 2011	Biotechnology applications for the sustainable management of goat genetic resources
Itália/Brasil	Caprera et al. 2007	Gosh: a web-based database for goat and sheep EST sequences
Itália/Brasil	Caprera et al. 2007	Gosh: a goat and sheep ESTs database

Fonte: Web of Science™