

**Diversidade genética de *Bertholletia excelsa* Bonpl.: um estudo  
cienciométrico**

**Genetic diversity of *Bertholletia excelsa* Bonpl.: a scientometric study**

**Diversidad genética de *Bertholletia excelsa* Bonpl.: un estudio  
cienciométrico**

DOI: 10.55905/oelv24n1-033

Receipt of originals: 12/5/2025

Acceptance for publication: 12/30/2025

**Viviane Martins**

Doutoranda em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: vivianemartins@unemat.br

**Ana Paula Roveda**

Doutoranda em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: anapaularoveda@hotmail.com

**Kelli Évelin Müller Zortéa**

Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: kelli.zortea@unemat.br

**Anderson Ortiz Alves**

Doutorando em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: andersonalves@secitec.mt.gov.br

**Ricardo dos Santos Poltronieri**

Graduando em Bacharelado em Agronomia

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: ricardopoltronieri@outlook.com.br

**Ana Aparecida Bandini Rossi**

Doutora em Genética e Melhoramento  
Instituição: Universidade Federal de Viçosa  
Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil  
E-mail: anabanrossi@unemat.br

**RESUMO**

*Bertholletia excelsa* (castanheira-do-brasil) é uma espécie nativa da região amazônica, com grande importância econômica, sendo um produto florestal não madeireiro amplamente difundido pelo mundo. Assim é importante analisar os progressos dos estudos moleculares com a espécie. E a cienciometria é a ferramenta ideal para avaliar essa evolução, permitindo analisar e quantificar a disseminação de informações científicas. Portanto, o objetivo deste trabalho é identificar por meio da análise cienciométrica, a evolução e as lacunas dos estudos de diversidade genética de *Bertholletia excelsa* ao longo dos últimos anos. Para a realização do levantamento cienciométrico foi utilizada a base de dados Web of Science, a partir dos termos de busca “*Bertholletia excelsa*” AND “genetic diversity” OR “molecular markers” OR “morphological”. Foi realizada uma filtragem dos dados e uso dos pacotes Bibliometrix e Biblioshiny no Rstudio para a análise estatística. Constatou-se que no período de 1988 a 2025 foram publicados 17 artigos. As palavras-chave utilizadas indicam que a maioria dos estudos tratam da análise de diversidade genética, onde os marcadores moleculares SSRs foram os mais utilizados nos estudos com *B. excelsa* ao longo destes 37 anos. Apesar da distribuição geográfica da espécie abranger diferentes países, existe pouca colaboração de instituições internacionais, onde o Brasil é o país que mais produz material científico sobre diversidade genética de *Bertholletia excelsa*. A baixa produção de artigos, assim como a amplitude das pesquisas, que ainda não abrangem toda a área de ocorrência da espécie, indicam algumas das lacunas a serem exploradas como o aumento da área amostrada e a colaboração entre instituições e países nas pesquisas.

**Palavras-chave:** Cienciometria, Castanha-Do-Brasil, Marcadores Genéticos, Bibliometrix.

**ABSTRACT**

*Bertholletia excelsa* (Brazil nut tree) is a species native to the Amazon region, with great economic importance, being a non-timber forest product widely distributed throughout the world. Therefore, it is important to analyze the progress of molecular studies with this species. And scientometrics is the ideal tool to evaluate this evolution, allowing us to analyze and quantify the dissemination of scientific information. Therefore, the objective of this work is to identify, through scientometric analysis, the evolution and gaps in studies of the genetic diversity of *Bertholletia excelsa* over the last few years. For the scientometric survey, the Web of Science database was used, based on the search terms “*Bertholletia excelsa*” AND “genetic diversity” OR “molecular markers” OR “morphological”. Data filtering was performed, and the Bibliometrix and Biblioshiny

packages were used in RStudio for statistical analysis. It was found that 17 articles were published between 1988 and 2025. The keywords used indicate that most studies deal with the analysis of genetic diversity, where SSR molecular markers were the most used in studies with *B. excelsa* over these 37 years. Despite the species' geographic distribution encompassing different countries, there is little collaboration from international institutions, with Brazil being the country that produces the most scientific material on the genetic diversity of *Bertholletia excelsa*. The low number of articles produced, as well as the scope of the research, which still does not cover the entire area where the species occurs, indicate some of the gaps to be explored, such as increasing the sampled area and collaboration between institutions and countries in research.

**Keywords:** Scientometrics, Brazil Nut, Genetic Markers, Bibliometrix.

## RESUMEN

*Bertholletia excelsa* (castaña de Brasil) es una especie nativa de la Amazonia, de gran importancia económica, ya que se trata de un producto forestal no maderable ampliamente distribuido en todo el mundo. Por lo tanto, es importante analizar el progreso de los estudios moleculares sobre esta especie. La cienciometría es la herramienta ideal para evaluar esta evolución, permitiendo el análisis y la cuantificación de la difusión de información científica. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es identificar, mediante análisis cienciométrico, la evolución y las lagunas en los estudios de diversidad genética de *Bertholletia excelsa* en los últimos años. Para el estudio cienciométrico, se utilizó la base de datos Web of Science, con base en los términos de búsqueda “*Bertholletia excelsa*” y “diversidad genética” o “marcadores moleculares” o “morfológico”. Se realizó un filtrado de datos y se utilizaron los paquetes Bibliometrix y Biblioshiny en RStudio para el análisis estadístico. Se encontró que se publicaron 17 artículos entre 1988 y 2025. Las palabras clave utilizadas indican que la mayoría de los estudios abordan el análisis de la diversidad genética, donde los marcadores moleculares SSR fueron los más utilizados en estudios con *B. excelsa* durante estos 37 años. A pesar de que la distribución geográfica de la especie abarca diferentes países, existe poca colaboración de instituciones internacionales, siendo Brasil el país que produce más materiales científicos sobre la diversidad genética de *Bertholletia excelsa*. La baja producción de artículos, así como el alcance de la investigación, que aún no cubre toda el área de ocurrencia de la especie, indican algunas de las brechas por explorar, como el aumento del área muestreada y la colaboración entre instituciones y países en la investigación.

**Palabras clave:** Cienciometría, Nuez de Brasil, Marcadores Genéticos, Bibliometrix.

## 1 INTRODUÇÃO

*Bertholletia excelsa* Bonpl, é uma espécie arbórea de grande porte pertencente à família Lecythidaceae, é endêmica do domínio Amazônico, onde é popularmente conhecida como castanha-do-brasil, castanha-do-pará ou castanheira (Ducke; Black, 1954).

A castanheira é considerada uma das plantas mais valiosas do domínio amazônico, importância atribuída principalmente ao valor econômico de suas castanhas no mercado internacional de exportação de produtos naturais (Almeida, 1963; Müller, 1981). Com a expansão deste setor comercial, houve o incentivo para aumento da produção da castanha tornando-se uma das alternativas mais promissoras entre as atividades econômicas extrativistas na Amazônia para as comunidades indígenas e ribeirinhas (Clay, 1997; Shanley *et al.*, 2002). Diante dessa relevância socioeconômica, torna-se essencial a realização de trabalhos para conhecer e compreender a base genética da espécie. As populações naturais geralmente apresentam elevados níveis de variabilidade genética intrapopulacional, resultado de processos como mutação, migração e fluxo gênico (Morand *et al.*, 2002).

Diversos acordos internacionais foram estabelecidos com o objetivo de preservar a biodiversidade global (Hoffmann, Sgrò e Kristensen, 2017). E tem se direcionado uma atenção especial à diversidade genética, que pode ser observada tanto dentro quanto entre populações de uma determinada espécie. Espécies com baixa variabilidade genética tem menos capacidade de adaptação a doenças e mudanças ambientais, o que pode acelerar o processo de extinção, isso ajuda a identificar populações vulneráveis e planejar ações como manejo, reintrodução ou bancos genéticos com a finalidade de conservação de espécies ameaçadas e manutenção de suas populações ao longo do tempo (Frankham, 1995).

Para analisar a diversidade genética, diferentes tipos de marcadores podem ser empregados, incluído morfológicos, bioquímicos, citológicos e moleculares. O uso dessas ferramentas permite caracterizar a variabilidade genética de uma espécie,

fornecendo informações para orientar estratégias de conservação e manejo (Bidyananda *et al.*, 2024; Chesnokov *et al.*, 2020).

Além disso, a cienciometria surge como um método quantitativo para analisar informações, cujo conceito original surgiu na Rússia em 1979, onde era chamado de “*naukometriya*”, mas só se difundiu em outros países por volta da década de 80, passando a ser conhecido como cienciometria (Maricato e Noronha, 2012). A cienciometria pode ser também chamada de “a ciência da ciência”, e conceituando-se como: “o estudo quantitativo das comunicações científicas, que aplica a bibliometria à literatura científica” (Börner *et al.*, 2003).

Apesar de estarem interligadas, a bibliometria foca em avaliar a produção científica enquanto a cienciometria analisa as atividades que geram, propagam e utilizam a informação científica (Camargo e Barbosa, 2018). Sendo assim, a cienciometria pode ser utilizada como ferramenta que permite visualizar o desenvolvimento da pesquisa científica com o passar do tempo, além de identificar as relações entre os pesquisadores e suas instituições, podendo indicar quais os caminhos para se direcionar os esforços nas pesquisas.

Assim, objetivou-se neste estudo identificar por meio da análise cienciométrica, a evolução e as lacunas dos estudos de diversidade genética de *Bertholletia excelsa*.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 COLETA E FILTRAGEM DOS DADOS

Os dados bibliográficos das publicações científicas foram obtidos por meio da base de dados Web of Science™. As pesquisas bibliográficas foram realizadas utilizando as seguintes palavras-chave e operadores *booleanos*: “*Bertholletia excelsa*” AND “*genetic diversity*” OR “*molecular markers*” OR “*morphological*”, contemplando todos os campos, não sendo utilizado nenhum outro filtro durante a busca.

Os dados obtidos foram importados para os softwares Mendeley Reference Manager® (versão 2.122.0), no qual foi realizada a análise prévia dos artigos e descartados



aqueles que não utilizaram marcadores genéticos. No Rstudio<sup>®</sup> [versão 2023.9.1 (R Core Team R, 2019)] os arquivos foram convertidos para .xlsx com o pacote 'xlsx' [versão 0.6.5 (Dragulescu; Arendt, 2022)] para só então serem analisados no aplicativo Biblioshiny<sup>®</sup> (Aria; Cuccurullo, 2017), do pacote Bibliometrix<sup>®</sup> [versão 4.3.0 (Aria; Cuccurullo, 2017)]. Após o arquivo com os dados totais foi salvo como cópia e acessado através do software Microsoft<sup>®</sup> Excel<sup>®</sup> (Versão 2018).

Todas as exclusões feitas no Mendeley<sup>®</sup> foram aplicadas ao arquivo cópia importado do Biblioshiny<sup>®</sup>. O padrão de exclusão de dados estabelecido foi de desconsiderar trabalhos não relacionados à utilização de marcadores moleculares ou morfológicos, ou ainda, em que o uso dos marcadores não fosse destinado a pesquisas com o material genético da *B. excelsa*.

## 2.2 ANÁLISE DOS DADOS

Após a filtragem dos dados e a aplicação das alterações no arquivo cópia, o mesmo foi visualizado com o Biblioshiny<sup>®</sup>, dessa vez através da opção 'importar ou carregar arquivos bibliometrix'. Nessa fase foi realizada a análise dos indicadores científicos e confecção de figuras e tabelas informativas.

Através da leitura dos trabalhos e análise no Biblioshiny<sup>®</sup>, foram obtidos os seguintes indicadores cienciométricos: 1) tipo de marcador molecular utilizado; 2) área geográfica de estudo; 3) produção científica anual; 4) palavras-chave dos autores; 5) instituições mais produtivas; 6) rede de colaboração entre autores e 7) países que mais publicam.

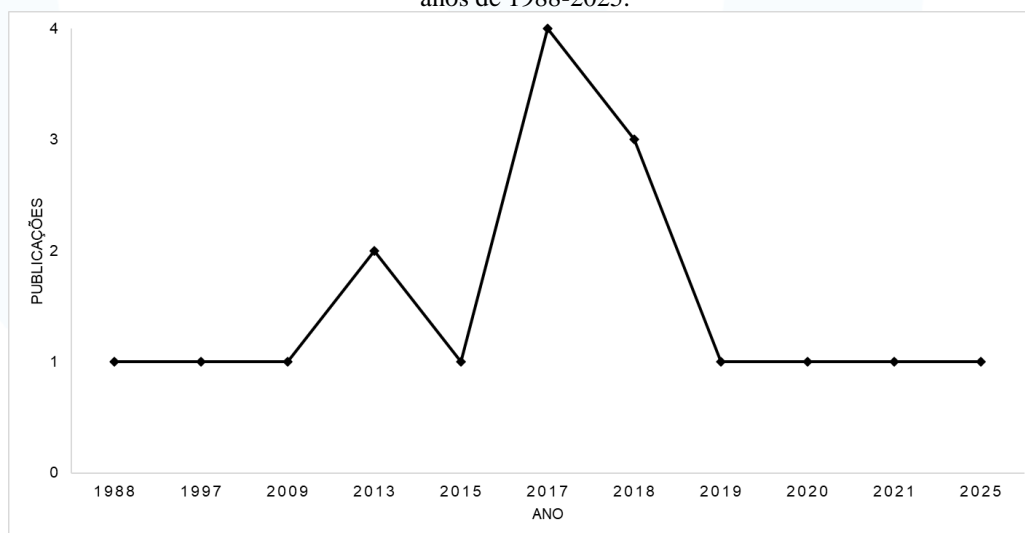
Para a análise dos indicadores cienciométricos obtidos manualmente, foi aplicada estatística descritiva no Excel<sup>®</sup>, com base na frequência relativa simples para identificar, quais os tipos de marcadores mais utilizados e área geográfica onde o material vegetal foi coletado, quais autores e países mais publicam com essa espécie. Em seguida, foram confeccionadas figuras ilustrativas com os resultados.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A busca realizada na base de Web of Science™ resultou em 48 publicações. Após a filtragem dos dados foram excluídos da pesquisa 31 trabalhos que não se encaixavam nos padrões da pesquisa, resultando em um total de 17 publicações avaliadas no estudo.

A pesquisa abrangeu um período de 37 anos, entre 1988 e 2025, no qual foram publicados os 17 trabalhos em que se utilizou marcadores genéticos para estudos com a espécie *Bertholletia excelsa*. Neste intervalo, o ano de 2017 foi o que apresentou o maior número de publicações, sendo publicados 4 artigos, que equivalem a aproximadamente 23% da produção total (Figura 1). Destaca-se aqui dois intervalos sem publicações, o período de 1989 a 1996 e 1998 a 2008. O período entre 2013 a 2019 é considerado mais produtivo com 58,82% das publicações.

Figura 1. Variação no número de publicações científicas sobre diversidade genética de *B. excelsa* entre os anos de 1988-2025.



Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

Segundo o Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (Brasil, 2021), o investimento federal em ciência e tecnologia alcançou seu auge em 2013, antes de iniciar uma trajetória de retração nos anos seguintes. Esse período foi impulsionado por políticas públicas voltadas à expansão da pós-graduação e à valorização da pesquisa acadêmica, fatores que contribuíram para o crescimento expressivo da produção científica brasileira

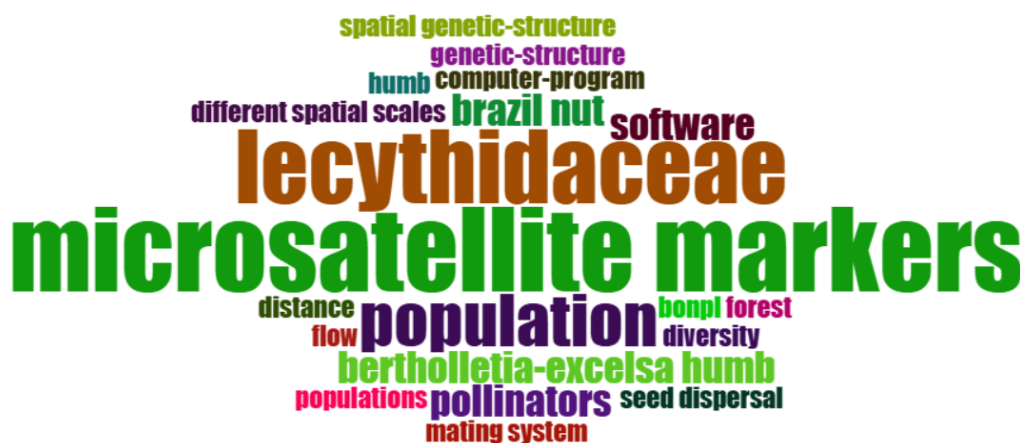
(Souza, 2025). Assim, a maior produção científica registrada no período de 2013 a 2019 pode ser entendida como resultado direto do ciclo de expansão e incentivo vivenciado até meados de 2015.

Após o ano de 2020, em decorrência da pandemia da COVID, houveram impactos significativos na produção científica brasileira, evidenciados pela redução do número de publicações e pela interrupção de diversas atividades de pesquisa. De acordo com Marques e Queiroz (2023), o volume de artigos publicados por autores brasileiros sofreu uma queda de aproximadamente 16,1%, neste período. O estudo atribui essa queda aos efeitos diretos da pandemia, que impôs restrições ao funcionamento de laboratórios, à circulação de pesquisadores e ao acesso a insumos, além de intensificar os cortes orçamentários já existentes no sistema nacional de ciência e tecnologia. Desta forma é possível que a queda da produção científica com *B. excelsa*, nos anos subsequentes à pandemia seja compreendida, como consequência direta das limitações estruturais e operacionais impostas pelo contexto sanitário global, o que compromete por exemplo a coleta, logística de transporte e insumos inerentes a pesquisa.

As palavras-chave empregadas pelos autores, servem como uma forma de indicadores de coocorrência, revelando quais são os termos frequentemente utilizados para descrever os temas abordados. As palavras-chave são elementos essenciais em qualquer artigo e sua função principal é a representação do conteúdo do texto, facilitando a identificação do tema central por outros pesquisadores. Com esses indicadores foi possível elaborar uma nuvem de palavras (Figura 2) reunindo 20 das 66 palavras mais frequentes.



Figura 2. Nuvem de palavras das 20 palavras-chave mais frequentes nos trabalhos analisados.



Fonte: Biblioshiny, 2025.

Observando a nuvem de palavras é notável o destaque de três palavras: “*microsatellite markers*”, “*lecythidaceae*” e “*population*”. A fonte em tamanho maior na nuvem de palavras indica que a palavra em destaque ocorre mais vezes nos documentos analisados. Considerando a função de representação do conteúdo textual atribuído às palavras-chave, podemos compreender que nesse caso as duas palavras mais ocorrentes representam a principal ferramenta de análise e família da espécie alvo dos estudos. Já a terceira palavra de maior destaque para essa pesquisa, nos traz a finalidade do trabalho identificando tratar de análise de populações, onde o foco da pesquisa não está somente no uso de marcadores, mas também na aplicação desses marcadores para estudar a estrutura e diversidade genética em populações. Assim podemos supor que a maioria dos trabalhos trata de análises de diversidade genética em populações de castanha-do-brasil, com o uso dos marcadores moleculares microssatélites, entretanto após análise é possível identificar o uso de outros marcadores moleculares.

Os marcadores moleculares têm se mostrado ferramentas eficazes para estudar a diversidade genética em castanha-do-brasil. Giustina *et al.* (2017) identificaram oito loci microssatélites informativos na análise de progênies de diferentes castanheiras em Mato Grosso. Carpejani *et al.* (2020) observaram variabilidade genética e polimorfismo entre 17 genótipos utilizando marcadores ISSR, resultado também confirmado por Ramalho *et al.* (2016) em populações naturais de *Bertholletia excelsa* na Amazônia mato-grossense. Esses estudos são importantes para programas de melhoramento genético, coleta de

sementes e conservação da espécie.

Os artigos analisados descrevem o uso de oito tipos de marcadores genéticos, sendo o marcador molecular microssatélite (SSR) o mais utilizado (Tabela 1), o que corrobora a palavra-chave mais frequente nos trabalhos.

Tabela 1. Frequência do número de marcadores moleculares nas publicações científicas com *B. excelsa* entre os anos de 1988-2025.

Marcador Genético	Freq. Absoluta (FA)	Freq. Relativa (FR%)
Isoenzimas	1	5.26
RAPD*	2	10.53
Microssatélite (SSR)	11	57.89
ISSR*	1	5.26
Caracterização morfológica*	1	5.26
AFLP	1	5.26
SNP	1	5.26
cpSSR / cpDNA	1	5.26
	19	100

\*Tipos de marcadores identificados no mesmo artigo.

A preferência pelo uso dos marcadores SSR é evidente e pode ser explicada pelas características e vantagens que esses marcadores apresentam em relação a outros tipos. Baseados na técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), os microssatélites (SSRs) passaram a ser amplamente empregados com a popularização dessa metodologia, o que possibilitou o desenvolvimento em larga escala de novos marcadores moleculares mais eficientes que os anteriormente utilizados (Borém e Caixeta, 2016). Por possuírem herança codominante, os SSRs permitem distinguir genótipos heterozigotos e homozigotos, favorecendo análises genéticas com maior nível de detalhamento e precisão (Borém e Caixeta, 2016).

Os primeiros marcadores microssatélites (SSR) para *B. excelsa* foram descritos em 2013, em estudo de isolamento e caracterização (Sujii et.al. 2013). Em estudos genéticos com a castanheira-do-brasil, os microssatélites se consolidaram como os marcadores mais utilizados, devido às suas propriedades altamente informativas e à elevada capacidade de detectar variação genética dentro e entre populações. Além disso, apresentam alto grau de polimorfismo, ampla distribuição no genoma e excelente reprodutibilidade, fatores que garantem resultados consistentes em análises de

diversidade, estrutura populacional e fluxo gênico (Vieira, 2014). A consolidação desses protocolos, aliada ao custo relativamente baixo das análises após o desenvolvimento inicial dos locos, contribuiu para que os SSRs se tornassem a ferramenta preferencial em pesquisas voltadas à conservação e ao manejo genético da castanheira (Silva *et al.*, 2010).

A afiliação de cada autor, permite analisar a contribuição das diferentes instituições científicas nos campos de pesquisa. A Figura 3 apresenta o número de publicações envolvendo as 10 instituições mais produtivas na área de estudo.

Figura 3. As dez instituições mais relevantes quanto a produção científica acerca da diversidade genética com *B. excelsa*, levando em consideração a afiliação dos autores.

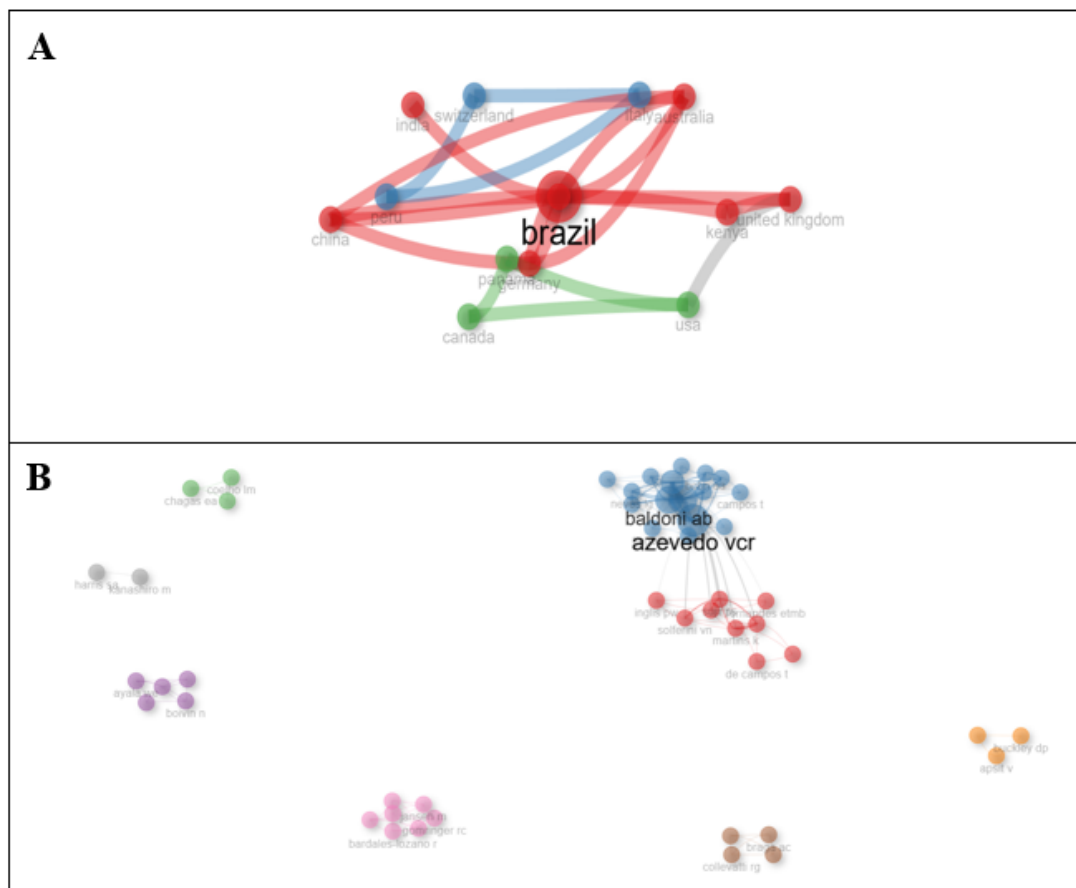


Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) produziu mais material científico utilizando marcadores moleculares com a *B. excelsa*, aparecendo 23 vezes nos artigos publicados durante o período avaliado. Também se destaca a Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT) e a Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) com uma frequência de 5 e 4 vezes nas publicações no mesmo período, respectivamente.

Ao observar a figura 4, podemos notar que o Brasil é o país que mais publica na temática estabelecida, sendo que a maioria das publicações possuem colaboração com autores de instituições nacionais e a área geográfica de estudo encontra-se quase que totalmente em território brasileiro.

Figura 4. Rede de colaboração entre países em estudos sobre diversidade genética de *Bertholletia excelsa*, destacando o Brasil como principal centro de produção científica (A). Rede de colaboração entre autores em estudos sobre diversidade genética de *Bertholletia excelsa* (B).

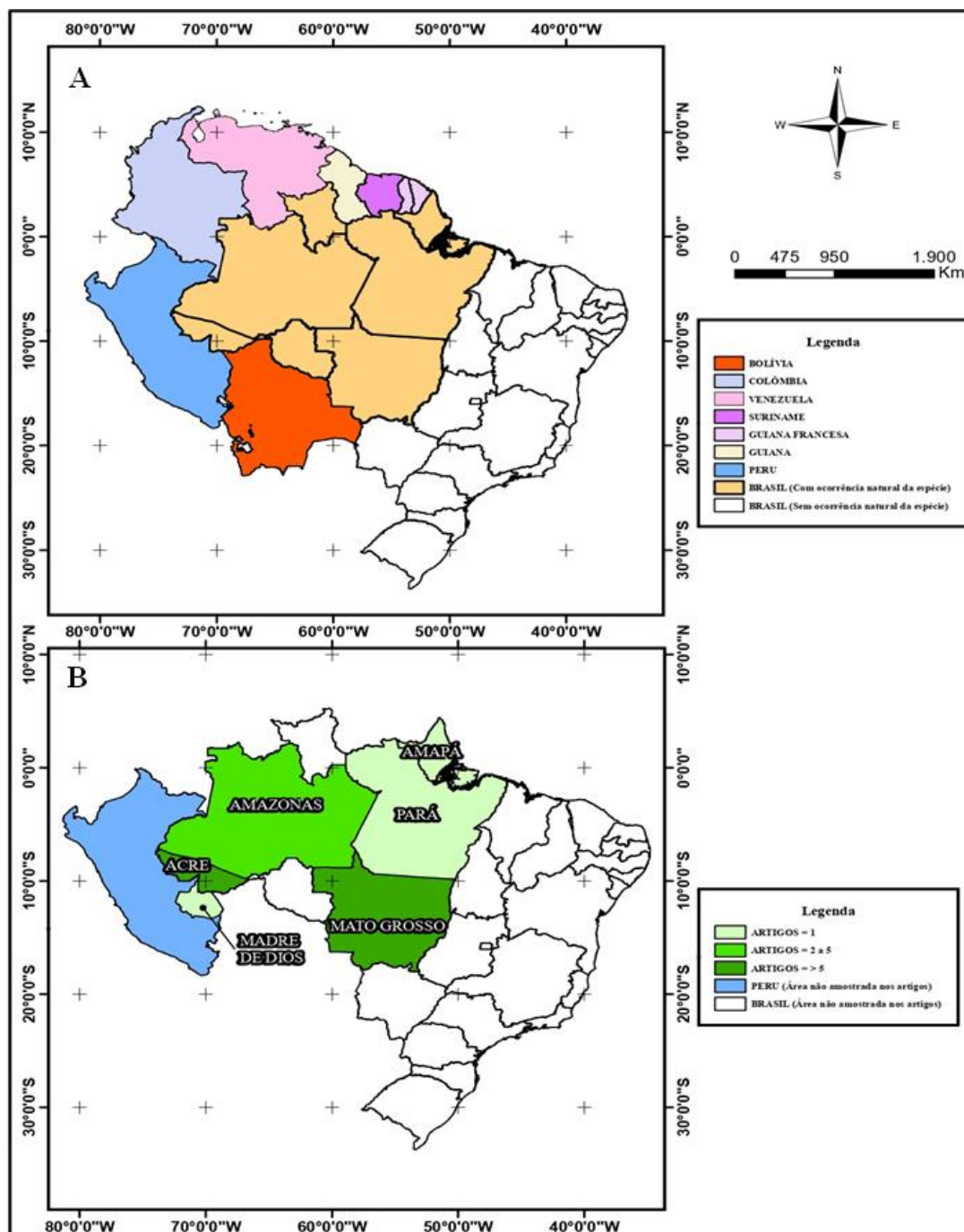


Fonte: Biblioshiny, 2025.

A significativa contribuição de instituições brasileiras nos estudos sobre *Bertholletia excelsa* justifica-se pelo fato de o Brasil estar localizado dentro da área de ocorrência natural da espécie (Figura 6), partilhando essa distribuição com outros países pertencentes ao Bioma Amazônia como: Bolívia, Colômbia, Guianas, Peru, Suriname e Venezuela (Thomas *et al.*, 2014; Baldoni *et al.*, 2020; Catenacci *et al.*, 2020). Essa relevância geográfica, aliada à atuação institucional, reforça a liderança do Brasil nas investigações relacionadas à conservação, manejo e diversidade da castanheira (Silva, 2012 e 2019). Esses resultados indicam ainda que a falta de colaborações científicas entre países é uma lacuna, principalmente quando se diz respeito aos estudos moleculares com a espécie.

Entre os 17 trabalhos avaliados, cinco compararam populações de diferentes estados: dois compararam Acre com Amazonas, um comparou Acre com Mato Grosso, um Acre com Pará e um Amapá com Amazonas. A quantidade limitada de estudos sobre *B. excelsa*, especialmente quando comparada ao locais de coleta mencionados nos trabalhos analisados, e à ampla área de ocorrência da espécie (Figura 5), evidencia lacunas nos estudos e a possibilidade de expandir as pesquisas sobre a castanheira-do-Brasil. Dentre estas lacunas podemos citar que a maioria das pesquisas sobre diversidade genética da castanheira-do-Brasil concentra-se em populações localizadas no Brasil, enquanto que regiões de ocorrência natural em outros países permanecem pouco estudadas. Além disso, trabalhos existentes, apresentam a tendência de centralizar ou limitar as áreas de coleta, sendo que poucos comparam populações em diferentes estados e/ou países. Esse fato impede uma avaliação mais robusta quanto a diversidade genética da espécie (Vieira, 2014; Turchetto-Zolet, 2017; Carpejani, 2020).

Figura 5. Comparação da distribuição geográfica de *B. excelsa* e dos trabalhos avaliados neste estudo. A) Distribuição geográfica de *B. excelsa* conforme a Flora do Brasil (2025). B) Locais de coleta do material vegetal avaliado nos 17 artigos selecionados neste estudo, por número de artigos publicados.



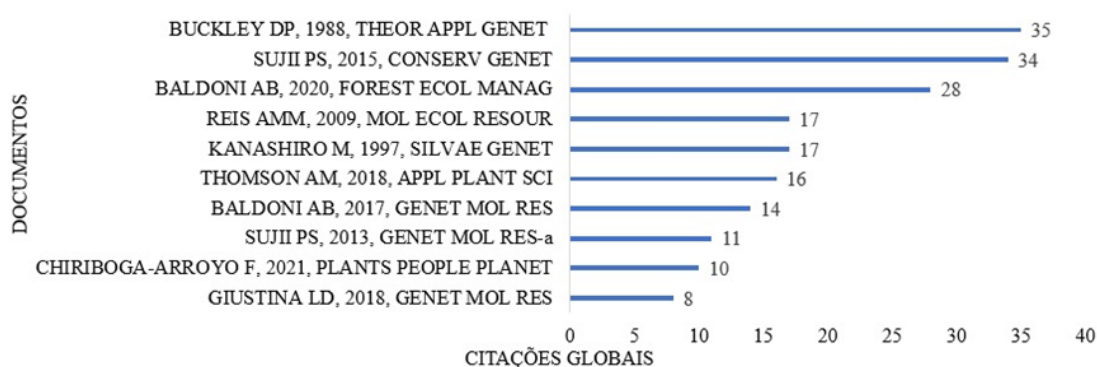
Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

A partir do filtro utilizado no Biblioshiny, é possível destacar entre os 17



trabalhos avaliados, os 10 mais citados globalmente (Figura 6). Observa-se que os estudos de Buckley (1988) e Sujii (2015) foram os mais mencionados, com 35 e 34 citações, respectivamente, seguidos por Baldoni *et al.* (2020), com 28 citações. Em contraste, o trabalho de Giustina (2018) foi o menos citado entre os destacados, sendo mencionado apenas 8 vezes por outros autores. Segundo Garfield (1972), o número de citações é amplamente utilizado como um indicador da relevância e do impacto de uma publicação científica. Assim, os artigos mais citados refletem maior influência no avanço do conhecimento sobre a diversidade genética da castanheira, destacando que Buckley foi pioneiro em estudos com variabilidade genética das castanheiras, estabelecendo bases para pesquisas posteriores com marcadores moleculares mais avançados. A análise por meio de ferramentas como o Biblioshiny (Aria e Cuccurullo, 2017) facilita a identificação desses padrões e contribui para uma compreensão mais ampla da dinâmica de produção científica na área.

Figura 6. Artigos mais citados dentre os trabalhos sobre diversidade genética de *Bertholletia excelsa*.



Fonte: Elaborado pelos autores, 2025.

#### 4 CONCLUSÃO

O Brasil é o país que mais produz material científico sobre diversidade genética de *Bertholletia excelsa*, com pouca colaboração de instituições internacionais. Nos trabalhos sobre diversidade genética da castanheira existe uma preferência pela utilização

dos marcadores microssatélites, que visam avaliar a diversidade genética da espécie, dentro e entre populações.

A cooperação internacional em pesquisas científicas, especialmente genéticas, pode suprir lacunas importantes e fornecer dados essenciais para a conservação e o melhoramento da castanheira-do-Brasil. Grande parte dos estudos concentra-se em populações brasileiras, enquanto áreas de ocorrência em outros países permanecem pouco exploradas. Além disso, poucos dos trabalhos existentes realizam comparações entre populações de diferentes estados ou países, o que limita uma avaliação mais abrangente quanto à diversidade genética da espécie.

## REFERÊNCIAS

ALMEIDA, C.P. **Castanha-do-pará, sua exportação e importância na economia amazônica**. Serviço de Informação Agrícola, Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura, p. 86, 1963.

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. **Journal of informetrics**, 11: 4, 959-975, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.joi.2017.08.007>. Acesso em: 16 out. 2025.

BALDONI, A. B.; TEODORO, L. P. R.; TEODORO, P. E.; TONINI, H.; TARDIN, F. D.; BOTIN, A. A.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; BOTELHO, S. de C. C.; LULU, J.; FARIAS NETO, A. L.; AZEVEDO, V. C. R. Genetic diversity of Brazil nut tree (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) in southern Brazilian Amazon. **Forest Ecology and Management**, v. 458, p. 117795, 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378112719321644>. Acesso em: 10 set. 2025.

BIDYANANDA, N., JAMIR, I.; NOWAKOWSKA, K.; VARTE, V.; VENDRAME, W.A.; DEVI, R.S.; NONGDAM, P. Estudos de diversidade genética vegetal: perspectivas a partir de análises de marcadores de DNA. **International Journal of Plant Biology**, v. 15, n. 3, p. 607-640, 2024.

BORÉM, A.; CAIXETA E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2016. 384p.

BÖRNER, K.; CHEN, C.; BOYACK, K. W. Visualizing knowledge domains. In: CRONIN, B. (Ed.), **Annual Review of Information Science & Technology**, Medford, NJ: Information Today, Inc./American Society for Information Science and Technology, 2003. p. 179-255.

BRASIL. Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (IPEA). **Novos caminhos para o desenvolvimento: ciência, tecnologia e inovação**. Brasília: IPEA, 2021. Disponível em: <https://repositorio.ipea.gov.br/server/api/core/bitstreams/491a3439-67b0-467e-860a-19601ac6cdab/content>. Acesso em: 1 nov. 2025.

CAMARGO, L. S.; BARBOSA, R. R. Bibliometria, cienciometria e um possível caminho para a construção de indicadores e mapas da produção científica. **PontodeAcesso**, 12: 3, 109-125, 2018.

CATENACCI, F.S.; RIBEIRO, M.; SMITH, N.P.; CABELLO, N. B. 2020. *Bertholletia* in **Flora do Brasil 2020**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil2020.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB23424>>. Acesso em: 14 out. 2025.

CARPEJANI, A. A.; PENA, G.F.; VIEIRA, F.S.; TIAGO, P.V.; ROSSI, A.A.B. Diversidade genética de *Bertholletia excelsa* Bonpl.: espécie nativa da Floresta Amazônica. **Floresta e Ambiente**, v. 27, n. 4, p. e20180180, 2020

CHESNOKOV, Y. V.; KOSOLAPOV, V.M.; SAVCHENKO, I.V. Marcadores genéticos morfológicos em plantas. **Revista Russa de Genética**, v. 56, n. 12, p. 1406-1415, 2020.

CLAY, J.W. Brasil nuts. The use of a keystone species for conservation and development. In: **Freese, C. (Ed.) Harvesting wild species**. New York: The John Hopkins University Press, p. 246-82, 1997.

DRAGULESCU, A. A.; ARENDT, C. **Read, write, format Excel 2007 and Excel 97/2000/XP/2003 files, 2022**. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/xlsx/xlsx.pdf>>. Acesso em: 04 dez. 2024.

DUCKE, A.; BLACK, G.A. **Notas sobre a fitogeografia da Amazônia brasileira**. Boletim Técnico do Instituto Agrônomo do Norte, v. 29, p. 1- 48, 1954

FRANKHAM, R. Endogamia e extinção: um efeito limiar. **Biologia da conservação**, v. 9, n. 4, p. 792-799, 1995.

GARFIELD, E. Citation analysis as a tool in journal evaluation. **Science**, [S.l.], v. 178, n. 4060, p. 471–479, 1972. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/science.178.4060.471>. Acesso em: 16 out. 2025.

GIUSTINA, L. D., BALDONI, A. B., TARDIN, F. D., GREGOLIN, F. S., TONINI, H., NEVES, L. G., ... & TEODORO, P. E. Genetic diversity between and within half-sib families of Brazil nut tree (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) originating from native forest of the Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Research** 16 (4), 2017.

HOFFMAN, A. A.; SGRÒ, C. M.; KRISTENSEN, T. N. Revisiting adaptive potential, population size, and conservation. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 32, n. 7, p. 506-517, jul. 2017

MARICATO, J. M.; NORONHA, D. P. Indicadores bibliométricos e cientométricos em CT&I: apontamentos históricos, metodológicos e tendências de aplicação. In: HAYASHI, M. C. P. I.; LETA, J. (Org.). **Bibliometria e Cientometria: reflexões teóricas e interfaces**. São Carlos: Pedro & João, 2012. p.21-41.

MÜLLER, C.H. A castanha-do-brasil (*Bertholletia excelsa*). **Desarrollo dei Tropico Americano**. v. 3, n. 8, p. 36-37, 1981

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2023. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 13 mar. 2025.

RAMALHO, A. B., ROSSI, A. A. B., DARDENGO, J. F. E., ZORTÉA, K. É. M., TIAGO, A. V., & MARTINS, K. C. Diversidade genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Floresta**, 46(2), 207-214, 2016. DOI: 10.5380/ufv.v46i2.41970

MARQUES, F; QUEIROZ, C. **A produção científica brasileira sofre declínio**. (2023). Disponível em: <https://revistapesquisa.fapesp.br/en/brazilian-scientific-output-suffers-decline/>. Acesso em: 1 nov. 2025.

SHANLEY, P.; LUZ, L.; SWINGLAND, I.R. The faint promise of a distant market: a survey of Belém's trade in non-timber forest products. **Biodiversity & Conservation**, v. 11, n. 4, p. 615-636, 2002.

SILVA, L. L. M. *et al.* **Estrutura genética de *Bertholletia excelsa* ao longo da Amazônia brasileira**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1119847>. Acesso em: 10 set. 2025.

SILVA, C. R. *et al.* **Sistema reprodutivo de *Bertholletia excelsa* e implicações para o manejo e conservação da espécie**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2012. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/941799/sistema-reprodutivo-de-bertholletia-excelsa-e-implicacoes-para-o-manejo-e-conservacao-da-especie>. Acesso em: 10 set. 2025.

SILVA, V. S.; MARTINS, K.; AZEVEDO, V. C. R.; WADT, L. H. de O. Otimização de marcadores microsatélites para estudo de diversidade genética em castanheira (*Bertholletia excelsa* Bonpl.). In: **SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA EMBRAPA ACRE**. 2010, Rio Branco. Anais... Rio Branco: Embrapa Acre, 2010. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1165342> . Acesso em: 1 nov. 2025.

SOUZA, D. M. **Aspectos quantitativos e qualitativos da produtividade científica brasileira**. Jornal da Unicamp, Campinas, 8 ago. 2025. Disponível em: <https://jornal.unicamp.br/en/artigo/2025/08/08/daniel-martins-de-souza/aspectos-quantitativos-e-qualitativos-da-produtividade-cientifica-brasileira>. Acesso em: 1 nov. 2025.

THOMAS, E.; CAICEDO, C.; LOO, J.; KINDT, R. **The distribution of the Brazil nut (*Bertholletia excelsa*) through time**. Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi — Ciências Naturais, 9(2), 267–291, 2014. Disponível em: <https://boletimcn.museu-goeldi.br/bcnaturais/en/article/view/525/267>. Acesso em: 1 nov. 2025.

TURCHETTO-ZOLET, A. C. T.; C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 2017. 181p.

VIEIRA, F. S. **Diversidade genética e estrutura populacional de populações naturais de Castanha do Brasil (*Bertholletia excelsa*)**. 2014. 82 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, 2014. Disponível em: [https://portal.unemat.br/media/oldfiles/pgmp/docs/dissertacoes/turma2012/FELIPE\\_SA\\_KAMOTO\\_VIEIRA.pdf](https://portal.unemat.br/media/oldfiles/pgmp/docs/dissertacoes/turma2012/FELIPE_SA_KAMOTO_VIEIRA.pdf). Acesso em: 1 nov. 2025.