

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**PROGRAMA DE DOUTORADO INTEGRADO EM ZOOTECNIA**

**REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE PARA ESTUDO DA  
CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE CAPRINOS:  
A EXPERIÊNCIASULAMERICANA**

**HENRIQUE SILVA SÉRVIO**  
*Zootecnista*

**RECIFE - PE**  
**SETEMBRO - 2020**

**HENRIQUE SILVA SÉRVIO**

**REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE PARA ESTUDO DA  
CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE CAPRINOS:  
A EXPERIÊNCIASULAMERICANA**

Tese apresentada ao Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, Universidade Federal da Paraíba e Universidade Federal do Ceará como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração: Produção Animal

**Orientadora:**

Profª Drª Maria Norma Ribeiro

**RECIFE - PE**

**SETEMBRO – 2020**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

S492r

Sérvio, Henrique Silva

Revisão sistemática e meta-análise para estudo da conservação de recursos genéticos de caprinos: a experiência sulamericana / Henrique Silva Sérvio. - 2020.

91 f. : il.

Orientadora: Maria Norma Ribeiro.

Inclui referências.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia (PDIZ), Recife, 2020.

1. variabilidade. 2. conservação de recursos genéticos. 3. caprinos. 4. diversidade genética. 5. raças locais. I. Ribeiro, Maria Norma, orient. II. Título

CDD 636

---

**HENRIQUE SLVA SÉRVIO**

**REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE PARA ESTUDO DA CONSERVAÇÃO DE  
RECURSOS GENÉTICOS DE CAPRINOS:  
A EXPERIÊNCIA SULAMERICANA**

Tese defendida e aprovada pela Comissão Examinadora em 29 de setembro de 2020

Comissão Examinadora:

Orientadora:

---

**Profª Drª Maria Norma Ribeiro**

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Examinadores:

---

**Profª Drª Laura Leandro da Rocha**

Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

**Drª Neila Lidiany Ribeiro**

Instituto Nacional do Semiárido

---

**Drª Janaina Kelli Gomes Arandas**

Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

**Profª Drª Renata Valéria Régis Souza**

Universidade Federal Rural de Pernambuco

**RECIFE – PE**

**SETEMBRO – 2020**

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

HENRIQUE SILVA SÉRVIO - Nascido na cidade do Recife, em 03.02.1991, Permambuco, filho de Henrique Luna Sérvio e Sueli Severina da Silva Sérvio, Casado com Cristiane Maia da Silva Sérvio e pai de Paulo Henrique Maia Silva Sérvio, graduou-se em Zootecnia na Universidade Federal Rural de Permambuco – UFRPE e em Licenciatura em Ciências Agrícolas também na Universidade Federal Rural de Permambuco – UFRPE, ambas formações em 2013. Ingressou em março de 2013 no Programa de Pós-graduação em Zootecnia, nível mestrado, na Universidade Federal Rural de Permambuco - UFRPE, na área de concentração Produção de Ruminantes, concluindo o curso em fevereiro de 2015, Em março de 2015 ingressou no Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia, na área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE. Em 06 de agosto de 2018 entrou em exercício como Professor EBTT de Zootecnia no Instituto Federal de Rondônia – IFRO, lecionando disciplinas no ensino básico (nível médio) e superior como: Produção Animal II e III, Genética, Melhoramento Genético Animal, Apicultura, Piscicultura, Parasitologia entre outras. Em 29 de setembro de 2020 defende sua tese de Doutorado.

*A Deus; aos meus pais, que sempre apoiam e dão força em minhas decisões; minha esposa e filho companheiros de todos os momentos, minhas irmã, pelo incentivo; a minha família e amigos pela alegria que trazem ao meu coração; e ao povo brasileiro, povo trabalhador.*

**Dedico**

## **AGRADECIMENTOS**

Ao nosso amado Deus, por sempre me dar forças desde o início para enfrentar todos os obstáculos, com coragem e determinação.

Ao Departamento de Pós-graduação de Zootecnia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, pelas condições de estudo.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela bolsa de estudo concedida no início do doutorado

À equipe do grupo de conservação em recursos genéticos animais - UFRPE, pelo companheirismo, aprendizado e incentivo.

À professora orientadora Maria Norma Ribeiro, pela orientação, paciência, amizade e incentivo e por fazer além de orientar uma pesquisa acadêmica, por ser compreensiva e sonhar junto comigo e minha família.

Ao Instituto Federal de Roraima por ser meu primeiro local de trabalho e pelo sonho realizado em ser docente.

À minha família em geral, em especial pai, mãe, irmã, esposa e filho, e a todas as pessoas que se envolveram para me ajudar na fase final de conclusão deste trabalho, e a todas as pessoas que, de alguma forma, contribuíram para realização do mesmo. De coração, muito obrigado!

## SUMÁRIO

	Página
Resumo geral .....	ix
Abstract.....	x
Introdução .....	11
Capítulo 1 – Revisão de literatura .....	14
Referências Bibliográficas.....	30
Capítulo 2 - Diversidade genética e padrões de estrutura populacional em raças caprinas localmente adaptadas da América do Sul: revisão sistemática. ....	32
Resumo .....	33
Abstract.....	34
Introdução .....	35
Material e Métodos .....	37
Resultados e Discussão.....	39
Conclusão .....	52
Referências Bibliográficas.....	53
Capítulo 3 – Meta-análise como ferramenta para entender a disseminação da diversidade genética entre raças caprinas locais e exóticas na América do Sul.....	55
Resumo .....	56
Abstract.....	57
Introdução .....	58
Material e Métodos .....	60
Resultados e Discussão.....	63
Conclusão .....	70
Referências Bibliográficas.....	71

## INTRODUÇÃO

Vários grupos de animais domésticos de origem portuguesa e espanhola foram na América do Sul introduzidos no durante o período colonial e tornaram-se precursores de grupos genéticos atuais. Por terem sido selecionadas em diferentes ambientes, apresentam características de adaptação a ecossistemas específicos do país e são conhecidos como grupos naturalizados. Porém, a adaptação a ambientes hostís à produção animal refletiu em baixa produtividade destes animais quando comparados às raças exóticas, o que tem contribuído para a expansão de raças de expressão comercial em ambientes, que outrora, eram utilizados para produção de raças locais (Egito et al., 2002).

Diante do cenário, que apresenta perspectiva de mudança climática com elevação de temperatura nas áreas tropicais, os recursos genéticos formados nesse ecossistema ganham importância como fonte potencial de combinações de genes que podem ser únicas (Barros et al., 2011) e relacionadas à rusticidade, por terem sido moldadas pela natureza em resposta a intempéries ambientais e/ou de natureza sanitária.

Na perspectiva de uso atual ou futuro, esses animais podem contribuir com suas características (Toro et al., 2009), justificando, portanto, serem merecedores de atenção especial quanto à garantia de manutenção de sua variabilidade genética e de sua identidade como grupos genéticos desse ambiente, principalmente, devido ao risco de erosão genética imposto pela introgressão de raças exóticas, que prevalecem nos rebanhos da América do Sul (Oliveira et al., 2010).

Em rebanhos de conservação o maior risco se deve à perda de unicidade genética provocada pela redução de variabilidade em decorrência de consanguinidade, que põe em risco a população (Litalien et al., 2009). Sendo assim, rebanho de conservação deve apresentar variabilidade genética (Egito et al., 2002) e a constatação de indícios de consanguinidade ou de déficit de heterosigiosidade devem ser vistas como um sinal de alerta de que é necessário recorrer a medidas práticas que inibam a perda da variabilidade genética. Como os países sulamericanos possuem limitações financeiras isso compromete a conservação de raças em risco de extinção, a caracterização genética destas no seu ambiente de criação ganha ainda mais importância, principalmente, se for atrelada a alternativas de manejo genético, pois poderá contribuir com a manutenção ou até mesmo com a ampliação da variabilidade genética. A relevância disso vem do fato que os rebanhos de conservação geralmente apresentam pequeno tamanho efetivo de população, o que expõe a raça a riscos de endogamia (Mackay e Falconer,

1962)

Dentre as opções técnicas disponíveis para ampliação de variabilidade genética em rebanhos de conservação, segundo (Oliveira Moura et al., 2019), a mais usual seria a introdução de progenitores de outros rebanhos, porém, preferencialmente que não tenham relação de parentesco direta com os indivíduos do rebanho de conservação.

Uma segunda opção seria interferir no manejo genético do rebanho, de forma a selecionar progenitores tanto com base em critérios que contemplem indicadores de desempenho influenciáveis pelo ambiente, como também incluir um indicador de variabilidade genética, indiferente às condições ambientais. Sabendo-se que as tecnologias disponíveis em genética molecular podem contribuir de forma eficiente para a conservação dos grupos genéticos de animais em risco de extinção e que a utilização de microarranjos de DNA vem sendo útil desde a caracterização do nível de diversidade genética (Marques et al., 2015) até a identificação de genes associados a funções biológicas (Fritsche-Neto et al., 2012; Bruford et al., 2015), objetivou-se: Realizar uma meta-análise de artigos publicados com enfoque na estrutura genômica populacional de caprinos do continente sulamericano; Investigar ocorrência de erosão genética provocada pelas raças exóticas nesses rebanhos; Averiguar a variabilidade genética nesses rebanhos e discutir manejo genético em rebanhos de conservação, visando manter variabilidade e baixa consanguinidade.

A Tese está dividida em três capítulos: Capítulo I, Artigo de revisão: Conservação de recursos genéticos de caprinos e ovinos: a experiência sulamericana, obedecendo as normas editoriais da Revista RG News (ISSN 2526-8074), à qual será submetido para publicação; Capítulo II, Diversidade genética e padrões de estrutura populacional em raças caprinas localmente adaptadas da América do Sul: revisão sistemática e meta-análise, elaborado de acordo com as normas editoriais da Revista Small Ruminant Research (ISSN 0921-4488), à qual será submetido à publicação; Capítulo III, Avaliação da diversidade genética entre as raças caprinas nativas e exóticas da América do Sul: Revisão sistemática e meta-análise, elaborado de acordo com as normas editoriais da Revista Small Ruminant Research (ISSN 0921-4488), à qual será submetido à publicação.

# CAPÍTULO 1

---

**ARTIGO DE REVISÃO:  
Conservação de recursos genéticos de caprinos e ovinos: a experiência sulamericana**

Manuscrito a ser submetido à Revista RG News (ISSN 2526-8074)

## **I - Artigo de Revisão**

### **Conservação de recursos genéticos de caprinos e ovinos: a experiência sulamericana**

Henrique Silva Sérvio<sup>a</sup>, Maria Norma Ribeiro<sup>b</sup>

a Instituto Federal de Rondônia, Km 228, Lote 2A, BR-364 - Zona Rural, s/n, 76960-970, Cacoal, RO, Brasil. E-mail: henrique.servio@ifro.edu.br

b Universidade Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manuel de Medeiros - Dois Irmãos, s/n, 52171-900, Recife, PE, Brasil. E-mail: mnribeiro@gmail.com

---

#### **RESUMO**

A busca pelo aumento de produtividade tem ocasionado a diminuição da biodiversidade desses recursos genéticos de forma substancial e o processo de erosão genética contínua é uma das principais causas da erosão pela substituição de raças locais por variedades melhoradas e/ou exóticas. O objetivo dessa revisão de literatura é atualizar e reunir as informações mais importantes sobre a situação da conservação dos recursos genéticos locais de caprinos e ovinos da América do Sul. Na busca pela conservação dos recursos genéticos até o momento, ainda existe uma grande lacuna entre o atual estado da arte no uso de ferramentas para caracterizar esses recursos e sua aplicação prática.

---

#### **ABSTRACT**

**(Conservation of goat and sheep genetic resources: the South American experience)** The pursuit of increased productivity has substantially reduced the biodiversity of these genetic resources and the process of continuous genetic erosion is a major cause of erosion by replacing local breeds with improved and / or exotic varieties. The purpose of this literature review is to update and gather the most important information on the conservation status of local goat and sheep genetic resources in South America. In the pursuit of conservation of genetic resources to date, there is still a large gap between state of the art tools to characterize these features and their practical application.

---

## **Introdução**

A produção de alimentos de origem animal tem sofrido forte influência nos últimos anos, tendo como principais aspectos: evolução nas políticas, mudanças climáticas e demandas de mercado (BRUFORD et al., 2015). Os Recursos Genéticos Animais (RGA) incluem todas as espécies animais, raças e estirpes que são de interesse em termos de produção alimentar e agrícola (AHTIAINEN; EIJA, 2011). A busca pelo aumento de produtividade tem ocasionado a diminuição da biodiversidade desses recursos genéticos de forma substancial e o processo de erosão genética contínua é uma das principais causas da erosão pela substituição de raças locais por variedades melhoradas e/ou exóticas (FAO, 2007).

O subcontinente sul-americano é uma área vasta e variável que inclui 12 países independentes e muitas condições ecológicas diferentes, desde áreas tropicais no norte a climas temperados no centro e condições semi-desérticas no sul. Os caprinos e ovinos são recursos genéticos de extrema importância para a população da América do Sul.

Apesar disso, há necessidade de organização da cadeia produtiva uma vez que, não está bem estruturada e, com relação às raças nativas de caprinos e ovinos esse fato se agrava ainda mais, haja vista que encontram-se em franco processo de diluição genética e carecem de programas de conservação que garantam a sua sobrevivência. (RIBEIRO, 2006).

O objetivo dessa revisão de literatura é reunir as informações mais importantes sobre a situação da conservação dos recursos genéticos locais de caprinos e ovinos da América do Sul, apontando as oportunidades para desenvolvimento sustentável a partir da criação dos pequenos ruminantes pelos agricultores tradicionais e pastorais com trabalho de base predominantemente familiar. As informações são derivadas de artigos publicados, livros, relatórios e sites.

## **Recursos genéticos de caprinos e ovinos locais da América do Sul.**

A análise das raças de caprinos e ovinos locais da América do Sul foi baseada no Banco Mundial de Dados da FAO sobre Recursos Genéticos Animais para Agricultura e Alimentação (DAD-IS, 2019), que é a mais abrangente fonte mundial de informação sobre a diversidade genética animal, sendo essa a fonte oficial para a elaboração de relatórios sobre a situação dos recursos genéticos mundiais (FAO, 2007; FAO 2019).

A denominação crioula (criolla, em espanhol) em sentido estrito, é algo ibérico (puro) nascido e cultivado na América. Caprinos e ovinos Ibéricos originais são diferentes de qualquer outro lugar e é por isso que eles representam algo insubstituível como recurso genético (SPONENBERG, 2018).

### Caprinos

- *Argentina*: as estatísticas oficiais não permitem a diferenciação de raças de caprinos, no entanto, estima-se que aproximadamente 90% das cabras possam ser atribuídas ao grupos chamado de Crioulos (LANARI et al., 2019).

- *Brasil*: os caprinos brasileiros são predominantemente animais sem padrão racial definido (SPRD). As cabras nativas representam uma minoria constituída principalmente pelas raças Moxotó e Canindé, além de grupos menores como Marota, Gurgueia, Azul, Graúna e Repartida, esses grupos sofrem com a influência de raças exóticas, introduzidas para melhorar o desempenho produtivo das raças locais (RIBEIRO et al., 2004; DA ROCHA et al., 2016). Ainda segundo da Rocha et al. (2016) essa é a principal razão por trás da perda de diversidade genética entre raças que possuem uma maior suscetibilidade à extinção.

- *Colômbia*: de acordo com o Ministério da Agricultura e Desenvolvimento Rural (2010), a caprinocultura está presente nas grandes grande parte do território, o que demonstra sua adaptação às diferentes condições topográficas, ambientais e culturais, com objetivos produtivos específicos de acordo com as diferentes regiões. Porém a produção de caprinos é

tradicionalmente marginal, artesanal e em condições extensas, onde a produção e o consumo são de natureza regional e cultural (VARGAS-BAYONA et al., 2016). As localidades com o maior número de caprinos são La Guajira, Cesar, Santander, norte de Santander e Magdalena, todos estes localizados no Norte e Nordeste do país, entre os quais se concentra 88% da população total de cabras (VARGAS-BAYONA et al., 2016).

- *Ecuador*: A população de cabras no país, de acordo com o último censo agrícola (INEC, 2012), é 108.714 cabeças, das quais 82% são na região da Serra, 17,79% na região da Costa e 0,21% no restante do país, a população de cabras está sofrendo uma tendência numérica negativa. De acordo com esses dados estatísticos, 85% da produção de caprinos no país é composta de animais mestiços, explorados sob sistemas extensivos. Além disso, existem muito poucos animais crioulos, o que representaria cerca de 15%. Demandas e opções seletivas de mercado como de cruzamento com raças melhoradas, levaram ao abandono de espécies nativas afetando a variação genética desta espécie de animal com pressão de associações nacionais e internacionais de criadores, nas quais se torna praticamente obsessiva a homogeneização de fenótipos (GÓMEZ-CARPIO, 2016).

- *Peru*: a população de caprinos é de cerca de 1.950.000 animais, sendo a raça predominante a crioula, no entanto, nos últimos anos, foram introduzidas diferentes raças de carne e dupla aptidão, como o Anglo Nubiana, com o intuito de melhorar a produtividade de cabras crioulas uma ampla gama de ambientes, além disso o nível diversidade genética dos caprinos crioulos peruano é alto ( $He = 0,7$ ); isso permite estabelecimentos de programas de conservação e melhoramento genético dos caprinos crioulos peruanos (AZOR et al., 2008; GÓMEZ-URVIOLA et al., 2016).

- *Bolívia*: Os caprinos crioulos bolivianos estão muito bem adaptadas às condições ambientais e de reprodução predominantes nos vales interandinos e nas planícies baixas e secas do país, sendo, 82% dos caprinos encontrados nos vales interandinos, e as 18% restantes em

regiões de planície seca. O número de cabras em todo o país foi estimado em 2.091.000 cabeças no último censo do ano 2008 (INE, 2008), porém uma limitação é a falta de distinção entre raças no censo de agropecuário. Tendo em conta a número de caprinos importados, estima-se que apenas existem algumas centenas de Anglo-Nubiano puros no país, o número de caprinos predominantemente crioulos ou mestiços com Anglo-Nubianos, mas não há números publicados (STEMMER; ZÁRATE, 2016).

- *Uruguai*: Semelhante ao que acontece com as outras espécies de gado doméstico, o Uruguai tem predominância de raças não locais (exóticas) sobre recursos genéticos locais ou "crioulos" de animais, sendo as cabras crioulas espalhadas em pequenos grupos de cinco a 20 animais em condições semi-selvagem e em estabelecimentos comerciais nas cordilheiras do Uruguai (como o Serras da Cuchilla Grande em Lavalleja e Trinta e Três e montanhas de Haedo em Tacuarembó) (MERNIES-FALCONE; SIERRA, 2016). Ainda segundo Mernies-Falcone; Sierra (2016) esses animais são usados apenas para consumo da sua carne pelos proprietários dos estabelecimentos rurais, não realizando nenhum tipo de manejo com o objetivo de manter esse grupo em um estado de pureza genético. Todas essas condições permitem a consideração desse grupo como uma população com alto risco de extinção, dentro dos parâmetros da FAO é considerada como desconhecida.

- *Venezuela*: Atualmente, a Venezuela tem uma população estima-se um número de 1.057.056 caprinos no país, embora não se saiba quantas delas, são crioulas (MAT, 2009). Apesar de todo potencial apresentado pelas raças locais, como a grande adaptação ao meio ambiente tropical, resistência a pragas e doenças do trópico elas sofrem com grande erosão, principalmente produto do cruzamento constante com outras raças estrangeiras na busca de produzir uma quantidade crescente de alimentos (ARANGUREN-MÉNDEZ ET AL.; 2013).

## Ovinos

- *Brasil*: Cabe destacar, segundo Mariante et al. (2003) que o Brasil possui 25 raças ovinas, das quais, dez são consideradas locais, podendo apresentar cobertura lanada, deslanada e mistas. Destas, sete estão inscritas no Livro de Registro Genealógico do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento e três pertencem a rebanhos de subsistência, com população de pequeno porte, porém regionalmente representativas (Cabugi, Barriga Negra ou Blackbelly e Angorá).

- *Chile*: atualmente, estima-se que existam 46 raças ovina, das quais apenas 10 estão oficialmente registradas no Serviço Agrícola e Pecuário (SAG), o organismo oficial de controle da pecuária do país, porém existem pelo menos 3 raças de origem nacional registradas nos últimos dez anos, e as demais são principalmente de caráter internacional (DE LA BARRA; MARTÍNEZ; CARVAJAL, 2018).

- *Equador*: a produção de ovinos no país, segundo dados do Censo Agropecuário Nacional de 2003, realizado pelo Instituto Nacional de Censos (INEC), destaca que a maior população ovina é o crioula, seguido de mestiços e puros. Da população total, 97% está na Serra, desse percentual 80% está nas mãos de agricultores e pequenos produtores. Os rebanhos são criados principalmente em áreas marginalizadas sendo de grande importância para os agricultores familiares, a criação é feita em topografia irregular, onde existem fontes alimentares de grande variedade, aproveitando os resíduos das culturas, restolho, bem como pastagens naturais (ÁLVAREZ-PERDOMO et al., 2019)

- *Argentina*: Atualmente, as ovelhas crioulas argentinas são o terceiro grupo racial do país, com 7,6% do total de estoques, depois do Merino e Corriedale (Lynch et al., 2010), mas ainda há uma importante falta de informação sobre esse recurso que não permite seu uso econômico de acordo com suas possibilidades potenciais. Embora a população mais numerosa esteja no noroeste, sua distribuição é muito ampla, pois registra sua presença em quase todas as províncias argentinas, incluindo as patagônicas, onde a ovelha crioula é de grande importância

econômica e social para pequenos produtores e artesãos (PEÑA et al., 2013). No mesmo sentido, destaca-se a ovelha crioula do oeste de Formoseño, onde também desempenha um papel fundamental na vida das comunidades originais, principalmente do grupo étnico Toba, na província de Córdoba, nas Serras de los Comechingones, a ovelha crioula regional está muito bem adaptada a zonas ecológicas desfavoráveis, permitindo o uso ideal dos recursos naturais de forragem, sendo a produção de carne e lã uma fonte importante de renda para um grande número de fazendas familiares (PEÑA et al., 2013).

- *Uruguai*: É comum a existência de fazendas mistas de espécies, bovinos e ovinos, em sistemas de produção semi-extensivos ou extensivos, aproveitando as pastagens naturais. No nível de todo o território nacional, existem cerca de 39.566 estabelecimentos exclusivamente de gado, ocupando cerca de 12.796.000 hectares, aproximadamente 94% da área agrícola. Nos últimos anos, a Área de Melhoramento Genético Animal e o Laboratório de Genética, ambos pertencentes à Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade da República, têm identificado e estudado rebanhos de ovinos crioulos uruguaios para sua conservação. Assim, alguns núcleos pequenos, com menos de 50 animais, foram detectados em extensos estabelecimentos comerciais em diferentes áreas do país. Essas empresas rurais não identificam os animais, nem mantêm registros genealógicos ou produtivos deles (FERNÁNDEZ; MERNIES; MACEDO, 2009)

- *Colômbia*: Existem muito poucos relatos de registros de tamanho populacional de ovinos, estima-se que a Colômbia possua cerca de 1.044.445 animais ovelha lanadas (ENA, 2001). O último censo que mostra a distribuição das populações foi relatado pelo Ministério da Agricultura em 1995, e mostra-se que cerca de 39% da população total são crioulos de lã com, cuja distribuição geográfica está localizada nas áreas montanhosas frias principalmente de Boyacá, Cundinamarca, essas populações estão localizadas principalmente em regiões com alturas acima de 2.600 metros d nível do mar em terrenos adequados para pastagem. Por outro

lado, aproximadamente 50% da população é representada por ovinos conhecidos como africano (ou Camuro), dependendo da região do país, estão localizados nas partes baixas e quentes. Principalmente em La Guajira e, em menor grau, em Cesar, Santander, Tolima. Em muitas fazendas, os ovinos têm como sinal de riqueza a comunidade indígena e, em sua grande maioria, são comercializadas na Venezuela (MARTÍNEZ et al., 2009).

- *Bolívia*: O último censo foi realizado em 2013 (CID, 2015), indicando um número de 6,2 milhões de ovinos no país. Vinte e oito anos antes, em 1985, o número de ovinos era de 6,8 milhões, demonstrando estagnação do setor. Os departamentos de La Paz e Potosí relatam um número maior de unidades produtivas com ovinos. Os recursos genéticos dos ovinos nativos são pouco estudados e os mais suscetíveis à erosão genética. Nas populações de ovinos crioulos, existem informações insuficientes sobre o potencial produtivo, apesar de sua rusticidade e adaptação a ambientes marginais, possível tolerância a parasitas externos e internos e sua natureza de poliéstrica (STEMMER; BARRÓN, 2009). Dadas essas características, a população de ovelhas crioulas representa um recurso genético de valor notável, que também mantém uma grande variação nos caracteres produtivos. Desde 2004 o Comitê Consultivo Nacional recomendou que fossem feitos esforços para determinar a distância genética, avaliações comparativas com raças introduzidas determinando taxas de eficiência produtiva sob diferentes modalidades de manejo.

Em relação à situação dos recursos genéticos dos caprinos e ovinos da América do sul, alguns acreditam que a conservação reduzirá os níveis produtivos do setor agrícola. Se o objetivo é um sistema sustentável, normalmente a conservação aumenta a produtividade de todo o sistema. A ideia de melhorar implica que o que existe não é suficiente. No exemplo da "super vaca" de Bill Gates, a ideia é que precisamos criá-la. Pelo contrário, ela já existe e só é preciso saber trabalhar com ela (SPONENBERG, 2018).

### **Situação de risco.**

Entre os principais recursos genéticos de caprinos da América do sul destacam-se pelo menos 25 raças (ou ecótipos) descritos na literatura (Tabela 1) sendo Brasil e a Argentina apresentando a maior quantidade de raças de animais crioulos, ambos com sete, seguidos por Chile, Colômbia e Equador, sendo descritas duas raças cada e Bolívia, Paraguai, Uruguai, Peru e Venezuela com apenas uma.

**Tabela 1.** Raças de caprinos locais da América do sul e situação de risco de extinção considerada pela FAO. Fonte: DAD-IS (2019)

País	Raça <sup>1</sup>	Situação de Risco <sup>2</sup>
Argentina	Criolla Formoseña	Fora de risco
	Criolla Serrana	Desconhecida
	Sanluisseña	Desconhecida
	Colorada Pampeana	Fora de risco
	Criolla Neuquina	Desconhecida
	Criolla de Córdoba	Desconhecida
	Criolla de los llanos	Desconhecida
Bolívia	Criolla boliviana	Fora de risco
Brasil	Azul	Desconhecida
	Canindé	Desconhecida
	Graúna	Desconhecida
	Gurgueia	Desconhecida
	Marota	Desconhecida
	Moxotó	Desconhecida
	Repartida	Desconhecida
Chile	Criolla chilena	Fora de risco
	Juan Fernandez	Desconhecida
Colômbia	Cabra Santandereana	Fora de risco
	Criolla Colombiana	Fora de risco
Equador	Criolla Ecuatoriana	Em risco
	Galápagos	Desconhecida
Paraguai	Criolla Paraguaya	Desconhecida
Peru	Criolla Peruana	Desconhecida
Uruguai	Criolla Uruguaya	Desconhecida
Venezuela	Criolla Venezuelana	Desconhecida

<sup>1</sup> Raças ou ecótipos; <sup>2</sup> Situação de risco oficial caracterizada pela FAO até 2019.

Em relação aos recursos genéticos de ovinos da América do sul destacam-se pelo menos 28 raças (ou ecótipos) detalhados pela literatura (Tabela 2) sendo o Brasil apresentando a maior

quantidade de raças de animais crioulos, dez, seguidos por Argentina com quatro, Chile e Colômbia com três, Uruguai e Venezuela, sendo descritos duas raças cada e Bolívia, Equador e Paraguai, com apenas uma.

**Tabela 2.** Raças de ovinos locais da América do sul e situação de risco de extinção considerada pela FAO.  
Fonte: DAD-IS (2019)

País	Raça <sup>1</sup>	Situação de Risco <sup>2</sup>
Argentina	Criolla del Oeste	Fora de risco
	Formoseño	Desconhecida
	Criolla de la Sierra de los Comechingones	Desconhecida
	Criolla en la provincia de Buenos Aires	Desconhecida
	<u>Criolla Argentina</u>	<u>Fora de risco</u>
Bolívia	Criolla boliviana	Fora de risco
Brasil	Crioula lanada	Em risco
	Santa Inês	Fora de risco
	Morada Nova	Fora de risco
	Rabo Largo	Em risco
	Bergamácia Brasileira	Em risco
	Somális Brasileira	Em risco
	Cariri	Em risco
	Barriga Negra	Desconhecida
	Cabugi	Desconhecida
Angorá	Desconhecida	
Chile	Criolla chilena	Desconhecida
	Criolla corriente	Desconhecida
	Criollo araucana	Desconhecida
Colômbia	Mora colombiana	Desconhecida
	Criolla colombiana	Fora de risco
	Ovina de pelo (ou camuro ou africana)	Desconhecida
Equador	Criolla Ecuatoriana	Fora de risco
Paraguai	Criolla Paraguaya	Desconhecida
Peru	Criolla Peruana	Fora de risco
Uruguai	Merilín	Fora de risco
	Criolla Uruguaya	Em risco
Venezuela	Criolla Venezuelana	Desconhecida
	Barbabos Barriga Negra	Desconhecida

<sup>1</sup> Raças ou ecótipos; <sup>2</sup> Situação de risco oficial caracterizada pela FAO até 2019.

É necessário que se disponha de informações sobre a situação de risco de extinção das

raças que se quer conservar (FAO, 2007). Ainda segundo a FAO (2007) a situação em relação ao risco é definida, sobretudo, com base no tamanho e na estrutura de uma população. Dados sobre os cruzamentos entre raças também podem ser importantes para avaliar a ameaça de diluição genética, da mesma forma que informações sobre a distribuição geográfica das raças e o nível de endogamia da população.

Segundo diretrizes da FAO (1998) de uma maneira geral uma raça é classificada como em risco de extinção quando o número total de reprodutoras é menor ou igual a 1.000, ou quando o número total de reprodutores é menor ou igual a 20, ou quando o tamanho da população em geral é superior a 1.000 e inferior ou igual a 1.200 e está diminuindo, e a percentagem de fêmeas que estão sendo acasaladas com machos de sua mesma raça é inferior a 80 %, porém um extrato mais específico da classificação do risco de extinção subdivide em estágios: extinta, crítica, crítica mantida, ameaçada de extinção, ameaçada de extinção mantida, fora de risco e desconhecida (Tabela 3).

De acordo com as informações extraídas do DAD-IS (2019) das 25 raças locais de caprinos 6, ou seja 24%, encontram-se atualmente fora de risco de extinção, apenas 1 tem situação definida como em risco e as outras 18 que corresponde a 72% tem sua condição de risco desconhecida. No caso das raças locais ovinas das 28 pelo menos 9 estão fora de risco, 6 com algum grau de risco de extinção e as demais 13 raças com situação desconhecida o que representa respectivamente 32%, 22% e 46% da situação de risco das categorias (Tabelas 1 e 2).

No caso de situação de risco desconhecida a FAO (1998) sugere um plano de ação para caracterização da raça evidenciando: a) grau de cruzamento na população; b) taxa reprodutiva e intervalo de geração da população (populações com baixas taxas de reprodução estão relativamente em maior risco do que populações de alta capacidade reprodutiva); c) peculiaridades e características especiais dos sistemas de produção (intensivo, extenso, nômade

etc.); d) taxas históricas e atuais de declínio no número da população; isolamento geográfico da população ou sua concentração em um ou alguns locais que colocariam em risco como resultado de mudanças climáticas, econômicas ou políticas ou surtos de doenças.

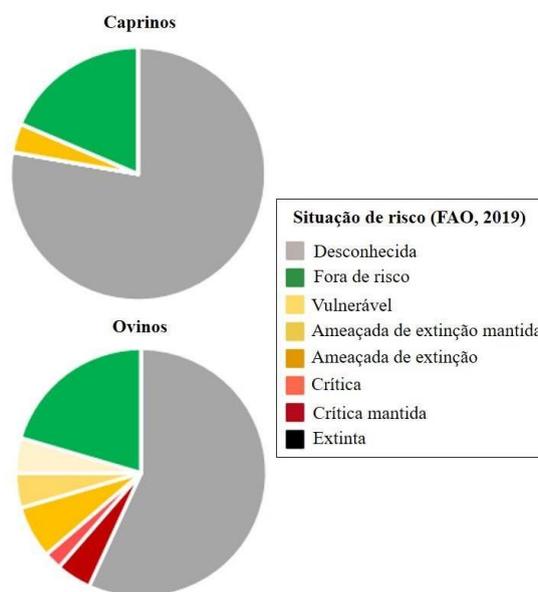
O status de risco de uma raça é considerado desconhecido se não houver dados populacionais atualizados. Buscando otimizar os dados a FAO (2018) pela primeira vez para a classificação buscou informações sobre conservação in vivo de recursos genéticos animais a partir do documento “In vivo conservation of Animal Genetic Resources” (FAO, 2013).

**Tabela 3.** Caracterização para determinação da situação de risco de extinção das raças de animais domésticos. Fonte: FAO (1998).

Situação de risco	Condição
Extinta	Não há machos reprodutores (sêmen) e fêmeas reprodutoras (oócitos), nem embriões restantes. Na realidade, a extinção pode ser realizada bem antes da perda do último animal, gameta ou embrião.
Crítica	O número total de fêmeas reprodutoras for menor que 100 ou o número total de machos reprodutores for menor ou igual a 5; ou o tamanho total da população está próximo, mas um pouco acima de 100 e diminuindo, e a porcentagem de fêmeas sendo criadas puras é inferior a 80%.
Crítica mantida	Como a Crítica, porém existem programas de conservação ativos ou populações são mantidas por empresas comerciais ou institutos de pesquisa.
Ameaçada de extinção	O número total de fêmeas reprodutoras estiver entre 100 e 1000 ou o número total de machos reprodutores for menor ou igual a 20 e maior que 5; ou o tamanho total da população estiver próximo, mas um pouco abaixo de 100 e aumentando e a porcentagem de fêmeas sendo criadas puras está acima de 80%; ou o tamanho total da população está próximo, mas um pouco abaixo de 1000 e diminuindo, e a porcentagem de fêmeas sendo criadas puras é inferior a 80%.
Ameaçada de extinção mantida	Como a ameaçada de extinção, porém existem programas de conservação ativos ou populações são mantidas por empresas comerciais ou institutos de pesquisa.
Fora de risco	O número total de fêmeas e machos reprodutores for maior que 1000 e 20, respectivamente, ou se o tamanho da população se aproximar de 1000 e a porcentagem de fêmeas reprodutoras puras for próxima de 100%, e o tamanho total da população está aumentando.
Ameaçada de extinção	O número total de fêmeas reprodutoras estiver entre 100 e 1000 ou o número total de machos reprodutores for menor ou igual a 20 e maior que 5; ou o tamanho total da população estiver próximo, mas um pouco abaixo de 100 e aumentando e a porcentagem de fêmeas sendo criadas puras está acima de 80%; ou o tamanho total da população está próximo, mas um pouco abaixo de 1000 e diminuindo, e a porcentagem de fêmeas sendo criadas puras é inferior a 80%.
Desconhecida	Necessário mais estudos para caracterização da raça e plano de ação para coleta dos dados.

Em relação às raças caprinas locais são classificadas como fora de risco 18%. A porcentagem de raças classificadas como de risco desconhecido é de aproximadamente 78% e 4% ameaçadas de extinção (Figura 1).

No caso dos ovinos locais também existe um grande número de raças para as quais não há dados de status de risco disponíveis, porém em termos percentuais é menor que caprinos em torno de 57%. Caracterização como fora de risco (20%), vulnerável (5%), Ameaçada de extinção (7%), Ameaçada de extinção mantida (4%), Crítica (5%) e Crítica mantida (2%) como mostra a figura 1.



**Figura 1.** Caracterização da situação de risco de raças caprinas e ovinas locais da América de Sul em percentual. Fonte: DAS-IS (2019)

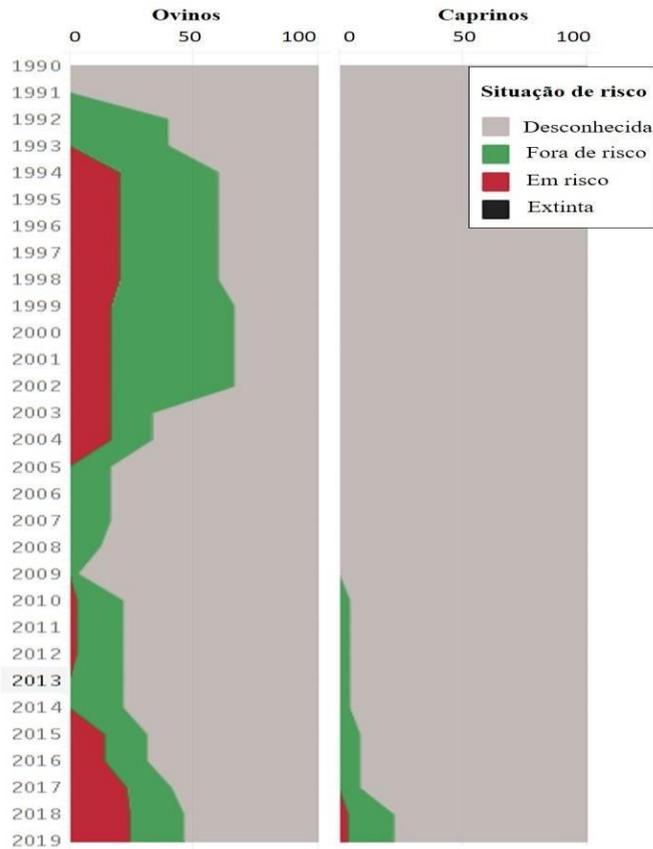
Segundo a FAO (2018) o elevado número de raças com classificação desconhecida por falta de dados é uma séria restrição à efetiva priorização e planejamento das medidas de conservação dessas raças. Número de extintos não foram contabilizados porém provavelmente ao investigar mais a situação de risco já é esperado que siga a tendência de outras regiões e algumas já sejam consideradas extintas, só de raças locais ovinas quando visualizado o mundo todo já são pelo menos 129, algumas raças podem ter se tornado extintas antes de serem documentadas.

As regiões consideradas pela FAO (2018) com maiores proporções de raças classificadas como de risco são a América do Norte e a Europa (45 e 48% respectivamente), essas são as regiões que possuem as indústrias pecuárias mais altamente especializadas, em que

a produção é dominada por um pequeno número de raças. Apesar de aparentemente grandes proporções de raças em risco dessas duas regiões, problemas em outras regiões podem ser obscurecidos pelo grande número de raças com status de risco desconhecido, que é o caso da América Latina e Caribe de uma forma geral.

Os dados apresentados na Figura 2 mostram a evolução do status de risco das raças locais de caprinos e ovinos no período 1990-2019. Durante esse período, Como afirmado anteriormente, o status desconhecido permanece elevado para a maioria dessas raças. A adoção do Plano de Ação Global para Recursos Genéticos Animais e a Declaração de Interlaken em 2007, quando uma grande quantidade de novos nomes de raças foi relatada ao DAD-IS demonstrou relativamente poucas atualizações. Os dados foram fornecidos pelos países sobre o tamanho da população dessas raças vem resultando, no caso dos caprinos principalmente, diminuição na proporção de raças locais com status de risco desconhecido.

Fazendo um recorte de ações para melhoria desse quadro da América do Sul podemos citar trabalhos como os de Silva et al. (2017), Ocampo et al. (2017), Ginja et al. (2017), da Rocha et al. (2016); Aranguren-Méndez et al. (2013), Ribeiro et al. (2012), Oliveira et al. (2010) para estrutura populacional com marcadores moleculares; Barros et al. (2011) estrutura populacional com dados genealógicos; Lanari et al. (2019), Arandas et al. (2016), Rodrigues et al. (2009), Revidatti et al. (2007) caracterização fenotípica.



**Figura 2.** Tendência na situação de risco de raças caprinas e ovinas locais da América do Sul no período 1990-2019 em percentual. Fonte: DAS-IS (2019)

### **Estratégias para a conservação dos recursos genéticos locais de caprinos e ovinos na América do Sul.**

Existem diversas estratégias para a conservação desses recursos recomendadas pela FAO (FAO, 1998; FAO, 2012; FAO, 2013), incluindo uma série de métodos:

- 1) *Ex situ*: envolve a conservação de plantas ou animais em uma situação removida de seu habitat normal, podendo ser feita:
  - *in vivo*: criação de zoológicos, parques-fazendas, áreas protegidas, bem como pagamentos ou outras medidas de apoio aos pecuaristas para manter animais nativos mesmo distantes do ambiente natural;

- *in vitro*: material genético armazenado em nitrogênio líquido (sêmen, embriões, oócitos ou DNA de tecidos)

2) *In situ*: é a manutenção de populações vivas de animais em seu ambiente adaptativo ou o mais próximo possível da prática.

A conservação *ex situ* e *in situ* não são mutuamente exclusivas. Recursos genéticos animais congelados ou populações de zoológicos vivos em cativeiro podem desempenhar um papel importante no apoio a programas *in situ*.

Porém a CDB (Convenção sobre a Diversidade Biológica) em seu Artigo 8 dá clara prioridade à conservação *in situ* e refere-se a ela como a recuperação e manutenção de espécies ou raças no ambiente em que se desenvolveram. Essa estratégia também é a mais preferida, pois os animais continuam evoluindo em seu habitat original (ONU, 1992).

Para que essas medidas sejam efetivas, é preciso dispor de informações detalhadas sobre as raças incluídas nos programas, sobre o tamanho e a estrutura das populações consideradas, sobre os esquemas reprodutivos praticados entre outras medidas (FAO, 2007)

A nova Agenda para o Desenvolvimento Sustentável - Agenda 2030 - foi adotada na Cúpula das Nações Unidas em 2015 e inclui 17 Objetivos de Desenvolvimento Estratégico (ODS) e 169 metas. Sendo assim Comissão Estatística das Nações Unidas (CSNU) em 2015 adotou o desenvolvimento de indicadores. Em trabalho conjunto o Grupo Interinstitucional e de Peritos sobre indicadores para ODS (IAEG-SDG), composto por institutos nacionais de estatística e, como observadores, as organizações e agências regionais e internacionais tem como tarefa desenvolver completamente a estrutura de indicadores para o monitoramento das metas da Agenda de Desenvolvimento.

As estratégias adotadas endossam as que já vem sendo trabalhadas pela FAO em programas de conservação dos recursos genéticos, entre elas estão:

- Até 2020, manter a diversidade genética de sementes, plantas cultivadas e animais de criação e domesticados e suas espécies selvagens relacionadas, inclusive através de bancos diversificados de sementes e plantas nos níveis nacional, regional e internacional, e promover acesso e partilha justa e equitativa dos benefícios decorrentes da utilização dos recursos genéticos e conhecimento tradicional associado, conforme acordado internacionalmente.
- Número de recursos genéticos vegetais e animais para alimentação e agricultura garantidos em instalações de conservação de médio ou longo prazo.
- Definição da proporção de raças locais, classificadas como de risco, sem risco ou desconhecidas e nível de risco de extinção.

**Tabela 4.** Resumo das principais estratégias para CRGAN. Fonte: Bruford et al. (2015)

Desafios metodológicos	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Fenotipagem da próxima geração</li> <li>• Estudos de Associação e Dados das "ômicas"</li> <li>• Pesquisa de herança não autossômica</li> <li>• Estudos com DNA antigo (<i>Ancient DNA</i>, em inglês)</li> </ul>
Desafios analíticos	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Conservação da Diversidade Genômica</li> <li>• Estudos sobre Blocos de haplótipos vs. SNPs individuais</li> <li>• Gerenciamento da transição de dados de microssatélites para SNP</li> <li>• Estatísticas de diversidade em todo o genoma</li> </ul>
Gerenciamento de Dados	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Acessibilidade de dados</li> <li>• Disponibilidade de dados</li> <li>• Projetos Participativos</li> </ul>
Gerenciamento de Conservação e Priorização.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Avaliar se as prioridades de fato são prioridades.</li> <li>• Utilização prática dos RGAN</li> <li>• Definição de metas</li> </ul>

Por último, estratégias importantes também foram definidas na conferência do Programa de Recursos Genômicos da European Science Foundation (ocorrida em junho de 2014 na Universidade de Cardiff), nela questões de alta prioridade para pesquisa, infraestrutura

e desenvolvimento de políticas para a próxima década (2015-2025) foram destacadas. Em resumo, cientistas e decisores políticos do Sul e Leste da Ásia, América do Norte, Europa, apresentaram oitenta e seis sugestões que foram categorizadas em quatro grandes grupos: Desafios metodológicos, Desafios analíticos, Gerenciamento de Dados e Gerenciamento de Conservação e Priorização. Entre as estratégias, seus resultados são apresentados na tabela 4, encontrados mais detalhadamente em Bruford et al. (2015).

### **Desenvolvimento rural sustentável a partir da criação de raças locais**

O desenvolvimento rural sustentável baseia-se em várias estratégias, tais como: preservação e uso sustentável dos recursos genéticos animais e vegetais, diversificação da produção, produção para fins comerciais e de autoconsumo, agregando valor à produção (PINEDA-GRATEROL *et al.*, 2017).

Ainda segundo Pineda-Graterol *et al.* (2017) o papel da família e da mulher no desenvolvimento do trabalho e na promoção da agropecuária é fundamental para realização da transformação agrícola, assim como, a organização comunitária, essencial para a complementaridade de esforços e recursos no âmbito do desenvolvimento rural.

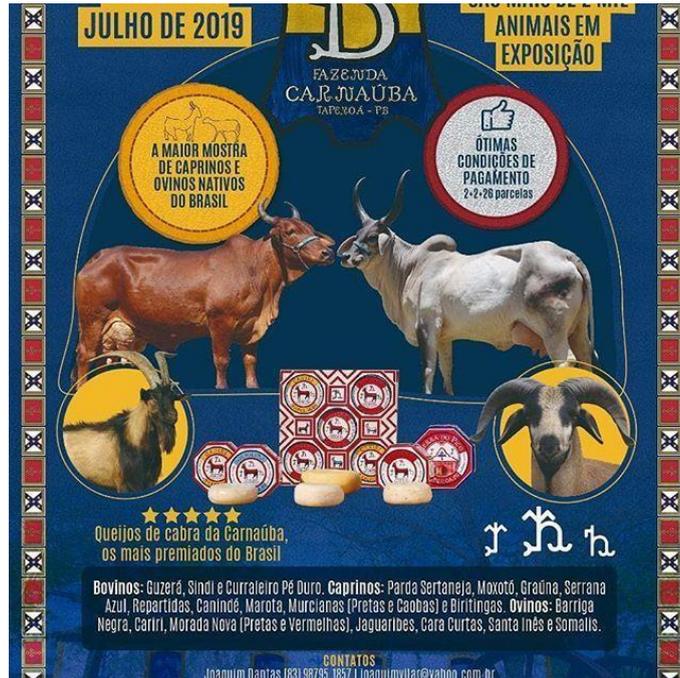
A exploração de caprinos e ovinos na América Latina é realizada há vários séculos sob condições extensivas e produzem animais conhecidos genericamente como crioulos. Estes possuem características valiosas, como resistência a doenças, longevidade, adaptação a ambientes de extrema aridez, produção aceitável de leite, alta fertilidade e sazonalidade reprodutiva reduzida (VILLAVICENCIO, 2015)

Ações que tem dado certo aliando recursos genéticos de caprinos e ovinos locais na América do Sul servem de modelo para promoção do desenvolvimento rural sustentável, por exemplo:

- *Caso 1:* A Agência Internacional de Energia Atômica em um projeto operado em conjunto com a FAO, busca melhorar a resistência a parasitas gastrointestinais de raças ovinas indígenas na América Latina, algumas organizações internacionais mencionam que a agência está envolvidas na coordenação redes regionais ou globais de recursos genéticos com o objetivo de compartilhar conhecimentos e garantir a conservação a longo prazo. (FAO, 2019).

- *Caso 2:* Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura (IICA) tem como missão, incentivar, promover e apoiar os estados membros (incluídos os países da América do Sul) em seus esforços para alcançar desenvolvimento e bem-estar rural por meio de cooperação técnica de excelência. Como prioridades para futuros workshops e atividades de capacitação estão a promoção do uso da agrobiodiversidade, inclusão da adoção de medidas territoriais ou paisagísticas, abordagens para a gestão integral e uso sustentável da agrobiodiversidade e espécies associadas (IICA, 2019).

- *Caso 3:* A Fazenda Carnaúba foi pioneira na produção de queijos de cabra no Nordeste, sob o comando de Manelito e Suassuna. Atualmente o desafio é enfrentado com maestria por Joaquim, em uma sucessão familiar de sucesso. Atualmente com média de 2.300 cabras, a fazenda Carnaúba consegue produzir cerca de 1.500 litros de leite por dia que resultam em 180 quilos de queijo. Os produtores rurais podem conhecer de perto a experiência no “Dia D” (Figura 3), evento no qual a fazenda abre suas portas com exposição e venda de animais, além de palestras com o objetivo de compartilhar conhecimentos e melhorar a vida no sertão.



**Figura 3.** Cartaz de divulgação do Dia D da Fazenda Carnaúba – Taperoá – PB, detalhe para uso de raças de caprinos locais do Brasil. Fonte: SEBRAE (2019)

### Considerações finais

Os desafios enfrentados pela conservação dos recursos genéticos são de origem social (por exemplo, socioeconômico e cultural) e envolve os agricultores, comunidades rurais e a sociedade como um todo. A conclusão geral é que, apesar do fato de o setor pecuário tem sido relativamente bem organizado na busca pela conservação dos recursos genéticos até o momento, ainda existe uma grande lacuna entre o atual estado da arte no uso de ferramentas para caracterizar esses recursos e sua aplicação comercial, dificultando a utilização consistente de recursos genéticos e dados genômicos, como indicadores de erosão e diversidade genética, para programas de conservação mais consolidados. O setores políticos e demais agentes da pecuária portanto, precisam fazer um esforço conjunto nos próximos anos para possibilitar uma democratização na utilização das raças locais à disposição e garantir a conservação desses recursos, bem como do desenvolvimento rural sustentável.

## Referências

- ARANGUREN-MÉNDEZ, J. et al. Diversidad genética en la cabra criolla venezolana mediante análisis con microsatélites. **Revista Científica de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad del Zulia**, v. 23, n. 3, p. 238–244, 2013.
- AZOR, P. J. et al. Estimación de las relaciones genéticas entre razas caprinas españolas y criollas utilizando microsatélites. **ITEA Informacion Tecnica Economica Agraria**, v. 104, n. 2, p. 323–327, 2008.
- BARROS, E. B et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de Zootecnia (Internet)**, v. 60, p. 543-552, 2011.
- BRUFORD, M. W. et al. Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources, 2015-2025. **Frontiers in Genetics**, v. 6, n. OCT, p. 1–11, 2015.
- CID (Centro de Información para el Desarrollo) 2015. Anuario Estadístico del Sector Rural, La Paz, Bolivia
- 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.
- FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. Rome (available at [http://lprdad.fao.org/cgi-bin/get\\_blob.cgi?sid= 1,50006316](http://lprdad.fao.org/cgi-bin/get_blob.cgi?sid= 1,50006316)).
- FAO. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B. Rischkowsky & D. Pilling. Rome (available at <http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm>)
- FAO. 2012. Cryoconservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 12. Rome.
- FAO. 2013. In vivo conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and

Health 9–15, 2018.

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.

RODRIGUES, D.S. et al. Estrutura populacional de um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciencia Animal (UECE)**, v. 19, p. 103-110, 2009.

SILVA, N.M.V. et al. Polymorphism of mitochondrial DNA in the Brazilian Canindé goat breed. **Genetics And Molecular Research**, v. 16, p. 1-12, 2017.

SPONENBERG, D. P. Fundamentos de la conservación de razas iberoamericanas. v. 12, p. 59–69, 2018. Guidelines. No. 14. Rome.

FAO. 2018. Commission on genetic resources for food and agriculture.

FAO. 2019. The State of the World's Biodiversity for Food and Agriculture, J. Bélanger & D. Pilling (eds.). FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome. 572 pp. (<http://www.fao.org/3/CA3129EN/CA3129EN.pdf>)

GALLEGO, R. O.; MARTÍNEZ, J. F.; MARTINEZ, R. A. Diversidad genética y estructura poblacional de ovinos criollos colombianos usando marcadores microsatélites. n. August 2017, p. 2, 2016.

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, 2017.

IICA (2019). Perspectivas para da agricultura e do desenvolvimento rural nas Américas: um olhar para América Latina e o Caribe 2019-2020. Disponível em: <<https://www.iica.int/pt>> acesso em 12 de dezembro de 2019.

LANARI, M.R. et al. Diversidad de razas caprinas criollas en argentina. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal**, v. 13, p. 28–40, 2019.

MINISTERIO DEL PODER POPULAR PARA LA AGRICULTURA Y TIERRAS (MAT).

VII Censo agrícola nacional. 2009.

MMA. **Convenção sobre Diversidade Biológica - CDBBiodiversidade**, 1992. Disponível em:

<<http://www.bioone.org/doi/abs/10.1896/1413-4705.12.3.157a>>

MUELLER, J. P. Programas de mejora genética de rumiantes menores basados en comunidades. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 25, n. 1, p. 61–75, 2017.

OCAMPO, R. J. et al. Genetic characterization of Colombian indigenous sheep. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, v. 30, n. 2, p. 116–125, 2017.

OLIVEIRA, R. R. et al. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. **Small Ruminant Research**, v. 144, p. 170–175, 2016.

PEÑA SP et al. Características Zoométricas De Ovinos Criollos De Cuatro Regiones De La Argentina Zoometric Characteristics of Criollo Sheep From Four Regions of Argentina. v. 3, p. 174–181, 2013.

DE LA BARRA; MARTÍNEZ; CARVAJAL. Conservación genética y registro de nuevas razas. v. 12, p.

## CAPÍTULO 2

---

### **ARTIGO:**

**Diversidade genética e padrões de estrutura populacional em raças caprinas localmente adaptadas da América do Sul: revisão sistemática.**

Manuscrito a ser submetido à Small Ruminant Research (ISSN 0921-4488)

## **Diversidade genética e padrões de estrutura populacional em raças caprinas localmente adaptadas da América do Sul: revisão sistemática.**

H. S. Sérvio<sup>ab</sup>, M.N. Ribeiro<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, 51171-900, Brazil. Email: henrique.servio@ifro.edu.br; normaribeiro70@gmail.com.

<sup>b</sup>Campus Cacoal. Instituto Federal de Rondônia. Km 228, Lote 2A, BR-364 - Zona Rural, RO, CEP: 76960-970 – Cacoal, Rondônia, Brasil.

### **Resumo**

O objetivo desse estudo foi fazer uma revisão quantitativa dos artigos científicos de genética de populações com foco em levantar as informações de forma a identificar padrões de estruturação das raças e os centros de maior concentração da diversidade genética de caprinos nativos da América do Sul, como forma de contribuir para futuros programas de conservação e desenvolvimento sustentável na região. Por meio de revisão sistemática da literatura um conjunto de dados de parâmetros genéticos para avaliação da diversidade de caprinos foi construído a partir de 12 publicações. Mil trezentos e trinta e um foi o número de animais utilizados de 19 raças caprinas nativas da América do sul. Os dados de ( $N_a$ ) Número total de alelos; ( $A$ ) Número médio de alelos por loco; ( $A_r$ ) Riqueza alélica; ( $H_e$ ) Heterozigozidade esperada; ( $H_o$ ) Heterozigozidade observada; ( $F_{is}$ ,  $F_{it}$ ,  $F_{st}$ ) Estatísticas F-Whigth e Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) foram utilizados. Os parâmetros foram sistematizados a partir de um conjunto de 20 marcadores moleculares relacionados nos artigos. No geral, a diversidade genética das populações crioulas (médias do número de alelos = 5,80; heterozigozidade observada = 0,592) foi moderada e ligeiramente inferior ao que foi detectado em outros estudos com raças de outras regiões. A nível de locus, o número total de alelos ( $N_A$ ) variou entre 3 e 22 com uma média de 12 alelos por locus. A riqueza alélica por locus foi cerca de quatro para a maioria dos loci. Os valores de  $F_{it}$  e  $F_{st}$  por locus apresentaram médias gerais de 0,173 e 0,164, respectivamente. A cerca da diversidade genética dentro das 19 populações de caprinos

crioulos analisados mostram em média ( $A = 5,713$ ;  $A_r = 3,658$ ;  $H_o = 0,611$  e  $H_e = 0,610$ ) resultados moderados. Já a diversidade entre as populações, o valor geral do  $F_{st}$  entre as 19 raças crioulas foi 0,129. A diversidade genética entre as populações por meio da distância Euclidiana estimada para os vários grupos de raças/ecótipos com base no dendograma apresentou distâncias mínimas entre os grupos que variaram de 0,09 a 1,46. Nossos resultados fornecem uma perspectiva ampla sobre a diversidade genética existente os caprinos crioulos da América do Sul e serve de suporte a estratégias de conservação.

**Palavras-chave:** heterozigozidade, variabilidade, conservação de recursos genéticos, raças crioulas.

## 1. Introdução

Os caprinos chegaram à América no período das grandes navegações mais precisamente durante a segunda viagem de Colombo em 1493. Devido à adaptabilidade desta espécie, eles foram rapidamente espalhados por todo o continente e facilmente integrados nas atividades agrícolas de civilizações nativas, que até então usavam camelídeos (Ginja et al., 2017). A população nativa e os colonizadores em conjunto contribuíram para a propagação dos caprinos em todo o continente. Atualmente, existem aproximadamente 35 milhões de caprinos na América latina e Caribe e cerca de 2,5 milhões na América do Norte, representando cerca de 3,5% do censo mundial (FAO, 2018).

Apesar da relevância social e econômica dos caprinos na América do Sul, com cerca de 28 raças reconhecidas na região, estas raças não estão sendo caracterizadas adequadamente (Boettcher et al., 2014).

As populações de caprinos nativos (também denominados crioulos) derivam das cabras ibéricas originais trazidas durante o período colonial, são recursos importantes, disponíveis para

desenvolvimento rural, especialmente em áreas marginais e sob cenário de mudanças climáticas. No entanto tem sofrido processos de deriva genética, bem como de seleção natural e artificial, além de serem ameaçados por cruzamento e/ou substituição por raças exóticas, causando divergência progressiva das populações ancestrais (Ribeiro et al., 2012; Ginja et al., 2017;).

Estudos no campo da biologia molecular tem facilitado a investigação sobre o grau de divergência genética entre populações de diversas espécies de animais com marcadores microsatélites, a exemplo dos caprinos (Calvo et al., 2012; Fatima et al., 2008; Li et al., 2002; Menezes. et al., 2006; Martínez et al., 2015; Serrano et al., 2009), desenvolvimento de uma matriz de SNP bem como metodologias do sequenciamento do genoma, o que contribui para que estudos de diversidade se tornem cada dia mais comuns (Tosser-Klopp et al., 2014).

Em estudos de genética de populações aplicados à conservação de raças, a maioria das análises de variabilidade genética baseia-se em estudos de diversidade genética e sua partição em componentes dentro e entre subpopulações (Souza et al., 2016). Os parâmetros mais amplamente utilizados para mensurar a diversidade genética dentro de populações são heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), heterozigosidade observada ( $H_o$ ), coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ), índice de fixação ( $F_{st}$ ), dentre outros.

Diante do aumento do número de trabalhos científicos sobre diversidade genética de caprinos para a obtenção de resultados mais consolidados, é necessário que as informações sejam reunidas, organizadas, avaliadas e quantitativamente mensuradas (Giannotti et al., 2005). Nesse contexto, a proposta de uma revisão sistemática é uma forma de revisar a literatura sobre determinado assunto, por meio do critério de seleção delimitado, o qual pode produzir novas evidências sobre o tema ou consolidar resultados já conhecidos, aumentando sua acurácia (Lovatto et al., 2007).

O objetivo com esse estudo foi fazer uma revisão sistemática da literatura dos artigos científicos de genética de populações considerando análises de variabilidade genética em 19 raças de caprinos provenientes de 8 países da América do Sul com foco em levantar as informações de forma a identificar padrões de estruturação das raças e os centros de maior concentração da diversidade da espécie na região (hotspots), como forma de contribuir para futuros programas de conservação e desenvolvimento sustentável na região.

## **2. Material e métodos**

### Pesquisa bibliográfica (Revisão sistemática)

Para identificar estudos publicados sobre dados que apresentem valores a respeito da diversidade genética e estrutura populacional das raças nativas, foi realizada pesquisa bibliográfica em bases de dados indexadas à plataforma periódicos CAPES, entre elas ISI Web of Science, Google Acadêmico, Scopus, Science Direct e Pubmed. Os estudos abrangem o período de 2006 a 2020, usando os seguintes termos de pesquisa: (caprinos \* OU raças locais OU cabras OU Capra hircus OU caprinos crioulos \*) AND (consanguinidade OU diversidade genética OU estrutura populacional OU população OU marcadores moleculares OU SNP OU erosão genética\* OU raças do “determinado país”). O banco de dados final incluiu 12 estudos independentes (Tabela 1).

**Tabela 1.** Lista dos 12 estudos de diversidade genética baseados em marcadores moleculares em caprinos incluídos no banco de dados. São indicados países, as raças nativas e o número e tipo de marcadores moleculares utilizados.

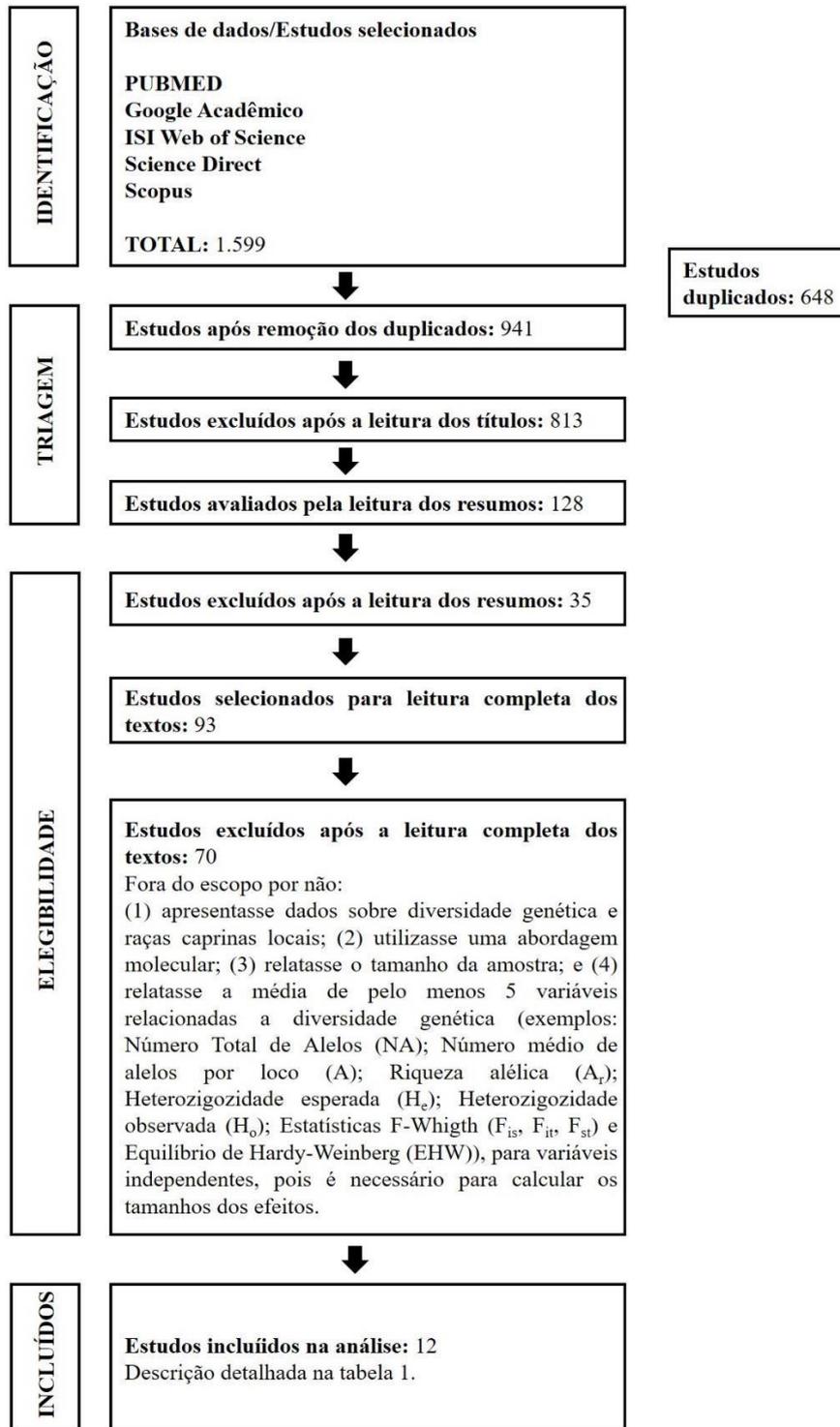
Referência	País	Raças nativas	Nº de marcadores	Tipo de marcadores
Aguirre-Riofrio et al, 2020	Equador	Chusca Lojana, Crioula de Galápagos	24	Microssatélites
Aranguren-Méndez et al., 2013	Venezuela	Criola Venezuelana	29	Microssatélites
Azor et al., 2008	Chile	Criola Chilena	10	Microssatélites
	Peru	Criola Peruana		
Bustamante, 2019	Peru	Criola Peruana	21	Microssatélites
Carvalho et al., 2015	Brasil	Marota, Azul	26	Microssatélites
Câmara et al., 2017	Brasil	Canindé	20	Microssatélites
Gómez; Ferrando; Jordana, 2011	Peru	Criolla Peruana	13	Microssatélites
Menezes et al., 2006	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	27	Microssatélites
Oliveira et al., 2010	Brasil	Moxotó	20	Microssatélites
Ribeiro et al., 2012	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	15	Microssatélites
Ginja et al., 2017	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	21	Microssatélites
	Argentina	Chilluda, Criola del Nordeste, Neuquina, Pampeana Colorada		
	Paraguai	Criola Paraguaya		
	Bolívia	Cr. Boliviana		
	Colômbia	Cr. Colombiana		
	Equador	Criolla de Galapagos, Criola Del Ecuador		
	Peru	Criolla Peruana		
Venezuela	Criolla Venezolana			
Sevane et al., 2018	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	20	Microssatélites
	Argentina	Chilluda, Criola del Nordeste, Neuquina, Pampeana Colorada		
	Paraguai	Criola Paraguaya		
	Bolívia	Cr. Boliviana		
	Colômbia	Cr. Colombiana		
	Equador	Criolla de Galapagos, Criola Del Ecuador		
	Peru	Criolla Peruana		



Os critérios para incluir um estudo na meta-análise foram que o estudo (1) apresentasse dados sobre diversidade genética e raças caprinas locais; (2) utilizasse uma abordagem molecular; (3) relatasse o tamanho da amostra; e (4) relatasse a média de pelo menos 5 variáveis relacionadas a diversidade genética (exemplos: Número Total de Alelos (NA); Número médio de alelos por loco (A); Riqueza alélica ( $A_r$ ); Heterozigotidade esperada ( $H_e$ ); Heterozigotidade observada ( $H_o$ ); Estatísticas F-Whighth ( $F_{is}$ ,  $F_{it}$ ,  $F_{st}$ ) e Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW)), para variáveis independentes, pois é necessário para calcular os tamanhos dos efeitos.

#### Agrupando os dados para análise

Com base na metodologia da revisão sistemática da literatura (figura 1) um total de 1599 artigos foram identificados nas pesquisas iniciais das bases de dados indexadas no Portal Periódicos CAPES (<https://www.periodicos.capes.gov.br/>) que disponibiliza de forma gratuita os artigos para membros da comunidade científica inscritos na plataforma CAFE (Comunidade Acadêmica Federada) (<https://www.rnp.br/servicos/alunos-e-professores/identidade-e-seguranca/caf>): ISI Web of Science, PubMed, Google Acadêmico, Science Direct e Scopus. Após a remoção de artigos duplicados, o título e os resumos de 941 artigos foram revisados para identificar um total de 70 artigos de pesquisa que atenderam aos nossos critérios de seleção iniciais. Após os critérios de elegibilidade, 13 estudos de diversidade genética de caprinos foram incluídos, os quais preencheram os critérios de inserção no banco de dados de raças caprinas nativas da América do Sul entre os anos 2006 a 2020.



**Figura 1.** Fluxograma da revisão sistemática.

Através da revisão sistemática da literatura foram tabulados dados sobre 19 raças de caprinos nativos da América do Sul distribuídas em 8 países (Figura 2).



**Figura 2.** Localização das 19 raças/ecótipos caprinas incluídas no estudo.

O banco de dados foi formado utilizando para as análises estatísticas informações de 1331 animais e 20 marcadores microssatélites. Para essas raças s foram cosndieradas informações que avalia a diversidade genética, tendo como parâmetros o Número Total de Alelos (NA); Número médio de alelos por loco (A); Riqueza alélica ( $A_r$ ); Heterozigozidade esperada ( $H_e$ ); Heterozigozidade observada ( $H_o$ ); Estatísticas F-Whigth ( $F_{is}$ ,  $F_{it}$ ,  $F_{st}$ ) e Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Os parâmetros foram sistematizados a partir de um conjunto de 20 marcadores moleculares relacionados nos artigos.

### Análises estatísticas

Aplicaram-se análise de componentes principais (ACP) aos parâmetros de diversidade genética para identificar aqueles que mais contribuíram para a variabilidade intra e inter populacional. As distâncias genéticas também foram observadas pela análise de cluster e plotadas na forma de dendrograma, calculado para agrupar as raças após aplicada a ACP. Asestatísticas foram realizadas com apoio do software SAS®.

## Resultados

### Diversidade genética por marcadores moleculares

Um total de 226 alelos foram detectados em todos os loci nas várias populações de caprinos analisados (Tabela 2). A nível de locus, o número total de alelos (NA) variou entre 3 (MAF209) e 22 (OarFCB304), com uma média de 12 alelos por locus e o número médio de alelos por loco (A) variou de 2,22 para MAF209 a 9,52 para BM6506. A riqueza alélica por locus, ou seja, o número de alelos diferentes independente do tamanho da amostra, também foi cerca de quatro para a maioria dos loci (BM1329, BM6506, BM8125, CRSM60, CSRD247, ILSTS011, MAF065, McM527, OarFCB048, OarFCB304, SRCRSP08 e TGLA122) de dois para (ETH225, MAF209 e SPS115) e cinco para (BM6526 e MM12). A  $H_e$  e  $H_o$  por locus em todas as raças variou de 0,271 (MAF209), 0,787 (MM12) e de 0,253 (MAF209) a 0,767 (MM12). Destaca-se maior heterozigosidade encontrada para MM12 ( $H_o = 0,767$  e  $H_e = 0,787$ ) e BM6526 ( $H_o = 0,743$  e  $H_e = 0,776$ ) e o mais baixo para MAF209 ( $H_o = 0,253$  e  $H_e = 0,271$ ) e ETH225 ( $H_o = 0,262$  e  $H_e = 0,295$ ). O  $F_{is}$  por loco apresentou média geral de 0,081, variando de  $-0,006$  para BM8125 a 0,196 para SPS115. Os valores de  $F_{it}$  e  $F_{st}$  por locus apresentaram médias gerais de 0,173 e 0,164, respectivamente.

**Tabela 2.** Parâmetros genéticos estimados para cada locus em 19 raças de caprinos crioulas da América do Sul.

Marcador	NA	A	A <sub>r</sub>	H <sub>e</sub>	H <sub>o</sub>	F <sub>is</sub>	F <sub>it</sub>	F <sub>st</sub>	EHW
BM1329	12	6.04	3.78	0.721	0.699	0.039	0.123	0.124	1
BM6506	11	6.07	3.89	0.650	0.552	0.119	0.267	0.236	9
BM6526	20	9.52	4.69	0.776	0.743	0.053	0.168	0.147	6
BM8125	10	5.44	3.59	0.672	0.683	-0.006	0.133	0.138	1
CRSM60	12	5.74	3.90	0.719	0.666	0.054	0.148	0.149	6
CSR247	11	6.63	4.13	0.729	0.704	0.049	0.165	0.164	3
ETH010	7	3.63	2.86	0.553	0.514	0.059	0.180	0.180	2
ETH225	8	2.67	1.99	0.295	0.262	0.149	0.225	0.177	5
HAUT27	12	5.11	3.14	0.639	0.603	0.052	0.120	0.128	5
ILSTS011	11	5.41	3.59	0.646	0.589	0.100	0.208	0.188	6
INRA063	8	4.41	2.76	0.598	0.512	0.134	0.136	0.139	4
MAF065	15	7.56	4.30	0.768	0.685	0.120	0.182	0.156	9
MAF209	3	2.22	1.79	0.271	0.253	0.082	0.185	0.166	1
McM527	14	5.63	3.55	0.656	0.589	0.100	0.194	0.208	8
MM12	19	8.52	4.52	0.787	0.767	0.026	0.112	0.126	2
OarFCB048	14	6.48	3.77	0.719	0.684	0.054	0.136	0.128	4
OarFCB304	22	8.74	4.26	0.720	0.641	0.123	0.189	0.193	8
SPS115	7	2.89	2.25	0.485	0.411	0.196	0.191	0.181	11
SRCRSP08	14	6.59	4.03	0.691	0.634	0.067	0.209	0.183	6
TGLA122	16	6.63	4.04	0.680	0.645	0.065	0.183	0.181	3

NA= Número Total de Alelos; A= Número médio de alelos por loco; A<sub>r</sub>= Riqueza alélica; H<sub>e</sub>= Heterozigotidade esperada; H<sub>o</sub>= Heterozigotidade observada; F<sub>is</sub>, F<sub>it</sub>, F<sub>st</sub>= Estatísticas F-Whigh; EHW= Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

## Diversidade genética por país

Os parâmetros genéticos apresentaram valores expressos na Tabela 3 de acordo com país onde estão presentes as raças/ecótipos investigadas, isto é, Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador, Paraguai, Peru e Venezuela. As populações de caprinos do Paraguai foram as mais variáveis em  $A_r$  (4,7),  $H_e$  (0,725) e  $H_o$  (0,732) e as do Equador as que apresentaram os menores valores para  $A_r$  (2,948),  $H_e$  (0,489) e  $H_o$  (0,488) em reação aos demais países. Os valores do coeficiente endogamia dentro da raça ( $F_{is}$ ) foram mais altos para grupo crioulo do Paraguai (0,133) e da Colômbia (0,131) e mais baixos para a Venezuela (0,051) seguidos pelo Argentina, Equador e Brasil (0,060; 0,067 e 0,074; respectivamente).

**Tabela 3.** Indicadores de diversidade genética para oito grupos geográficos de raças caprinas da América do Sul.

Países	n	$A_r$	$H_e$	$H_o$	$F_{is}$
Argentina	271	3.814	0.658	0.661	0.060
Bolívia	80	3.530	0.605	0.606	0.121
Brasil	552	3.561	0.595	0.594	0.074
Colômbia	48	4.060	0.634	0.635	0.131
Equador	69	2.948	0.489	0.488	0.067
Paraguai	124	4.705	0.725	0.732	0.122
Peru	101	3.815	0.596	0.593	0.133
Venezuela	86	3.505	0.605	0.606	0.051

n= tamanho da amostra;  $A_r$ = Riqueza alélica;  $H_e$ = Heterozigozidade esperada;  $H_o$ = Heterozigozidade observada;  $F_{is}$ = Coeficiente de endogamia dentro da raça.

## Diversidade genética dentro das populações

Em geral os estudos de diversidade dentro de populações são feitos com base no número médio de alelos ( $A$ ), alelos raros ( $A_r$ ), heterosigosidades observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) tabela 4. A diversidade genética das 19 populações de caprinos nativos analisados apresentam ( $A = 5,713$ ;  $A_r = 3,658$ ;  $H_o = 0,611$  e  $H_e = 0,610$ ) resultados moderados. Populações de caprinos crioulos isoladas de Galápagos tiveram a menor diversidade,  $A=3,025$ ;  $A_r=2,370$ ;  $H_o=0,419$  e  $H_e=0,418$ . A maior diversidade genética foi encontrada para a Crioula do Paraguai,  $A=8,155$ ;  $A_r=4,705$ ;  $H_o=0,732$  e  $H_e=0,725$  para. Destaque também para as populações de caprinos da Argentina que apresentaram alta diversidade genética:  $H_o$  entre 0,691 e 0,636 e  $H_e$  entre 0,684 e 0,637. Além disso, no Brasil a população de caprinos SRD mostrou a mais alta diversidade genética ( $A=6,290$ ;  $A_r=4,080$ ;  $H_o = 0,668$  e  $H_e = 0,666$ ). As estimativas de  $F_{is}$  dentro de cada raça foram maiores que zero em todas as populações.

**Tabela 3.** Diversidade genética dentro de populações de 19 raças de caprinos nativos da América do Sul.

País	Raça	Abr	N	A	$A_r$	$H_e$	$H_o$	$F_{is}$
Argentina	Angorá	ANG	28	5.485	3.280	0.684	0.689	0.056
Argentina	Chilluda	CLL	46	6.275	4.280	0.684	0.691	0.064
Argentina	Cr. del Nordeste	CNE	79	6.365	3.980	0.638	0.636	0.143
Argentina	Neuquina	NEU	90	6.605	3.810	0.637	0.639	0.006
Argentina	Colorada Pampeana	PAM	28	4.780	3.720	0.649	0.650	0.030
Bolívia	Cr. Boliviana	CBO	80	5.170	3.530	0.605	0.606	0.121
Brasil	Canindé	CAN	80	5.460	3.570	0.608	0.608	0.072
Brasil	Graúna	GRA	80	6.245	3.650	0.611	0.605	0.037
Brasil	Marota	MAR	80	5.220	3.320	0.577	0.577	0.060
Brasil	Moxotó	MOX	80	5.510	3.365	0.561	0.558	0.140

Brasil	Repartida	REP	80	6.145	3.730	0.612	0.611	0.071
Brasil	Azul	AZU	80	5.510	3.210	0.531	0.531	0.057
Brasil	Sem raça definida	SRD	72	6.290	4.080	0.666	0.668	0.081
Colômbia	Cr. Colombiana	CCO	48	5.900	4.060	0.634	0.635	0.131
Equador	Cr. do Equador	CEQ	22	4.510	3.525	0.560	0.558	0.085
Equador	Cr. Galápagos	GAL	47	3.025	2.370	0.418	0.419	0.050
Paraguai	Cr. Paraguaia	CPA	124	8.155	4.705	0.725	0.732	0.122
Peru	Cr. Peruana	CPE	101	6.630	3.815	0.596	0.593	0.133
Venezuela	Cr. Venezuelana	CVE	86	5.265	3.505	0.605	0.606	0.051
Total			1331	5.713	3.658	0.610	0.611	0.079

Abr= Abreviatura do nome da raça; N= tamanho da amostra; A= Número médio de alelos por loco;  $A_r$ = Riqueza alélica;  $H_e$ = Heterozigozidade esperada;  $H_o$ = Heterozigozidade observada;  $F_{is}$ = Coeficiente de endogamia dentro da raça.

### Estrutura de populações

Os estudos de diversidade entre populações são também denominados de estudos de estrutura genética das populações e são feitos com base nas estatísticas F de Wright (Wright, 1951). As estatísticas F de Wright são o  $F_{is}$ ,  $F_{it}$  e  $F_{st}$ . No entanto, o  $F_{st}$  é um parâmetro mais preciso, pois leva-se em consideração tanto as frequências alélicas, quanto as genotípicas.

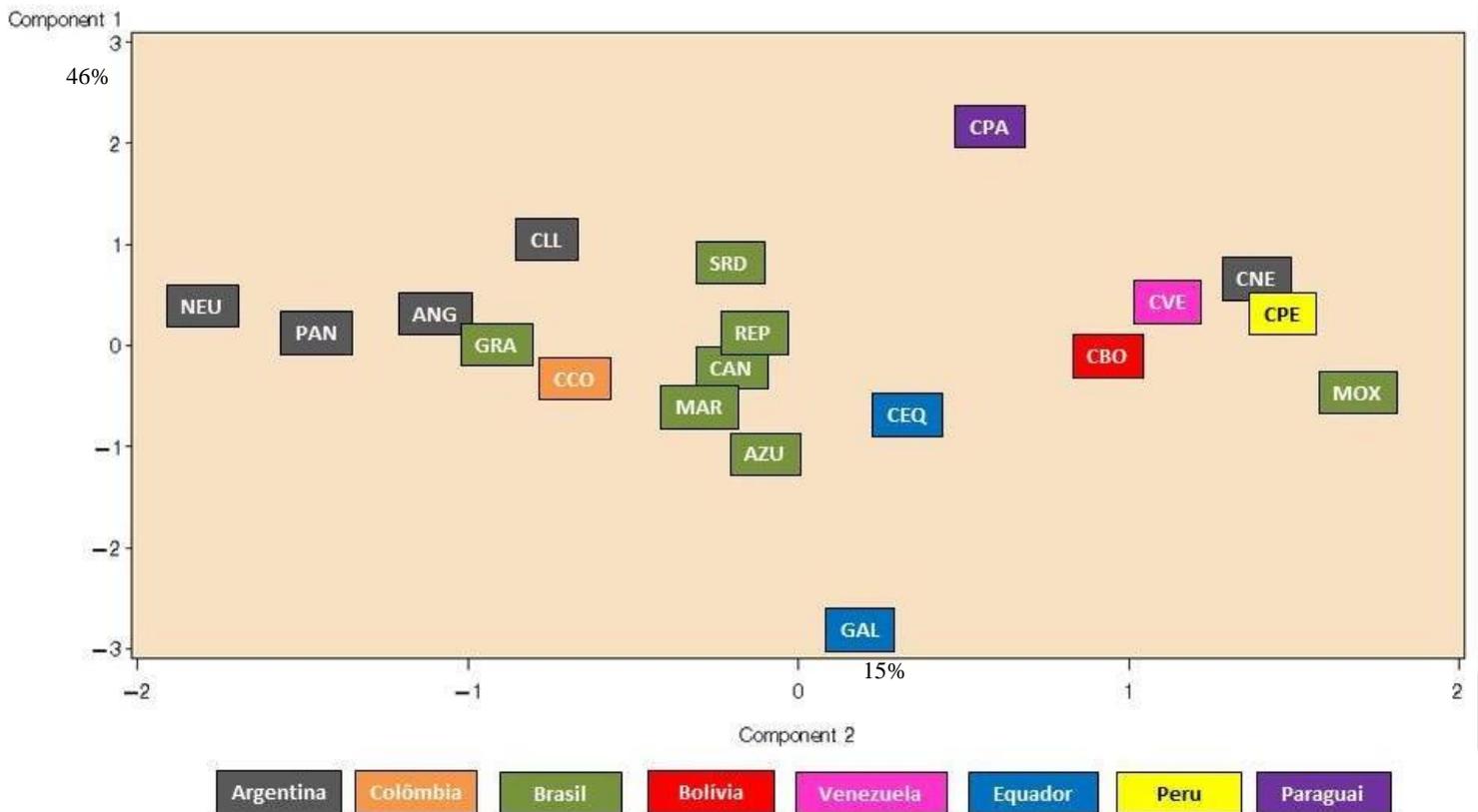
Os valores mais baixos de  $F_{st}$  foram encontrados entre as populações de caprinos argentinos, particularmente entre Chilluda e Colorada Pampeana (0,017), Colorada Pampeana e Angorá (0,020) e Angorá e Chilluda (0,021), tabela 5. Os valores de  $F_{st}$  entre as raças brasileiras também podem ser considerados baixos (média de 0,076), destaca-se Moxotó com Canindé (0,038); Azul com Graúna (0,040) ; Moxotó com Repartida (0,046) e Canindé com Repartida (0,050). O maior valor de  $F_{st}$  foi observado entre os caprinos crioulos das populações das Ilhas Galápagos com as raças Azul, Marota, Moxotó (0,377; 0,327; 0,302, respectivamente). O valor geral do  $F_{st}$  entre as 19 raças crioulas foi de 0,129.



Observou-se com base no levantamento dos marcadores que o valor médio de  $F_{it}$  para todos os loci relacionados na Tabela 2 foi de 17,3%, indicando o índice de fixação dos indivíduos referente a população global. Enquanto, o  $F_{is}$  médio para todos os loci foi de 8,1%, indicando moderada deficiência de indivíduos heterozigóticos dentro das raças/ecótipos.

Relações entre as raça baseadas nos parâmetros de diversidade genética ( $A$ ,  $A_r$ ,  $H_e$ ,  $H_o$ ,  $F_{is}$ ) são representadas na análise de componentes principais na figura 3. As raças da ilha Galápagos e Crioula do Paraguai foram as mais distantes. Com base nos eixos 1 e 2 as raças brasileiras estão agrupadas juntas (área de coloração verde), com exceção da Moxotó. As raças argentinas também se agruparam de tal forma que, com base nos eixos 1 e 2 (coloração cinza), apresentam uma relação genética próxima com as crioulas da Venezuela. Os caprinos da Bolívia, Colômbia e Peru estão próximos (áreas de coloração vermelha, laranja e amarela).

**Figura 3.** Gráfico da análise de componentes principais representando as relações entre as 19 raças de caprinos crioulos baseado nos parâmetros genéticos.





## **Discussão**

Artigos com enfoque em revisão sistemática de literatura tem sido mais comuns nos últimos anos. O presente estudo é menos abrangente em comparação com estudos relatados em ovinos e bovinos dentro da perspectiva da genética de populações (Jembere et al., 2017). O número de publicações disponíveis para estudos de revisão sistemática relacionados à bovinos e ovinos é mais numeroso em relação aos caprinos. Por exemplo, Roots e Gibson (1996) incluíram 286 artigos, Koots et al. (1994) 287 estudos, (Lôbo et al., 2000) 490 trabalhos e (Safari et al., 2005) 165 estudos. Por outro lado, (Utrera and Van Vleck, 2004) usaram 72 artigos com parâmetros genéticos para características de carcaça de bovinos. A disponibilidade de numerosos estudos em bovinos e ovinos pode ser devido ao fato de que a pesquisa sobre esses animais tem recebido mais atenção do que aqueles desenvolvidos com a espécie caprina. Além disso, quando restringimos a pesquisa para conservação de recursos genéticos de caprinos apenas, os estudos de revisão sistemática são inexistentes. Com isso e se tratando de um estudo exploratório em uma área muito específica o número de 13 artigos pode ser uma quantidade considerada muito boa. Este estudo cobriu uma ampla representação

da diversidade genética de caprinos nativos da América do Sul, e representa a primeira revisão sistemática sobre o assunto.

Desde a domesticação a pecuária tem sido submetida a diferentes forças evolutivas, incluindo seleção natural, deriva genética e seleção direcional para características específicas. Essas forças contribuíram desde a variação genética subjacente até diferenças fenotípicas, submetendo a formação de novas e distintas raças em diferentes localizações geográficas (Andersson e Georges, 2004; Visser et al., 2016).

Em geral, as populações localmente adaptadas ou crioulas carecem de programas que favoreçam alta diversidade genética, sendo essas raças compostas por populações de diferentes ascendências e que compartilham locais relativamente próximos em todo o grande alcance geográfico dos dados sintetizados neste estudo. As populações do Paraguai, Argentina, Colômbia, Venezuela e Brasil concentram a maior diversidade genética ( $H_e$  e  $H_o$ ). Isso corresponde ao tamanho populacional histórico relativamente grande das caprinos dessas regiões. A maioria dos estudos sobre diversidade inclui um grande número de raças diferentes inclusive em outras espécies, como as raças de bovinos da África Ocidental (Gautier et al., 2007), raças de bovinos da África do Sul (Makina et al., 2014) e raças de cavalos (Petersen et al., 2013).

A investigação da variabilidade genética utilizando marcadores moleculares escolhidos nessa meta-análise (tabela 2) seguem recomendações da FAO para estudos de diversidade genética, com um número médio de alelos maior que quatro (exceto para ETH010, ETH225, MAF209 e SPS115). Embora seja difícil fazer comparações com outros estudos que utilizaram diferentes marcadores, a diversidade genética global de caprinos crioulos foi análoga à de estudos na Europa Central e do Norte ( $H_o = 0,594$  e  $H_e = 0,654$ ), mas inferior ao estimado para caprinos do Mediterrâneo Oriental e Central ( $H_o = 0,663$  e  $H_e = 0,737$ ), como relatado por Cañón et al. (2006). O valor médio um pouco baixo foi obtido do parâmetro

riqueza alélica ( $A_r = 3,54$ ), que pode ser explicado, em parte, pela diversidade extremamente baixa encontrada na raça das Ilhas Galápagos ( $A_r = 2,3$  e  $H_o = 0,419$ ), que pode ser consequência de deriva genética e endogamia, fenômenos comuns em pequenas populações.

Apesar das origens heterogêneas das cabras crioulas, ao longo do tempo animais fundadores se espalharam e foram usados para criar novas raças bem adaptadas a distintas e muitas vezes ambientes extremos das Américas (Ginja et al., 2017; Ribeiro et al., 2012). Desde o século XIX, a substituição de algumas populações de caprinos crioulos por raças transfronteiriças comerciais, segue o modelo de criação de programas desenvolvidos na Europa, o que resultou no atual estado ameaçado de muitas populações. Este cenário pode explicar melhor a menor diversidade detectada na América do Sul quando comparado a diversidade observada em caprinos de outras regiões, como o Oriente Médio (Agha et al., 2008; Cañón et al., 2006a; Korkmaz Ağaoğlu and Ertuğrul, 2012; Mahmoudi et al., 2014), Ásia (Dixit et al., 2012; Fatima et al., 2008; Li et al., 2002) e na África Ocidental (Missohou et al., 2011). Nos estudos independentes em caprinos latino-americanos são relatados valores globais semelhantes aos parâmetros de diversidade estimados nessa meta-análise (Aranguren-Méndez et al., 2013; Calvo et al., 2012; M.P. et al., 2006; Oliveira et al., 2010; Ribeiro et al., 2012). Nas várias populações de caprinos crioulos, havia um grande número de loci em desequilíbrio ou seja, déficit de heterozigotos). Associado a isso observa-se algumas estimativas de  $F_{is}$  superior a 14%), o que pode estar relacionado ao efeito Wahlund (Cormack et al., 1990) associado a populações subdivididas pois em algumas raças crioulas é comum encontrar grandes populações isoladas.

A revisão sistemática da literatura pode fornecer uma perspectiva ampla sobre a diversidade genética e estrutura populacional das raças investigadas. A média do  $F_{st}$  representa alto nível de diferenciação das raças crioulas. Nas cabras crioulas das ilhas Galápagos o  $F_{st}$  foi superior a 15%, em relação as demais raças/ecótipos o valor global médio do  $F_{st}$  é maior

do que de 7%, sendo superior inclusive ao, relatado por Caffè et al. (2006) para raças de caprinos do norte da Europa, Mediterrâneo e Oriente Médio.

As relações genéticas observadas entre as raças estudadas a partir da análise de componentes principais (ACP), podem ser justificadas pelos distintos processos de colonização como as rotas dos espanhóis (Rodero et al., 1992) e as dos conquistadores portugueses (Primo, 1992). O estudo realizado por Ribeiro et al. (2012) e Ginja et al. (2017) já nos dão uma perspectiva desses processos.

Sob essa perspectiva, segundo (Ginja et al., 2017) um grupo com caprinos crioulos da Venezuela, Peru e Bolívia e outro da Argentina (seguindo a rota migratória do Rio de La Plata em direção à Patagônia), pode representar a rota original de colonização espanhola. Em caprinos crioulos da Colômbia, Equador e Paraguai, mais distantes podem ter sido influenciados mais recentemente por raças transfronteiriças comerciais como a anglo-nubiana.

A aproximação genética das raças brasileiras, é um indicativo de possuírem origem comum de caprinos introduzido no século XVI pelos portugueses na região nordeste. Ribeiro et al. (2012) ao realizarem uma avaliação de níveis de diversidade genética e relações entre raças de caprinos brasileiros e portuguesas, baseadas em microsatélites detectaram algum nível de proximidade genética entre as raças/ecótipos como por exemplo, Canindé e Graúna e de forma mais provável a Moxotó, a Repartida e a Azul, com as suas ancestrais portuguesas.

Existe também a possível influência das populações de caprinos de outras regiões, principalmente da África Ocidental ou da Ásia, que também poderiam ter chegado às Américas via rotas comerciais (Ginja et al., 2017).

A partir do valor global de  $F_{st}$  de 12,9%, para diversidade genética inter-populações, pode-se visualizar objetivamente uma separação clara das distintas raças que são ilustradas no dendograma da matriz obtida pelo método da distância euclidiana. Pode-se identificar que foram formados grupos distintos: Um com cabras Angorá, Moxotó, Repartida, Cr. Boliviana,

Cr. Venezuelana, Marota, Colorada Pampeana, Cr. do Equador e Canindé e outro com as raças Cr. del Nordeste, SRD, Neuquina, Cr. Peruana, Graúna, Repartida e Cr. Colombiana as mais isoladas foram Cr. Paraguaia e Cr. Galápagos.

Nos grupos formados verifica-se maior proximidade das raças em função, possivelmente, no passado existir uma troca de genes entre esses animais, por acasalamentos descontrolados, permitindo uma maior similaridade entre essas populações (Ginja et al., 2017). Por outro lado, raças mais isoladas como a das Ilhas Galápagos, em função da distância geográfica que se encontra os animais da raça, provavelmente foram originados a partir de animais com história evolutiva particular. O valor médio de  $F_{st}=12,9\%$  entre raças de caprinos, estão de acordo com os resultados reportados por (Luikart et al., 2001), que verificaram a origem e a estrutura filogeográfica das cabras domésticas, mediante DNA mitocondrial, encontrando diferenças genéticas entre raças de caprinos da Ásia, África e Europa (10,70%), demonstrando pouca diferença genética entre as raças de caprinos do mundo.

## **Conclusão**

Esta revisão sistemática da literatura é a primeira tentativa de uma abordagem abrangente para caracterização genética de caprinos nativos da América do Sul. Os estudos independentes trazem grande contribuição científica para compreensão desses recursos genéticos e não devem deixar de serem revistos.

Os resultados indicam que os níveis observados de diversidade genética não são altos quando comparados com raças de outras partes do mundo, possivelmente como consequência da criação de caprinos crioulos mais longe do centro de domesticação o que representa os últimos estágios de dispersão e evolução, mas também devido a efeitos de animais fundadores relacionados ao processo de colonização subjacente à sua origem.

Em geral, as raças crioulas representam entidades bem diferenciadas e exigem medidas destinadas a sua conservação e utilização sustentável. A diluição devido a mistura com raças exóticas comerciais devem ser controladas na maioria das raças nativas pois a maioria delas detém níveis significativos de endogamia.

### **Declaração de Conflito de Interesses**

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

### **Referências**

Todas as referências do artigo estão no final da tese.



## CAPÍTULO 3

---

### ARTIGO:

**Meta-análise como ferramenta para entender a disseminação da diversidade genética entre raças caprinas locais e exóticas na América do Sul**

Manuscrito a ser submetido à Small Ruminant Research (ISSN 0921-4488)

# **Meta-análise como ferramenta para entender a disseminação da diversidade genética entre raças caprinas locais e exóticas na América do Sul**

H. S. Sérvio<sup>ab</sup>, M.N. Ribeiro<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, 51171-900, Brazil. Email: henrique.servio@ifro.edu.br; normaribeiro70@gmail.com.

<sup>b</sup>Campus Cacoal. Instituto Federal de Rondônia. Km 228, Lote 2A, BR-364 - Zona Rural, RO, CEP: 76960-970 – Cacoal, Rondônia, Brasil.

## **Resumo**

O objetivo desse trabalho foi realizar uma revisão sistemática da literatura e aplicar a técnica de meta-análise para sintetizar e inferir sobre a literatura publicada de raças caprinas nativas e exóticas da América do Sul avaliando a diversidade genética desses grupos para facilitar a tomada de decisões em relação à conservação. Foi realizada uma revisão sistemática com busca de estudos de diversidade genética nas principais bases de indexação. 23 estudos abrangeram o período de 2000 a 2020 e fizeram parte dos dados meta-analisados. Os dados foram agrupados, de acordo com dois grupos, raças locais e exóticas e estratificados por sub-regiões da América do Sul, sendo: a) Brasil; b) Platina c) Andina. Os dados foram tabulados para as variáveis  $F_{IS}$  (Índice de fixação que ocorre dentro de população),  $H_o$  (Heterozigosidade observada) e  $H_e$  (Heterozigosidade esperada). O quantitativo amostral para América do Sul para descrição da genética das populações de caprinos de raças nativas foi de 4.672 animais e de raças exóticas 3.894 animais totalizando 8.566 animais. Com base na  $H_o$  e  $H_e$  as populações de caprinos nativos obtiveram valores menores do que as exóticas: Brasil ( $H_o = 0,531 \pm 0,158$ ;  $H_e = 0,588 \pm 0,013$  dos nativos e  $H_o = 0,579 \pm 0,164$ ;  $H_e = 0,613 \pm 0,014$  dos exóticos); Região Platina ( $H_o = 0,493 \pm 0,127$ ;  $H_e = 0,543 \pm 0,166$  dos nativos e  $H_o = 0,616 \pm 0,017$ ;  $H_e = 0,643 \pm 0,021$  dos exóticos) e Região Andina ( $H_o = 0,576 \pm 0,038$ ;  $H_e = 0,622 \pm 0,041$  dos nativos e  $H_o = 0,640 \pm 0,011$ ;  $H_e = 0,671 \pm 0,013$  dos exóticos). A análise de endogamia ( $F_{IS}$ )

apresentou um valor geral para o continente sul-americano de  $0,081 \pm 0,019$  para a média das populações de raças nativas e de  $0,057 \pm 0,008$  para as exóticas. A meta-análise com base nos valores  $H_o$  e  $H_e$  apresentou que não houve diferença estatisticamente significativa para o Brasil entre as raças nativas e exóticas, na América Platina houve diferença significativa entre os níveis de  $H_o$  e  $H_e$  sendo considerado a partir do modelo de efeitos aleatórios um valor de  $RC = 41\%$  superior das raças nativas em relação as exóticas para ambos os parâmetros. Na sub-região da América Andina também houve diferença significativa entre os níveis de  $H_o$  e  $H_e$  sendo considerado a partir do modelo de efeitos aleatórios um valor de  $H_o$  uma  $RC = 27\%$  e  $H_e$  uma  $RC = 28\%$ , ambas demonstrando níveis de heterozigosidade superior porém das raças exóticas em relação as nativas, uma prevalência contrária a da região Platina. A meta-análise para os valores de  $F_{IS}$  na região Brasil e Platina não houve diferença estatística significativa. Na sub-região da América Platina. Na América Andina houve diferença significativa entre os níveis de  $F_{IS}$  com um valor de  $RC = 75\%$  das populações de raças exóticas com níveis de  $F_{IS}$  maior em relação as nativas. Nosso resultados indicam que os níveis observados de diversidade genética não são altos quando comparados com raças de outras partes do mundo. Em geral, as raças nativas representam entidades bem diferenciadas e exigem medidas destinadas a sua conservação e utilização sustentável.

**Palavras-chave:** caprinos; conservação; endogamia; marcadores moleculares; variabilidade.

## 1. Introdução

Os caprinos chegaram à América no período das grandes navegações mais precisamente durante a segunda viagem de Colombo em 1493. Devido à adaptabilidade desta espécie, eles foram rapidamente espalhados por todo o continente e facilmente integrados nas atividades agrícolas de civilizações nativas, que até então usavam camelídeos (Ginja et al.,

2017). A população nativa e os colonizadores em conjunto contribuíram para a propagação

dos caprinos em todo o continente. Atualmente, existem aproximadamente 35 milhões de caprinos na América latina e Caribe e cerca de 2,5 milhões na América do Norte, representando cerca de 3,5% do censo mundial (FAO, 2018).

A criação de caprinos tem uma importância social e econômica para a América do Sul, onde encontramos cerca de 28 raças nativas reconhecidas, porém estas raças não estão sendo caracterizadas adequadamente (Boettcher et al., 2014)

As populações de caprinos nativos (também denominados crioulos ou locais) derivam das cabras ibéricas originais trazidas durante o período colonial, são recursos importantes, disponíveis para desenvolvimento rural, especialmente em áreas marginais e sob cenário de mudanças climáticas. No entanto tem sofrido processos de deriva genética, bem como de seleção natural e artificial, além de serem ameaçados por cruzamento e/ou substituição por raças transfronteiriças (ou exóticas), causando divergência progressiva das populações ancestrais (Ginja et al., 2017; Ribeiro et al., 2012).

Estudos no campo da biologia molecular tem facilitado a investigação sobre o grau de divergência genética entre populações de diversas espécies de animais. Nesse sentido estudos de estrutura populacional e diversidade genética das raças nativas e exóticas tem sido coordenados e os conjuntos de dados obtidos principalmente através de marcadores genéticos microsatélites publicados, alguns estudos como os de Melo e Silva (2017), Ocampo et al. (2017), Ginja et al. (2017), da Rocha et al. (2016); Aranguren-Méndez et al. (2013), Ribeiro et al., (2012), Oliveira et al. (2010).

O desafio científico atual é fazer uma combinação de ferramentas estatísticas e fornecer dados atualizados, que podem “unir” os conjuntos de dados existentes, produzindo uma visão geral maior existente sobre os recursos genéticos de animais domésticos. Na virada para o século XXI, uma série de projetos de pesquisa também tentaram analisar o padrões de diversidade de caprinos em uma escala mais ampla, porém com coleta de material biológico

*in loco*, como os projetos: Econogene (<http://www.econogene.eu>), Globaldiv (<http://www.globaldiv.eu>), FAO/IAEA CRP (<http://www-naweb.iaea.org/nafa/aph/crp/aph-livestock-phase1.html>), International Goat Genome Consortium (<http://www.goatgenome.org>), Italian Goat Consortium (<http://www.goatit.eu/>), ADAPTmap (<http://bioinformatics.tecnoparco.org/adaptmap/>), FeedtheFuture (<http://www.feedthefuture.gov>), NextGen (<http://nextgen.epfl.ch/>), 3SR (<http://www.3srbreeding.eu/>), 1000 genome project (<http://www.1000genomes.org>), Genome 10K project (<http://genome10k.soe.ucsc.edu>), 1000 bull genomes project (<http://www.1000bullgenomes.com/>).

Este estudo consiste na realização de uma Revisão Sistemática da Literatura (RSL), que foi originalmente aplicada na medicina, e reconhecida como um dos componentes para lidar com a pesquisa baseada em evidências, inspirada pelo sucesso nas áreas da economia, psicologia, ciência social, engenharia de software, dentre outros temas de interesse (Fabbri et al., 2013). E que tem como objetivo identificar, reunir e avaliar de maneira crítica e sistemática dados de estudos primários que rebatam a uma mesma questão científica, onde deve ser feita uma análise seletiva dos dados e disponibilizada em uma síntese imparcial, reprodutível e atualizada das melhores evidências encontradas.

Como ferramenta estatística de suporte a RSL é possível realizar uma meta-análise que é essa unificação de grandes conjuntos de dados independentes produzidos por vários projetos nacionais e internacionais. O conceito de meta-análise foi introduzido por Glass (1976), como “a análise das análises” ou “a análise estatística de uma grande coleção de resultados de estudos individuais, com o propósito de completar as descobertas” Glass (1976). A técnica de meta-análise foi utilizada pela primeira vez em pesquisa educacional, teve um grande avanço na área de medicina e o seu emprego tem se estendido a várias áreas científicas (Sauvant et al., 2008).

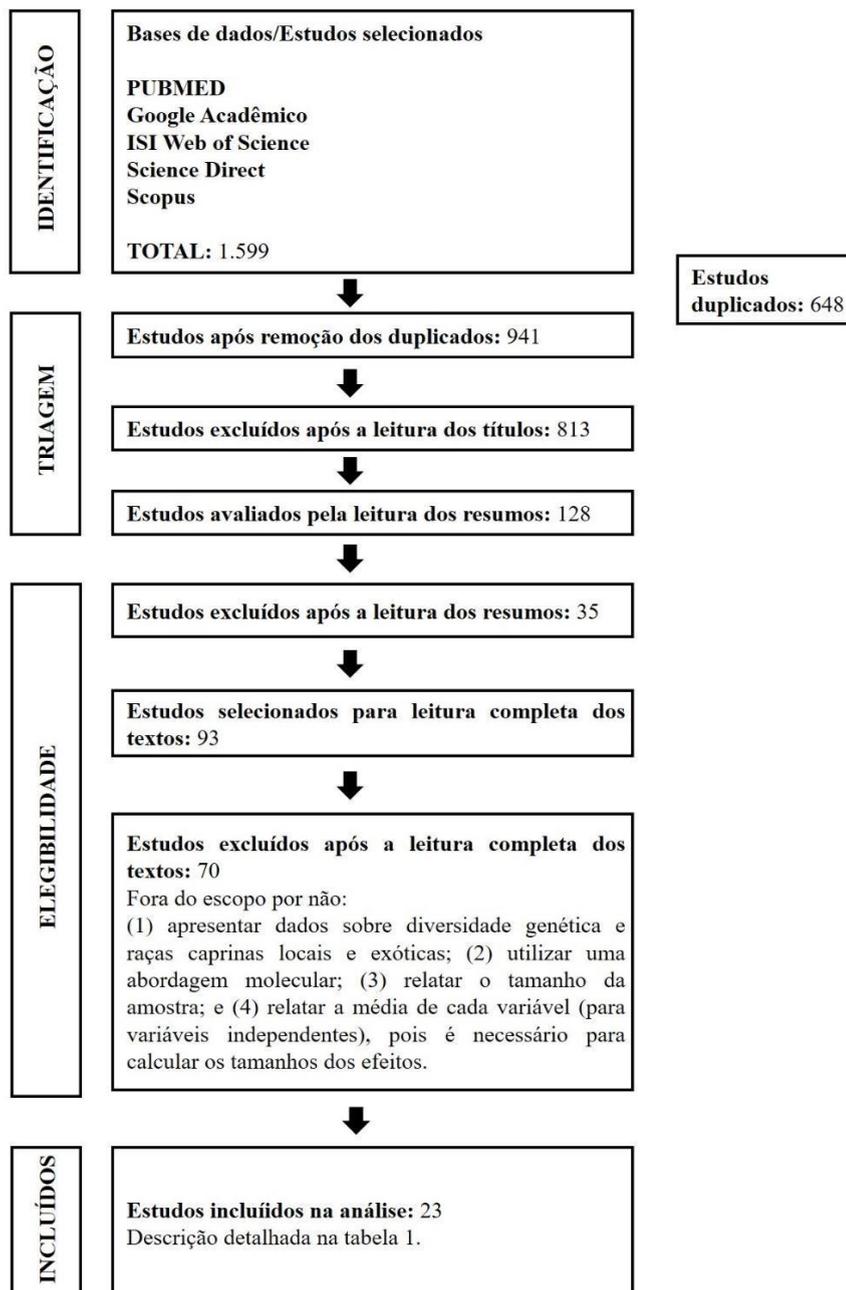
O objetivo desse trabalho é utilizar realizar uma revisão sistemática da literatura e

aplicar a técnica de meta-análise para sintetizar e inferir sobre a literatura publicada de raças caprinas nativas e exóticas da América do Sul avaliando a diversidade genética entre esses grupos para facilitar a tomada de decisões em relação à conservação.

## **2. Material e métodos**

### **2.1. Pesquisa bibliográfica (Revisão sistemática)**

Para identificar estudos publicados sobre dados que apresentem valores a respeito da diversidade genética das raças locais e exóticas, foram identificados 1599 potenciais estudos a partir das buscas nas bases eletrônicas de dados (Figura 1). Com a remoção das duplicatas obtivemos 941 referências. Após a leitura do título, foram excluídos 813 estudos, restando 128 estudos para leitura dos resumos. Destes, 35 foram excluídos (estarem fora do escopo), restando 93 artigos para leitura completa. Dos 93 artigos avaliados na íntegra, 70 foram excluídos de acordo com os critérios de elegibilidade citados na Figura 1, sendo apenas 23 estudos incluídos na revisão.



**Figura 1.** Fluxograma da revisão sistemática.

Foi realizada pesquisa bibliográfica em bases de dados indexadas à plataforma Periódicos CAPES (<https://www.periodicos.capes.gov.br/>) que disponibiliza de forma gratuita os artigos para membros da comunidade científica inscritos na plataforma CAFE (Comunidade Acadêmica Federada) (<https://www.rnp.br/servicos/alunos-e-professores/identidade-e-seguranca/cafe>), entre elas: ISI Web of Science, Google Acadêmico, Scopus, Science Direct e Pubmed. Os estudos abrangem o período de 2000 a 2020, usando como termos de pesquisa: (caprinos \* OU raças locais OU cabras OU Capra hircus OU

caprinos crioulos \*) AND (consanguinidade OU diversidade genética OU estrutura populacional OU população OU marcadores moleculares OU SNP OU erosão genética\* OU raças do “determinado país”), nos idiomas português, espanhol e inglês. O banco de dados final que incluiu 23 estudos independentes, que foram usados na meta-análise está detalhado na Tabela 1.

**Tabela 1.** Lista dos 23 estudos de diversidade genética baseados em marcadores moleculares em caprinos incluídos na meta-análise. São indicados países, as raças nativas e exóticas e o número e tipo de marcadores moleculares utilizados.

<b>Referência</b>	<b>País</b>	<b>Raças nativas</b>	<b>Raças exóticas</b>	<b>Nº de marcadores</b>	<b>Tipo de marcadores</b>
Igarashi et al., 2000	Brasil	Moxotó, Canindé, Graúna	Alglo-nubiana, Alpina, Saanen, Toggenbourg	6	Eletroforese de proteínas (aloenzimas)
Araújo et al., 2006	Brasil	Moxotó	Alpina, Saanen	11	Microssatélites
Oliveira et al., 2007	Brasil	Moxotó, Canindé, Graúna	Alglo-nubiana, Alpina, Saanen, Toggenbourg	13	Microssatélites
Oliveira et al., 2010	Brasil	Moxotó	Serpentina	20	Microssatélites
Carvalho et al., 2015	Brasil	Marota, Azul	Boer, Anglo-nubiana	26	Microssatélites
da Rocha et al., 2016	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	Alglo-nubiana, Alpina, Saanen, Boer	23	Microssatélites
Aguirre-riofrio et al., 2020	Equador	Chusca Lojana, Crioula de Galápagos	*Mix	24	Microssatélites
Aranguren-Méndez et al., 2013	Venezuela	Criola Venezuelana	*Mix	29	Microssatélites
Azor et al., 2008	Chile  Peru	Criola Chilena Criola Peruana	Malagueña, Murciano-Granadina	10	Microssatélites
Bustamante, 2019	Peru	Criola Peruana	*Mix	21	Microssatélites

Câmara et al., 2017	Brasil	Canindé	Alpina	20	Microsatélites
Deza et al., 2000	Argentina	Criola Argentina	*Mix	14	Eletroforese de proteínas (aloenzimas)
Deza et al., 2003	Argentina	Criola Argentina	*Mix	18	Eletroforese de proteínas (aloenzimas)
Ginja et al., 2017	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	Anglo-nubiana, Alpina	21	Microsatélites
	Argentina	Chilluda, Criola del Nordeste, Neuquina, Pampeana Colorada	Angorá		
	Paraguai	Criola Paraguaya	*Mix		
	Bolívia	Cr. Boliviana	*Mix		
	Colômbia	Cr. Colombiana	*Mix		
	Equador	Criolla de Galapagos, Criola Del Ecuador	*Mix		
	Peru	Criolla Peruana	*Mix		
	Venezuela	Criolla Venezolana	*Mix		
Sevane et al., 2018	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	Anglo-nubiana, Alpina	20	Microsatélites
	Argentina	Chilluda, Criola del Nordeste, Neuquina, Pampeana Colorada	Angorá		
	Paraguai	Criola Paraguaya	*Mix		
	Bolívia	Cr. Boliviana	*Mix		

	Colômbia	Cr. Colombiana	*Mix		
	Equador	Criolla de Galapagos, Criolla Del Ecuador	*Mix		
	Peru	Criolla Peruana	*Mix		
	Venezuela	Criolla Venezolana	*Mix		
Gómez, Ferando e Jordana, 2011	Peru	Criolla Peruana	*Mix	13	Microsatélites
Jiménez et al., 2014	Colômbia	Cr. Colombiana	*Mix	13	Microsatélites
Lopes et al., 2016	Brasil	Crespa	Alpina, Saanen, Anglo-Nubiana, Boer, Angora	11	Microsatélites
Menezes et al., 2006	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	*Mix	27	Microsatélites
Paim et al., 2019	Brasil	Canindé, Moxotó	Boer	124	SNP
	Argentina	Criolla Formosena, Criollo de los Llanos, Colorada Pampeana; Criollo Riojano	Angorá		
Ribeiro et al., 2012	Brasil	Azul, Canindé, Graúna, Marota, Moxotó, Repartida	Algarvia, Brava, Charnequeira, Preta de montesihno, Serpentina, Serrana	15	Microsatélites
Roldán et al., 2005	Argentina	Criollo del Noroeste	Anglo-nubiana, Saanen	20	Microsatélites
Urviola, 2013	Peru	Criolla Peruana	*Mix	29	Microsatélites

\*Mix: É uma amostra representativa de raças exóticas para os estudos que não apresentaram esse dados, baseadis nos valores dos estudos de Ginja et al. (2017) e Sevane et al. (2018)

Os critérios para incluir um estudo na meta-análise foram que o estudo (1) apresentasse dados sobre diversidade genética e raças caprinas locais e exóticas; (2) utilizasse uma abordagem molecular; (3) relatasse o tamanho da amostra; e (4) relatasse a média de cada variável (para variáveis independentes), pois é necessário para calcular os tamanhos dos efeitos.

## 2.2. Agrupando os dados para análise

Os dados foram agrupados, de acordo com dois grupos, raças locais e exóticas e estratificados por sub-regiões da América do Sul, sendo: a) Brasil; b) Platina (Comprende estudos da Argentina, Paraguai e Uruguai\*); c) Andina (compreendendo os estudos da Bolívia, Chile, Colômbia, Equador, Peru e Venezuela). \*sendo o Uruguai não representado na meta-análise por não ter estudos aceitos pelos critérios de elegibilidade, os países Guiana, Guana-Francesa e Suriname compreendem outra sub-região denominada Amazônica porém não houve estudos aceitos pelos critérios de elegibilidade. A quantidade de estudos publicados por raça ou aoenas por país é um fator limitante para considerar outros agrupamentos.

Em editor de planilhas os dados foram tabulados para as variáveis  $F_{IS}$  (Índice de fixação que ocorre dentro de população),  $H_o$  (Heterozigosidade observada) e  $H_e$  (Heterozigosidade esperada) por raça sendo contabilizado para meta-análise a média aritmética por estudo em relação ao grupo de raças (nativas e exóticas).

## 2.3. Tamanhos de amostra e cálculo do tamanho do efeito

As análises foram realizadas usando o software RStudio® versão 3.6.1 (R Studio Team, 2015) utilizando o package “meta” e o comando “metabin”. Os intervalos de confiança dos tamanhos dos efeitos foram calculados usando procedimentos de reamostragem de bootstrap corrigidos pelo viés, conforme descrito em (Adams et al., 1997). Os dados foram

analisados usando modelos de efeito aleatório (Goldstein et al., 1993), que são preferíveis na síntese de dados de diversidade genética porque é mais provável que suas suposições sejam satisfeitas (Gurevitch e Hedges, 2001)

A heterogeneidade dos tamanhos dos efeitos foi examinada com a estatística  $I^2$  (Freeman et al., 1986), que pode ser usada para determinar se a variação entre os tamanhos dos efeitos é maior do que o esperado pelo acaso. Para as comparações categóricas (raças nativas vs. exóticas), foi examinado os valores de  $P$  associados às categorias de apostas  $I^2$  que descreve a variação nos tamanhos dos efeitos que podem ser atribuídos a diferenças entre as categorias.

#### 2.4 Viés de publicação

Foi explorado um viés de publicação usando gráficos em floresta (forest plot), para um conjunto de estudos pertencentes a um mesmo subgrupo (população), gerando resultados unificados (meta-população), apresentando o tamanho do efeito comum aos grupos, sendo representado graficamente por um losango (alguns estudos chamam de diamante), onde seu centro corresponde ao tamanho do efeito e suas pontas ao IC (intervalo de confiança).

### 3. Resultados

Com base na metodologia da revisão sistemática da literatura (figura 1) um total de 1599 artigos foram identificados nas pesquisas iniciais das bases de dados indexadas no Portal Periódicos CAPES (<https://www.periodicos.capes.gov.br/>) que disponibiliza de forma gratuita os artigos para membros da comunidade científica inscritos na plataforma CAFE (Comunidade Acadêmica Federada) (<https://www.rnp.br/servicos/alunos-e-professores/identidade-e-seguranca/cafes>): ISI Web of Science, PubMed, Science Direct, Google Acadêmico e Scopus. Após a remoção de artigos duplicados, o título e os resumos de

813 e 128 estudos respectivamente foram revisados para identificar um total de 70 artigos de pesquisa que atenderam aos nossos critérios de seleção iniciais. Após critérios de elegibilidade final, 23 estudos de diversidade genética de caprinos foram incluídos, os quais preencheram os critérios de inserção no banco de dados de raças caprinas nativas e exóticas da América do Sul entre os anos 2000 a 2020. Detalhes sobre as características dos estudos incluídos são fornecidos na Tabela 1.

Estatísticas descritivas como valores mínimos, máximos, média e desvio padrão das variáveis quantitativas  $H_o$  (heterozigosidade observada),  $H_e$  (heterozigosidade esperada) e  $F_{IS}$  (Índice de fixação que ocorre dentro da população) estão detalhadas na tabela 2.

O quantitativo amostral para América do Sul para descrição da genética das populações de caprinos de raças nativas foi de 4.672 animais e de raças exóticas 3.894 animais totalizando 8.566 animais. Na divisão por sub-regiões do continente Sul-americano o grupo representativo do Brasil obteve dados de 1.925 caprinos nativos e 1.543 caprinos exóticos representando 40,5% da amostra. O grupo da sub-região da América Platina obteve dados de 1.727 caprinos nativos e 562 caprinos exóticos e o grupo da Américas Andina 1.020 caprinos nativos e 1.789 caprinos exóticos e representaram respectivamente 26,7% e 32,8% em relação ao total de animais utilizado na base de dados descritos na Tabela 2.

A Tabela 2 mostra os três índices de diversidade genética que foram calculados para cada população.

**Tabela 2.** Estatísticas descritivas das heterozidozidades observadas  $H_o$ , esperada  $H_e$  e Índice de fixação que ocorre dentro de população ( $F_{IS}$ ) das raças de caprinos nativas e exóticas da América do Sul, as três regiões: Brasil, Platina e Andina e respectivos países. Valores de n (tamanho da amostra), Min (mínimos) e Máx (máximos), Média e DP (desvio-padrão) respectivamente.

Região	País	Raças	n	$H_o$ .Mín	$H_o$ .Máx	$H_o$ .Média±DP	$H_e$ .Mín	$H_e$ .Máx	$H_e$ .Média±DP	$F_{IS}$ Mín	$F_{IS}$ ±Máx	$F_{IS}$ Média±DP
Brasil	Brasil	Nativas	1925	0,253	0,925	0,531±0,158	0,294	0,727	0,588±0,013	0,019	0,227	0,095±0,067
		Exóticas	1543	0,206	0,906	0,579±0,164	0,211	0,766	0,613±0,014	0,015	0,174	0,068±0,047
	Sub-total	Nativas	1925	0,253	0,925	0,531±0,158	0,294	0,727	0,588±0,013	0,019	0,227	0,095±0,067
		Exóticas	1543	0,206	0,906	0,579±0,164	0,211	0,766	0,613±0,014	0,015	0,174	0,068±0,047
América Platina	Argentina	Nativas	1603	0,080	0,640	0,366±0,164	0,085	0,684	0,377±0,239	0,044	0,097	0,063±0,018
		Exóticas	337	0,400	0,668	0,599±0,091	0,373	0,711	0,622±0,115	0,029	0,073	0,053±0,013
	Paraguai	Nativas	124	0,563	0,677	0,620±0,057	0,640	0,777	0,709±0,069	0,120	0,130	0,125±0,005
		Exóticas	225	0,630	0,634	0,632±0,002	0,664	0,664	0,664±0,000	0,046	0,051	0,049±0,005
	Sub-total	Nativas	1727	0,080	0,677	0,493±0,127	0,085	0,777	0,543±0,166	0,044	0,130	0,094±0,031
		Exóticas	562	0,400	0,668	0,616±0,017	0,373	0,711	0,643±0,021	0,029	0,073	0,051±0,002
	Bolívia	Nativas	80	0,563	0,570	0,567±0,004	0,640	0,648	0,644±0,004	0,120	0,121	0,121±0,001
		Exóticas	225	0,634	0,634	0,634±0,000	0,664	0,664	0,664±0,000	0,046	0,051	0,049±0,003
	Chile	Nativas	15	0,538	0,538	0,538±0,000	0,594	0,594	0,594±0,000	0,076	0,076	0,076±0,000
		Exóticas	50	0,663	0,663	0,663±0,000	0,701	0,701	0,701±0,000	0,052	0,052	0,052±0,000
Colômbia	Nativas	125	0,590	0,600	0,594±0,004	0,660	0,680	0,672±0,009	0,095	0,132	0,119±0,025	
	Exóticas	337	0,634	0,634	0,634±0,000	0,664	0,664	0,664±0,000	0,046	0,051	0,049±0,002	
América Andina	Equador	Nativas	214	0,467	0,630	0,525±0,074	0,501	0,670	0,560±0,077	0,067	0,110	0,082±0,020
		Exóticas	338	0,634	0,634	0,634±0,000	0,664	0,664	0,664±0,000	0,051	0,068	0,057±0,007
	Peru	Nativas	450	0,561	0,708	0,638±0,046	0,544	0,729	0,665±0,060	0,004	0,140	0,088±0,048
		Exóticas	501	0,634	0,663	0,639±0,011	0,664	0,701	0,670±0,013	0,046	0,052	0,051±0,002
Venezuela	Nativas	136	0,588	0,610	0,596±0,009	0,588	0,610	0,596±0,009	0,049	0,062	0,055±0,005	
	Exóticas	338	0,634	0,634	0,634±0,000	0,664	0,664	0,664±0,000	0,046	0,051	0,050±0,002	
Sub-total	Nativas	1020	0,467	0,708	0,576±0,038	0,501	0,729	0,622±0,041	0,004	0,140	0,054±0,003	
	Exóticas	1789	0,634	0,663	0,640±0,011	0,664	0,701	0,671±0,013	0,046	0,068	0,051±0,003	
América do Sul	Total	Nativas	<b>4672</b>	<b>0,080</b>	<b>0,925</b>	<b>0,533±0,034</b>	<b>0,085</b>	<b>0,777</b>	<b>0,584±0,032</b>	<b>0,004</b>	<b>0,227</b>	<b>0,081±0,019</b>
		Exóticas	<b>3894</b>	<b>0,206</b>	<b>0,906</b>	<b>0,612±0,025</b>	<b>0,211</b>	<b>0,766</b>	<b>0,642±0,024</b>	<b>0,015</b>	<b>0,174</b>	<b>0,057±0,008</b>



Com base na heterozigosidade observada e na heterozigosidade esperada, as populações de caprinos nativos obtiveram valores menores do que os exóticos: Brasil ( $H_o = 0,531 \pm 0,158$ ;  $H_e = 0,588 \pm 0,013$  dos nativos e  $H_o = 0,579 \pm 0,164$ ;  $H_e = 0,613 \pm 0,014$  dos exóticos); Região Platina ( $H_o = 0,493 \pm 0,127$ ;  $H_e = 0,543 \pm 0,166$  dos nativos e  $H_o = 0,616 \pm 0,017$ ;  $H_e = 0,643 \pm 0,021$  dos exóticos) e Região Andina ( $H_o = 0,576 \pm 0,038$ ;  $H_e = 0,622 \pm 0,041$  dos nativos e  $H_o = 0,640 \pm 0,011$ ;  $H_e = 0,671 \pm 0,013$  dos exóticos).

No Brasil o valor mínimo de  $H_o$  foi de 0,253 para os nativos e 0,206 exóticos, já os valores mínimos de  $H_e$  para os nativos foi de 0,294 e exóticos de 0,211. Para a região Platina mínimos de  $H_o$  para raças nativas e exóticas de 0,080 e 0,400 e de  $H_e$  igual a 0,085 e 0,373 respectivamente, todos os valores de rebanhos argentinos. Em relação à região Andina as heterozigosidades observadas e esperadas mínimas foram de 0,467 e 0,501 para as nativas em rebanhos do Equador e 0,634 e 0,664 respectivamente para as raças exóticas.

Já os valores de heretozigosidades máximos obtidos nas regiões foram, para as raças nativas do Brasil ( $H_o = 0,925$  e  $H_e = 0,727$ ), regiões Platina ( $H_o = 0,677$  e  $H_e = 0,777$ , ambos de rebanhos do Paraguai) e Andina ( $H_o = 0,708$  e  $H_e = 0,729$ , valores de rebanhos do Peru). Em relação às raças exóticas no Brasil ( $H_o = 0,906$  e  $H_e = 0,766$ ) regiões Platina ( $H_o = 0,668$  e  $H_e = 0,711$ , rebanhos da Argentina) e Andina ( $H_o = 0,663$  e  $H_e = 0,701$ , valores apresentados por rebanhos do Chile e Peru)

No geral, os valores das heterozigosidades para a América do Sul foram, em média,  $H_o = 0,533 \pm 0,034$  e  $H_e = 0,584 \pm 0,032$  tendo como  $H_o$  mínima 0,080 e  $H_e$  mínima de 0,085 e  $H_o$  máxima 0,925 e  $H_e$  máxima de 0,777 para as raças nativas. Em relação aos rebanhos de raças exóticas os valores médios de  $H_o$  e  $H_e$  respectivamente  $0,612 \pm 0,025$  e  $0,642 \pm 0,024$ , sendo a  $H_o$  mínima 0,206 e  $H_e$  mínima de 0,211 e  $H_o$  máxima 0,906 e  $H_e$  máxima de 0,766.

Ao estudar a variabilidade genética dentro das populações usando as estatísticas F de Wright (Wright, 1965), obteve-se valores para o parâmetro  $F_{IS}$ . Os valores de  $F_{IS}$  de cada dos

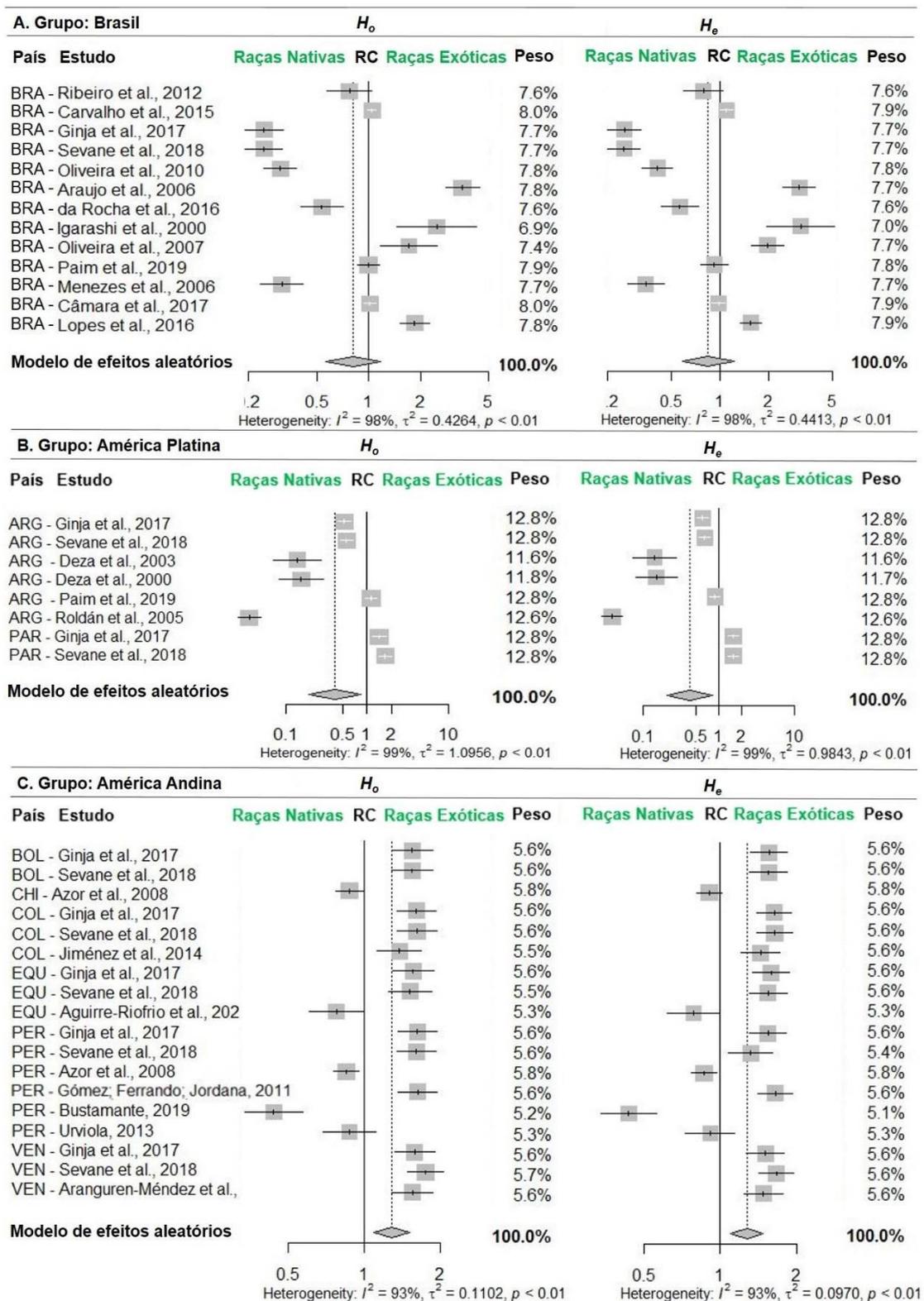
estudos analisados nas 3 sub-regiões da América do Sul em populações de caprinos nativos e exóticos são mostrados na Tabela 2.

A análise de endogamia ( $F_{IS}$ ) apresentou um valor geral para o continente sul-americano de  $0,081 \pm 0,019$  para a média das populações de raças nativas e de  $0,057 \pm 0,008$  para as exóticas.

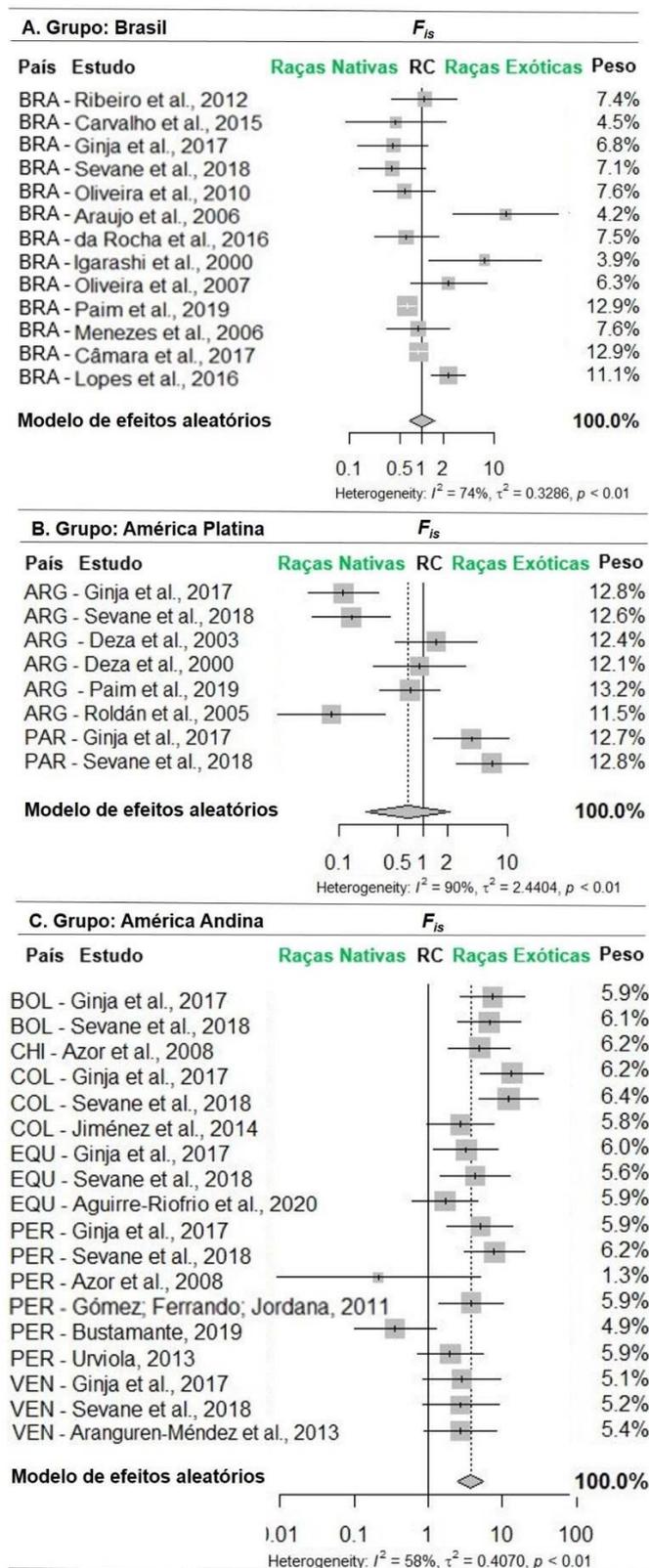
Na análise por sub-regiões das populações, o Brasil apresentou valores médios de  $0,095 \pm 0,067$  para rebanhos nativos e  $0,068 \pm 0,047$  para exóticos. Para região Platina valores inferiores ao Brasil foram detectados, sendo em média  $0,094 \pm 0,031$  para rebanhos nativos e  $0,051 \pm 0,002$  para exóticos. A região Andina apresentou valor menor que as demais sendo para as populações de caprinos nativas  $F_{IS} = 0,054 \pm 0,003$  e similar a Platina com  $F_{IS} = 0,051 \pm 0,003$  para raças exóticas.

Em relação aos valores mínimos e máximos tem-se o seguinte: Brasil apresentou os menores valores para as raças nativas de  $F_{IS} = 0,019$ ; região Platina com menor  $F_{IS} = 0,044$  e a região Andina  $F_{IS} = 0,004$  no Peru, sendo inclusive o menor valor entre as três regiões, já em relação as raças exóticas os menores valores de  $F_{IS}$  para Brasil, regiões Platina e Andina foram respectivamente  $0,015$ ;  $0,029$  e  $0,046$  sendo este último valor associados aos países Bolívia, Colômbia, Peru e Venezuela. Referente aos valores máximos obtivemos no Brasil o  $F_{IS} = 0,227$ ; na Platina o  $F_{IS} = 0,130$  no Paraguai e na Andina um  $F_{IS} = 0,140$  associado as populações do Peru, ambos em relação às raças nativas e apresentando em todas as regiões as populações de raças nativas valores de menores para  $F_{IS}$  máximo como no Brasil ( $0,174$ ), na região Platina, especificamente na Argentina ( $0,073$ ) e na região Andina para o Equador ( $0,073$ ).

A partir da tabulação e descrição estatística dos dados obtidos procedeu-se a meta-análise. Os resultados da meta-análise a partir do modelo de efeitos aleatórios sobre a diversidade genética nas raças nativas e exóticas de caprinos foram estratificados por sub-regiões da América do Sul (Brasil, Platina e Andina) e os valores para  $H_o$  e  $H_e$  são mostrados na figura 4 e para os valores de  $F_{IS}$  na figura 5.



**Figura 4.** Forest plot dos estudos de diversidade genéticas de raças nativas e exóticas para os parâmetros heterozidozidades observadas ( $H_o$ ) esperada ( $H_e$ ) nas sub-regiões (A) Brasil, (B) Platina, (C) Andina. RC = Razão de chances;  $I^2$  = índice de heterogeneidade;  $\tau^2$ =tau,  $p$ = p-value.



**Figura 5.** Forest plot dos estudos de diversidade genéticas de raças nativas e exóticas para o parâmetro Índice de fixação que ocorre dentro de população ( $F_{IS}$ ) nas sub-regiões (A) Brasil, (B) Platina, (C) Andina. RC = Razão de chances;  $I^2$  = índice de heterogeneidade;  $\tau^2$ =tau,  $p$ = p-value.

A figura 4, mostra a meta-análise para os parâmetros  $H_o$  e  $H_e$  que relaciona nível das heterozigosidades das raças nativas com o nível das raças exóticas nas sub-regiões Brasil, Platina e Andina.

Como pode ser observado não houve diferença estatisticamente significativa para o Brasil (figura 4.A), pois os losangos (ou diamantes) se sobrepuseram a linha de tendência central. Ocorrendo pelo modelo de efeitos aleatório uma RC (razão de chances) de 81% com IC-95% variando de (0,57; 1,16). Os testes de heterogeneidade dos estudos apresentaram valores expressivos como índice de heterogeneidade  $I^2 = 98.4\%$ . Ainda assim o modelo de efeitos aleatórios atribuiu pesos máximos para  $H_o$  de 8% e para  $H_e$  de 7,9% ambos nos estudos de Carvalho et al. (2015) e Câmara et al. (2017).

Na América Platina (figura 4.B) houve diferença significativa entre os níveis de  $H_o$  e  $H_e$  sendo considerado a partir do modelo de efeitos aleatórios um valor de RC = 41% superior das raças nativas em relação as exóticas para ambos os parâmetros. O IC-95% para os parâmetros  $H_o$  e  $H_e$  variou de (0.20; 0.85) isso significa que os valores não tocaram a linha de tendência central que é igual a 1. Os testes de heterogeneidade dos estudos apresentaram valores expressivos como índice de heterogeneidade  $I^2 = 99\%$ . Ainda assim o modelo de efeitos aleatórios atribuiu pesos máximos para  $H_o$  e  $H_e$  de 12,8% em 55% dos estudos para essa região.

Na sub-região da América Andina (figura 4.C) também houve diferença significativa entre os níveis de  $H_o$  e  $H_e$  sendo considerado a partir do modelo de efeitos aleatórios um valor de  $H_o$  uma RC = 27% e  $H_e$  uma RC = 28%, ambas demonstrando níveis de heterozigosidade superior porém das raças exóticas em relação as nativas, uma prevalência contrária a da região Platina. O IC-95% para os parâmetros  $H_o$  e  $H_e$  variou de (1.10; 1.50) evidenciando os valores acima da linha de tendência central que é igual a 1, reafirmando os valores de heterozigosidade superiores das raças exóticas em relação as nativas. Os testes de heterogeneidade dos estudos apresentaram valores expressivos como índice de heterogeneidade  $I^2 = 93\%$ . Ainda assim o

modelo de efeitos aleatórios atribuiu pesos máximos para  $H_o$  e  $H_e$  principalmente entre 5,6 - 5,8% em pelo menos 72% dos estudos para essa região.

A figura 5, mostra a meta-análise para o parâmetro  $F_{IS}$  e evidencia a relação dos níveis de endogamia dentro das populações tanto das raças nativas como das raças exóticas nas sub-regiões Brasil, Platina e Andina.

Na figura (5.A) com representação da região Brasil como pode ser observado não houve diferença estatística significativa, o losango se sobrepõe a linha de tendência central. Ocorrendo pelo modelo de efeitos aleatório uma RC (razão de chances) de 0,2% com tendência de níveis superiores de  $F_{IS}$  das raças exóticas em relação as nativas, o IC-95% variou de (0,67; 1,54). Os testes de heterogeneidade dos estudos para o  $F_{IS}$  apresentaram valores de moderados a elevados como índice de heterogeneidade  $I^2= 74\%$ . Ainda assim o modelo de efeitos aleatórios é o mais adequado, os pesos máximos para  $F_{IS}$  foi de 12,9% gerando um equilíbrio entre os estudos a pesar das diferenças entre os tamanhos amostrais .

Na sub-região da América Platina (figura 4.B) também não houve diferença significativa entre os níveis de  $F_{IS}$  sendo apresentando tendência de consanguinidade superior pela RC = 66% das raças populações de raças nativas apresentarem  $F_{IS}$  maior em relação as exóticas, porém não significativo assim como no Brasil. O IC-95% variou de (0.21; 2.09) o que faz o diamante cruzar a linha de tendência central que é igual a 1,. Os testes de heterogeneidade dos estudos apresentaram valores elevados como índice de heterogeneidade  $I^2= 90\%$ . Ainda assim o modelo de efeitos aleatórios atribuiu pesos máximos de 12,8% em estudos tanto na Argentina como no Paraguai.

Na América Andina (figura 4.C) houve diferença significativa entre os níveis de  $F_{IS}$  sendo considerado a partir do modelo de efeitos aleatórios uma valor de RC = 75% das

populações de raças exóticas com níveis de  $F_{IS}$  maior em relação as nativas. O IC-95% variou de (2.54; 5.55) isso significa que os valores não tocaram a linha de tendência central que é igual a 1. Os testes de heterogeneidade dos estudos apresentaram valores de baixo a moderados como índice de heterogeneidade  $I^2= 58\%$ . Ainda assim o modelo de efeitos aleatórios atribuiu peso máximo para o estudo de (Sevane et al., 2018) representando rebanhos da Colômbia de 6,4%.

#### **4. Discussão**

Esta revisão sistemática avaliou os valores de variabilidade genética dentro das populações de caprinos nativos e exóticos da América do Sul, estratificando o continente em três sub-regiões: Brasil, Platina e Andina. Os principais critérios avaliados foram os de diversidade genética  $H_o$  (heterozigosidade observada),  $H_e$  (heterozigosidade esperada) e  $F_{IS}$  (coeficiente de endogamia dentro da raça) como publicados em estudos da área.

Este estudo compreendeu uma ampla informação sobre a diversidade genética de caprinos nativos na América do Sul, e representa o primeiro trabalho estritamente meta-analítico da história da conservação dos recursos genéticos para esta espécie. Iniciativas pioneiras para estudo da diversidade genética de caprinos abrangendo um amplo aspecto de raças nativas de caprinos em uma região já foram realizados anteriormente, porém com coleta de material biológico em loco como nos estudos de (Ginja et al., 2017) abrangendo todo o continente americano, 24 raças de caprinos nativos e 3 raças exóticas em 10 países, possuindo um tamanho amostral de 1.022 animais. Seguindo o mesmo protocolo de coleta de dados em loco, outros estudos como os de (Paim et al., 2019) também no continente americano com dados de 244 animais de 12 raças caprinas; (Ribeiro et al., 2012) com raças do Brasil e Portugale tamanho amostral de 436 animais; (Sevane et al., 2018) com tamanho amostral de 2395 animais de Brasil , Argentina, Península Ibérica e Norte da África representando 69 raças; (Al-Atiyat, 2017) no Oriente Médio e África, 10 raças e 170 animais, (Lin et al., 2013) no leste

Asiático, 1661 animais em 7 países. Nossos resultados retratam a diversidade genética de 24 raças caprinos nativos e 13 raças de caprinos considerados exóticos na América do Sul, 9 países e 8.566 animais, números mais elevados que os demais estudo com a possibilidade da meta-análise dos dados.

A partir dos resultados da diversidade genética da revisão sistemática foi observado um nível importante de diversidade genética no grupo de nativos no Brasil (valores médios para  $H_o = 0,531 \pm 0,158$  e  $H_e = 0,588 \pm 0,013$ ). O nível de variabilidade genética encontrado nas raças nativas do Brasil é compatível com os resultados relatados em outros estudos, por exemplo, as médias de  $H_o$  foram de 0,574; 0,569; 0,530; em raças caprinas nativas do Brasil (Ginja et al., 2017; Sevane et al., 2018; Lopes et al., 2016) e  $H_e$  médias de 0,582 (Carvalho et al., 2015). Os valores das heterozigosidades das raças nativas foram pouco abaixo que das raças exóticas (valores médios para  $H_o = 0,579 \pm 0,164$  e  $H_e = 0,613 \pm 0,014$ ) conforme tabela 2, mas ainda indicando que abundante diversidade genética existe nestas raças.

As raças nativas e exóticas do Brasil mostraram diferenças em  $H_o$ , em cerca de 0,048 e em  $H_e$  de 0,025 sendo ambos valores menores no grupo de nativas. Este déficit na heterozigosidade observada e esperada nas nativas foi refletido na estimativa do FIS ( $0,095 \pm 0,067$  em animais nativos e  $0,068 \pm 0,047$  em exóticos) com diferença de cerca de 0,027; que poderia indicar a existência de endogamia ou subdivisão da população (efeito Whalund), ou ambos resultado em conformidade com Oliveira et al. (2010). Mas essa diferença não foi considerada substancial entre os dois grupos evidenciado pela meta-análise que não diferiu estatisticamente (figura 4.A).

Nas regiões Platina e Andina o resultado foi diferente ao do Brasil e também diferente entres essas duas regiões. Em ambas as regiões a meta-análise demonstrou diferença significativa entre os grupos nativos e exóticos (fig. 4.B e fig. 4.C).

Enquanto que na região Platina os níveis de heterozigosidade menores para as raças

nativas que para as exóticas (valores médios para  $H_o = 0,493 \pm 0,127$  e  $H_e = 0,543 \pm 0,166$  para nativas e  $H_o = 0,616 \pm 0,017$  e  $H_e = 0,643 \pm 0,021$ ; para as exóticas conforme tabela 2) com alta diferenças entre as heterozigosidades de  $H_o = 0,123$  e  $H_e = 0,100$  sendo maiores no grupo nativo a meta-análise dos dados coletados demonstrou diferença significativa (fig. 4.C) entre os grupos com pelo menos 41% das populações de raças nativas apresentando valores de heretozigosidades tanto esperado quanto observado inferiores aos das populações exóticas. Mesmo assim, podemos considerar que os rebanhos locais apresentaram diversidade genética moderada o que é um fator decisivo para o sucesso dos programas de conservação, resultados semelhantes encontrados por da Rocha et al. (2016).

Para região Andina também houve diferença significativa (Fig. 4.C) entre os grupos pesquisados, porém ao contrário da região Platina, com pelo menos 27% a 28% das populações de raças exóticas apresentando valores de heretozigosidades tanto esperado quanto observado inferiores aos das populações nativas, mesmo essas últimas apresentando (conforme tab. 2) diferenças entre as heterozigosidades de  $H_o 0,046$  e  $H_e = 0,031$  sendo maiores no grupo nativo. A diversidade genética da raça nativas da região Andina é semelhante ao relatado para animais da Península Ibérica ( $H_e = 0,65$  e  $H_o = 0,61$ ) [26] em 71 populações na África e na América ( $H_e = 0,64$  e  $H_o = 0,6$ ) mas pouco inferior à diversidade manifestada nas raças nativas do Mediterrâneo Central e Oriental ( $H_e = 0,737$  e  $H_o = 0,663$ ). Segundo Aguirre-Riofrio et al (2020) níveis significativos de consanguinidade e desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg podem ser mostrados em um curto espaço de tempo se nenhuma medida for tomada para ambos os grupos.

Esse cenário pode explicar melhor a menor diversidade detectada de raças caprinas nativas da América do Sul quando comparada aos caprinos exóticos pela tendência de ocorrência em outras regiões, como o Oriente Médio (Agha et al., 2008; Cañón et al., 2006b; Aghoğlu e Ertuğrul, 2012; Mahmoudi et al., 2014), Ásia (Dixit et al., 2012; Fatima et al., 2008;

Li et al., 2002) e África Ocidental (Missohou et al., 2011). Os poucos estudos com marcadores moleculares em caprinos no continente sul-americano como um todo observados individualmente relataram valores gerais semelhantes para os parâmetros de diversidade (Aranguren-Méndez et al., 2013; Calvo et al., 2012; M.P. et al., 2006; Oliveira et al., 2010; Ribeiro et al., 2012) corroborado pela meta-análise ao não apresentar diferença significativa em diversidade de raças nativas e exóticas no Brasil e diferenças significativas nas outras regiões.

Nossos resultados fornecem uma perspectiva ampla sobre a diversidade genética e estrutura populacional de caprinos nativos e até certo ponto pode ser interpretado como refletindo o modo da colonização desses animais nas Américas e as subseqüentes diluições resultante do cruzamento com raças comerciais observadas em algumas populações crioulas (Ginja et al., 2017).

Em relação às estimativas do  $F_{IS}$  a meta-análise dos 23 estudos incluídos na revisão sistemática não evidenciou diferença estatística significativa em favor da do nível de endogamia das raças nativas em relação as exóticas para as regiões Brasil e Platina, mas mostrou diferença estatística significativa para a região Andina (figura 5.)

Os valores para  $F_{IS}$  indicam o nível de variabilidade existente dentro das raças. Quando esse valor é próximo a 1 estaríamos lidando com uma população consanguínea. Neste estudo os valores oscilaram entre 0,004 da população nativa da região Andina, especificamente no Peru, até 0,227 das nativas do Brasil (tabela 2).

Podemos relacionar os valores mais altos de  $F_{IS}$ , observado em raças nativas que em exóticas nas três sub-regiões, ao efeito Wahlund ao invés de consanguinidade propriamente, pelo fato do  $F_{IS}$  observa esse fenômeno dentro das populações, não sendo estimados valores de  $F_{ST}$  e  $F_{IT}$  o que limita uma resposta mais completa, resultado semelhante encontrado em outros estudos (Cañón et al., 2006b; Oliveira et al., 2010).

O valor  $F_{IS}$  das raças nativas em relação às exóticas do Brasil e região Platina não foram

significativos, conforme a meta-análise (fig. 4.A e fig. 4.B). O valores  $F_{IS}$  não significativos, igualando os grupos, pode ser devido ao acasalamento não aleatório dentro das raças (Aguirre-Riofrio et al., 2020), ou seja, os valores de diferenciação genética dentro das populações pode ser devido à grande variabilidade fenotípica e genética que existe em populações nativas devido ao cruzamento indiscriminado com outras raças sem objetivos de seleção bem definidos (Deza et al., 2003; Azor et al. 2008).

Entre os caprinos nativos e exóticos da região Andina, os valores de  $F_{IS}$  ( $0,054 \pm 0,003$ ; populações nativas;  $0,051 \pm 0,003$ ; para exóticas). Essa proximidade é reflexo do manejo genético e isolamento geográfico ao qual algumas populações são submetidas na região da cordilheira dos Andes, mesmo assim esse são valores considerados moderados. A meta-análise (figura 5.C) apresentou diferença significativa para esses grupos dessa região evidenciando baixos níveis de consanguinidade das raças nativas em relação às exóticas, sendo essas últimas com 75% das populações com níveis de consanguinidade maiores que as nativas mesmo assim considerados níveis ainda baixos.

Uma possível explicação, é pelo fato dessas populações da região Andina serem de pequeno quantitativo ou falta de dados censitários e podem estar em equilíbrio genético de Hardy-Weinberg, pelo fato desses rebanhos gradativamente se formarem a partir do reagrupamento de indivíduos, coincidindo com o protótipo racial, de diferentes proprietários e de diferentes lugares da região (Aranguren-Méndez et al., 2013)

De maneira geral para América do Sul apesar do alto grau de cruzamento com raças especializadas que vem ocorrendo nos países componentes e da ausência de um plano nacional de conservação na maioria deles, os caprinos nativos tem níveis moderados de diversidade genética ( $H_o = 0,533 \pm 0,034$ ;  $H_e = 0,584 \pm 0,032$ ;  $F_{IS} = 0,081 \pm 0,019$ ) o que a torna essas raças de grande interesse de ser preservadas e conservadas.

## **5. Conclusão**

Este estudo é a primeira tentativa de uma abrangente caracterização da diversidade genética de caprinos nativos sul-americanos a partir de uma revisão sistemática da literatura e técnica de meta-análise.

Após a meta-análise com dois grupos: raças caprinas nativas e exóticas da América do Sul o resultado apontou semelhança na diversidade genética das raças nativas e exóticas do Brasil e uma maior diversidade genética das raças exóticas em relação as nativas nas regiões Platina e Andina com base nos descritores  $H_o$  e  $H_e$ .

Foi observada diversidade genética com base no parâmetro  $F_{IS}$  dentro das populações de caprinos nativos na região Andina.

Nosso resultados indicam que os níveis observados de diversidade genética não são altos quando comparados com raças de outras partes do mundo, possivelmente como consequência das populações nativas estarem mais longe do centro de domesticação e representando os últimos estágios de dispersão e evolução, mas também devido a efeitos fundadores relacionados ao processo de colonização subjacente à sua origem.

Em geral, as raças nativas representam entidades bem diferenciadas e exigem medidas destinadas a sua conservação e utilização sustentável.

Diluição de mistura com raças exóticas comerciais pode ser insignificante na maioria das raças nativas, mas a maioria apresentam níveis de consanguinidade superiores aos das exóticas.

### **Declaração de Conflito de Interesses**

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

## Referências

- Adams, D.C., Gurevitch, J., Rosenberg, M.S., 1997. Resampling tests for meta-analysis of ecological data. *Ecology*. [https://doi.org/10.1890/0012-9658\(1997\)078\[1277:RTFMAO\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(1997)078[1277:RTFMAO]2.0.CO;2)
- Agha, S.H., Pilla, F., Galal, S., Shaat, I., D'Andrea, M., Reale, S., Abdelsalam, A.Z.A., Li, M.H., 2008. Genetic diversity in Egyptian and Italian goat breeds measured with microsatellite polymorphism. *J. Anim. Breed. Genet.* 125, 194–200. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00730.x>
- Aguirre-riofrio, L., Maza-tandazo, T., Quezada-padilla, M., 2020. a Creole Goat Reared in Ecuador , and Its Relationship.
- Al-Atiyat, R.M., 2017. Genetic diversity analyses of tropical goats from some countries of Middle East. *Genet. Mol. Res.* 16, 1–13. <https://doi.org/10.4238/gmr16039701>
- Andersson, L., Georges, M., 2004. Domestic-animal genomics: Deciphering the genetics of complex traits. *Nat. Rev. Genet.* <https://doi.org/10.1038/nrg1294>
- Aranguren-Méndez, J., Portillo-Ríos, M., Rincón, X., Martínez, A., Dickson, L., D'Aubeterre, R., 2013. Diversidad genética en la cabra criolla venezolana mediante análisis con microsatélites. *Rev. Cient. la Fac. Ciencias Vet. la Univ. del Zulia* 23, 238–244.
- Azor, P.J., Valera, M., Sarria, J., Avilez, J.P., Nahed, J., Delgado-Pertíñez, M., Castel, J.M., 2008. Estimación de las relaciones genéticas entre razas caprinas españolas y criollas utilizando microsatélites. *ITEA Inf. Tec. Econ. Agrar.* 104, 323–327.
- Barros, E. a., Ribeiro, M.N., Almeida, M.J.O., Araújo, a. M., 2011. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. *Arch. Zootec.* 60, 543–552. <https://doi.org/10.4321/S0004-05922011000300043>
- Boettcher, P.J., Hoffmann, I., Baumung, R., Drucker, A.G., McManus, C., Berg, P., Stella, A., Nilsen, L., Moran, D., Naves, M., Thompson, M., 2014. Genetic resources and genomics for adaptation of livestock to climate change. *Front. Genet.* <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00461>
- Bruford, M.W., Ginja, C., Hoffmann, I., Joost, S., Wengel, P.O., Alberto, F.J., Amaral, A.J., Barbato, M., Biscarini, F., Colli, L., Costa, M., Curik, I., Duruz, S., Ferencakovic, M., Fischer, D., Fitak, R., Groeneveld, L.F., Hall, S.J.G., Hanotte, O., Hassan, F.U., Helsen, P., Iacolina, L., Kantanen, J., Leempoel, K., Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Masembe, C., Megens, H.J., Miele, M., Neuditschko, M., Nicolazzi, E.L., Pompanon, F., Roosen, J., Sevane, N., Smetko, A., Štambuk, A., Streeter, I., Stucki, S., Supakorn, C., Da Gama, L.T., Tixier-Boichard, M., Wegmann, D., Zhan, X., 2015. Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources, 2015-2025. *Front. Genet.* 6, 1–11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00314>
- Bustamante, C.D., 2019. Determinación de la diversidad y estructura genética de la cabra criolla (*Capra hircus* Linnaeus, 1758) de los departamentos de Lima y Piura mediante el uso de microsatélites. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

- Calvo, S.J., Gonzáles, M.I., Ángel, P.A., Cerón-Muñoz, M.F., Cardona-Cadavid, H., 2012. Genetic evaluation of the goat population of Antioquia, using microsatellite markers. *Livest. Res. Rural Dev.* 24, 82.
- Câmara, T.S., Nunes, J.F., Diniz, F.M., Silva, G.R., Araújo, A.M., 2017. Genetic diversity and relatedness between Canindé and British alpine goat breeds in Northeastern Brazil accessed by microsatellite markers. *Genet. Mol. Res.* 16. <https://doi.org/10.4238/gmr16019569>
- Cañón, J., García, D., García-Atance, M.A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Dunner, S., 2006a. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet.* 37, 327–334. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01461.x>
- Cañón, J., García, D., García-Atance, M.A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Dunner, S., 2006b. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet.* <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01461.x>
- Carvalho, G.M.C., Paiva, S.R., Araújo, A.M., Mariante, A., Blackburn, H.D., 2015. Genetic structure of goat breeds from Brazil and the United States: Implications for conservation and breeding programs. *J. Anim. Sci.* <https://doi.org/10.2527/jas.2015-8974>
- Cormack, R.M., Hartl, D.L., Clark, A.G., 1990. Principles of Population Genetics. *Biometrics* 46, 546. <https://doi.org/10.2307/2531471>
- da Rocha, L.L., Filho, E.C.P., Filho, M.A.G., Delgado, J.V., Martínez, A.M., Ribeiro, M.N., 2016. Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. *Small Rumin. Res.* 134, 28–33. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.12.002>
- Araújo, A.M., Guimarães, S.E.F., Machado, T.M.M., Lopes, P.S., Pereira, C.S., da Silva, F.L.R., Rodrigues, M.T., Columbiano, V. de S., da Fonseca, C.G., 2006. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxotó breed. *Genet. Mol. Biol.* <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000100014>
- Oliveira, J.D., de Paiva Igarashi, M.L.S., Machado, T.M.M., Miretti, M.M., Ferro, J.A., Contel, E.P.B., 2007. Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat domestic goat (*Capra hircus*) breeds based on microsatellites. *Genet. Mol. Biol.* <https://doi.org/10.1590/s1415-47572007000300010>
- Deza, C., Bascur, I., Pérez, G., Barioglio, M.P.D.C.F., 2003. Identificación de variables morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos para la caracterización de cabras criollas en el NO de Córdoba, Argentina. *Agriscientia* 20, 69–77. <https://doi.org/10.31047/1668.298x.v20.n0.2833>
- Deza, C., Pérez, G.T., Gardenal, C.N., Varela, L., Villar, M., Rubiales, S., Barioglio, C., 2000. Protein polymorphism in native goats from central Argentina. *Small Rumin. Res.* 35, 195–201. [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(99\)00098-X](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(99)00098-X)
- Dixit, S.P., Verma, N.K., Aggarwal, R.A.K., Vyas, M.K., Rana, J., Sharma, A., 2012. Genetic diversity and relationship among Indian goat breeds based on microsatellite markers. *Small Rumin. Res.* 105, 38–45. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2011.11.026>

- Egito, A., Mariante, a S., Albuquerque, M., 2002. Programa Brasileiro de Conservação de Recursos Genéticos Animais. *Arch. Zootec.* 51, 39–52.
- Fabbri, S.C.P.F., Felizardo, K.R., Ferrari, F.C., Hernandez, E.C.M., Octaviano, F.R., Nakagawa, E.Y., Maldonado, J.C., 2013. Externalising tacit knowledge of the systematic review process. *IET Softw.* 7, 298–307. <https://doi.org/10.1049/iet-sen.2013.0029>
- FAO, 2018. Agricultural Data. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acessado em 17/06/2018.
- Fatima, S., Bhong, C.D., Rank, D.N., Joshi, C.G., 2008. Genetic variability and bottleneck studies in Zalawadi, Gohilwadi and Surti goat breeds of Gujarat (India) using microsatellites. *Small Rumin. Res.* 77, 58–64. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2008.01.009>
- Freeman, P.R., Hedges, L. V., Olkin, I., 1986. *Statistical Methods for Meta-Analysis*. Biometrics. <https://doi.org/10.2307/2531069>
- Fritsche-Neto, R., Resende, M.D.V., Miranda, G.V., DoVale, J.C., 2012. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. *Rev. Ceres.* <https://doi.org/10.1590/s0034-737x2012000600009>
- Falconer, D.S., 1962. *Introduction to Quantitative Genetics*. Popul. (French Ed. <https://doi.org/10.2307/1525780>
- Gautier, M., Faraut, T., Moazami-Goudarzi, K., Navratil, V., Foglio, M., Grohs, C., Boland, A., Garnier, J.G., Boichard, D., Lathrop, G.M., Gut, I.G., Eggen, A., 2007. Genetic and haplotypic structure in 14 European and African cattle breeds. *Genetics* 177, 1059–1070. <https://doi.org/10.1534/genetics.107.075804>
- Giannotti, J.D.G., Packer, I.U., Mercadante, M.E.Z., 2005. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. *Rev. Bras. Zootec.* 34, 1173–1180. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982005000400011>
- Ginja, C., Gama, L.T., Martínez, A., Sevane, N., Martin-Burriel, I., Lanari, M.R., Revidatti, M.A., Aranguren-Méndez, J.A., Bedotti, D.O., Ribeiro, M.N., Sponenberg, P., Aguirre, E.L., Alvarez-Franco, L.A., Menezes, M.P.C., Chacón, E., Galarza, A., Gómez-Urviola, N., Martínez-López, O.R., Pimenta-Filho, E.C., da Rocha, L.L., Stemmer, A., Landi, V., Delgado-Bermejo, J. V., 2017. Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas. *Anim. Genet.* 48, 315–329. <https://doi.org/10.1111/age.12529>
- Glass, G. V., 1976. Primary, Secondary, and Meta-Analysis of Research. *Educ. Res.* 5, 3. <https://doi.org/10.2307/1174772>
- Goldstein, H., Bryk, A.S., Raudenbush, S.W., 1993. *Hierarchical Linear Models: Applications and Data Analysis Methods*. *J. Am. Stat. Assoc.* <https://doi.org/10.2307/2290750>
- Gómez, N., 2011. Caracterización Genética De La Población De Cabras Autóctonas De La Región Apurímac De Perú. *Actas Iberoam. Conserv. Anim.* 1, 165–168.
- Gurevitch, J., Hedges, L. V., 2001. *Meta-analysis: Combining the results of independant*

experiments, in: Design and Analysis of Ecological Experiments.  
[https://doi.org/10.1016/0169-5347\(94\)90324-7](https://doi.org/10.1016/0169-5347(94)90324-7)

Igarashi, M.L.S.P., Machado, T.M., Ferro, J.A., Contel, E.P.B., 2000. Structure and genetic relationship among Brazilian naturalized and imported goat breeds. *Biochem. Genet.* <https://doi.org/10.1023/A:1026434305119>

Jembere, T., Dessie, T., Rischkowsky, B., Kebede, K., Mwai, A.O. and Haile, A., 2017. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Rumin. Res.* 153, 71–80.  
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.04.024>

Jiménez Leñaño, A.P., Bedoya Mashuth, J., Serrano Novoa, C., Arcila Quiceno, V., Perez Forero, V., Serrano Mujica, L.K., Ascanio Hernández, C.A., Sanchez Bautizta, L.A., 2014. Diversidad Genética De La Cabra Santandereana Mediante Marcadores Microsatélite. *Actas Iberoam. Conserv.* ... 4, 105–107.

Koots, K.R., Gibson, J.P., Wilson, J.P., 1994. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. *Anim. Breed. Abstr.* 62, 825–853.

Korkmaz Ağaoğlu, Ö., Ertuğrul, O., 2012. Assessment of genetic diversity, genetic relationship and bottleneck using microsatellites in some native Turkish goat breeds. *Small Rumin. Res.* 105, 53–60. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2011.12.005>

Li, M.-H., Zhao, S.-H., Bian, C., Wang, H.-S., Wei, H., Liu, B., Yu, M., Fan, B., Chen, S.-L., Zhu, M.-J., Li, S.-J., Xiong, T.-A., Li, K., 2002. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet. Sel. Evol. GSE* 34, 729–744. <https://doi.org/10.1051/gse>

Lin, B.Z., Odahara, S., Ishida, M., Kato, T., Sasazaki, S., Nozawa, K., Mannen, H., 2013. Molecular phylogeography and genetic diversity of East Asian goats. *Anim. Genet.* 44, 79–85. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02358.x>

Litalien, D., Guay, F., Geoffrion, S., Giguère, C.-É. 2009. No Title تازاز الالب. *Bifurcations* 45, 1–19. <https://doi.org/10.7202/1016404ar>

Lôbo, R.N.B., Madalena, F.E., Vieira, A.R., 2000. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abstr.* 68, 433–462.

Lopes, D.D., Fernández, G.P., Poli, M., Moreira, G.R.P., Gonçalves, G.L., Freitas, T.R.O., 2016. Ancestry analysis of locally adapted Crespa goats from southernmost Brazil. *Genet. Mol. Res.* 15, 1–16.

Lovatto, P.A., Lehnen, C.R., Andretta, I., Carvalho, A.D., Hauschild, L., 2007. Meta-análise em pesquisas científicas: enfoque em metodologias. *Rev. Bras. Zootec.* 36, 285–294.  
<https://doi.org/10.1590/S1516-35982007001000026>

Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.D., Bouvet, J., Taberlet, P., 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 98, 5927–5932. <https://doi.org/Doi 10.1073/Pnas.091591198>

- M.P., M., A.M., M., M.N., R., E.C., P.-F., J.V.D., B., 2006. Caracterização genética de raças caprinas nativas Brasileiras utilizando 27 marcadores microssatélites. *Rev. Bras. Zootec.* 35, 1336–1341.
- Mahmoudi, B., Panahi, B., Mohammadi, S.A., Daliri, M., Babayev, M.S., 2014. Microsatellite Based Phylogeny and Bottleneck Studies of Iranian Indigenous Goat Populations. *Anim. Biotechnol.* 25, 210–222. <https://doi.org/10.1080/10495398.2013.850431>
- Makina, S.O., Muchadeyi, F.C., van Marle-Köster, E., MacNeil, M.D., Maiwashe, A., 2014. Genetic diversity and population structure among six cattle breeds in South Africa using a whole genome SNP panel. *Front. Genet.* 5. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00333>
- Marques, I.T.O., Sarmiento, J.L.R., Biagiotti, D., Vale, K.A.G., Carvalho, K.S.S., Britto, F.B., 2015. Genetic diversity characterization of Santa Inês sheep Piauí State farms. *Rev. Bras. Saude e Prod. Anim.*
- Martínez, A.M., Gama, L.T., Delgado, J. V., Canõn, J., Amills, M., De Sousa, C.B., Ginja, C., Zaragoza, P., Manunza, A., Landi, V., Sevane, N., 2015. The Southwestern fringe of Europe as an important reservoir of caprine biodiversity. *Genet. Sel. Evol.* 47. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0167-8>
- Melo, P.A. De, Silva, J.C.D.S., 2017. A evolução dos ruminantes 2, 191–202.
- Missohou, A., Poutya, M.R., Nenonene, A., Dayo, G.K., Ayssiwede, S.B., Talaki, E., Issa, Y., Fané, A., 2011. Genetic diversity and differentiation in nine West African local goat breeds assessed via microsatellite polymorphism. *Small Rumin. Res.* 99, 20–24. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2011.04.005>
- Ocampo, R.J., Martinez, R.A., Rocha, J.F., Cardona, H., 2017. Genetic characterization of Colombian indigenous sheep. *Rev. Colomb. Ciencias Pecu.* 30, 116–125. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v30n2a03>
- Oliveira, J.C.V., Ribeiro, M.N., Rocha, L.L., Gomes-Filho, M.A., Delgado, J. V., Martinez, A.M., Menezes, M.P.C., Bettencourt, C.M., Gama, L.T., 2010. Genetic relationships between two homologous goat breeds from Portugal and Brazil assessed by microsatellite markers. *Small Rumin. Res.* 93, 79–87. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2010.05.002>
- Oliveira Moura, J., Guimarães Campelo, J.E., Bajay, M.M., Lindenberg Rocha Sarmiento, J., Barros Britto, F., Leal, T.M., Silva Costa, M., Helcias Cavalcante, D., Figueiredo Carvalho, M.D., Mello Araújo, A., 2019. Diversidade genética em caprino Marota e manejo genético para rebanhos de conservação. *Arch. Zootec.* <https://doi.org/10.21071/az.v68i261.3949>
- Paim, T. do P., Faria, D.A., Hay, E.H., McManus, C., Lanari, M.R., Esquivel, L.C., Cascante, M.I., Alfaro, E.J., Mendez, A., Faco, O., Silva, K. de M., Mezzadra, C.A., Mariante, A., Paiva, S.R., Blackburn, H.D., 2019. New world goat populations are a genetically diverse reservoir for future use. *Sci. Rep.* 9, 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-38812-3>
- Petersen, J.L., Mickelson, J.R., Cothran, E.G., Andersson, L.S., Axelsson, J., Bailey, E.,

- Bannasch, D., Binns, M.M., Borges, A.S., Brama, P., da Câmara Machado, A., Distl, O., Felicetti, M., Fox-Clipsham, L., Graves, K.T., Guérin, G., Haase, B., Hasegawa, T., Hemmann, K., Hill, E.W., Leeb, T., Lindgren, G., Lohi, H., Lopes, M.S., McGivney, B.A., Mikko, S., Orr, N., Penedo, M.C.T., Piercy, R.J., Raekallio, M., Rieder, S., Røed, K.H., Silvestrelli, M., Swinburne, J., Tozaki, T., Vaudin, M., M. Wade, C., McCue, M.E., 2013. Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data. *PLoS One* 8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054997>
- Primo, A.T., 1992. El ganado bovino Iberico en las Americas: 500 anos despues. *Arch. Zootec.* 41 (Extra), 421–432.
- R Studio Team, 2015. R Studio. R.S. ed. <http://www.rstudio.com/>.  
<https://doi.org/http://www.rstudio.com/>.
- Reed, M.S., Dougill, A.J., Baker, T.R., 2008. Participatory indicator development: What can ecologists and local communities learn from each other? *Ecol. Appl.* 18, 1253–1269.  
<https://doi.org/10.1890/07-0519.1>
- Ribeiro, M.N., Bruno-de-Sousa, C., Martinez-Martinez, a., Ginja, C., Menezes, M.P.C., Pimenta-Filho, E.C., Delgado, J. V., Gama, L.T., 2012. Drift across the Atlantic: Genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 129, 79–87. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00942.x>
- Rodero, A., Delgado, J.V., Rodero, E., 1992. Primitive Andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Arch. Zootec.* 41 (Extra), 383–400.
- Roldán, D.L.; Fernández, J.L.; Saldaño, S.A.; Rabasa, A.E.; Holgado, F.D.; Poli, M.A., 2005. Caracterización del caprino Criollo del Noroeste Argentino. *Vet.*
- Roots, K.R., Gibson, J.P., 1996. Realized sampling variances of estimates of genetic parameters and the difference between genetic and phenotypic correlations. *Genetics* 143, 1409–1416.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livest. Prod. Sci.*  
<https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.09.003>
- Sauvant, D., Schmidely, P., Daudin, J.J., St-Pierre, N.R., 2008. Meta-analyses of experimental data in animal nutrition \*. *Animal* 2, 1203–1214.  
<https://doi.org/10.1017/S1751731108002280>
- Serrano, M., Calvo, J.H., Martínez, M., Marcos-Carcavilla, A., Cuevas, J., González, C., Jurado, J.J., de Tejada, P.D., 2009. Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. *BMC Genet.* 10, 61.  
<https://doi.org/10.1186/1471-2156-10-61>
- Sevane, N., Cortés, O., Gama, L.T., Martínez, A., Zaragoza, P., Amills, M., Bedotti, D.O., Bruno De Sousa, C., Cañon, J., Dunner, S., Ginja, C., Lanari, M.R., Landi, V., Sponenberg, P., Delgado, J. V., 2018. Dissection of ancestral genetic contributions to Creole goat populations. *Animal* 12, 2017–2026.  
<https://doi.org/10.1017/S1751731117003627>

- Souza, U.J.A. de, Telles, M.P.D.C., Diniz-Filho, J.A.F., de Souza, U.J.A., Telles, M.P.D.C., Diniz-Filho, J.A.F., Souza, U.J.A. de, Telles, M.P.D.C., Diniz-Filho, J.A.F., 2016. Tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado. *Hoehnea* 43, 461–477. <https://doi.org/10.1590/2236-8906-06/2016>
- Toro, M.A., Fernández, J., Caballero, A., 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livest. Sci.* <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.003>
- Tosser-Klopp, G., Bardou, P., Bouchez, O., Cabau, C., Crooijmans, R., Dong, Y., Donnadiu-Tonon, C., Eggen, A., Heuven, H.C.M., Jamli, S., Jiken, A.J., Klopp, C., Lawley, C.T., McEwan, J., Martin, P., Moreno, C.R., Mulsant, P., Nabihoudine, I., Pailhoux, E., Palhière, I., Rupp, R., Sarry, J., Sayre, B.L., Tircazes, A., Wang, J., Wang, W., Zhang, W., Ajmone, P., Amills, M., Boitard, S., Faraut, T., San Cristobal, M., Servin, B., Chen, W., Cheng, S., Liu, X., Pan, S., Song, C., Xu, X., Ye, C., Zhang, B., Lv, J., Li, X., Ren, L., Shi, P., Yu, J., Faruque, O., Lenstra, H., Poli, M.A., Zhao, J., Rui, S., Zhang, Y., Stella, A., Li, X., Valentini, A., Zhao, S., 2014. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PLoS One* 9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086227>
- Urviola, N.C.G., 2013. Caracterización estructural, morfológica y genética de la población de cabras autóctonas de la región apurímac del Perú. Universitat Autònoma de Barcelona.
- Utrera, A.R., Van Vleck, L.D., 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genet. Mol. Res.* 3, 380–394.
- Visser, C., Lashmar, S.F., Van Marle-Kijster, E., Poli, M.A., Allain, D., 2016. Genetic diversity and population structure in South African, French and Argentinian Angora goats from genome-wide SNP data. *PLoS One* 11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154353>
- Wright, S., 1965. The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating Author ( s ): Sewall Wright Published by : Society for the Study of Evolution Stable URL : <http://www.jstor.org/stable/2406450>. *J. Evol.* 19, 395–420. <https://doi.org/10.2307/2406450>
- Wright, S., 1951. The genetical structure of natural populations. *Ann. Eugen.* 15, 323–354. <https://doi.org/10.1093/OXFORDJOURNALS.MOLBEV.A003884>