



DANIELLE CRISTINA PEREIRA MARÇAL

**DURAÇÃO DO TESTE DE DESEMPENHO PARA
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE TILÁPIAS *Oreochromis sp.***

LAVRAS-MG

2017

DANIELLE CRISTINA PEREIRA MARÇAL

**DURAÇÃO DO TESTE DE DESEMPENHO PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
TILÁPIAS *Oreochromis sp.***

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção e Nutrição de Não Ruminantes, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas

Orientador

Prof. Dr. Rafael Vilhena Reis Neto

Profª. Dra. Priscila Vieira e Rosa

Coorientadores

LAVRAS-MG

2017

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo (a) próprio (a) autor (a).

Marçal, Danielle Cristina Pereira.

Duração do teste de desempenho para avaliação genética de
tilápias *Oreochromis sp.* / Danielle Cristina Pereira Marçal. - 2017.
48 p.

Orientador (a): Rilke Tadeu Fonseca de Freitas.

Coorientador(a): Rafael Vilhena Reis Neto, Priscila Vieira e
Rosa.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Inferência bayesiana. 2. *Oreochromis niloticus*. 3. Seleção
genética. I. Freitas, Rilke Tadeu Fonseca de. II. Reis Neto, Rafael
Vilhena. III. Rosa, Priscila Vieira. IV. Título.

DANIELLE CRISTINA PEREIRA MARÇAL

**DURAÇÃO DO TESTE DE DESEMPENHO PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE
TILÁPIAS *Oreochromis sp.***

**DURATION OF THE PERFORMANCE TEST FOR GENETIC EVALUATION OF
TILAPIA FISH *Oreochromis sp.***

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção e Nutrição de Não Ruminantes, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 24 de abril de 2017

Dr. Rafael Vilhena Reis Neto

UNESP

Dra. Leila de Gênova Gaya

UFSJ

Prof. Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas

Orientador

LAVRAS-MG

2017

Aos meus pais, Aparecida e Gelson por me apoiarem e acreditarem nos meus sonhos.

A Deus, sem o qual não conseguiria dar um passo sequer,

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), especialmente ao Departamento de Zootecnia (DZO), pela oportunidade outorgada de realizar meus estudos de pós-graduação.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro do projeto.

Ao meu orientador, Prof. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas pela orientação, confiança, ensinamentos, oportunidade e paciência.

Ao Prof. Rafael Vilhena Reis Neto, pela coorientação, paciência e ensinamentos, sua ajuda foi fundamental para a conclusão desse trabalho.

A Prof. Aline de Assis Lago por auxiliar em cada passo dessa jornada.

A Prof. Leila de Genova Gaya, por ter sido a responsável pelos meus primeiros passos nesse desafiador mundo do melhoramento.

Aos amigos que a pós-graduação me proporcionou, em especial a Acsa, Táfanie, Henrique, Ingris e Naiara. Meu muito obrigada pelo companheirismo e por me aturarem nos momentos de desespero.

Aos alunos da iniciação científica que ajudaram ao decorrer de todo experimento, sem vocês teria sido inviável.

Ao funcionário da Estação de Piscicultura, Eleci, não existem palavras para descrever sua ajuda.

A todos meus familiares pelo apoio e por entenderem minha ausência em vários momentos.

Aos meus pais por não medirem esforços para tornarem meu sonho realidade.

A todos aqueles que, de forma direta ou indireta contribuíram para meu êxito pessoal e profissional.

“Que todo o meu ser louve ao Senhor, e que eu não esqueça nenhuma das suas bênçãos. ”

Salmos 103:2

RESUMO

A eficiência de um programa de melhoramento genético é medida pelo seu ganho genético. Contudo, a falta de metodologias definidas quanto ao período necessário para avaliação dos animais e escolha dos pais da próxima geração implica diretamente no aumento do intervalo de geração, fator determinante nos incrementos anuais. O objetivo do estudo foi definir o tempo ideal do teste de desempenho de tilápias para avaliação genética através da estimativa de parâmetros genéticos. O conjunto de dados utilizados nas análises continham informações de 495 animais provenientes de 24 famílias de meio irmão e irmãos completos, que passaram por um período de 6 meses de teste de crescimento, em um sistema de recirculação fechado no Setor de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras. Durante o teste de crescimento foram realizadas pesagens mensais, aos 30, 60, 90, 120 e 150 dias. Foram realizadas análises bicaracter envolvendo os diferentes pesos ao longo do teste de crescimento com o peso final, dois a dois. Os efeitos ambientais identificáveis considerados nas análises foram caixa e sexo. A idade foi utilizada como covariável. Foram estimadas as herdabilidades, efeito de ambiente comum de alevinagem, correlações genéticas e fenotípicas, utilizando procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de Gibbs, através do programa computacional MTGSAM. A convergência das cadeias foi testada pelo método de Heidelberger e Welch. O efeito de ambiente comum de alevinagem teve o maior valor registrado na primeira pesagem (0,41) e reduziu até a última pesagem (0,32). As estimativas de herdabilidade aumentaram com o crescimento dos peixes chegando ao maior valor (0,25) aos 120 dias permanecendo neste patamar até 150 dias. As correlações genéticas entre peso aos 150 dias com as demais pesagens foram relativamente altas, e alcançaram o maior valor (0,87) entre os pesos aos 120 e 150 dias. Selecionando 10% dos animais com maiores valores genéticos na última pesagem, o ganho genético simulado será de cerca de 58 gramas para próxima geração, o que corresponde a um aumento de quase 12% na média da progênie. Ao simular a resposta correlacionada pelo processo de seleção dos 10% dos animais com maiores valores genéticos das pesagens anteriores, observa-se que o ganho genético reduz à medida que se seleciona mais precocemente os animais. A seleção para peso em tilápias perde eficiência à medida que o processo é realizado mais precocemente e torna-se interessante a seleção aos 120 dias, o que reduziria nesse estudo, 30 dias no período de avaliação, economizando tempo, recursos e mantendo ainda uma boa perspectiva de ganho genético.

Palavras-chave: Inferência Bayesiana, *Oreochromis niloticus*, Regressão aleatória, Seleção genética

ABSTRACT

The effectiveness of a genetic improvement program is measured by its genetic gain. However, the lack of defined methodologies regarding the time needed to evaluate the animals and the choice of the parents of the next generation directly implies an increase in the generation interval, a determining factor in the annual increments. The objective of the study was to define the ideal timing of the tilapia performance test for genetic evaluation through the estimation of genetic parameters. The data set used in the analyzes contained information from 495 animals from 24 half brother and full sibling families that went through a 6 month growth test in a closed recirculation system in the Fisheries Sector of the Federal University of Lavras. During the growth test, monthly weighings were performed at 30, 60, 90, 120 and 150 days. Bicaracter analyzes were carried out involving the different weights along the growth test with the final weight, two to two. The identifiable environmental effects considered in the analyzes were fiberglass containers and genre. Age was used as covariate. The heritabilities, common nesting environment effect, genetic and phenotypic correlations were estimated using Bayesian procedures, by the Gibbs chains, through the MTGSAM computer program. The convergence of the chains was tested by the method of Heidelberger and Welch. The effect of common raising environment had the highest value recorded at the first weighing (0.41) and reduced until the last weighing (0.32). Heritability estimates increased with fish growth reaching the highest value (0.25) at 120 days, remaining at this level for up to 150 days. The genetic correlations between weight at 150 days with the other weighings were relatively high, and reached the highest value (0.87) between the weights at 120 and 150 days. Selecting 10% of the animals with the highest genetic values at the last weighing, the simulated genetic gain will be about 58 grams for the next generation, which corresponds to an increase of almost 12% in the average of the progeny. By simulating the response correlated by the selection process of the 10% of the animals with higher genetic values of the previous weighings, it is observed that the genetic gain reduces as the animals are selected earlier. The selection for weight in tilapia loses efficiency as the process is performed earlier and the selection becomes interesting at 120 days, which would reduce in that study, 30 days in the evaluation period, saving time, resources and still maintaining a good perspective of genetic gain.

Keywords: Bayesian inference, *Oreochromis niloticus*, Random regression, Genetic selection

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1 Aquicultura e produção de tilápia no Brasil.....	12
2.2 Melhoramento genético de peixes.....	13
2.3 Melhoramento genético de tilápias	16
2.4 Metodologia de avaliação genética em peixes	19
3. CONSIDERAÇÕES GERAIS	24
REFERÊNCIAS.....	25
SEGUNDA PARTE – ARTIGO.....	29
ARTIGO: Seleção precoce para peso final em tilápias do Nilo.....	29
1.INTRODUÇÃO	31
2.Materiais e métodos	32
2.1 Localização do experimento.....	32
2.2 Origem do material genético.....	32
2.3 Produção de famílias e marcação	32
2.4 Teste de desempenho	33
3. Análises estatísticas.....	34
4. Resultados	36
5. Discussão	39
5.1. Parâmetros Genéticos.....	39
5.2 Resposta Correlacionada.....	41
5.3 Resposta a seleção.....	42
6. Conclusão.....	42
REFERÊNCIAS.....	43
ANEXO.....	46

PRIMEIRA PARTE

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético juntamente com melhorias no ambiente de criação e nutrição, é propiciador do aumento da produtividade de espécies de interesse zootécnico e tem garantido oferta de alimentos de origem animal de qualidade. Sua base está na escolha de animais com maior potencial genético para se tornarem reprodutores e darem origem a próxima geração, tornando a produção mais eficiente e sustentável.

O sucesso de programas de melhoramento é mensurado pelo ganho genético anual. Esse ganho está diretamente relacionado com a intensidade de seleção, herdabilidade da característica de interesse e a variabilidade genética, e inversamente proporcional ao intervalo de geração. O intervalo de geração pode ser definido como a média de idade dos pais quando sua progênie nasce.

Alguns fatores como baixa fertilidade, atraso na maturidade sexual, e necessidade de um grande período de registro de informações para decidir se um animal deve ser selecionado, tendem a aumentar esse intervalo. Assim, uma alternativa para maximizar o ganho genético seria a redução desse intervalo através da melhoria na eficiência reprodutiva dos animais, ou diminuindo o tempo necessário de obtenção de registros de informações. A seleção mais precoce dos animais que serão progenitores da próxima geração implica ainda em menores gastos com estrutura e insumos.

Para tilápias que são peixes precoces, não há problemas quanto a eficiência reprodutiva, visto que atingem a maturidade sexual com cerca de 40 gramas, geralmente antes dos seis meses de idade. Para programas de melhoramento genético nessa espécie, o entrave está na divergência do período de teste de desempenho para escolha dos animais com maior valor genético.

A falta de metodologias definidas quanto ao período necessário para avaliação dos animais e escolha dos pais da próxima geração implica diretamente no aumento do intervalo de geração, e conseqüentemente num menor ganho genético anual. Além disso, a definição de um tempo ideal do período de teste dos animais pode levar a uma redução do mesmo em comparação ao tempo praticado atualmente, permitindo diminuição de gastos e economia de estruturas, recursos e insumos gerados pelo tempo prolongado dos animais em teste.

A redução do período de teste de desempenho só é possível se existir uma alta herdabilidade e/ou correlação genética entre os pesos iniciais do teste com o peso final do teste, que geralmente é o peso de abate do animal, sendo muito variável em função do mercado consumidor.

Nesse contexto, objetiva-se verificar a possibilidade de redução do período de avaliação por meio da estimativa dos parâmetros genéticos dos diferentes pesos obtidos no período do teste de desempenho.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aquicultura e produção de tilápia no Brasil

A produção total aquícola mundial teve um aumento de 2,6% de 2013 para 2014, alcançando a produção de 167,2 milhões de toneladas. Desse total, 146,3 milhões de toneladas são destinadas ao consumo humano, sendo o consumo/ per capita de peixe de 20,1 kg em 2014. Já a produção advinda da aquicultura, nesse período aumentou em uma taxa de quase 5%, de 70,3 milhões de toneladas para 73,8 milhões de toneladas. Cabe ressaltar, a crescente contribuição da aquicultura na produção aquícola total, que em 1990 era de 13,4%, alcançando em 2014 a contribuição de 43,6% do total produzido (FAO,2016).

É estimado, que na América Latina ocorra um incremento de 26% na próxima década. Esse crescimento contará com uma contribuição significativa do Brasil já que é esperado um crescimento de 104% na sua produção no mesmo período (FAO, 2016).

Ao focar nas espécies, é esperado um crescimento na produção de tilápia. Estimativas apontam que a produção de tilápia deve praticamente dobrar entre 2010 e 2030, de 4,3 milhões para 7,3 milhões de toneladas (FAO; IFPRI, 2013).

A produção mundial de tilápia do Nilo passou de 970.639 toneladas em 2000 para 2,5 milhões de toneladas em 2010 (FAO, 2012). No Brasil, houve um crescimento na produção da espécie de 118% entre 2006 e 2010, representando 39,5% da produção da piscicultura continental (BRASIL, 2012).

A tilápia é a espécie mais criada no Brasil, sendo sua produção em 2015 de 219,33 mil toneladas representando 45,4% da produção nacional, tendo sido registrado um aumento de 9,7% em relação a 2014 (IBGE, 2015). Segundo Peixe BR (2017) a produção total de peixes no Brasil em 2016 foi de 640.510 toneladas, movimentando R\$ 4,3 bilhões, além de gerar 1 milhão de empregos diretos e indiretos.

Considerando o aumento da produção aquícola, com grande destaque da tilapicultura, e a constante intensificação dos sistemas de cultivo, pesquisas são indispensáveis para geração de tecnologias que propiciem uma cadeia produtiva com maior eficiência e sustentabilidade, com inclusão da produção de animais de desempenho superior (COSTA et al., 2009).

2.2 Melhoramento genético de peixes

Assim como para outras espécies de interesse econômico, o melhoramento genético de peixes tem obtido ao longo dos anos, resultados consideráveis na produção de fenótipos mais produtivos (HILSDORF; ORFÃO, 2011), com redução dos custos de produção, melhora na resistência a doenças, no aproveitamento alimentar e na qualidade dos produtos (TURRA et al., 2013).

Em comparação aos animais domésticos terrestres, os peixes possuem características favoráveis para inclusão em programas de melhoramento como elevada variabilidade genética, alta fertilidade, fertilização externa, que permite flexibilidade nos acasalamentos e formação de grupos de irmãos completos e meio irmãos, facilidade de formação de híbridos, grande número de progênes por período reprodutivo, que permite a aplicação de maiores intensidades de seleção, intervalo de geração mais curto que contribui para maior ganho anual, herdabilidade para características economicamente importantes de magnitude média, e menores custos de manutenção de reprodutores e engorda dos animais, o que permite que se tenha um maior número de animais para serem avaliados, o que tem-se traduzido em respostas à seleção muito maiores quando comparada com outras espécies animais (TURRA et al., 2013).

Ainda que recente, vários experimentos de seleção confirmam os ganhos obtidos com a utilização de animais melhorados. Em um compilado de 12 estudos visando maiores taxas de crescimento em diferentes espécies de peixe, o ganho médio por geração foi de 15%. Em trabalhos com camarão, o ganho médio por geração é de 8%, já em ostras é relatado um ganho de 14% por geração (GJEDREM; KOLSTAD, 2012). Ganhos genéticos semelhantes são relatados em salmão (NEIRA et al., 2006); e catfish (REZK et al., 2003). Observa-se que as taxas de crescimento podem ser duplicadas em menos de seis gerações de seleção. Em gados, o ganho genético obtido para taxa de crescimento é em média de 5% por geração, ou 1-2% ao ano, ou seja, de 5 a 6 vezes menor que o alcançado em espécies aquáticas (GJEDREM; BARANSKI, 2009).

Mesmo com resultados significativos e com vantagens na condução de um programa de melhoramento, atualmente uma pequena percentagem da produção aquícola é advinda de espécies melhoradas, isto é, de animais que foram melhorados geneticamente e não apenas domesticados (GJEDREM, 1997; HILSDORF; ORFÃO, 2011).

Ao se fazer um paralelo com outras espécies domesticadas, é possível verificar o quanto ainda é necessário avançar em programas de seleção na aquicultura. Na avicultura, por exemplo,

a conversão alimentar, peso vivo e idade de abate em frangos de corte, tiveram seus índices melhoradas em -22,2%, 43,8% e 26,8% respectivamente (UBABEF, 2011).

O frango de corte, em 1930, era comercializado com peso vivo médio de 1,5kg, idade de abate de 105 dias, e taxa de conversão alimentar de 3,5 kg de ração por quilograma de carne. Já em 2009 o frango possuía peso médio de 2,6 kg, idade de abate de 35,12 dias, e taxa de conversão alimentar de 1,839 kg (PATRICIO et al., 2012). Essa notável evolução do desempenho é resultante do intenso programa de melhoramento genético implantado por empresas e órgãos estatais de pesquisa.

Em aves de postura, os avanços também são notórios, já que atualmente os índices ultrapassam 340 ovos em 80 semanas de idade, mais que o dobro obtido na década de 1940, quando uma ave alojada com 70 semanas produzia 134 ovos (ESPINDOLA, 2012).

Outro exemplo de melhoramento eficiente de espécie domesticada é o suíno, que em 1900 apresentava de 40 a 45% de carne magra com espessura de toucinho de 5 a 6 centímetros, e em 1980 era abatido com 180 dias, conversão alimentar de 1:3,6 kg, e peso vivo de abate de 94 kg.

Desde então houve formidável aumento na sua capacidade de depositar proteína em crescentes quantidades de tecido magro na carcaça e atualmente possui cerca de 60% de carne magra, de 1,0 a 1,5 cm de espessura de toucinho, abatidos aos 140-150 dias com peso de 110 a 120 kg, e conversão alimentar de 1:2,4 kg (FERREIRA, 2014). Tais mudanças só puderam ser alcançadas com a aplicação de métodos de melhoramento genético, que resultou em um progresso genético anual de 0,85 kg aos 160 dias de idade, -0,018 na conversão alimentar, 0,19% na porcentagem de carne na carcaça, 0,29% na redução da mortalidade na recria e terminação e 0,12 no número de leitões nascidos vivos por leitegada (FERREIRA et al., 2014).

Em bovinos de corte e outras espécies domésticas, também se conseguiu um aumento significativo nos parâmetros produtivos, contudo o quadro para aquicultura é bem diferente, já que são utilizados estoques selvagens ou que foram selecionados por apenas algumas gerações.

Em contrapartida, estoques e sementes geneticamente melhoradas são amplamente utilizados na produção de animais terrestres e plantas, visto que possuem programas de melhoramento estabelecidos e eficientes, tornando-as mais competitivas. Já para espécies aquícolas, menos de 20% da produção mundial de peixes de águas interiores é oriunda de estoques melhorados geneticamente (TURRA et al., 2013).

Entre os motivos da utilização por parte dos aquicultores de animais não melhorados, está o fato de que por se tratar de animais pequenos, cada indivíduo possui um baixo valor econômico, há disponibilidade de animais selvagens a um preço baixo, há falta de

conhecimento em genética, desconhecerem a alta relação custo/benefício de investimento em programas de melhoramento genético, alto investimento inicial, ausência de cooperativas de agricultores e empresas privadas dispostas a desenvolver programas de melhoramento, organizações não defenderem e estimularem o desenvolvimento desses programas (GJEDREM; KOLSTAD, 2012).

Até 1970, poucos foram os avanços em programas de seleção na piscicultura (GJEDREM, 2000; HULATA, 2001), a partir de então alguns programas de melhoramento genético foram implementados e apresentaram efeitos positivos.

No final da década de 1960 e início da década de 1970, os programas de melhoramento genético de organismos aquáticos foram iniciados com salmões e trutas nos Estados Unidos, ocorrendo em 1974 o primeiro programa baseado em seleção por família, também com o salmão do Atlântico pelo *Akvaforsk Genetics Center*, na Noruega, com significativos ganhos genéticos e redução dos custos de produção (GJEDREN; BENTSEN, 1997; HILSDORF et al. 2015).

Segundo a *Akvaforsk Genetics Center* (2017), em quatro gerações de seleção houve uma melhoria de + 175% na fase de cultivo em água doce e +75% na fase de cultivo no mar em comparação aos estoques selvagens. A relação custo/benefício do programa de seleção do salmão do Atlântico (1/15), é o motivo do grande interesse no cultivo de lotes melhorados da espécie, sendo exceção entre as espécies aquáticas com 97% da sua produção global de salmões geneticamente melhorados (MAIR, 2007).

Apesar de tantas vantagens em relação a espécies terrestres de interesse zootécnico, um dos entraves no desenvolvimento de programas de melhoramento genético aquícola é a marcação individual dos animais, que por consequência limitam a construção de *pedigrees*. Isso se deve ao fato dos animais apresentarem formas jovens muito pequenas, como larvas e alevinos, que impedem sua identificação precoce, aumentando os custos do programa pela necessidade de cultivo de famílias de irmão completos em estruturas separadas, até que tenham tamanho suficiente para serem marcadas, provocando ainda o surgimento do efeito de família, decorrente dos efeitos não genéticos, genéticos não aditivos e maternos.

Alternativas como marcadores do tipo *Floy tags* e mais recentemente o uso de microchips implantados sob a pele dos animais vem sendo utilizados, esse último, apesar do seu elevado custo, é mais prático e eficiente, reduzindo quase à nulidade a perda de identificação e facilitando a predição de valores genéticos por meio de informações de parentes (SANTOS et al., 2011).

Cabe ressaltar que em ambas alternativas os peixes devem atingir um tamanho mínimo para serem marcados, aproximadamente 30 gramas. Devido então ao alto custo e trabalho

dispendioso, a maioria dos programas de melhoramento existentes no Brasil baseia-se na seleção massal dos indivíduos embora os ganhos obtidos pela obtenção de *pedigree* sejam compensados (TURRA et al., 2010).

É importante salientar que animais geneticamente superiores são mais exigentes, sendo necessários adequações nas condições de cultivo de maneira a potencializar a expressão da qualidade genética destes animais. Dessa forma, programas de melhoramento genético devem estar associados ao desenvolvimento dos demais setores da cadeia produtiva a fim de garantir junto aos piscicultores os ganhos proporcionados pela melhoria genética dos peixes.

2.3 Melhoramento genético de tilápias

Nativa da África e Oriente Médio, a tilápia foi distribuída por todo o mundo e tornou-se a segunda espécie mais produzida mundialmente, sendo sua produção realizada em pelo menos 135 países (FAO, 2014; FITZSIMMONS, 2000).

São vários os atributos que tornam as tilápias, um conjunto de peixes do gênero *Oreochromis*, potencialmente interessantes para a aquicultura. São animais que apresentam alto desempenho em variados sistemas de criação, toleram grandes variações ambientais, possuem desovas parceladas e intervalo reprodutivo pequeno, são onívoros, respondem bem à fertilização em viveiros, são resistentes a doenças, a densidades elevadas, baixos níveis de oxigênio e sobrevivem em uma ampla faixa de salinidade, ou seja, são animais considerados rústicos (COWARD & BROMAGE, 2000; KHAW et al., 2008).

Além da rusticidade, que torna a espécie potencialmente interessante para o cultivo, as características organolépticas da carne atingem padrões de aceitação impostos pelo mercado consumidor e pela indústria, com ausência de espinhos intramusculares e significativo rendimento de filé (HILSDORF, 1995).

Devido a posição de destaque da tilapicultura na aquicultura global, a intensidade e diversidade de esforços visando a melhoria da base genética dessas espécies têm aumentado nas últimas décadas (ANSAH et al., 2014).

Apesar da exploração de tilápias ter o seu primeiro registro datado de 1924 no Quênia, especula-se que já tenham sido cultivadas 2000 A.C, no Egito (LOPEZ- FANJUL; TORO, 1990; WAGNER, 2002). No Brasil, há relatos de que a introdução da tilápia ocorreu na década de 1950 com um plantel de *Tilapia rendalli*. Já as espécies *Oreochromis niloticus* (tilápia do Nilo) e *Oreochromis hornorum* (tilápia de Zanzibar) foram introduzidas em 1971 pelo

Departamento Nacional de Obras Contra as Secas (DNOCS) na região nordeste do país, e as primeiras avaliações de híbridos de tilápia em 1973, aconteceram no Ceará (MOREIRA et al., 2007; KUBITZA, 2003).

No melhoramento genético de tilápias do Nilo o interesse maior é em animais que apresentem maior e rápido crescimento (RUTTEN et al., 2005), e a identificação de animais com superior valor genético para características de importância econômica torna-se crucial para que se alcancem os ganhos genéticos esperados em programas de seleção (CONTI, 2013).

São exemplos de linhagens de tilápias resultantes de programas que trouxeram significativas aumentos de produtividade, a variedade Chitralada ou Tailandesa, e a variedade GIFT – (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), sendo a GIFT a mais difundida em vários países (RUTTEN et al., 2004).

A variedade Chitralada ou Tailandesa foi desenvolvida no Japão e posteriormente melhorada no palácio de Chitralada, na Tailândia. Caracteriza-se pelo bom desempenho, rápido crescimento e taxas de alimentação elevadas. Foi introduzida no Brasil por uma doação da *Asian Institute of Technology* (AIT) em 1996, e desde então tem sido bastante difundida (ZIMMERMANN, 2000).

O programa de melhoramento genético GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) pela *WorldFish Center* teve início da década de 90 na Malásia, a partir do cruzamento entre populações selvagens de *O. niloticus* coletadas da África (Gana, Egito, Quênia e Senegal) e de *O. niloticus* criadas por agricultores da Ásia (Israel, Singapura, Taiwan e Tailândia) (GUPTA; ACOSTA, 2004).

O programa já passou por várias gerações de seleção para taxa de crescimento baseado numa população altamente diversificada e destaca-se por incrementos na taxa de crescimento, alto rendimento de filé e resistência a doenças (KHAW et al., 2015). . Após cinco gerações de seleção, a taxa de crescimento do programa GIFT aumentou em mais de 80% em comparação com a população base (WORLD FISH CENTER, 2004). A população base de 10 dos 20 programas de melhoramento genético de tilápias é conhecida por ser derivada da variedade GIFT (GJEDREM, 2012; NEIRA, 2009; RYE et al., 2009).

No Brasil, por meio de uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá (UEM) e a *WorldFish Center*, foram transferidas 30 famílias da variedade GIFT para a Estação Experimental em Piscicultura da UEM, em 2005, iniciando-se então o programa de melhoramento genético de tilápias (HILSDORF et al., 2015). Anteriormente, no Brasil, as pesquisas em genéticas de peixe se restringiam a hibridação interespecífica, não considerando informações individuais.

Essa parceria, proporcionou a realização de estudos de avaliação genética, com a utilização de métodos quantitativos e controle de *pedigree*, sob as condições ambientais do país (SANTOS et al., 2011), com obtenção de ganhos genéticos contínuos, assim como ganhos nos setores produtivos (OLIVEIRA et al., 2015).

Resultados satisfatórios já foram conseguidos nos primeiros quatro anos de acasalamentos do programa de melhoramento genético de tilápias da UEM. Houve um aumento dos valores genéticos para ganho em peso diário e peso vivo, com aumento nas taxas anuais de 0,053 gramas/dia e 13,66 gramas/período de cultivo, sendo o ganho genético anual de cerca de 4% para ambas características e ganhos genéticos acumulados de 28%, o que difere em 18% em relação a geração anterior (OLIVEIRA et al., 2013).

Oliveira et al. (2013) verificaram a redução de 21 dias do período de cultivo de tilápias em tanques-rede, quando utilizaram animais melhorados geneticamente. Resultados como esse, evidenciam o impacto do processo de avaliação e seleção, reforçando a importância da disseminação de material geneticamente superior para a cadeia produtiva.

Outra variedade de tilápia que vem sendo melhorada, é a conhecida como UFLA (Universidade Federal de Lavras), originada da doação de 2000 alevinos de tilápia nilótica pela Faculdade de Agricultura e Ciências Veterinárias da UNESP em 1977. Foi a primeira população a povoar a Estação de Piscicultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Lavras. Desde então vem sofrendo seleção massal para ganho em peso e forma do corpo e tem por características marcantes a textura firme do seu filé e o contínuo consumo de ração em baixas temperaturas (DIAS, 2014).

Em função do curto ciclo de produção, rápido crescimento, precocidade sexual e facilidade de reprodução em cativeiro, os programas de melhoramento genético em tilápias podem apresentar resultados em curto prazo e gerar informações técnico-científicas que auxiliarão na tomada de decisões, e conseqüentemente no incremento de produtividade como observados nas cadeias produtivas de animais terrestres de interesse zootécnico.

É importante o trabalho conjunto dos diversos elos da cadeia produtiva para que seja desenvolvido estruturas capazes de produzir, reproduzir e disseminar o material genético produzido para que o fluxo gênico seja eficiente e traga os progressos para os produtores e consumidores.

Para que isso ocorra é necessário o gerenciamento de diversificadas estações de avaliação de desempenho, de maneira que sejam produzidos animais geneticamente superiores para as variadas condições de cultivo, tornando-se necessária além de estruturas de produção eficientes, a coleta e tratamento estatísticos dos dados para que sejam efetivos os ganhos em

produtividade melhorando a eficiência da utilização de recursos naturais, contribuindo com a crescente necessidade de proteína animal para consumo humano.

2.4 Metodologia de avaliação genética em peixes

Para maximizar a produtividade em peixes é fundamental a utilização de indivíduos geneticamente superiores, ou seja, animais que possuam um acréscimo na produtividade e sobrevivência em comparação aos outrora produzidos nas mesmas condições de cultivo

Cruzamento e hibridização são estratégias utilizadas para explorar a variância genética não aditiva a partir da heterose. Essas estratégias são simples e garantem resultados imediatos, porém restritos as primeiras gerações se tratando de acasalamentos, ou somente a F1, em caso de hibridização.

Dessa forma, a obtenção de ganhos contínuos só se torna possível com o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, que consistem na avaliação genética dos animais para características de interesse.

Hilsdorf e Orfão (2011) atentam para alguns critérios que devem ser preenchidos para a escolha da espécie de peixe e, conseqüentemente introdução em um programa de melhoramento:

- A espécie possui potencial natural de crescimento?
- Há informações sobre reprodução e larvicultura da espécie?
- Há conhecimento sobre a distribuição da variabilidade genética da espécie na natureza?
- Há variabilidade genética suficiente para se compor um plantel inicial sobre o qual se processará a seleção?
- A espécie apresenta bom rendimento de filé, ou é adequada para outra forma de processamento?
- A espécie possui aceitação no mercado para competir com outras espécies já estabelecidas comercialmente?
- A produção da espécie é economicamente vantajosa?

Essas questões levantadas devem ser levadas em consideração para que uma espécie possa se tornar um produto agrícola de valor agregado. Portanto, mesmo com toda a ictiodiversidade presente, deve-se concentrar em espécies potenciais, facilitando a aplicação de recursos para implantação de um programa de melhoramento genético

A metodologia mais indicada e aplicada para se iniciar um programa de melhoramento genético após a escolha da espécie, consiste inicialmente na identificação da variabilidade e divergência genética, já que o ganho genético é dependente da variação genética aditiva. Ou seja, para uma dada proporção de indivíduos selecionados, espera-se maior ganho genético quando a variação genética aditiva é grande.

Uma forma de garantir abundante variação genética na população base, é através da formação de uma população composta, ou seja, usando animais oriundo de diferentes fontes, incluindo populações selvagens, para garantir que se tenha na população base os alelos desejáveis. Pode-se assim, combinar peixes de diferentes origens através de cruzamentos dialélicos, criá-los nos ambientes desejados, e os que apresentarem os melhores resultados serem utilizados para o estabelecimento da população base. Contudo, quando as diferenças entre as estirpes não são grandes, é interessante manter representantes de todos os cruzamentos para assegurar uma ampla base genética. (WORLD FISH CENTER, 2004).

Ponzoni et al. (2005), ainda sugerem, anteriormente a escolha da espécie e posterior estudo da variabilidade genética; a descrição ou desenvolvimento do sistema de produção, já que o programa de melhoramento deve ser conduzido em condições ambientais semelhantes ao sistema em que os peixes serão cultivados. É importante que estas peculiaridades sejam consideradas para que a seleção seja realizada nas distintas situações de cultivo e permita que sejam exploradas possíveis interações genótipo-ambiente.

A formulação do objetivo de seleção é o próximo passo, e consiste na definição do que se deseja melhorar nas futuras gerações. Os objetivos variam de acordo com o mercado consumidor.

Após a definição do objetivo de seleção, define-se os critérios de seleção, ou seja, as características que serão utilizadas para selecionar os animais de acordo com o objetivo de seleção preestabelecido. Geralmente utilizam-se critérios de fácil mensuração e que tenham correlação com o objetivo da seleção.

Com o pressuposto que já foram estabelecidos o sistema de produção, objetivos e critérios de seleção, deve-se realizar então a seleção dos animais. O ambiente de seleção dever ser o mais próximo possível do ambiente onde os animais serão criados e avaliados, a menos que haja evidências de ausência de interação genótipo- ambiente.

A seleção pode ser apenas massal, seleção familiar ou a seleção combinada das informações disponíveis, podendo ser feita ainda para poucas características, ou muitas características utilizando-se o índice de seleção.

A seleção individual ou massal, é uma estratégia onde os candidatos são selecionados com base em seu próprio fenótipo, isto é, sua performance. Essa seleção é a mais comumente utilizada devido à sua simplicidade. Ela é mais eficiente quando as características apresentam herdabilidade alta, onde o valor fenotípico torna-se indicativo seguro do valor genético do indivíduo.

Esse tipo de seleção também não é praticável para todos os tipos de características, como por exemplo, para características limitadas pelo sexo ou características que não podem ser medidas diretamente no animal vivo (como características de carcaça, ou de qualidade de carne) (ELER, 2014). Se praticada sem restrições, o acúmulo de endogamia pode se tornar um problema. São encontrados valores de 0,9% a > 20% de redução no desempenho para cada 10% de aumento no coeficiente de endogamia da população controle original (TURRA et al., 2013). Bentsen e Olesen (2002) sugerem um mínimo 50 casais para manter 1% de endogamia por geração.

Quando se tem o pedigree completo, a endogamia pode ser gerenciada mais efetivamente, evitando o acasalamento entre indivíduos aparentados. Quando o conhecimento do pedigree não é uma opção, a subdivisão da população é uma alternativa, assim os animais podem ser selecionados de várias subpopulações. Ponzoni (2006) atenta para o estabelecimento de uma ou mais repetições dos animais selecionados por população ou subpopulação por razões de segurança.

Na seleção familiar, as famílias são classificadas pelo desempenho médio de cada família e a escolha dos animais é resultada da escolha das famílias. Nesse tipo de seleção, ocorre o descarte de toda uma família, e a manutenção no plantel de todos os indivíduos da família escolhida, sendo a seleção resultado da diferença entre famílias e não entre os indivíduos (FREITAS et al., 2013). Existem limitações importantes nesse tipo de seleção: se realizada de forma intensa, ocasiona um rápido acúmulo de endogamia já que famílias inteiras são selecionadas, e 50% da variância genética aditiva são exploradas, uma vez que os outros 50% estão expressos dentro das famílias (TURRA et al., 2013). Na seleção dentro de famílias, os animais são classificados conforme seu desempenho individual, escolhendo-se os melhores dentro de cada família.

A seleção combinada utiliza mais de um método de seleção ao mesmo tempo. Geralmente utiliza-se a seleção individual e de família.

Após a seleção dos animais, é realizada a escolha dos indivíduos que serão utilizados como reprodutores, permitindo que os indivíduos com os melhores conjuntos de genes se reproduzam. Assim, o acasalamento é realizado de forma que promova aumento no

desempenho médio da próxima geração, ou seja, que possua genes mais desejáveis que a geração atual. Cabe ressaltar, que um indivíduo não transmite à sua progênie todo o seu genótipo. Cada indivíduo recebe metade dos genes da mãe e metade do pai. Em média o indivíduo transmitiria a soma dos efeitos médios dos alelos que carrega, sendo esse seu valor de reprodução.

Para produzir grupos de tamanho e idades mais uniformes possíveis, é recomendada a sincronização de desova. Isso reduz possíveis transtornos acarretados pela discrepância de tamanho e idade ao se comparar os genótipos e proceder as estimativas de parâmetros genéticos.

Em tilápias, a reprodução é muito influenciada por fatores ambientais como fotoperíodo, temperatura, disponibilidade de alimentos e estímulos sociais. Logo, a *Worldfish Center* (2004), recomenda a manutenção dos reprodutores separados por sexo, alimentados adequadamente, alocados em hapas para facilitar o manejo e posterior avaliação da maturidade sexual. Assim, ficam expostos aos mesmos fatores.

Os animais podem ficar em hapas de 1m de largura, 1m de comprimento por 1m de profundidade com densidade de 3 peixes por hapa. O acondicionamento também pode ocorrer em hapas maiores e conseqüentemente maiores densidades, o que pode ajudar na sincronização da reprodução através da propagação de estímulos sociais (feromônios).

A avaliação da maturidade sexual é realizada através de exame visual das características morfológicas por massagem nas papilas urogenitais. As fêmeas são consideradas maduras quando apresentam sinais de eminente desova.

Após avaliação da maturidade sexual, os casais são formados e alocados, na maioria dos programas de melhoramento, em hapas, uma por casal, afim de se ter controle do parentesco, além de permitir a obtenção de um maior número de famílias por espaço.

Para se obter famílias de irmão completos e meio irmãos, um macho é acasalado com duas fêmeas. Assim, após a desova do primeiro acasalamento, o macho é colocado com outra fêmea. Para evitar brigas e mortalidade, recomenda-se que machos e fêmeas tenham peso corporal similares. É usual a remoção do lábio superior dos machos. Para isso, os mesmos devem ser anestesiados e terem o corte desinfetado por solução antisséptica.

Geralmente, a desova acontece de 10 a 14 dias após a formação dos casais. Em caso de tilápias que incubam os ovos na boca, as larvas podem ser recolhidas ainda na boca das fêmeas e transferidas para incubadoras artificiais, pode-se esperar que as fêmeas liberem os ovos e então transferi-los para incubadoras, serem mantidos com as fêmeas, ou ainda pode ser retirado o casal e deixado as larvas em hapas até que atinjam peso para serem marcadas. O importante é que cada família seja mantida separada até atingirem tamanho mínimo para serem marcadas.

Após marcados, geralmente com microchips, os alevinos podem ser misturados e então se iniciar os testes de desempenho. Os peixes de todas famílias devem ser testados durante o período de produção em todos os ambientes de interesse. Antes da distribuição nos ambientes de teste é aconselhável que se anote o peso e outras medidas morfométricas.

Não existem padrões e metodologias definidas para o teste de desempenho em tilápias e a duração do teste possui amplas variações. No programa GIFT, os peixes foram testados por 120 dias em diferentes ambientes de criação (WORLD FISH CENTER, 2004).

Avaliando características morfométricas Kunita et al. (2013) realizaram um período de teste de 170 dias em sistema de tanque-rede, Yoshida et al. (2013) estudando a resposta à seleção para características de desempenho e morfométricas cultivaram os peixes por 120 dias em tanques-rede, Nguyen et al. (2010) ao avaliarem a resposta correlacionada no peso do filé e rendimento para maior peso final tiveram um período de crescimento de 180 dias em reservatórios, Bentsen et al. (2012) estimaram parâmetros genéticos para peso corporal a despesca em diferentes ambientes com um período médio de cultivo de 90 dias, Oliveira et al. (2015) ao avaliarem peso à despesca e ganho de peso diário tiveram um período de cultivo de sete meses em tanques-rede, Turra et al. (2012) para estimar parâmetros genéticos para peso corporal em tanques utilizaram dados de animais com idades entre 106 e 245 dias, Santos et al. (2011) utilizaram um período de teste de crescimento de 150 dias para estimar parâmetros genéticos para sobrevivência e peso para tilápias cultivadas em tanques-rede e viveiros de terra. Hamzah et al. (2017) para estimar parâmetros para sobrevivência durante o período de crescimento e a resposta correlacionada para peso à despesca em viveiros utilizaram um período de 120 dias.

Pode-se observar uma grande variação no período de teste dos trabalhos acima descritos, ainda que tenham tido mesmo objetivo ou ambiente. Sabe-se também, dos altos custos para operação de um programa de melhoramento genético, já que esses envolvem um grande número de animais.

Logo, uma possível redução no período de teste de desempenho diminuiria os gastos desses programas. Sendo assim, é importante que estudos sejam conduzidos para definição de metodologias com maximização de eficiência.

3. CONSIDERAÇÕES GERAIS

Em programas de melhoramento de tilápia, a idade em que a seleção é praticada é escolhida, muitas vezes, arbitrariamente ou, está diretamente relacionada a idade em que o animal atinge o peso de mercado ou ainda a idade em que o peso seja ótimo para reprodução (TURRA et al., 2012). Uma outra problemática encontrada é a ausência de metodologias que definam o período de teste de desempenho, ocorrendo amplas variações de um programa para outro dentro da mesma espécie, com mesmos objetivos e ambientes.

Sendo assim, o estudo do comportamento da correlação genética e da herdabilidade para características de interesse econômico torna-se imprescindível pois permite a diminuição dos custos com maior número de mensurações nos programas de melhoramento genético com a possível redução no período do teste.

Logo, a condução desse estudo visa contribuir com o aumento da eficiência econômica da cadeia produtiva com informações que permitam a seleção precoce de animais através da possível redução no período de avaliação genética para peso a despesca.

REFERÊNCIAS

- ANSAH, Y.; FRIMPONG, E.; HALLERMAN, E. Genetically-Improved Tilapia Strains in Africa: Potential Benefits and Negative Impacts. **Sustainability**, Switzerland, v. 6, n. 6, p. 3697–3721, 2014.
- AKVAFORSK. Institute of Aquaculture Research AS [2010]. Disponível em > <http://akvaforskgenetics.com>. Acesso em 20 de março, 2017.
- BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. **Produção pesqueira e aquícola: estatística 2008 e 2010**. Brasília, p.129, 2012.
- BENTSEN, H. B.; OLESEN, I. Designing aquaculture mass selection programs avoid high inbreeding rates. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 204, p. 349–359, 2002.
- BENTSEN, H. B. et al. Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) during five generations of testing in multiple environments. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 338-341, p.56-65, 2012.
- COSTA, A. C. et al. Avaliação do crescimento de tilápias de diferentes linhagens através de modelos não lineares. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v.58, n. 1, p. 561-564, 2009. Suplemento
- CONTI, A.C.M. **Estimação de parâmetros genéticos para características morfométricas e de desempenho em tilápias do nilo utilizando modelos de regressão aleatória**. 2013. 60 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) -Universidade Estadual de Maringá, Maringá, junho, 2013.
- COWARD, K.; BROMAGE, N.R. Reproductive physiology of female tilapia broodstock. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, London, v.10, p. 1-25, 2000.
- DIAS, M. A. D. Caracterização genética do hormônio do crescimento em variedades de tilápias utilizando marcadores microssatélites. 2014.137 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.
- ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: II Seleção**. Pirassununga, p.4-5,2014
- ESPINDOLA, C. J. Trajetórias do progresso técnico na cadeia produtiva de carne de frango no Brasil. **Geosul**, Florianópolis, v. 27, n. 53, p 89-113, jan. /jun. 2012.
- FAO; IFPRI. FISH TO 2030 : Prospects for Fisheries and Aquaculture. **The World Bank**, n. 83177, p. 102, 2013.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **The state of world fisheries and aquaculture**. Rome. p.4,27, 2016
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **The state of world fisheries and aquaculture**. Rome, 2012.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **The state of world fisheries and aquaculture**. Rome, p. 253, 2014.
- FERREIRA, A. H. et al. Produção de Suínos: Teoria e Prática. Brasília, **Associação Brasileira de Criadores de Suínos - ABCS**, 2014.

FITZSIMMONS, K. Future Trends of Tilapia Aquaculture in the Americas. **The world Aquaculture Society**, Louisiana, v. 2, p. 252–264, 2000.

FREITAS, R. T. F. et al. Conceitos de melhoramento genético ao alcance de todos. **Panorama da Aquicultura**, v.23, n. 138, p. 24-27, julho/agosto, 2013.

GJEDREM, T. Selective breeding to improve aquaculture production. **World Aquaculture**, Louisiana, v.28, p.33-45, 1997.

GJEDREN, H. M.; BENTSEN, H. B. Past, present, and future of genetic improvement in salmon aquaculture. **Journal of Marine Science**, Dauphin, v.54, n. 6, p. 1009-1014, July, 1997.

GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water fish species. **Aquaculture Research**, Oxford, v.31, p.25-33,2000.

GJEDREM, T; BARANSKI, M. **Selective breeding in aquaculture: Na introduction**. Springer, Heidelberg, Germany, 2009.

GJEDREM, T. Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: A personal opinion review. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 344-349, n. 0044, p. 12–22, 2012.

GJEDREM, T., KOLSTAD, K. Development of breeding programs for aquatic species should be given high priority. **World Aquaculture**, p. 10-13, september, 2012.

GUPTA, M.V.; ACOSTA, B.O. From drawing board to dining table: the success story of the GIFT project. **Naga** 27(3-4), p. 4-14, 2004.

HAMZAH, A. et al. Genetic parameters for survival during the grow-out period in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) and correlated response to selection for harvest weight. **Aquaculture Research**, v. 47, p. 2139-2149, 2017.

HILSDORF, A. W. S. Genética e cultivo de tilápias vermelhas: uma revisão. **Boletim do Instituto de Pesca**, São Paulo, v. 22, n. 1, p. 73;84, 1995.

HILSDORF, A.W.S.; ORFÃO, L.H. Aspectos gerais do melhoramento genético em peixes no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.40, p.317-324, 2011 (supl. especial).

HILSFORF, A.W.S.; MOREIRA, H.L.M.; FREITAS, R.T.F. Desafios do melhoramento genético de organismos aquáticos. **Panorama da aquicultura**, Laranjeiras, v.25, n. 147, janeiro-fevereiro, p.36-43, 2015.

HULATA, G. Genetic manipulations in aquaculture, a review of stock improvement by classical and modern technologies. **Genetica**, Ribeirão Preto, v.111, p.155-173, 2001.

IBGE. **Produção da pecuária municipal 2015**, Brasil, v.43, 2015.

KHAW, H.L.; PONZONI, R.W.; DANTING, M.J.C. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 275, p. 64–69, 2008

KHAW, H. L. et al. Genetic and non-genetic indirect effects for harvest weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Proceedings of 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production**, Canadá, v. 450, p. 154–161, 2015.

- KUBITZA, F. A evolução da tilapicultura no Brasil: produção e mercados. **Panorama da Aquicultura**, v. 13, n. 76, p. 25–35, 2003.
- KUNITA, N. M. et al. Avaliação genética de características morfométricas em tilápias do nilo cultivadas. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v.62, n. 240, p.555-566, 2013.
- LOPEZ-FANJUL, C.; TORO, M.A. **Mejora genética de peces y moluscos**. Mundi. Madrid, p.107, 1990.
- MAIR, G.C. Genetics and breeding in seed supply for inland aquaculture. In: Bondad-Reantaso, M.G. (Ed.). Assessment of freshwater fish seed resources for sustainable aquaculture. **FAO Fisheries Technical Paper**, Rome, p. 519–547, 2007.
- MOREIRA, A. A. et al. Variabilidade genética de duas variedades de tilápia nilótica por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p. 521-526, 2007
- NEIRA, R. et al. Genetic improvement in Coho salmon (*Onchorhynchus kisutch*). I: Selection response and inbreeding depression on harvest weight. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 257, p. 9-17, 2006.
- NEIRA, R. Breeding in Aquaculture Species : Genetic Improvement Programs in Developing Countries. **9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, p. 8, 2009.
- NGUYEN, H. N. et al. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, Amsterdam, v.305, p.1–5, 2010.
- OLIVEIRA, C. A. L. et al. Melhoramento genético de peixes: uma realidade para a piscicultura brasileira. **Panorama da Aquicultura**, Laranjeiras, v.22, p.38-47, 2012.
- OLIVEIRA, C. A. L. et al. Avaliação genética de tilápias-do-nilo durante cinco anos de seleção. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.50, n.10, p.871-877, out, 2015.
- PATRICIO, I.S.; MENDES, A.A.; RAMOS, A.A.; PEREIRA, D.F. Overview on the performance of Brazilian broilers (1990 to 2009). **Revista Brasileira de Ciências Avícola**, v. 4, n. 4, p. 233-238, 2012.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrika**, London, v.58, p.545-554, 1971.
- PEIXE BR. **Paraná, Rondônia e São Paulo puxam crescimento da piscicultura no Brasil**. 2017. Disponível em: <http://www.peixebr.com.br/parana-rondonia-e-sao-paulo-puxam-crescimento-da-piscicultura-no-brasil/> , Acesso em 14 de junho de 2017.
- PONZONI, R. W. et al. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) **Aquaculture**, Amsterdam, v.246, p. 203-210, 2005.
- PONZONI, R. W. Genetic improvement effective dissemination: Keys to prosperous and sustainable aquaculture industries. IN: PONZONI, R. W.; ACOSTA, B. O.; PONNIAH, A. G. **Development of aquatic animal genetic improvement an dissemination programs**. Malaysia. Worldfish Center, p.1-6, 2006.
- REZK, M. A. et al. Response to three generations of selection for increased body weight in channel catfish, *Ictalurus punctatus*, grown in earthen ponds. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 228, p.69-79, 2003
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUI, H.; KOMEN, H. Modeling fillet traits based on body

- measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). **Aquaculture**, Amsterdam, v.231, p.113–122, 2004.
- RUTTEN, M.J.M.; KOMEN, H.; BOVENHUIS, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 246, p.101–113, 2005.
- RYE, M.; GJERDE, B.; GJEDREM, T. Genetic Improvement Programs For Aquaculture Species In Developed Countries. **Proc. Assoc. Advmt. Breed. Genet.**, p. 8, 2009.
- SANTOS, A.I. et al. Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, p.33-43, 2011.
- TURRA, E. M. et al. Uso de medidas morfométricas no melhoramento genético do rendimento de filé da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 34, n. 1, p. 29-36, jan./mar, 2010.
- TURRA, E. M. et al. Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, Amsterdam, v.356-357, p.381–390, 2012.
- TURRA, E. M. et al. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. **Aquaculture**, Amsterdam, v.354-355, p.31–37, 2012.
- TURRA, E. M.; FERNANDES, A. F.; ALVARENGA, E. R. Ferramentas para o melhoramento genético de peixes em água interiores. In: **X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**. Uberaba, agosto, 2013.
- UBABEF. **The saga of the brazilian poultry industry: how brazil has become the world's largest exporter of chicken meat**. São Paulo: UBABEF, p.120, 2011. Disponível em: <http://www.ubabef.com.br/publicacoes>
- WAGNER, P. M. **Avaliação de linhagens de Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes fases de criação**. 2002. 51 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2002.
- WORLD FISH CENTER. **GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding**. Penang, 2004.
- YOSHIDA, G. M. et al. Resposta à seleção de características de desempenho e morfométricas de tilápia-do-nilo ao longo do período de cultivo. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec**, v.65, n.6, p.1815-1822, 2013.
- ZIMMERMANN, S. O bom desempenho das Chitraladas no Brasil. **Panorama da Aquicultura**, Rio de Janeiro, v.10, p. 15-19, 2000.

SEGUNDA PARTE – ARTIGO

ARTIGO: Seleção precoce para peso final em tilápias do Nilo

Marçal, D. C. P.; Reis Neto, R. V.; Lago, A. A.; Freitas, R. T. F.

Seleção precoce para peso final em tilápias do Nilo

RESUMO

O principal fator considerado em programas de melhoramento genético de tilápias é o crescimento, visando sempre maior peso à despesca. Porém não existem metodologias definidas quanto a duração do período de teste, tendo durações arbitrárias ou até que o animal atinja o peso de abate. O prolongamento da avaliação genética para escolha dos pais para a próxima geração eleva os custos dos programas de melhoramento e aumenta o intervalo de geração. Assim, se for possível prever estimativas confiáveis do peso final dos animais sem a necessidade de esperá-los atingir o peso de abate, é possível incrementar os ganhos anuais e reduzir os custos do programa. O objetivo do trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para os diferentes pesos obtidos ao longo do teste de crescimento, a fim de definir um período ideal de duração do teste de desempenho. O conjunto de dados utilizado nas análises continham informações de 495 animais. Para este fim, foram realizadas pesagens ao longo do período de crescimento que teve duração de seis meses, resultando em 5 pesagens: 30, 60, 90, 120 e 150 dias. Foram utilizadas análises bicaracter envolvendo os pesos coletados durante o período de avaliação dos animais com o peso final, dois a dois, para estimar os componentes de (co) variância. Para isso utilizou-se procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de *Gibbs*, considerando a distribuição gama invertida com a *priori* dos componentes de variância. A convergência das cadeias foi testada pelo método de Heidelberg e Welch. As herdabilidades dos pesos tiveram pouca variação, mantendo-se em torno de 0,20. As correlações genéticas foram estimadas entre todos os pesos com o peso final e os valores mais altos foram encontrados entre os pesos aos 120 e 150 dias. Simulando-se a seleção de 10% dos animais com maiores valores genéticos observou-se que o ganho genético foi reduzido à medida que se selecionou mais precocemente os animais. A seleção para peso final em tilápias perde eficiência à medida que o processo é realizado mais precocemente, mas ainda é possível selecionar animais com maiores valores genéticos para peso final antes que atinjam peso de abate.

Palavras-chave: abordagem bayesiana, correlação genética, ganho genético, *Oreochromis niloticus*

1.INTRODUÇÃO

A tilápia é o segundo grupo de peixes mais cultivado no mundo (Ng e Romano, 2013) e a espécie mais produzida no Brasil, sendo sua produção em 2015 de 219.329,206 Kg, o que equivale a 45,4 % do total produzido no país (IBGE, 2015) que ocupa a 11ª posição no ranking Mundial de produtores de peixe (FAO, 2016). Contudo, apesar de excelentes iniciativas, existem apenas dois de programas de melhoramento genético de tilápias em desenvolvimento no país.

Uma das iniciativas mais robustas, em condições brasileiras de cultivo, é da Universidade Federal de Maringá (UEM), iniciada em 2005 através da importação de exemplares da linhagem GIFT (Genetically Improved Farmed Tilápia) da Malásia, oriundas do International Center for Living Aquatic Resources Management (ICLARM), atual World Fish Center, tendo por objetivo o aumento da taxa de crescimento utilizando como critério de seleção o ganho médio diário (Chen et al., 2017; Khaw et al., 2012). Entretanto, o Brasil é um país extenso e com ampla variação climática, sendo necessário que as avaliações e seleção de animais geneticamente superiores sejam realizadas nas condições onde esses animais serão cultivados.

Dessa forma, visando o fornecimento de animais mais produtivos a fim de atender a demanda crescente do setor e promover um maior retorno econômico para atividade, tornando-a mais eficiente e sustentável, a implementação de programas de melhoramento genético é necessária.

O sucesso de um programa de melhoramento é medido pelo ganho genético anual, e é influenciado diretamente pela variabilidade, herdabilidade e intensidade de seleção, e inversamente pelo intervalo de geração (Battagin et al., 2016). Assim, uma forma de aumentar o ganho genético é a redução do intervalo de geração, período necessário para que os genes sejam transferidos dos pais para os filhos, que pode ser alcançado mais rapidamente, melhorando a eficiência reprodutiva através da seleção precoce dos animais (Atefi et al., 2016; Kasinathan et al., 2015) ou ainda, reduzindo o tempo necessário para se obter informações confiáveis do valor genéticos dos animais. Além disso, quanto mais cedo os progenitores da próxima geração são escolhidos, menores os gastos com estrutura e insumos.

Em programas de melhoramento de tilápia, a idade em que os reprodutores são selecionados é arbitrária, está relacionada à idade em que o animal atinge peso de mercado ou peso ótimo para reprodução (Turra et al., 2012). Todavia, para que a tilápia atinja o peso mais aceito pelo mercado, que é por volta de 600 g, são necessários pelo menos 300 dias (Rutten et

al., 2005). No entanto, esperar que o animal atinja a idade de abate para ser utilizado como reprodutor aumenta o intervalo de geração em programas de melhoramento genético, afetando negativamente o ganho genético anual.

Nesse contexto, o objetivo do estudo foi estimar os parâmetros genéticos dos pesos obtidos ao longo do período de crescimento em tilápias até os animais atingirem peso de abate, a fim de verificar a possibilidade de redução do tempo de avaliação genética para peso final

2. Materiais e métodos

2.1 Localização do experimento

O experimento foi conduzido no Setor de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no estado de Minas Gerais, no Sudeste do Brasil.

2.2 Origem do material genético

A população de base (G0) teve em sua formação três variedades de tilápia nilótica: a variedade GIFT, originária das Filipinas que envolveu quatro variedades de tilápias silvestres africanas (Egito, Gana, Quênia e Senegal) e quatro asiáticas (Israel, Cingapura, Taiwan e Tailândia) (Lozano et al., 2013), trazidas para o Brasil em 2005 (Hamzah et al., 2016; Ponzoni et al., 2011), sendo doadas duas famílias para Universidade Federal de Lavras em 2011; a variedade UFLA, formada a partir da primeira importação de tilápias nilóticas da Costa do Ivoire, na África, em 1971, sendo alguns exemplares doados para o Setor de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras em 1977 (Dias et al., 2016); e a última uma variedade comercial de tilápia nilótica que encontra-se isolada na Universidade Federal de Lavras desde 2012.

2.3 Produção de famílias e marcação

A metodologia utilizada para a formação das famílias consistiu em um cruzamento dialélico completo envolvendo as três variedades, duas a duas, em todas as combinações possíveis, iniciado em outubro de 2014. A seleção prévia dos reprodutores foi realizada por meio da visualização fenotípica. Os machos foram escolhidos quando apresentavam papila urogenital hiperêmica e as fêmeas quando apresentarem cavidade celomática distendida, volumosa, macia, e com a papila urogenital proeminente e rosada.

O sistema de acasalamento foi do tipo hierárquico, um macho para duas fêmeas, com o objetivo de produzir famílias de irmãos-completos e meio-irmãos. A reprodução foi realizada em hapas de 1 m³, onde cada fêmea selecionada foi colocada com um reprodutor selecionado previamente. A seleção prévia dos reprodutores foi realizada por meio da visualização fenotípica.

Durante o período de reprodução, os casais eram alimentados duas vezes ao dia, com ração comercial contendo 36% PB. Os casais eram observados diariamente, e ao identificar sinais de eminente desova a fêmea era retirada, e o macho direcionado até a segunda fêmea do acasalamento hierárquico.

Após a eclosão dos embriões, as larvas eram coletadas assim que observadas, sendo escolhidos aleatoriamente 150 representantes de cada família e transferidas para o laboratório de alevinagem de peixes da Estação de Piscicultura da UFLA. O laboratório era equipado com caixas de 60L em um sistema de recirculação fechado, filtragem biológica de sólidos e controle de oxigênio e temperatura. Após a completa absorção do saco vitelínico, as larvas eram alimentadas duas vezes ao dia com ração farelada própria para a fase. As famílias permaneciam isoladas uma das outras, ou seja, os peixes de cada família de irmãos completos permaneciam em uma mesma caixa, até atingirem peso para serem marcados com microchip, em torno de 20 gramas, gerando um efeito de ambiente comum de alevinagem. A etapa de formação de famílias foi finalizada em março de 2015, tendo sido produzidas 24 famílias.

2.4 Teste de desempenho

Após atingirem peso para chipagem, 50 peixes de cada família foram escolhidos aleatoriamente, sedados com solução de 25mg/L de benzocaína, identificados por meio de microchips (“*Passive Integrated Transponder*” ou PIT-tag) implantados na cavidade abdominal e sexados. Os animais foram então distribuídos em caixas d’água de fiberblass de 500 L, em um sistema de recirculação fechado, aeração contínua e fotoperíodo 12:12, machos e fêmeas foram separados, sendo sete caixas com machos e três com fêmeas a fim de que não ocorresse reprodução durante o teste de crescimento. As caixas tinham a densidade de 50 peixes com representantes de todas as famílias. Ração comercial específica para cada fase foi fornecida *ad libitum*, duas vezes ao dia, durante o teste que teve duração de seis meses, de setembro de 2015 a março de 2016. Mensalmente todos os animais foram pesados, gerando 5 pesagens: aos 30, 60, 90, 120 e 150 dias do teste de desempenho.

3. Análises estatísticas

Para se estimar os componentes de (co) variância, foi utilizado modelo bicaracter, envolvendo todos os pesos tomados, dois a dois, de acordo com o seguinte modelo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} C_1 & 0 \\ 0 & C_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que:

y_1 e y_2 são os vetores de observações dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

X_1 e X_2 são as matrizes de incidência dos efeitos ambientais identificáveis dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

a_1 e a_2 são os vetores dos efeitos genéticos aditivos diretos dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

Z_1 e Z_2 são as matrizes de efeitos genéticos aditivos diretos dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

β_1 e β_2 são os vetores dos efeitos ambientais identificáveis dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

C_1 e C_2 são as matrizes de efeitos de ambiente comum de alevinagem dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

c_1 e c_2 são os vetores de efeito de ambiente comum de alevinagem dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

e_1 e e_2 são os vetores dos erros aleatórios dos pesos 1 e 2 registrados ao longo do teste de crescimento;

Os efeitos ambientais identificáveis considerados nas análises foram caixas e sexo. A idade foi utilizada como covariável.

Para estimar os componentes de (Co) Variância e prever os valores genéticos dos animais para cada peso, foram utilizados procedimentos bayesianos, por meio do sistema computacional MTGSAM- Multiple Trait Gibbs Sampling to Animal Model (Tassel e Vleck, 1996). Procedimentos bayesianos semelhantes foram utilizados por outros autores para estimação de parâmetros genéticos (Oliveira et al., 2016; Reis Neto et al., 2014; Reis Neto et

al., 2015; Santos et al., 2011). Nas análises foram utilizadas cadeias de Gibbs resultantes de 1.000.000 ciclos, com período de descarte de 100.000 ciclos e intervalo de retirada de 50 ciclos.

A convergência das cadeias de Gibbs foi testada por meio do método de Heidelberger e Welch, descrito por Cowles et al. (1995), através da biblioteca CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) implementada no sistema R versão 3.3.1 (R Development Core Team, 2016). Os intervalos de credibilidade a 95% de probabilidade das estimativas dos componentes foram estimados utilizando o sistema *R for Windows* (versão 3.3.1- 2016).

A partir dos componentes de (co) variância foram calculadas as herdabilidades, efeitos de ambiente comum de alevinagem e correlações genéticas.

Com base nos parâmetros genéticos estimados e por meio das equações descritas abaixo (Gama 2002), foi realizado um estudo de simulação do ganho genético (1) e da resposta correlacionada (2) a partir do processo de seleção para peso considerando a escolha de 10% dos animais com maiores valores genéticos para peso nas diferentes pesagens ao longo do teste de desempenho:

$$\Delta G = h^2 \cdot i \cdot \sigma p \quad (1)$$

em que:

ΔG - ganho genético estimado para a característica avaliada

h^2 - herdabilidade da característica avaliada

i = intensidade de seleção, considerando-se que a característica assume uma distribuição normal, o valor de i para seleção de 10% da população é de 1,76

σp = desvio padrão fenotípico da característica avaliada

$$R_{c_{xy}} = i_y \cdot h_x \cdot h_y \cdot r_{g_{xy}} \cdot \sigma p_x \quad (2)$$

em que:

$R_{c_{xy}}$ = Resposta correlacionada ou ganho indireto obtido para característica x a partir da seleção para característica y.

i_y = intensidade de seleção aplicado para característica y, considerando-se que y assume uma distribuição normal, o valor de i para seleção de 10% da população é de 1,76

h_x = raiz quadrada da herdabilidade da característica x

h_y = raiz quadrada da herdabilidade da característica y

$r_{g_{xy}}$ = correlação genética entre as características x e y

σ_{p_x} = desvio padrão fenotípico da característica x

4. Resultados

Informações fenotípicas de um total de 495 peixes pertencentes a 24 famílias, incluindo irmãos completos e meio irmãos foram utilizadas nas análises estatísticas.

Os animais chegaram ao final do período do teste de desempenho com média de peso de 486g (153) (Tabela 1).

Tabela 1. Médias e desvios padrão dos diferentes pesos e idades obtidas das 24 famílias de tilápias cultivadas em sistema fechado de recirculação de água.

	Dias de pesagem durante o teste de crescimento				
	30 dias	60 dias	90 dias	120 dias	150 dias
Peso (g)	168,4 (66)	242,8 (88)	274,3 (88)	341,4 (107)	486 (153)
Idade (dias)	279 (39)	313 (34)	334 (34)	369 (37)	439 (17)

Houve convergência para todas as cadeias obtidas nas análises bicaracter. Os valores estimados de efeito de ambiente comum de alevinagem (c^2) reduziram de 0,41 no primeiro peso registrado no início do teste de crescimento a 0,32 no último.

As estimativas de herdabilidade, conforme os intervalos de credibilidade de 95% e aumentaram com o crescimento dos peixes chegando ao maior valor (0,25) aos 120 dias permanecendo neste patamar até 150 dias (Tabela 2).

Tabela 2. Variâncias fenotípicas (σ^2_p), variâncias genética aditiva (σ^2_a), variâncias devido ao efeito de alevinagem (σ^2_c), herdabilidade (h^2), efeitos de ambiente comum de alevinagem (c^2), e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para os diferentes pesos tomados.

Parâmetros	Pesos				
	30 dias	60 dias	90 dias	120 dias	150 dias
σ_p	3959 (2906 – 6044)	6299 (4760 - 9113)	7039 (5244 – 10387)	9403 (7260 - 13372)	17196 (12868 - 25263)
σ_a	543,7 (82,6 – 1776)	1089 (152,3 - 3250)	1533 (218,2 - 3626)	2266 (308,5 - 5452)	4115 (521,4 - 9686)
σ_c	1717 (710,6 – 3756)	2320 (903,3 – 5164)	4311 (1107 - 6768)	3148 (1237 - 7100)	6693 (2777 - 14670)
h^2	0,14 (0,02 -0,38)	0,20 (0,02 – 0,55)	0,22 (0,03 – 0,55)	0,25 (0,03 – 0,62)	0,25 (0,03 – 0,61)
c^2	0,41 (0,23 – 0,63)	0,35 (0,18 – 0,57)	0,38 (0,2 – 0,59)	0,37 (0,21 – 0,59)	0,32 (0,16 – 0,53)

As correlações genéticas entre o peso aos 150 dias e os pesos nas outras pesagens foram relativamente altas, tendo alcançado o maior valor (0,87) entre os pesos aos 120 e 150 dias (Tabela 3).

Tabela 3. Correlações genéticas (abaixo de diagonal) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%), correlações fenotípicas (acima da diagonal) e seus respectivos intervalos de confiança (95%), para os diferentes pesos tomados.

Pesos	30 dias	60 dias	90 dias	120 dias	150 dias
30 dias		0,90 (0,58 – 0,99)	0,88 (0,43 – 0,99)	0,78 (0,34 – 0,99)	0,68 (0,34 – 0,87)
60 dias	0,92 (0,91 – 0,93)		0,95 (0,78 – 0,99)	0,86 (0,38 – 0,99)	0,71 (0,38 – 0,91)
90 dias	0,86 (0,84 – 0,88)	0,93 (0,91 – 0,94)		0,91 (0,56 – 0,99)	0,74 (0,37 – 0,97)
120 dias	0,74 (0,7 – 0,78)	0,84 (0,82 – 0,86)	0,93 (0,92 – 0,94)		0,81 (0,29 – 0,98)
150 dias	0,56 (0,49 – 0,62)	0,66 (0,61 – 0,71)	0,76 (0,72 – 0,8)	0,87 (0,84 – 0,89)	

Ao simular um estudo com base nos parâmetros genéticos obtidos para os diferentes pesos obtidos, estima-se que, selecionando 10% dos animais com maiores valores genéticos na última pesagem, será obtido um ganho genético de 58 gramas (Tabela 4) para a próxima geração, ou seja, um aumento de quase 12% na média da progênie gerada a partir dos animais selecionados.

Simulando a resposta correlacionada pelo processo de seleção dos 10% dos animais com maiores valores genéticos das pesagens anteriores, observa-se que o ganho genético reduz a medida que se seleciona mais precocemente os animais. No entanto, a seleção aos 120 dias ainda resultaria em um ganho genético de mais de 50 gramas, o que equivale a 87% do ganho obtido pela seleção aos 150 dias (Tabela 4).

Tabela 4. Ganho genético (150 dias) e resposta correlacionada simulados para seleção dos 10% dos animais com maiores valores genéticos para peso.

Parâmetros	Pesagens				
	30 dias	60 dias	90 dias	120 dias	150 dias
RC _{150,x...} (g)	24,2	34,1	41,1	50,2	57,7*
RC _{150,x...} (%)	41,9	59,0	71,3	87,0	

RC_{150,x...} (g): Resposta correlacionada ou ganho direto, em gramas, para peso aos 150 dias selecionando aos 30, 60, 90 e 120 dias. * Ganho genético estimado para peso aos 150 dias. RC_{150,x...}(%): Resposta correlacionada ou ganho direto, em porcentagem do ganho estimado para seleção aos 150 dias, para peso aos 150 dias selecionando aos 30, 60, 90 e 120 dias.

5. Discussão

5.1. Parâmetros Genéticos

Os valores observados no efeito de ambiente comum de alevinagem foram altos e podem ser consequência do intervalo entre o nascimento da primeira e última família, que foi de três meses prolongando o tempo em que permaneceram em caixas separadas (50 representantes de cada família em caixas de 60 L) até que a última progênie nascida atingisse peso de chipagem.

Valores de ambiente comum de alevinagem de 0.31 (0.05) foram obtidos Bentsen et al. (2012) para peso ao abate de cinco gerações de tilápias avaliadas em diferentes sistemas de cultivo, sendo esses valores de ambiente comum encontrados quando o ambiente avaliado era tanque-rede. Thodesen et al. (2011) também encontraram valores altos para efeito de ambiente comum 0.37 (0.16) na segunda geração (G₂) ao estimarem parâmetros para peso em *Oreochromis niloticus*, sendo que as famílias provenientes da sua G₂ ficaram separadas por 67 dias até serem microchipadas, o que corrobora que esses altos valores são consequência do período prolongado que os animais ficam separados por família até atingirem peso mínimo para serem identificados.

Cabe ressaltar a importância da inclusão desse efeito não genético sistemático no modelo a fim de não se confundi-lo com os efeitos genéticos, que resulta principalmente na perda da precisão de seleção (Eknath et al., 2007; Nguyen et al., 2007). Os valores de c^2 diminuiram com o período de crescimento como esperado, uma vez que o tempo tende-se a reduzir as diferenças devidos aos efeitos ambientais comuns nos grupos de irmãos completos enquanto mantidos em caixas distintas (Nguyen et al., 2010). Mesmo com a diminuição do efeito de ambiente comum, os valores obtidos persistiram com alta magnitude evidenciando

que esses efeitos podem perdurar durante um longo período no desempenho dos animais, sugerindo que esforços para os igualar no início da vida ou a sua correção parecem necessários. Rutten et al (2005) ressaltam que os valores de c^2 foram mais elevados em análise univariada em comparação com as análises bivariadas. Nesse trabalho todos os valores de ambiente comum foram obtidos por análises bivariadas, o que pode ter colaborado para acréscimo dos valores.

Apesar dos trabalhos acima possuírem um valor moderado de efeito de ambiente comum, eles ainda são inferiores ao do presente estudo. Rutten et al. (2005) ressaltam que é difícil e delicado a comparação entre ambientes devido as diferenças de densidade e alimentação. Entre os experimentos mencionados acima, nenhum foi idêntico ao realizado, sendo os animais mantidos em sistema de recirculação fechado antes e após a marcação, dificultando a comparação dos resultados.

Os valores de herdabilidade encontrados, em torno de 0.20, em todos os pesos coletados, corroboram com outros autores como Santos et al. (2011) que encontraram valores para peso a microchipagem de 0,17 e herdabilidade para peso a despesca de 0,24 em tilápias cultivadas no Brasil e podem ser avaliados como moderados. Rutten et al. (2005) ao fazerem uma análise genética longitudinal para peso usando um modelo de regressão aleatória para idades variando de 100 a 326 dias encontraram herdabilidades semelhantes a obtidas nesse trabalho, sendo maior na última medição realizada com idade média de 293 dias. Hamzah et al. (2014), também encontraram valores próximos (0,24) aos relatados nesse trabalho, indicando que ainda há abundância de variação genética e escopo para o melhoramento gerando garantindo eficiência por mais gerações de seleção.

Os valores de herdabilidade obtidos juntamente com os valores das variâncias genética aditivas (σ^2_a), que também apresentaram intervalos de credibilidade (IC de 95%), indicam boas possibilidades de ganho genético para peso a despesca nas circunstâncias de cultivo presentes neste trabalho.

As correlações genéticas foram estimadas entre todos os pesos coletados e em pesos superiores, e conseqüentemente em idades superiores, as correlações foram mais estáveis e de maior magnitude. As amplitudes dos intervalos de credibilidade das correlações genéticas foram pequenas, indicando uma alta precisão das estimativas. Os valores positivos e altos de correlação genética entre o peso aos 120 dias e 150 dias apontam que se pode selecionar os animais aos 120 dias reduzindo o tempo de avaliação dos candidatos a reprodutores em 30 dias. Esse comportamento também foi observado por Rutten et al. (2005), ao avaliarem tilápias de 100 aos 326 dias, e por Su et al. (2002) que ao estimarem correlações genéticas de peso em oito

idades de truta, encontraram correlações altas com a última idade avaliada nas últimas duas pesagens.

5.3 Resposta a seleção

Na simulação do ganho genético na próxima geração a partir dos parâmetros genéticos obtidos, ao selecionar 10% dos animais com os maiores valores genéticos na última pesagem, o ganho na próxima geração seria de 12%, em torno de 58 gramas, valores semelhantes em porcentagem também foram descritos por Hamzah et al (2014). Gjerde et al. (2012) ao predizerem o ganho genético para peso da sua G1 em relação a G0, obtiveram valores de 17,4 gramas, evidenciando que a seleção de 10% dos animais proporciona ganhos consideráveis. Bentsen et al. (2017) ao avaliarem a resposta a seleção para peso a despesca em cinco gerações de tilápia observaram um ganho genético médio por geração de 13%, valores bem próximos aos simulados nesse trabalho.

Antes do projeto GIFT, tentativas para aumentar a taxa de crescimento em tilápias realizadas por seleção massal foram realizadas sem êxito (Huang e Liao, 1990; Hulata et al., 1986), sendo a resposta a seleção por geração em torno de 3% (Basiao e Doyle, 1999; Brezeski e Doyle, 1995). Já para o salmão do Atlântico, em 1970, o ganho médio para peso a despesca era em torno de 14% (Gjedrem, 2010). Essa discrepância de ganho por geração entre os valores alcançados para tilápia e salmão pode ser consequência do modo como os animais até então eram selecionados e acasalados. Em salmão a marcação individual e controle de pedigree é realizado desde a década de 70, o que não ocorria em tilápias do Nilo levando ao acúmulo de endogamia reduzindo a variação genética e consequentemente levando a depressão endogâmica, além de outras fontes sistemáticas de variação (BENTSEN & OLESEN, 2002).

Desde o início do projeto GIFT os métodos de acasalamento a partir de um único casal, com marcação individual, formação de meio irmão e irmãos completos, e controle de pedigree, permitiram maiores respostas e precisão através da correção dos efeitos ambientais sistemáticas separando-os dos efeitos genéticos aditivos em tilápias (BENTSEN et al., 2017; HAMZAN et al., 2014; ZAK et al., 2014). Essas melhores respostas também podem ser observadas nesse estudo.

5.3 Resposta correlacionada

Na população estudada, maior peso corporal final poderia ser alcançado como resposta correlacionada à seleção de pesos corporais mais precoces, o que contribuiria na redução do período de avaliação dos candidatos a serem pais da próxima geração, já que segundo Nguyen et al. (2010) a melhor faixa de peso para reprodução em tilápias está entre 200- 250 gramas, já o peso para abate mais utilizado e com melhor valor de mercado é de aproximadamente 500 g.

Esse resultado, corrobora com o encontrado por Turra et al. (2012) ao realizarem um estudo genético longitudinal, com seis pesagens em tilápias entre 106 e 245 dias, onde poderiam selecionar animais mais pesados aos 115 dias, e teriam uma resposta correlacionada para maior peso corporal em idades superiores a 245 dias. Isto sugere que a seleção praticada em pesos inferiores ao peso de abate, pode resultar em animais que atinjam o peso de melhor valor comercial mais rápido.

6. Conclusão

A seleção para peso em tilápias perde eficiência à medida que o processo é realizado mais precocemente, assim, os programas de melhoramento devem desenvolver um estudo econômico para definir a viabilidade da seleção precoce para peso dos animais. Talvez a seleção aos 120 dias de teste de crescimento seja uma boa estratégia, economizando tempo e recursos e mantendo ainda uma boa perspectiva de ganho genético.

7. Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro; e a Universidade Federal de Lavras (UFLA) pelo apoio.

REFERÊNCIAS

- ATEFI, A.; SHADPARVAR, A. A.; HOSSEIN- ZADEH, N. G. Comparison of whole genome prediction accuracy across generations using parametric and semi parametric methods. *Acta Scientiarum. Maringá*, v. 38, 4, p. 447-453, Oct-Dec., 2016
- BASIAO, Z. U.; DOYLE, R. W. Test of size-specific mass selection for Nile tilapia, *Oreochromis niloticus* L., cage farming in the Philippines. *Aquaculture Research* 30, p. 373-378, 1999.
- BATTAGIN, M. GORJANC, G.; FAUX, A. M.; JONHSTON, S. E.; HICKEY, J. M. Effect of manipulating recombination rates on response to selection in livestock breeding programs. v. 48:44, p. 2- 12, 2016.
- BENTSEN, H. B.; OLESEN, I. Designing aquaculture mass selection programs to avoid high inbreeding rates. *Aquaculture* 204, p. 349-359, 2002.
- BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; NGUYEN, N. H.; RYE, M.; PONZONI, R. W.; VERA, M. S. P.; BOLIVAR, H. L.; VELASCO, R. R.; DANTING, J.; DIONISIO, E. E.; LONGALONG, F. M.; REYES, R. A.; ABELLA, T. A.; TAYAMEN, M. M.; EKNATH, A. E. Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) during five generations of testing in multiple environments. *Aquaculture* 338-341, p. 56–65, 2012.
- BENTSEN, H. B.; GJERDE, B.; EKNATH, A. E.; VERA, M. S. P.; VELASCO, R. R.; DANTING, J. C.; DIONISIO, E. E.; LANGALONG, F. M. Genetic improvement of farmed tilapias: Response to five generations of selection for increased body weight at harvest in *Oreochromis niloticus* and the further impact of the project. *Aquaculture* 468, Part 1, p.206–217, February 2017.
- BRZESKI V.J. & DOYLE R.W. A test of an on-farm selection procedure for tilapia growth in Indonesia. *Aquaculture* 137, p. 219- 230, 1995.
- CHEN, Y. U.; ZHANG, T. Y.; CHEN, H. Y., LIN, S. M.; LUO, L.; WANG, D. S. An evaluation of hepatic glucose metabolism at the transcription level for the omnivorous GIFT tilapia, *Oreochromis niloticus* during postprandial nutritional status transition from anabolism to catabolism. *Aquaculture* v.473, p. 375- 382, 2017.
- COWLES, M. K.; BEST, N.; VINES, K. Convergence diagnostics and output analysis. Version 0.40. London: MRC Biostatistics, p.91, 1995.
- DIAS, M. A. D.; FREITAS, R. T. F.; ARRANZ, S. E.; VILLANOVA, G. V.; HILSDORF, A. W. S. Evaluation of the genetic diversity of microsatellite markers among four strains of *Oreochromis niloticus*. *Stichting International Foundation for Animal Genetics*, 47, p. 345–353, 2016.
- EKNATH, A.E., BENTSEN, H.B., PONZONI, R.W., RYE, M., NGUYEN, N.H., THODESEN, J., GJERDE, B. Genetic improvement of farmed tilapias: composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture* 273, p.1–14, 2007.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. The state of world fisheries and aquaculture. Rome. p.4,27, 2016

GAMA, L. T. Melhoramento genético animal. Lisboa: Escolar, 2002.

GJEDREM, T. The first family-based breeding program in aquaculture. Rev. Aquac. 2, p. 2–15, 2010

GJERDE, B.; MENGISTU, S. B.; ODEGARD, J.; JOHANSEN, H.; ALTAMIRANO, D. S. Quantitative genetics of body weight, fillet weight and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Aquaculture 342-343, p.117-124, 2012.

HAMZAH, A.; PONZONI, R. W.; NGUYEN, N. H.; KHAW, H. L.; YEE, H. Y.; NOR, S. A. M. Performance of the Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT) Strain Over Ten Generations of Selection in Malaysia. Pertanika J. Trop. Agric. Sci. 37 (4), p.411 – 429, 2014.

HAMZAH, A.; NGUYEN, H. N.; MEKKAWY, W.; PONZONI, R. W.; KHAW, H. L.; YEE, H. Y.; BAKAR, K. R. A.; NOR, S. A. M. Flesh characteristics: estimation of genetic parameters and correlated responses to selection for growth rate in the GIFT strain. Aquaculture Research, 47, p.2139–2149, 2016.

HUANG, C. M.; LIAO, I. C. Response to mass selection for growth rate in *Oreochromis niloticus*. Aquaculture 85, p. 199-205, 1990.

HULATA, G., WOHLFARTH, G.W. AND HALEVY, A. Mass selection for growth rate in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Aquaculture, 57, p.177-184, 1986.

IBGE. Produção da pecuária municipal 2015. v.43, 2015.

KASINATHAN, P.; WEI, H.; XIANG, T.; MOLINA, J. A.; METZGER, J.; BROEK, D.; KASINATHAN, S.; FABER, D. C.; ALLAN, M. F. Acceleration of genetic gain in cattle by reduction of generation interval. Scientific Reports. v. 4, 2015.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; HAMZAH, A.; ABU-BAKAR, K. R.; BIJMA, P. Genotype by production environment interaction in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Aquaculture 326-329, p.53–60, 2012.

NGUYEN, N.H.; KHAW, H.L.; PONZONI, R.W.; HAMZAH, A.; KAMARUZZAMAN, N. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile Tilapia by genetic means? Aquaculture, 272S1, p. S36–S48, 2007.

NGUYEN, N. H.; PONZONI, R. W.; BAKAR, K. R. A.; HAMZAH, A.; KHAW, H. L.; YEE, H. Y. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. Aquaculture 305, p. 1–5, 2010.

NG, W. K.; ROMANO, N. A review of the nutrition and feeding management of farmed tilapia throughout the culture cycle. Reviews in Aquaculture, 5, p. 220–254, 2013.

OLIVEIRA, C. A. L.; RIBEIRO, R. P.; YOSHIDA, G. M.; KUNITA, N. M.; N.; IZZATO, G. S.; OLIVEIRA, S. N.; SANTOS, A. I.; NGUYEN, N. H. Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia *Oreochromis niloticus* in Brazil. J Appl Genetics 57, p.487–493, 2016.

- R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2016.
- REIS NETO, R. V.; OLIVEIRA, C. A. L.; RIBEIRO, R. P.; FREITAS, R. T. F.; ALLAMAN, I. B.; OLIVEIRA, S. N. Genetic parameters and trends of morphometric traits of GIFT tilapia under selection for weight gain. *Sci. Agric.* v.71, n.4, p.259-265, July/August 2014.
- REIS NETO, R. V.; OLIVEIRA, C. A. L.; RIBEIRO, R. P.; FREIRAS, R. T. F.; ALLAMAN, I. B.; OLIVEIRA, S. N. Genetic differences between sexes for morphometric traits of GIFT tilapia. *Aquaculture Research*, p.1–9, 2015.
- RUTTEN, M. J.M.; KOMEN, H.; BOVENHUIS, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) body weight using a random regression model. *Aquaculture* 246, p.101-113, 2005.
- SANTOS, A. I.; RIBEIRO, R. P.; VARGAS, L.; MORA, F.; FILHO, L. A.; FORNARI, D. C.; OLIVEIRA, S. Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. *Pesquisa. Agropecuária. Brasileira.*, Brasília, v.46, n.1, p.33-43, jan. 2011.
- SU, G. S.; LILJEDAHN, L. E.; GALL, G. A. E. Genetic correlations between body weight at different ages and with reproductive traits in rainbow trout. *Aquaculture* 213, p. 85-94, 2002.
- TASSELL, C. P. van; VLECK, L. D. van. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *Journal of Animal Science*, Champaign, v.74, n. 11, p. 2586-2597, Nov. 1996.
- THODESEN, J.; RYE, M.; WANG, Y.; YANG, K.; BENTSEN, H. B.; GJEDREM, T. Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield. *Aquaculture* 322-323, p.51–64, 2011.
- THODESEN, J.; MA, D.Y., RYE, M., WANG, Y.X., LI, S.J., BENTSEN, H.B., GJEDREM, T. Genetic improvement of tilapias in China: genetic parameters and selection responses in growth, pond survival and cold-water tolerance of blue tilapia (*Oreochromis aureus*) after four generations of multi-trait selection. *Aquaculture* 396-399, p.32–42, 2013.
- TURRA, E. M.; OLIVEIRA, D. A. A.; VALENTE, B. D.; TEIXEIRA, E. A.; PRADO, S. A.; MELO, D. C.; FERNANDES, A. F. A.; ALVARENGA, E. R.; SILVA, M. A. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. *Aquaculture* 354–355, p.31–37, 2012.
- ZAK, T.; DESHEW, R.; BENET-PERLBERG, A.; NAOR, A.; MAGEN, I.; SHAPIRA, Y.; PONZONI, R. W.; HULATA, G. Genetic improvement of Israeli blue (Jordan) tilapia, *Oreochromis aureus* (Steindachner), through selective breeding for harvest weight. *Aquaculture Research*, 45, p. 546–557, 2014.

ANEXO



UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS
 PRÓ-REITORIA DE PESQUISA
 COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS
 Cx.P.3037 - Lavras - MG - 37200-000 - (35) 3829-5182 cba@nintec.ufla.br

CERTIFICADO

Certificamos que o protocolo nº 016/13, relativo ao projeto intitulado "Estimação de Parâmetros Genéticos de características de desempenho, morfométricas e de carcaça de Tilápias do Nilo", que tem como responsável Rilke Tadeu Fonseca de Freitas está de acordo com os princípios éticos da experimentação animal, adotados pela comissão de ética no uso de animais (comissões permanentes/prp-ufla), tendo sido aprovado na reunião de 06/06/2013.

início do projeto:01/08/2013 - término do projeto:01/07/2015

CERTIFICATE

We hereby certify that the Protocol nº 016/13, related to the project entitled "Genetic Parameter Estimation of performance, morphometric and carcass traits of Nile Tilapia", under the supervision of Rilke Tadeu Fonseca de Freitas, is in agreement with the Ethics Principles in Animal Experimentation, adopted by the Institutional Animal Care and Use Committee (Standing Committees/PRP-UFLA), and was approved in June 6, 2013.

Project's beginning:01/08/2013 - Project's end:01/07/2015

Lavras, 06 de junho de 2013

Prof. Gabriela Rodrigues Sampaio
 Presidente da Comissão de Ética no Uso de Animais CEUA

Universidade Federal de Lavras
 Pró-Reitoria de Pesquisa /Comissões Permanentes
 Campus Universitário -
 Caixa Postal 3037 / CEP 37200 000 - Lavras, MG - Brasil
 Tel.: +55 (35) 3829 5182
 cba@nintec.ufla.br - www.prp.ufla.br

ATESTADO

Conforme solicitação do pesquisador **Rilke Tadeu Fonseca de Freitas**, a CEUA aprova a prorrogação do prazo do projeto intitulado "Estimação de parâmetros genéticos de características de desempenho, morfométricas e de carcaça de Tilápias do Nilo", **protocolo nº 016/13**, até 01 de julho de 2017.

Lavras, 02 de setembro de 2015.



Prof.^a Gabriela Rodrigues Sampaio
Presidente da Comissão de Ética no Uso de Animais CEUA