

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ**

**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

**DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE  
DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO  
NILO (*Oreochromis niloticus*)**

**Autora: Sheila Nogueira de Oliveira**

**Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro**

**Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira**

**MARINGÁ**

**Estado do Paraná**

**Março – 2011**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ**

**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

**DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA**

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE  
DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO  
NILO (*Oreochromis niloticus*)**

**Autora: Sheila Nogueira de Oliveira**

**Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro**

**Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira**

**“Dissertação apresentada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE em ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá – Área de Concentração: Produção Animal.”**

**MARINGÁ**

**Estado do Paraná**

**Março – 2011**

*“Porque desde a antiguidade não se ouviu, nem com ouvidos se percebeu, nem com olhos se viu Deus além de Ti, que trabalha para aquele que Nele espera...”*

***Isaías 64:4***

*“Ora, aquele que é Poderoso para fazer infinitamente mais do que tudo quanto pedimos ou pensamos conforme o poder que opera em nós...”*

***Efésios 3:20***

À Deus, meu Pai, meu Rei, meu Senhor, minha inspiração. Aos meus pais Haroldo N. de Oliveira e Edine F. de Oliveira, por acreditarem em mim em todo tempo, pela força, amor e compreensão. Às minhas irmãs, irmãos (cunhados) e sobrinhos amados, Jucimara F. O. Costa, Jose Costa, Diego O. Costa, Jaqueline A. O. Santander, Victor F. A. Santander e Victor O. Santander, pelo incentivo, pelas orações, pela fé, pelo amor e carinho. Ao meu amado esposo, Júlio César Vieira, amigo, irmão, incentivador incansável, por todas as palavras de apoio, por toda paciência, por todo esforço, por todo amor, por todas as orações, por todo carinho e por estar sempre presente ao meu lado, acreditando em mim e colocando Deus a frente de todos os nossos projetos.

A minha filha amada, Bruna Oliveira Vieira, ela é a tradução da imensa felicidade, minha herança, um sonho realizado, que esteve dentro de mim por grande parte do desenvolvimento deste projeto, te amo de maneira inexplicável.

À família de meu esposo: Carlos, Quitéria, Helena, Joaquim, Taísa, Tiago e Caren por todo carinho e incentivo.

Aos meus professores e orientadores Ricardo Pereira Ribeiro e Carlos Antonio Lopes de Oliveira, pelos ensinamentos, conselhos, apoio, incentivo, dedicação e compreensão.

À todos os “sobrinhos” amados adolescentes da Igreja Cristã Presbiteriana, por estarem sempre me incentivando com sorrisos acolhedores, em momentos difíceis com palavras de paz e carinho, e principalmente por nunca desistirem de Deus, em especial: Gianna, Giovanna, Nayara Bruna, Rayssa, Ana Paula, Fernanda, Débora, Giovanni, Jean, Lucas, Cassiano, André, Gabriel, Natan, Pedro. Amigos e amigas, pacientes, pela ajuda, incentivo e carinho, em especial: Marlene Ventramelis, Rosi Alencar, Alexandre Augauer, Rodrigo Alencar, Ana Cláudia Froeming, Adriana Jaqueline, Nayara Stefany, Diego Lunkes, Michele Gonzaga, Michele Machado, Michele Ventramelis, Rogerio, Thiago, Fabiola Claro, Caren Paula, Gilson Moreira, Meri Moreira, Natali Kunita, Grazyela Yoshida, Satila Castro, Barbara Akemi, Ricardo Kabuti, Eduardo Maeda, Gabriel Rizzato, Luiz Alexandre Filho, Daniel Antunes, Melanie Digmaier, Pilar Rodrigues, Nelson Lopera, Darci Fornari, Juliana Minardi, Thiago Tardivo, Ricardo Hideo, Graciela.

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus, todo poderoso, merecedor de honra, glória, majestade, louvor...

À Universidade Estadual de Maringá pela oportunidade de um ensino gratuito, de qualidade e por possibilitar a realização deste trabalho.

Ao CNPq pelo apoio, incentivo, confiança e investimento, através da bolsa.

Aos Profs.. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro e Carlos Antonio Lopes de Oliveira pelo incentivo, orientação, dedicação, ensinamentos, amizade e confiança. A todos os professores do Curso de Zootecnia pelos ensinamentos, dedicação, carinho e amizade.

Aos colegas de trabalho Geraldo, Vitor, Cleiton, Natalí, Grazyella, Satila, Barbara, Ricardo, Gabriel e Eduardo, que sem eles tudo ficaria mais difícil para realização do projeto.

Aos meus pais, alicerce sempre presente em todas as circunstancias.

Ao meu amado esposo, Julio César Vieira, por tudo que significa na minha vida.

À minha amada filhinha, Bruna Oliveira Vieira, por estar dentro de mim durante boa parte deste projeto, me ajudando e incentivando pela sua simples e doce presença!

A todos os amigos do Grupo PeixeGen, pela ajuda, disposição, companheirismo e alegria de sempre!

A todos que de alguma maneira contribuíram para a realização deste trabalho.

A toda a Igreja Cristã Presbiteriana que me ajuda dia por dia a conhecer mais sobre Deus, que acreditou em mim e depositou orações no altar do Senhor em meu benefício, me auxiliando a seguir em frente e não olhar para trás.

Aos Pastores Aderbal Granado e Edinésio Cordeiro, amigos, servos de Deus, em todo tempo presentes com ensinamentos, orientações, conselhos e amizade!

A todos os jovens da Igreja Cristã Presbiteriana por estarem sempre comigo, pacientes e amorosos em todo tempo.

Ao Ministério Infantil da Igreja Cristã Presbiteriana por terem me ensinado muito, sobre Deus, sobre a vida, sobre o amor, o meu muito obrigado em especial às “tias” Adriana, Angelita, Lidiane e Alessandra que me apoiaram em tempos difíceis, nos meus “primeiros passos” com o Senhor e me ensinaram o poder do perdão e o poder do amor de Deus.

Ao Ministério de Louvor “Servos”, pelo carinho, pelas orações, pelos ensinamentos, pelos incentivos, por tantos momentos aos pés do Senhor que só vieram me fortalecer, obrigado especial a minha líder, irmã e amiga Marlene Ventramelis, por todo amor, dedicação, pelo exemplo, pelo testemunho de vida cristã, pelas broncas, pela força e por todo incentivo.

## **BIOGRAFIA DO AUTOR**

Sheila Nogueira de Oliveira, filha de Haroldo Nogueira de Oliveira e Edine Fernando de Oliveira, nasceu na cidade de Laranjeiras do Sul, Paraná, no dia 02 de Abril de 1982.

Em março de 2004, iniciou o Curso de Graduação em Zootecnia, na Universidade Estadual de Maringá, realizando pesquisas na área de aquicultura, pelo programa PIC sob orientação do Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro e sendo bolsista do grupo PET/Zootecnia sob orientação do tutor, Professor Doutor Carlos Eduardo Furtado.

No mês de novembro de 2008, submeteu-se à banca examinadora para defesa do Trabalho de Graduação em Zootecnia.

Ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia – Produção Animal – Piscicultura em março de 2011, submeteu-se à banca examinadora para defesa do Trabalho de Dissertação de Mestrado em Produção Animal – Piscicultura.

## ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS .....	i
LISTA DE FIGURAS.....	ii
INTRODUÇÃO GERAL.....	01
Melhoramento genético de peixes .....	03
Melhoramento genético de peixes no Brasil.....	04
Perspectivas para o Melhoramento genético de peixes no Brasil.....	07
Referências Bibliográficas .....	09
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO ( <i>Oreochromis niloticus</i> ) MELHORADAS GENETICAMENTE NO SUL DO BRASIL.....	12
RESUMO.....	12
ABSTRACT.....	13
OBJETIVOS GERAIS.....	14
1 - Introdução.....	14
2- Material e Métodos.....	15
2.1. Conjunto de dados .....	15
2.2. Coleta de dados e estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos .....	16
2.3. Estimação de parâmetros genéticos .....	19



3 - Resultados.....	21
4 - Discussão.....	25
4.1. Herdabilidades .....	26
4.2. Correlações .....	27
4.3. Ganho genético e endogamia.....	28
5 - Conclusões.....	29
AGRADECIMENTOS .....	30
REFERENCIAS.....	30

## LISTA DE TABELAS

Página

### **PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*).....12**

TABELA 1 - Estimativas de parâmetros genéticos das características: peso, ganho em peso diário (GPD), comprimento total (CT), comprimento padrão (CP), altura (ALT-), largura (LAR) e cabeça (CAB), utilizando informação de duas gerações em conjunto (G1 e G2) .....21

TABELA 2 - Correlações genéticas (abaixo da diagonal), correlações fenotípicas (acima da diagonal) e herdabilidade média (diagonal), para as características morfométricas e de desempenho.....23

TABELA 3 - Coeficiente de correlação de Spearman (acima da diagonal) e correlação de Pearson (abaixo da diagonal) entre características de desempenho e morfométricas .....24

TABELA 4 - Ganho genético ( $\Delta G$ ) para ganho em peso médio diário (GPD) em percentual, Número efetivo da população ( $N_e$ ), Coeficiente de endogamia ( $\Delta F$ ) e número de animais em cada geração .....25

**LISTA DE FIGURAS**

	Página
<b>PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO (<i>Oreochromis niloticus</i>).....</b>	<b>12</b>
<b>FIGURA 1 - Medidas corporais, tomadas de cada animal .....</b>	<b>17</b>

## INTRODUÇÃO GERAL

O panorama mundial aquícola está em crescente expansão e o Brasil possui diversas condições favoráveis para o desenvolvimento da atividade, como o clima tropical, quantidade e qualidade de recursos hídricos disponibilizados em aproximadamente 5,3 milhões de hectares de água doce, em reservatórios artificiais e naturais, 8 mil quilômetros de costa aptos para o cultivo de organismos aquáticos além de ser grande produtor de grãos, matéria-prima na fabricação de rações.

Em 2006, a aquacultura produziu mundialmente 66,7 milhões de toneladas os quais foram avaliados em 86,2 bilhões de dólares, os peixes correspondem a 48,8% do total produzido com 32,6 milhões de toneladas (FAO, 2008). Dentre os grupos, a tilápia (*Oreochromis spp*) é o segundo grupo de peixes com produção de 2.275.664 t no ano de 2006. Dos países produtores de tilápias destacam-se China 48,8%, Egito 8,9%, Indonésia 7,4% e Filipinas 6,8%, o Brasil é o sexto maior produtor mundial (ANUALPEC, 2007), tendo produção de 3,1% (FAO, 2008).

A tilápia do Nilo foi introduzida no Brasil, proveniente da Costa do Marfim no Oeste africano, para o Nordeste brasileiro em 1971 e distribuída pelo país. A tilápia do Nilo e algumas tilápias vermelhas híbridas são as espécies mais cultivadas no Brasil, são cultivadas desde a bacia do rio Amazonas até o Rio Grande de Sul. O interesse pelo cultivo desta espécie, no Sul e Sudoeste do país, vem crescendo anualmente. Acredita-se que, no Brasil, metade da produção anual de peixes cultivados seja de tilápias (LOVSHIN e CIRYNO, 1998). A tilápia é provavelmente o mais importante peixe a ser cultivado no século XXI. A excelente combinação desta espécie quanto aos aspectos fisiológicos, biologia reprodutiva, rusticidade plasticidade genética, desenvolvimento de linhagens domesticadas e sua comercialização, colocou-a frente na aquacultura (FITZSIMMONS, 2000).

A espécie de tilápia preferida para o cultivo é a *Oreochromis niloticus*, por causa do seu rápido crescimento e sua coloração clara (LOVSHIN, 1997). Em sistema de produção de tanques-rede, a tilápia do Nilo (*O. niloticus*) é a espécie mais utilizada, em razão de seus bons atributos, quando comparados aos de outras espécies de peixes, é considerada a espécie de maior representatividade na aquacultura mundial (EKNATH et al., 1993, BENTSEN et al., 1998, KAMAL e MAIR, 2005).

Em tilápias, o sistema de seleção é feito, quase exclusivamente utilizando características de crescimento, como o ganho em peso à despesca. O processo de seleção realizado desconsiderando a elevada capacidade de deixar descendentes pode comprometer, principalmente, as taxas reprodutivas e de sobrevivência, em função do incremento da endogamia.

Os animais selecionados geneticamente são a resposta para o aumento da produtividade na agropecuária, excelentes resultados podem ser evidenciados pela bovinocultura leiteira e de corte, na avicultura de corte e postura, além da suinocultura.

Da mesma maneira, a eficiência da produção em aquacultura será incrementada por meio de programas de melhoramento genético das espécies produzidas.

A implantação e desenvolvimento de programas de melhoramento genético que conduzam a ganhos genéticos expressivos e duradouros devem atender a critérios específicos, como sugeridos por Ponzoni (2006):

- descrição ou desenvolvimento do sistema de produção: o programa de melhoramento deve ser conduzido em um ambiente o mais semelhante possível ao do sistema de produção em que os peixes serão cultivados;
- escolha da espécie, variedades e sistemas de cruzamento: aspectos relacionados ao estoque de reprodutores disponível, domínio das técnicas de produção e reprodução, adequação ao sistema de produção e interesse do mercado consumidor, são características essenciais na escolha das espécies e variedades;
- formulação do objetivo de seleção: definir o que se deseja melhorar no sentido de atender ao mercado consumidor. O objetivo de seleção está intimamente relacionado com o sistema de produção, pois é importante melhorar características que são relevantes no sistema de produção no qual os animais selecionados serão produzidos;
- definição dos critérios de seleção: eleger características que serão usadas para definir o mérito genético dos animais. Estas características devem ser de fácil mensuração, apresentar resposta à seleção e estar relacionada com o objetivo de seleção;
- delineamento do sistema de avaliação genética: definição da metodologia empregada na determinação do mérito genético dos animais a partir dos dados coletados;
- seleção dos animais e definição do sistema de acasalamento: refere-se à escolha de indivíduos que terão prioridade de acasalamentos. O acasalamento dos animais selecionados deve ser conduzido de forma que haja aumento no desempenho médio da

nova população, manutenção de variabilidade genética e dos ganhos genéticos durante várias gerações e controle do incremento da endogamia;

- desenho do sistema para expansão e disseminação dos estoques melhorados: deve permitir a chegada dos animais geneticamente superiores de forma rápida ao setor produtivo, intensificando o fluxo gênico entre os diferentes componentes do setor produtivo (Núcleo, Multiplicadores e Produtores);
- monitoramento e comparação de programas alternativos: estabelecer um sistema de avaliação do programa, de maneira que permita a checagem dos resultados, conduzindo a mudanças nos rumos, se necessário. Este procedimento é feito comparando-se o desempenho das progênes dos animais selecionados com a progênie de animais com desempenho médio utilizados como população-controle. A diferença no desempenho indicará a resposta à seleção obtida na geração anterior.

Os programas de melhoramento devem considerar a existência de diversos sistemas de produção e condições de manejo, as diferentes exigências de mercado para determinar quais são os objetivos de seleção e a forma como estes objetivos serão alcançados (características alvo).

### **Melhoramento Genético de Peixes**

A piscicultura nos próximos anos será desafiada a produzir de maneira mais eficiente, ou seja, melhorar as taxas de crescimento e eficiência de conversão alimentar, maior controle da reprodução e produzir animais geneticamente adaptados aos ambientes naturais de criação. Diante de tal cenário, a genética nos últimos anos está tendo uma revolução técnica e acadêmica na piscicultura, em que o monitoramento de populações naturais e de estoques mantidos em cativeiro mostra-se importante para conseguir ganhos expressivos na produção. Este procedimento é justificado em função da perda de variabilidade genética que ocorre no processo de estocagem dos animais que pode levar a alterações alélicas, podendo desencadear o aparecimento de endogamia e redução da adaptabilidade das espécies em ambientes naturais (LOPERA BARRERO, 2007).

O desenvolvimento de programas de melhoramento genético em peixes é realizado desde a década de 1970, inicialmente com salmões e trutas (Gall &

Cross,1978; Gjerde & Gjedrem,1984; Gjeren & Bentsen,1997; Kinghorn,1983; Refstie,1980), obtendo resultados, em termos de ganho genético similares aos de culturas tradicionais como, por exemplo, a variedade melhorada de salmão norueguês, com produção aumentada em mais de 60% e redução do custo médio de produção em mais de 65% de 1985 a 1995 e ainda mais recentemente em espécies tropicais como a tilápia e a carpa (Bentsen et al., 1998; Eknath et al., 1993; Eknath & Acosta, 1998; ICLARM, 2001; Ponzoni et al., 2007)

Para peixes tropicais, os programas de tilápias e carpas são considerados referência, o mais conhecido é o método de seleção para tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) pelo (antigo ICLARM) WorldFisch Center em 1990. Experiências mostram que o melhoramento genético pode proporcionar ganhos de 15% por geração (característica ganho em peso), em programas bem conduzidos (Ponzoni et al., 2005, Ponzoni et al., 2007, Eknath et al., 1993), sendo o intervalo de geração fator determinante nos incrementos anuais, dado que o tempo gasto pelas espécies para alcançar a maturidade sexual. Nos peixes brasileiros mais cultivados a maturidade sexual ocorre entre dois a três anos.

No Brasil, em 1980, ocorreu uma das tentativas de melhoramento genético envolvendo o Instituto de Pesca (SP), Codevasf e a Hungria, utilizando-se da ginogênese para obtenção de carpas húngaras altamente produtivas. Em 2005, foi introduzida a tilápia GIFT (Genetically Improved Farming Tilapia) pela Universidade Estadual de Maringá, sendo este evento o marco inicial efetivo do melhoramento genético de peixes no país.

## **Melhoramento Genético de peixes no Brasil**

Até muito recentemente, ainda não havia no Brasil nenhum programa de melhoramento genético de peixes estruturado que utilizasse métodos quantitativos consolidados, com controle individual de pedigree e avaliação genética por BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) (Santos, 2009). A inexistência deste tipo de ação caracteriza um sistema de produção de peixes, baseado no uso de espécies e linhagens não-melhoradas, ou melhoradas por seleção massal (por meio do fenótipo) e sem discriminação de acasalamentos endogâmico que pode levar ao uso de animais com

potencial produtivo menor ou igual aos animais disponíveis no ambiente natural (Ponzoni, 2006).

No início deste século, nos anos de 2002 e 2005, foram introduzidas duas linhagens resultantes de programas de melhoramento, a tilápia GenoMar Supreme (GST), produzida por uma empresa Norueguesa – Genomar e introduzida no Brasil pela piscicultura Aquabel e a tilápia GIFT (Genetically Improved Farmed Tilápia) - originária da Malásia, desenvolvida inicialmente pelo ICLARM (International Center for Living Aquatic Resources Management), atual WorldFish Center. A linhagem GIFT foi desenvolvida a partir de 20 anos de seleção, onde foram envolvidas quatro linhagens silvestres de tilápias capturadas em 1988-1989 no Egito, Gana, Quênia e Senegal, e quatro linhagens confinadas, introduzidas nas Filipinas de 1979 a 1984, de Israel, Singapura, Tailândia e Taiwan (BENTSEN, et al., 1998).

Foi, então, a partir de um convênio formado entre a Universidade Estadual de Maringá e o WorldFisch Center (Malásia), com apoio da Secretaria de Pesca e aquicultura (MPA), que em 2005 foram transferidas 30 famílias da linhagem GIFT de tilápia do Nilo, (com aproximadamente 20 indivíduos por família) para o Brasil, e assim se iniciou o programa de melhoramento genético de tilápias em Maringá – PR.

O foco de seleção neste programa é a taxa de crescimento, medida a partir do ganho em peso médio diário, entretanto, outras características são coletadas para incrementar o número de informações por animal, como por exemplo: medidas corporais e mortalidade a idade comercial. Em três anos de acasalamentos, o programa vem apresentando resultados que apontam ganhos genéticos da ordem de 6% dos animais produzidos em 2008, em relação à geração anterior (Santos, 2009).

Tamanha importância da tilápia para a cadeia produtiva brasileira que o programa de avaliação genética desta espécie foi incluído no projeto “Melhoramento de espécies aquícolas no Brasil”, da rede Aquabrasil, que tem o objetivo de promover o melhoramento genético de organismos aquáticos e disseminar para os produtores, animais superiores geneticamente. O manejo reprodutivo destes animais deve evitar ao máximo a endogamia e permitir o máximo de ganho genético por geração.

Diferenças nas condições de produção e as demandas específicas de mercado poderão conduzir ao desenvolvimento de linhagens melhoradas de tilápias, em que a velocidade de ganho em peso esteja associada com a característica de rendimento de



cortes, qualidade de carne, mortalidade, resistência a doenças, tolerância a condições adversas de cultivo, aspectos reprodutivos e também a maturidade sexual, conduzindo ao nascimento de diversos programas de melhoramento genético espalhados pelo Brasil, com produção de genótipos superiores para cada condição.

O investimento no programa de melhoramento genético de tilápias poderá apresentar resultados rapidamente, fornecendo informações técnico-científicas, auxiliando o sistema produtivo, conduzindo a incrementos de produtividade, como os observados nas cadeias produtivas dos bovinos, suínos e aves, tudo isto pelo curto ciclo de produção, rápido crescimento, precocidade sexual e a facilidade de reprodução em cativeiro.

A escolha de uma espécie de peixe para implantação de um programa de melhoramento genético é dependente do domínio das técnicas de produção e reprodução, da adequação às condições específicas de produção e de ambiente e da demanda do mercado consumidor. Dessa forma, o atendimento destes pré-requisitos poderá indicar uma espécie como potencial para implantação e estruturação de uma cadeia produtiva específica e, conseqüentemente, o estabelecimento de um programa de melhoramento genético (Ponzoni, 2006).

O Brasil possui espécies com grande potencial para produção de proteína animal de excelente qualidade, animais de estimação e pesca esportiva, porém um efetivo muito pequeno é explorado comercialmente (Godinho, 2007). O desenvolvimento de biotécnicas de reprodução impulsionou a produção de alevinos de espécies nativas, principalmente as de “piracema”, porém este aspecto por si não é suficiente para determinarmos as espécies potenciais para desenvolvimento de programas de melhoramento; há outros aspectos que devem ser observados, como as condições de produção e preferência e aceitação pelo mercado consumidor, conforme pontuado por Ribeiro e Legat (2009).

A partir disso, estão sendo organizados dois programas de melhoramento genético de espécies nativas, o Tambaqui (*Colossoma macropomum*) e o Cachara (*Pseudoplatystoma reticulatum*) nas regiões Norte e Centro-Oeste do país. Para estas espécies de piracema ou migradores de longa distância, que não se reproduzem em cativeiro, está sendo desenvolvido grande esforço no sentido de obter sêmen de machos que possam ser congelados e utilizados no processo de formação das famílias, o que

elimina/reduz dois grandes problemas: o transporte de reprodutores a longas distâncias (geralmente são grandes e de difícil transporte) e a sincronização do ato reprodutivo nem sempre fácil de obter quando se deseja fertilizar os ovócitos de uma fêmea com o sêmen de dois machos. Este procedimento é uma adaptação que está sendo desenvolvida e aplicada para as espécies reofílicas de interesse na piscicultura de espécies nativas.

### **Perspectivas para o Melhoramento Genético de Peixes no Brasil**

O melhoramento de peixes nativos está sendo implantado a partir de um esforço conjunto de várias instituições privadas e públicas. Em princípio, as ações são referentes ao projeto “Melhoramento de espécies aquícolas no Brasil”, componente da Rede Aquabrazil – Bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aquacultura no Brasil, resultado de parcerias entre a Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, diversas universidades e empresas privadas.

Pela grande importância da tilápia para a produção de peixes de água doce no país, fez com que o programa de avaliação genética desta espécie exótica, fosse incluído no projeto da Rede Aquabrazil. Como resultados desta ação, além da comercialização de reprodutores para alevinocultores de diversas regiões do país, estão sendo criados núcleos satélites em diferentes regiões do Brasil, sendo transferidas famílias de reprodutores para Recife – PE, Santana do Acaraguá e Santa Fé do Sul – SP, Sorriso – MT e Camboriú – SC.

Os núcleos satélites são formados por um conjunto de oito a 15 famílias, com cem representantes de cada família, na mesma proporção de sexos, oriundos do Núcleo Seleção do programa de melhoramento genético de tilápias do Nilo em Maringá - PR. O manejo reprodutivo e a forma de acasalamento dos animais do núcleo satélite devem evitar ao máximo a endogamia e permitir o máximo de ganho genético nas diferentes gerações. Estes núcleos satélites servem de locais de geração e multiplicação de indivíduos geneticamente superiores, permitindo o abastecimento dos alevinocultores de material genético de qualidade, atendendo às demandas locais com suas especificidades.

Pela demanda local e a existência de produtores de tilápias na maior parte dos estados brasileiros, e conseqüentemente, em diferentes situações climáticas que variam

do equatorial e subequatorial na região Norte ao subtropical na região Sul, passando pelo semiárido e tropical, apontando para necessidade de estudos e, possivelmente, o desenvolvimento de linhagens específicas para as diferentes regiões. Somado a isso, em cada região há diferentes sistemas de produção, maior potencialidade para exploração aquícola em tanques rede ou em tanques escavados, aumentando a complexidade de demandas por grupos genéticos específicos.

As demandas específicas de mercado e as diferentes condições de produção poderão conduzir ao desenvolvimento de linhagens melhoradas de tilápias, em que a velocidade de ganho de peso esteja associada com características de rendimento de cortes e qualidade de carne, com características relacionadas à mortalidade, resistência a doenças e tolerância a condições adversas de cultivo, bem com aos aspectos reprodutivos, como maturidade sexual. Estas ações poderão conduzir ao surgimento de diversos programas de melhoramento genético de tilápias espalhados pelo Brasil, produzindo genótipos superiores para cada condição.

Recentes trabalhos com informações provenientes do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá apontam que a seleção para ganho em peso médio diário (taxa de crescimento) conduzirá a ganhos genéticos para velocidade de crescimento, Oliveira et al. (2010), além de enfatizar a importância do entendimento e acesso às ferramentas mais eficientes para predição dos valores genéticos dos animais, substituindo práticas como seleção fenotípica por metodologias estatísticas consolidadas em que a utilização, em outras espécies têm conduzido a ganhos consistentes e duradouros, Oliveira et al. (2010).

Para as espécies nativas, a expectativa é de que nos próximos dois anos, com a realização das primeiras medições dos indivíduos produzidos a partir dos acasalamentos da população base e a organização dos Núcleos de Seleção de Cachara e Tambaqui, no Mato Grosso do Sul e Mato Grosso, respectivamente. Em função de peculiaridades das espécies, sistemas de produção e reprodução, a geração dos dados para primeira seleção utilizando informações individualizadas, terá a duração de pelo menos dois anos, a partir daí, com o acréscimo das informações de desempenho, de parentesco (resultante do controle dos acasalamentos), será possível aplicar as metodologias estatísticas consolidadas nas avaliações genéticas de bovinos de corte e leite, suínos e aves de forma a verificar, a partir dos resultados das primeiras avaliações genéticas, se o critério

de seleção utilizado (taxa de crescimento) produz indivíduos que atendam às exigências do mercado consumidor e prospectar espécies nativas com potencial para a implantação e desenvolvimento de programas de melhoramento genético, com o objetivo de ampliar o número de espécies nativas produzidas em escala industrial.

## Referências Bibliográficas

- Anuário da Pecuária Brasileira (ANUALPEC), 2007, p. 287-289.
- Bentsen, H.B. *et al.*, 1998. Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, Amsterdam, v.160, n. 1+9/2, p. 145-173.
- Eknath A. E., Tayamen M. M., Palada-Vera M. S., Danting J. C., Reyes R. A., Dionisio E. E., Capili J. B., Bolivar H. L., Abella T. A., Circa A. V., Bentesen H. B., Gjerde B., Gjedrem T. & Pullin R. W., 1993. Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments.
- Eknath, A.E. and Acosta, B.O., 1998. Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: Final Report, March 1998 to December 1997. International Center for Living Aquatic Resources Management, Makati City, Philippines.
- FAO-Food and Agriculture Organization of the United Nations. State of World Fisheries and Aquaculture. Roma: FAO Fisheries Department, 2008.
- Fitzsimmons, K., 2000. Future trends of tilapia aquaculture in the Americas *In*: Costa-Pierce, B.A.; Rakocy, J.E. *Tilapia Aquaculture in the Americas*. Baton Rouge: The World Aquaculture Society, v. 2, p.252-264.
- Gall G.A.E., Cross S.J., 1978. Genetic studies of growth in domesticated rainbow trout. *Aquaculture* v. 13, p. 225-234.
- Gjerde B., Gjedrem T., 1984. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. *Aquaculture* v.36, p.97-110.
- Gjoen H.M., Bentsen H.B., 1997. Past, present, and future of genetic improvement in salmon aquaculture. *ICES Journal of Marine Science*, v. 54, p. 1009-1014.

- Godinho, H.P., 2007. Estratégias reprodutivas de peixes aplicadas à aquicultura: bases para o desenvolvimento de tecnologias de produção. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*. 31(3): 351-360.
- KAMAL, A.H.M.; MAIR, G.C., 2005. Salinity tolerance in superior genotypes of tilapia, *Oreochromis niloticus*, *Oreochromis mossambicus* and their hybrids. *Aquaculture*, v.247, p.189- 201.
- Kinghorn B.P., 1983. A review of quantitative genetics in fish breeding. *Aquaculture*, v.31, p. 283-304.
- Kinghorn.VAN der Werf, J.; Ryan,M., 2006. *Melhoramento Animal: uso de novas tecnologias*. Piracicaba: FEALQ, 367p.
- Lopera-Barrero, N.M., R.P. Ribeiro, J.A. Povh., 2007. O repovoamento de peixes: uma estratégia multidisciplinar?. *Pesca & Aquicultura*, 30 (1): 71-74.
- Lovshin, L. L.; Cyrino, J. E. P 1998. Status of commercial fresh water fish culture in Brazil. In: *Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Peixes*. Piracicaba. *Anais... Piracicaba*: v. 2. CBNA, p. 1 – 20.
- Lovshin, L.L., 1997. Tilapia farming: a growing worldwide aquaculture industry. In: *Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Peixes*. Piracicaba. *Anais... Piracicaba*: v. 1., p.137-164.
- Oliveira, C.A.L.; Resende, K.E.; Legat, A.P.; Ribeiro, R.P., 2010. Melhoramento genético de peixes no Brasil, situação atual e perspectivas. XX Congresso Brasileiro de Zootecnia, Zootec , p. 237-249.
- Oliveira, S.N., Ribeiro, R.P., Oliveira, A.C.L., Kunita, N.M., Yoshida, G.M.,Castro, S.E., 2010. Estimativa de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de desempenho de Tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). *Anais VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal*, SBMA.
- Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Tana A,S.; Kamaruzzamana, N., 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) *Aquaculture*, 246:203-210.
- Ponzoni, R.W., 2006. 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 and dissemination programs. Malasia. WorldFish Center, p1-9.

Ponzoni, R.W.; Nguyen, N.H; Khaw, H.L., 2007. Investment appraisal of genetic improvement programs in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*. 268:187-199.

Ribeiro, R.P.; Legat, A.P., 2008. Delineamento de programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no Brasil. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 25p.

Santos, A.I., 2009. Interação genótipo-ambiente e estimativas de parâmetros genéticos em Tilapias (*Oreochromis niloticus*), 85p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Programa de Pós-Graduação em Zootecnia/Universidade Estadual de Maringá.

## PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESEMPENHO E MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*)

### RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de desempenho (peso e ganho em peso médio diário), para duas gerações de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*), linhagem GIFT pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá. Foram utilizados 3.918 animais, as análises unicarácter e bicarácter foram realizadas a partir do Modelo Animal utilizando Inferência Bayesiana por meio da aplicação do programa MTGSAM (Multiple Trait using Gibbs Sampler *in Animal Model*). O modelo proposto inclui os efeitos tanque-rede, geração e sexo, ambientes comum de larvicultura (random) e ambiente de alevinagem (nalev), além dos efeitos genéticos aditivos. Para as análises, utilizou-se o esquema de cadeia longa com 500.000 ciclos, descarte amostral de 50.000 ciclos e intervalos amostrais de dez ciclos. Para os efeitos de tanque-rede, ano de nascimento e sexo, considerou-se como tendo distribuição plana, para os efeitos genéticos aditivos e comuns de ambiente de larvicultura e alevinagem, assumiu-se as distribuições de qui-quadrado invertida para as análises unicarácter e gama invertida para as análises bicarácter. As estimativas de coeficiente de herdabilidade em análise unicarácter para peso, ganho em peso, comprimento total, comprimento-padrão, altura, largura e cabeça foram 0,15, 0,19, 0,23, 0,19, 0,17, 0,15 e 0,17, respectivamente. As correlações genéticas e fenotípicas encontradas foram de média a alta magnitude variando de 0,68 a 0,95. Os valores das correlações de Spearman e Pearson para as classificações dos valores genéticos das características morfométricas em relação à velocidade de ganho em peso oscilaram entre 0,58-0,98 a 0,63-0,99, respectivamente. Os valores de ganho genético, tamanho efetivo da população e coeficiente de endogamia para segunda geração (G2) foram de 2,6%, 94 e 0,005, respectivamente, e para a terceira geração (G3) foram de 8,1%, 124 e 0,004, respectivamente.

**Palavras-chave:** melhoramento genético, GIFT, seleção, peso, ganho genético

## GENETIC PARAMETERS FOR PERFORMANCE CHARACTERISTICS AND MORPHOMETRIC IN NILE TILAPIA (*Oreochromis niloticus*)

### ABSTRACT

The aim of this study was to estimate the (co) variance and genetic parameters for performance traits (weight and average daily weight gain) for two generations of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*), GIFT strain belonging to Breeding Program State University of Maringá. We used 3,918 animals, the univariate and bivariate were taken from the animal model using Bayesian inference by the application program MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampler using in Animal Model). The proposed model includes the effects cages, generation and gender, common hatchery environments (random) and nursery environment (nalev) in addition to additive genetic effects. For analysis, we used the scheme of the long chain of 500,000 cycles, discard sample of 50,000 cycles and sampling intervals of ten cycles. For the purposes of cages, year of birth and sex, it was considered as having flat distribution for the additive genetic and common environment hatchery and nursery, we have assumed the distribution of inverted chi-square for univariate and range reversed to the bivariate analysis. Estimates of heritability coefficient in univariate for weight, weight gain, total length, standard length, height, width and head were 0.15, 0.19, 0.23, 0.19, 0.17, 0, 15, and 0.17, respectively. The genetic and phenotypic correlations were found in medium to high magnitude ranging from 0.68 to 0.95. The values of Spearman and Pearson correlations for the ratings of the breeding value of morphometric features in the speed of weight gain ranged from 0.58 to 0.98 to 0.63 to 0.99, respectively. The values of genetic gain, the effective population size and inbreeding coefficient for the second generation (G2) were 2.6%, 94 and 0.005, respectively, and the third generation (G3) were 8.1%, 124 and 0.004, respectively.

**Keywords:** breeding, GIFT, selection, weight, genetic gain



## OBJETIVOS GERAIS

O objetivo do presente trabalho foi de estimar parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em gerações de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) utilizando análises unicarácter e bicarácter, para associar medidas de desempenho e morfométricas e combinar as informações de peso final e ganho em peso diário a fim de trabalhar com informações de cada geração separadamente G1 (geração 1) e G2 (geração 2) e também com informações G1 e G2, em conjunto.

### 1.0. INTRODUÇÃO

A tilápia do Nilo foi introduzida no Brasil, na cidade de Pentecostes (Ceará) no Departamento Nacional de Obras Contra as Secas (DNOCS) no início da década de 1970, provenientes de Bouaké, Costa do Marfim (África). A tilápia é cultivada desde a bacia do rio Amazonas até o Rio Grande de Sul. O interesse pelo cultivo desta espécie, no Sul e Sudoeste do país, vem crescendo anualmente. O Brasil ocupou o sexto lugar em produção mundial de tilápias em 2007 (Kubitza, 2007), e, em 2006, a produção de Tilápias representou 37% (71.253,5t) da produção aquícola continental (191.183,5t), (IBAMA, 2007).

A tilápia é, provavelmente, o mais importante peixe a ser cultivado no século XXI. A excelente combinação desta espécie quanto aos aspectos fisiológicos, biologia reprodutiva, rusticidade, plasticidade genética, desenvolvimento de linhagens domesticadas e sua comercialização, colocou-a à frente na aquicultura (FITZSIMMONS, 2000). A espécie de tilápia preferida para o cultivo é a *Oreochromis niloticus*, pelo seu rápido crescimento e sua coloração clara (LOVSHIN, 1997).

Em sistema de produção em tanques-rede, a tilápia do Nilo (*O. niloticus*) é a espécie mais utilizada, em razão de seus atributos, quando comparados aos de outras espécies de peixes. Grande parte da produção é destinada para atender à demanda industrial. A tilápia foi considerada uma espécie “mais próxima do ideal” para a aquicultura, pois é um alimento bastante aceitável ao paladar ocidental, porque ocupa

baixa posição na cadeia alimentar, o que reduz investimentos e a pressão nos estoques naturais (Cressey, 2009), já recebeu alguns apelidos como “galinha aquática” (Maclean, 1984) e “comida das massas” (ADB, 2005).

A intensificação do cultivo requer profissionalização da atividade, pois de modo geral, pressupõe aumento quanto aos riscos de produção e requer conscientização, principalmente no que se refere à variabilidade genética destes animais, pois a falta de seleção adequada e o número escasso de animais para a reprodução podem levar a um quadro de endogamia.

Apesar de a tilápia ser cultivada há várias décadas no Brasil, não há programas de melhoramento genético baseados em informações individuais e uso de métodos estatísticos para análise genética. Contudo, em 2005, a partir de um convênio entre a Universidade Estadual de Maringá (Maringá – PR) e o WorldFish Center (Malásia) foi realizada a transferência de 30 famílias da linhagem GIFT de tilápia do Nilo, iniciando assim o Programa de Melhoramento Genético em Maringá-PR.

A necessidade do conhecimento dos parâmetros genéticos para características de interesse econômico conduziu a realização deste trabalho que teve o objetivo de estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de desempenho (peso e ganho em peso médio diário), para duas gerações melhoradas, de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*), linhagem do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá.

## **2.0. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Conjunto de Dados**

O Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá teve início em 2005 com a importação de aproximadamente 600 animais de 30 grupos de irmãos completos de tilápia Nilótica da variedade melhorada GIFT, provenientes do ‘WorldFish Center’ - Malásia.

Os animais foram identificados por meio de “*Passive Integrated Transponder (PIT) tags*”, implantados na cavidade visceral. Os reprodutores foram alojados em hapas individuais em um tanque escavado coberto por estufa, evitando-se acasalamentos

endogâmico. Para os acasalamentos, foi realizada uma avaliação visual do estado de maturidade sexual das fêmeas.

Após a desova, as larvas foram coletadas separadamente de cada unidade de reprodução e transferidas para hapas de alevinagem com densidade padrão, cada hapa contendo um grupo de irmãos completos.

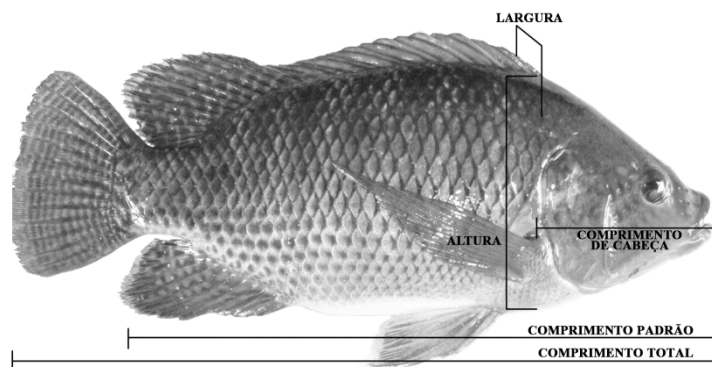
Quando os animais atingiram cerca de 15 g, identificaram-se 2.196 animais da geração dois (G2/2008) e 1.722 animais da geração 3 (G3/2009). Devidamente identificados, os peixes foram transportados para o rio do Corvo (Diamante do Norte) e cultivados em tanques-rede com 4 m<sup>3</sup> (2,0x 2,0 x 1,7 m) nas duas gerações. Os animais foram divididos em grupos, conectados geneticamente, de acordo com o número de tanques-rede utilizados tanto para G2, quanto para G3.

A população inicial (população G<sub>0</sub>) do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá foi formada por casais não-endogâmico na proporção um macho para uma fêmea, (animais provenientes da Malásia), gerando 32 famílias de irmãos completos. Em seguida, avaliou-se individualmente a progênie para então realizar a seleção de novos progenitores para a estação de acasalamento 2007/2008 (geração 1 G1), na proporção de um macho para duas fêmeas, resultando em 33 famílias de meio-irmãos e irmãos completos. A partir dos valores genéticos preditos foram selecionados os 180 melhores indivíduos, utilizados como reprodutores na estação de acasalamento 2008/2009 (geração 2 G2), originando 58 famílias de meio-irmão e irmãos completos. Da mesma maneira que em G2, formou-se a estação de acasalamento 2009/2010, que resultou em 78 famílias da geração 3 (G3).

Foram realizadas as análises de dados com a utilização de um conjunto de informações de aproximadamente 50 indivíduos por família, cultivados nos anos de 2008 (G2) e 2009 (G3), totalizando 3.918 animais. Foi considerada a matriz de parentesco com o *pedigree* de todos os animais gerados a partir dos exemplares vindos da Malásia, continham 5.600 animais. O critério de seleção utilizado foi ganho em peso médio diário (taxa de crescimento).

## **2.2. Coleta de dados e estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos**

Mensalmente, coletou-se de todos os peixes medidas de peso vivo (gramas), comprimento da cabeça (cm), largura (cm), altura (cm), comprimento total (cm) e comprimento-padrão (cm), Figura 1. Foram anotadas as informações de sexo, idade à pesagem, além das informações de identificação individual.



**Figura1:** Medidas corporais, tomadas de cada animal.

Para a análise dos dados, empregou-se um modelo animal que incluíram os efeitos genéticos aditivo, efeito comum de ambiente de larvicultura, efeito comum de ambiente de alevinagem e efeito residual, além dos efeitos de ambiente identificáveis fixos de tanque rede, ano de cultivo e de sexo. De onde surgiram os efeitos comuns de ambiente é importante explicar. Foram realizadas análises unicarácter e bicarácter para as duas gerações separadamente e também em conjunto (geração 1 e 2) combinando as informações de peso final e ganho em peso diário.

As análises foram implementadas no sistema computacional MTGSAM – (Multiple Trait using Gibbs Sampling in Animal Models), em que se consideraram os efeitos genéticos aditivos, comum de ambientes de larvicultura e alevinagem e residual, como tendo distribuição “a priori” normal para as análises unicarácter e bicarácter. Para os demais efeitos, considerou-se a distribuição “a priori,” como plano “flat prior”. Para os componentes de (co)variância, considerou-se a distribuição “a priori” qui-quadrado invertida e “wishard” invertida para as análises unicarácter e bicarácter, respectivamente.

Foi gerada uma cadeia de Gibbs de 500.000 ciclos sendo as amostras retiradas a cada 15 ciclos, após a eliminação dos 50.000 ciclos iniciais. Assim, foram obtidas 30.000 amostras dos componentes de variância, o que permitiu a obtenção das distribuições posteriores destes componentes em cada análise, bem como o

estabelecimento dos intervalos de credibilidade de 95%. A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio de análise gráfica e da utilização dos testes de diagnóstico de Heidelberg & Welch (1983), implementado na biblioteca CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis) versão 0.4, desenvolvido por Cowles et al. (1995), implantado no programa R (version 2.8.1 (2008-12-22)).

O modelo utilizado na forma matricial, está descrito abaixo:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + Z_3w + e, \text{ em que:}$$

$y$  é o vetor de observações;

$X$ ,  $Z_1$  e  $Z_2$  e  $Z_3$  são matrizes de incidência dos efeitos de ambiente identificáveis; efeitos genéticos diretos e de ambiente comum de larvicultura e de alevinagem, respectivamente;

$\beta$  é o vetor de efeitos de ambiente identificáveis;

$a$ ,  $c$ ,  $w$  e  $e$  são, respectivamente, os vetores de efeitos genéticos aditivos, de ambiente comum de larvicultura, de alevinagem e residual.

A distribuição conjunta de ‘ $y$ ,  $a$ ,  $c$ ,  $w$ ’ e ‘ $e$ ’ como segue

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ w \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2C & Z_3W & I_n\sigma_e^2 \\ GZ_1' & G & \phi & \phi & \phi \\ CZ_2' & \phi & C & \phi & \phi \\ CZ_3' & \phi & \phi & W & \phi \\ I_n\sigma_e^2 & \phi & \phi & \phi & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\};$$

$$\text{em que: } V = Z_1GZ_1' + Z_2CZ_2' + Z_3WZ_3' + R.$$

sendo, para as análises bicaracter,  $G = G \cdot \otimes A$ ,

em que:

$A$  é a matriz de parentesco;

$\otimes$  é o produto de Kronecker;

$G \cdot$  é a matriz de (co)variância genética aditiva :

$$G_* = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} \\ \sigma_{a_2a_1} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix};$$

$C = I_l \otimes C_*$ , em que:

$I_l$  é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos completos;  $C_*$  é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum de larvicultura, dada a seguir:

$$C_* = \begin{bmatrix} \sigma_{c_1}^2 & \sigma_{c_1c_2} & \Lambda & \sigma_{c_1cl} \\ \sigma_{c_2c_1} & \sigma_{c_2}^2 & \Lambda & \sigma_{c_2cl} \\ M & M & O & M \\ \sigma_{c_1c_1} & \sigma_{c_2c_4} & \Lambda & \sigma_{cl}^2 \end{bmatrix};$$

$W = I_m \otimes W_*$ , em que:

$I_m$  é a matriz identidade, de ordem igual ao número de hapas da estrutura de alevinagem, utilizado em cada ano.  $W_*$  é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum de alevinagem dada a seguir:

$$W_* = \begin{bmatrix} \sigma_{w_1}^2 & \sigma_{w_1w_2} & \Lambda & \sigma_{w_1wl} \\ \sigma_{w_2w_1} & \sigma_{w_2}^2 & \Lambda & \sigma_{w_2wl} \\ M & M & O & M \\ \sigma_{w_1w_1} & \sigma_{w_2w_4} & \Lambda & \sigma_{wl}^2 \end{bmatrix};$$

$$R = I_n \sigma_i^2$$

Em que,  $I_n$  é a matriz identidade, de ordem  $n$ , igual ao número de animais;  $\sigma_i^2$  é a variância residual ( $i =$  ambiente 1 e 2).

### 2.3. Estimação de Parâmetros Genéticos

O coeficiente de endogamia foi obtido utilizando o programa computacional MTGSAM. Para cálculo do ganho genético foi utilizada a fórmula descrita abaixo:

$$\Delta G = i\sqrt{b'Pb}$$

Em que:

$b$  = vetor, preditor

$P$  = matriz de (co)variâncias fenotípicas

$i$  = intensidade de seleção

$$i = \frac{S}{\sigma_p}$$

S= diferencial de seleção, dado por:

$$(\bar{Y}_s - \bar{Y}_p)$$

Em que:

$\bar{Y}$  é a média dos indivíduos seleccionados;

$Y$  é a média da população;

$\sigma_p$  = desvio-padrão fenotípico.

$$\Delta G = \frac{S}{\sigma_p} \cdot \sigma_p b$$

$$\Delta G = S \cdot b$$

$$\Delta G = (\bar{Y}_s - \bar{Y}_p) \cdot b$$

$$\Delta G = \bar{a}_s - \bar{a}_p$$

Uma vez que:

$$E(\bar{a}_p) = 0$$

Então:

$$\Delta G = \bar{a}_s$$

Ganho genético percentual:

$$\Delta G = \frac{\bar{a}_s \left( \frac{g}{dt} \right)}{\bar{x}_p \left( \frac{g}{dt} \right)} \cdot 100$$

Para estimar o tamanho efetivo da população, utilizou-se a seguinte expressão definida por Wrigth, 1931:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4Nm} + \frac{1}{4Nf}$$

Em que:

$N_e$  = tamanho efetivo da população;

$N_m$  = número de pais;

$N_f$  = número de mães.

Além do coeficiente de endogamia, do tamanho efetivo da população e do ganho genético, foram estimadas a herdabilidade no sentido restrito e as correlações genéticas e fenotípicas das características avaliadas.

Foram estimadas as correlações de Spearman para as classificações dos animais considerando os valores genéticos preditos nas análises bicarácter, para monitorar as diferentes classificações (ranking) ocupadas pelos indivíduos quando se altera a característica (altura, largura, comprimento total, comprimento-padrão, cabeça e peso). As correlações de Spearman e Pearson foram obtidas a partir dos valores genéticos preditos nas análises bicarácter, utilizando as gerações G1 e G2 em conjunto.

### 3.0. RESULTADOS

Os valores estimados das herdabilidades foram de 0,15 (peso) a 0,23 (comprimento total) (Tabela 1). A participação, nas diferenças genéticas herdáveis, para GPD, na variação total foi de média magnitude.

A diferença observada entre as médias posteriores das características não foi verificada nas estimativas intervalares, sendo coincidentes os intervalos de credibilidade das herdabilidades estimadas para as diferentes características.



**Tabela1.** Estimativas de parâmetros genéticos das características: peso, ganho em peso diário (GPD), comprimento total (CT), comprimento padrão (CP), altura (ALT-), largura (LAR) e cabeça (CAB), utilizando informação de duas gerações em conjunto (G1 e G2):

CARACT.	$\sigma^2p$	$h^2$	$c^2$	$w^2$
<b>Peso</b>	8220,85 (7679-8935)	0,15 (0,06-0,31)	0,03 (0,01-0,04)	0,07 (0,03-0,11)
<b>GPD</b>	0,1879 (0,17-0,21)	0,19 (0,067-0,38)	0,026 (0,013-0,044)	0,11 (0,062-0,18)
<b>CT</b>	4,068 (3,75-4,53)	0,23 (0,09-0,43)	0,023 (0,011-0,04)	0,05 (0,02-0,11)
<b>CP</b>	2,772 (2,57-3,04)	0,19 (0,07-0,38)	0,025 (0,01-0,04)	0,07 (0,03-0,12)
<b>ALT</b>	0,6097 (0,56-0,66)	0,17 (0,07-0,33)	0,024 (0,01-0,04)	0,06 (0,03-0,12)
<b>LAR</b>	0,1223 (0,11-0,13)	0,15 (0,07-0,29)	0,02 (0,01-0,03)	0,05 (0,03-0,10)
<b>CAB</b>	0,3089 (0,28-0,33)	0,17 (0,07-0,33)	0,02 (0,01-0,04)	0,07 (0,03-0,12)

$\sigma^2p$ = variância fenotípica;  $h^2$ = herdabilidade;  $c^2$ = ambiente comum de larvicultura;  $w^2$ = ambiente comum de larvicultura.

O ambiente comum de larvicultura ( $C^2$ ) apresentou menor importância relativa na variação total que o ambiente comum de alevinagem ( $W^2$ ). Observando-se variações de 0,02 a 0,03 e 0,05 a 0,11 para  $C^2$  e  $W^2$ , respectivamente.

Em se tratando de  $C^2$  não foi verificada diferenças entre as estimativas pontuais (médias posteriores). Para  $W^2$  o valor das médias posterior estimado para GPD foi duas vezes superior à importância relativa na variação total estimada para as características CT e LAR. Contudo, os intervalos de credibilidade das médias posteriores estimadas deste parâmetro para todas as características são coincidentes (Tabela 1).

Apesar de estimativas de baixa magnitude para  $C^2$  e  $W^2$  estes fatores devem ser mantidos nos modelos de análises uma vez que os intervalos de credibilidade não contêm o valor o zero, indicando pequena probabilidade de ocorrência de valores nulos para estes componentes. (Tabela 1).

As correlações fenotípicas variaram de 0,76 a 0,95. As características com menor associação foram comprimento de cabeça e largura. A maior correlação fenotípica estimada foi de 0,95 entre peso e ganho em peso (Tabela 2). As estimativas das correlações genéticas apontaram para mais forte associação genética entre os comprimentos total e padrão (0,97) e a mais fraca associação entre as características largura e tamanho de cabeça (0,68) (Tabela 2).

**Tabela 2.** Correlações genéticas (abaixo da diagonal), correlações fenotípicas (acima da diagonal) e herdabilidade média (diagonal), para as características morfométricas e de desempenho:

CARACT.	Peso	GPD	CT	CP	ALT	LAR	CAB
<b>Peso</b>	0.17	0.95 (0.94-0.95)	0.92 (0.90-0.93)	0.91 (0.90-0.93)	0.89 (0.88-0.90)	0.85 (0.83-0.86)	0.85 (0.83-0.87)
<b>GPD</b>	0.89 (0.78-0.95)	0.15	0.90 (0.88-0.91)	0.89 (0.88-0.90)	0.86 (0.85-0.88)	0.83 (0.81-0.84)	0.83 (0.86-0.88)
<b>CT</b>	0.84 (0.73-0.97)	0.9 (0.74-0.97)	0.23	0.97 (0.96-0.97)	0.87 (0.86-0.89)	0.80 (0.78-0.82)	0.87 (0.85-0.88)
<b>CP</b>	0.9 (0.73-0.97)	0.87 (0.70-0.95)	0.97 (0.92-0.99)	0.19	0.87 (0.85-0.88)	0.77 (0.77-0.82)	0.86 (0.85-0.87)

<b>ALT</b>	0.91 (0.77-0.970)	0.86 (0.66-0.95)	0.86 (0.64-0.94)	0.86 (0.62-0.95)	0.16	0.80 (0.78-0.82)	0.84 (0.82-0.85)
<b>LAR</b>	0.88 (0.72-0.93)	0.88 (0.62-0.95)	0.73 (0.44-0.90)	0.7 (0.41-0.88)	0.75 (0.51-0.89)	0.17	0.76 (0.73-0.78)
<b>CAB</b>	0.85 (0.63-0.95)	0.82 (0.63-0.95)	0.92 (0.79-0.97)	0.9 (0.73-0.97)	0.84 (0.61-0.95)	0.68 (0.38-0.87)	0.16

**GPD**= ganho em peso médio diário; **CT**= comprimento total; **CP**= comprimento padrão; **ALT**= altura; **LAR**= largura; **CAB**= comprimento da cabeça.

A característica largura apresentou estimativas de correlação genética inferiores a 0,8 quando associada com as características CT, CP, ALT e CAB e superior a 0,85 ao associá-la com peso e GPD (Tabela 2).

Considerando que o GPD foi utilizado como critério de seleção, foram observadas fortes associações genéticas e fenotípicas desta com as medidas morfométricas, com valores que variam de 0,82-0,90 e 0,83-0,95, para as correlações genéticas e fenotípicas, respectivamente (Tabela 2).

Em se tratando do processo de seleção dos animais, utilizando-se diferentes características como critério de seleção, observou-se variação nas correlações de postos das diferentes classificações possíveis. (Tabela 3).

Os valores da correlação de Spearman estimados indicam pequena alteração nos postos ao utilizar as características: ganho em peso diário e peso, como critérios de seleção. As comparações das classificações de ganho em peso diário com as demais apontaram que apenas para peso a correlação foi superior a 90%, para as demais características as correlações estimadas indicam alterações expressivas nos postos, principalmente para as características altura e tamanho de cabeça.

Verificou-se forte associação genética entre os valores genéticos preditos para as características peso com as demais, para ganho em peso diário as correlações de Pearson apontaram forte associação com peso, e valores que variam de 0.89 a 0.63, para as demais características mensuradas. A menor associação de ganho em peso diário foi verificada com a característica altura (Tabela 3), que concorda com os valores estimados para correlação de postos.

**Tabela 3.** Coeficiente de correlação de Spearman (acima da diagonal) e correlação de Pearson (abaixo da diagonal) entre características de desempenho e morfométricas:

	<b>Peso</b>	<b>GPD</b>	<b>CT</b>	<b>CP</b>	<b>ALT</b>	<b>LAR</b>	<b>CAB</b>
<b>Peso</b>		0,94	0,85	0,87	0,9	0,85	0,76
<b>GPD</b>	0,95		0,85	0,86	0,58	0,83	0,78
<b>CT</b>	0,88	0,88		0,98	0,86	0,66	0,94
<b>CP</b>	0,9	0,89	0,99		0,86	0,62	0,92
<b>ALT</b>	0,92	0,63	0,89	0,86		0,77	0,86
<b>LAR</b>	0,88	0,86	0,72	0,66	0,80		0,58
<b>CAB</b>	0,81	0,81	0,95	0,93	0,86	0,63	

**GPD**= ganho em peso médio diário; **CT**= comprimento total; **CP**= comprimento padrão; **ALT**= altura; **LAR**= largura; **CAB**= comprimento da cabeça.

O processo de seleção pode apresentar impactos na estrutura populacional, reduzindo o número de indivíduos acasalantes e aumentando a probabilidade de indivíduos aparentados se acasalem e conseqüente redução da variabilidade genética e da resposta à seleção.

Os ganhos genéticos estimados neste trabalho indicam incremento na resposta à seleção entre as gerações avaliadas. Os resultados expressos na Tabela 4 indicam que o ganho genético para a terceira geração superou o ganho da segunda geração. Verificou-se que o número efetivo foi alterado de forma positiva, aumentando de 94 para 124 de uma geração para outra. Além da redução do coeficiente de endogamia que passou de 0,005 na G2 para 0,004 na G3 (Tabela 4).

**Tabela 4.** Ganho genético ( $\Delta G$ ) para ganho em peso médio diário (GPD) em percentual, Número efetivo da população ( $N_e$ ), Coeficiente de endogamia ( $\Delta F$ ) e número de animais em cada geração:

<b>Geração</b>	<b><math>\Delta G</math> (%)</b>	<b><math>N_e</math></b>	<b><math>\Delta F</math></b>	<b>nº de animais</b>
<b>G2</b>	2,6	94	0,005	2196
<b>G3</b>	8,1	124	0,004	1730

---

#### 4.0. DISCUSSÃO

Programas de melhoramento genético podem incrementar a produtividade de espécies aquáticas (Gjedrem, 1998, 2000; Hulata, 2001). Em tilápias, o foco de seleção está quase que, exclusivamente, na taxa de crescimento, medida a partir do ganho médio diário, entretanto, outras características como medidas morfométricas, vem sendo coletadas e estudadas para incrementar o número de informações por animal, sendo possível identificar critérios de seleção alternativos à velocidade de ganho em peso total, a partir da estrutura de correlação genética entre medidas morfométricas, de peso e de ganhos em peso, nas diferentes idades. Podendo ocasionar o aumento na produtividade e na padronização do produto ofertado, em função da identificação e uso, como pais, de indivíduos geneticamente superiores. Várias pesquisas estão sendo realizadas para estudar o controle genético dos componentes de produtividade em tilápias fora do Brasil (Eknath & Acosta, 1998; Khaw et al., 2008; Nguyen, et al., 2007; Ponzoni et al., 2005; Rutten et al., 2005), percebe-se então a grande importância em estudos para as condições agroclimáticas no Brasil.

#### 4.1. Herdabilidades

As estimativas das herdabilidades obtidas neste trabalho, em análise uniaxial, foram inferiores quando comparados com o trabalho de Ponzoni et al. (2005). Porém, valores encontrados por Khaw et al., 2009, em diferentes ambientes de cultivo, foram semelhantes aos estimados neste trabalho para a característica peso.

As herdabilidades obtidas no presente estudo foram de 0,15 a 0,23 e próximas às encontradas na literatura em que os estudos utilizaram a metodologia REML (Máxima Verossimilhança Restrita) (Gall and Bakar,1999,2002; Rutten et al.,2005; Ponzoni et al.,2005; Charo-Karisa et al.,2005; Maluwa et al.,2006). Contudo, Bolivar e Newkirk (2002) encontraram valores de alta magnitude de herdabilidade (0,56) em tilápias do Nilo selecionadas pela taxa de crescimento.

Em trabalho com características morfométricas, Nguyen et al. (2007) obtiveram resultados de herdabilidade semelhantes para comprimento e altura sendo os valores estimados pelos autores 0,26 e 0,17 para comprimento e altura, respectivamente, enquanto neste trabalho para comprimento o valor estimado foi de 0,23 e para altura 0,17 (Tabela1).

As estimativas de  $C^2$  e  $W^2$  foram inferiores àquelas citadas por Ponzoni et al. (2005), que encontraram participação relativa na variação total de 0,15 para o ambiente comum materno para característica peso, porém há diferenças nos modelos estatísticos utilizados, enquanto Ponzoni et al. (2005) consideraram o efeito comum materno, pela utilização de incubação artificial. Neste trabalho foram considerados os efeitos comuns de larvicultura e alevinagem, pelas peculiaridades citadas anteriormente.

Entretanto, os resultados obtidos foram similares aos valores encontrados por Khaw et al. (2009) de 0,15 (spawning season), em análise unicaracterística. Os efeitos de ambiente comum de larvicultura e de alevinagem, considerados neste trabalho são equivalentes ao efeito de (spawning season), proposto nos trabalhos de Ponzoni et al.(2005) e Khaw et al.(2009). Somando as participações relativas dos efeitos comuns de larvicultura e alevinagem, temos 0,10 ( $c^2=0,03 + w^2=0,07$ ), o que podemos considerar menos distantes da literatura consultada. Valores da participação relativa do efeito comum de larvicultura de 0.11 foram estimados por Charo-Karisa et al. (2005) em tilápias, utilizando a metodologia REML.

Estes resultados demonstram que é importante utilizar estes fatores (ambiente comum de larvicultura e ambiente comum de alevinagem) no modelo para melhor entender a influência destes ambientes no resultado final de desempenho dos animais candidatos à seleção. O intervalo de credibilidade de 95% insere grande confiabilidade dos dados apresentados, nas suas respectivas médias “a posteriori” para todas as características estudadas. Para características morfométricas, o maior valor para herdabilidade em análise unicaracterística foi para comprimento total (CT) de 0,23 (0,09-0,43) e o menor valor de 0,15 (0,06-0,31) e 0,15 (0,07-0,29) para peso e largura, respectivamente.

As estimativas para herdabilidade de maneira geral apresentaram-se baixas, quando comparadas com outros trabalhos similares utilizando tilápias, porém deve-se levar em consideração o fato de se tratar de populações diferentes, mesmo pertencendo

à mesma espécie. Observa-se, também, que existe grande diferença ambiental entre a realidade deste estudo (região tropical) em relação aos demais citados (subtropical), bem como o sistema de produção, bastante diferente, enquanto se trabalhou com tanques-rede, em outras regiões, trabalharam com tanque de terra escavado.

#### **4.2. Correlações**

As correlações tanto genéticas quanto fenotípicas foram consideradas altas, sendo a maioria acima de 0,7 com exceção da correlação cabeça x largura que foi de 0,68. Os resultados encontrados foram similares aos estimados por Nguyen et al. (2007), sendo os valores para correlações fenotípicas entre peso e comprimento total e peso largura de 0,92 e 0,89, respectivamente. E para as correlações genéticas para peso x comprimento total e peso x largura de 0,84 e 0,91, respectivamente, similares às correlações encontradas por Nguyen.

A alta correlação encontrada entre as características, como por exemplo, peso x comprimento-padrão do presente estudo é similar aos resultados descritos na literatura, até mesmo para outras espécies como a truta arco-íris (Gunnes e Gjerdrem, 1981, Elvingson e Johansson, 1993), salmão do Atlântico (Gjerde e Gjerdrem, 1984) e mesmo para tilápias (Rutten et al., 2005). No presente trabalho, as correlações tanto genéticas como fenotípicas foram todas positivas (Tabela 2).

As correlações de Spearman e Pearson também foram altas indicando correlação entre as características estudadas, mantendo-se o ranking e a magnitude dos valores independente da seleção aplicada. Isto demonstra que pode existir resposta correlacionada, entre a característica alvo da seleção (GPD) e as demais características estudadas, uma vez que, para todas as análises de correlação, o parâmetro ganho em peso diário manteve-se alto (acima de 0,8) tanto para ordem (Spearman) quanto para sua magnitude e sentido de resposta – positivo (Pearson).

#### **4.3. Ganho Genético e Endogamia**

O ganho genético aumentou da G2 (0,041) para G3 (0,115), representando em percentual 2,6% G2 e 8,1% G3, indicando que a seleção realizada foi eficiente, sem depressão da variabilidade genética e sem aumento de endogamia. Este ganho de 5,5% por geração pode ser considerado baixo quando comparado a literaturas que apresentam como sendo de 10% a 20% o ganho esperado por geração (Gjedrem,2000). Também está abaixo dos valores estimados por Gall e Bakar (2002) de 40% em três gerações.

Porém, em se tratando de um programa de melhoramento genético em fase inicial, em que anteriormente nenhum tipo de seleção direcionada ao ganho genético havia sido aplicado, estes resultados, são considerados satisfatórios e de grande importância.

A relação entre seleção artificial e endogamia foi identificada como uma questão há várias décadas (por exemplo, Morley, 1954; Robertson, 1961) Os valores de  $N_e$  influenciam diretamente o incremento de endogamia; para o presente trabalho pode-se observar um número aceitável de animais reprodutores, que conseguiram manter de forma satisfatória o valor baixo de endogamia, passando de 0,005 na G2 para 0,004 na G3.

Um pequeno tamanho de população pode levar à endogamia e à deriva genética tornando programas de melhoramento genético insustentáveis em longo prazo. Além disso, a ocorrência de endogamia acarreta risco acrescido para o programa de melhoramento (Meuwissen, 1991). Em reprodução animal, o aumento da endogamia em 1% por geração é aceito sem grande prejuízo (Franklin, 1980).

Considerando-se a variação na resposta à seleção, Nicholas (1989) sugere que as taxas de endogamia de até 0,5% por geração (tamanho efetivo da população = cem) seria aceitável.

A taxa de endogamia encontrada no presente trabalho para a G2 de 0,005 e G3 de 0,004 está abaixo do limite sugerido na literatura por Franklin (1980) e Nicholas (1989). O valor de 94 para tamanho efetivo da G2 está acima do aceitável para tamanho efetivo da população em programas de melhoramento genético FAO (1998) e Hall (2004), que sugerem, no mínimo, um número efetivo da população de 50. Contudo, Smitherman e Tave (1987) sugerem tamanho efetivo da população para tilápias de cem a 150 animais, enquanto Bijma (2000) sugere valores de 50 a cem indivíduos. Neste contexto, Meuwissen (2007) também defende uma população mínima eficaz



de 50. Ponzoni et al. (2010) indicam que para uma ampla perspectiva genética, o tamanho efetivo da população deve ser mantido a um nível que permita: (i) a sustentabilidade do melhoramento genético e contenção da endogamia; (ii) adaptação da população às novas condições de cultivo, como mudanças ambientais ou de reprodução.

## **5.0. CONCLUSÕES**

Mediante os valores obtidos, pode-se afirmar que a seleção utilizada no Programa de Melhoramento Genético em Tilápias na Universidade Estadual de Maringá vem obtendo ganhos genéticos satisfatórios, com grande potencial e margem para crescimento para as próximas gerações, sem depressão da variabilidade genética, com aumento da herdabilidade para as características de interesse, com níveis de endogamia aceitáveis e número efetivo da população em valores consideravelmente suficientes para a continuidade do Programa.

## **AGRADECIMENTOS**

Os autores agradecem à Universidade Estadual de Maringá, ao grupo de pesquisa PeixeGen e ao CNPq.

## **REFERÊNCIAS**

- Asian Development Bank (ADB)., 2005. An impact evaluation of the development of genetically improvement farmed tilapia and their dissemination in select countries. Asian Development Bank, publication.
- Bijma, P., 2000. Long term genetic contributions: prediction of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. Ph.D. Thesis, Animal Breeding and Genetics Group, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.
- Bijma, P., Meuwissen, T.H.E., Woolliams, J.A., 2002. Design of sustainable breeding programs in developed countries. Proceedings of the 7th Congress on Genetics Applied to Livestock Production 33, 265–272.

- Bolivar R.B., Newkirk G.F., 2002. Response to within family selection for body weight in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) using a single-trait animal model. *Aquaculture* v.204, p. 371-381.
- Carvalho, F.I.F., Silva, S.A., Kurek, A.J.; Marchioro, V.S., 2001. Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção. Pelotas: UFPEL. 99p.
- Charo-Karisa H., Rezk M.A., Bovenhuis H., Komen H., 2005 Heritability of cold tolerance in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*, juveniles. *Aquaculture* v.249, p.115-12
- Cowles, K.; Best, N.; Vines, K., 1995. Convergence diagnosis and output analysis. Cambridge: MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40.
- Cressey, D., 2009. Future Fish: The only way to meet the increasing demand for fish is through aquaculture. *Nature*, vol.458.
- Eknath, A.E. and Acosta, B.O., 1998. Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: Final Report, March 1998 to December 1997. International Center for Living Aquatic Resources Management, Makati City, Philippines.
- Elvingson P., Johansson K., 1993. Genetic and environmental components of variation in body traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in relation to age. *Aquaculture* v. 118, p.191-204.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. Essex: Longman, 464p.
- Fitzsimmons, K., 2000. Future trends of tilapia aquaculture in the Americas *In*: Costa Pierce, B.A.; Rakocy, J.E. *Tilapia Aquaculture in the Americas*. Baton Rouge The World Aquaculture Society, v. 2, p.252-264.
- Food and Agriculture Organization (FAO), 1998. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. FAO, Rome, Italy. 215 p.
- Franklin, I.R., 1980. Chapter 8 Evolutionary change in small populations, p135–149. In: SOULE, M.E., WILCOX, B.A. (Eds.), *Conservation Biology*. Sinauer Associates Inc, Sunderland, Massachusetts, USA. 390 pp.
- Gall, G.A.E., Bakar, Y., 1999. Stocking density and tank size in the design of breed improvement programs for body size of tilapia. *Aquaculture*, v. 173, p. 197-205.

- Gall, G.A.E., Bakar, Y., 2002. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. *Aquaculture*. v.212, p. 93-113.
- Gjerde B., Gjedrem T., 1984. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. *Aquaculture* v.36, p.97-110.
- Gjedrem, T., 2000. Genetic improvement of cold-water species. *Aquaculture*. v.31, p.25-33.
- Gunnes K. Gjedrem T., 1981. A genetic analysis of body weight and length in rainbow trout reared in seawater for 18 months. *Aquaculture*, v. 24, p. 161-174.
- Hall, S.J.G., 2004. *Livestock Biodiversity: Genetic Resources for the Farming of the Future*. Blackwell Science Ltd., Oxford, UK. 269 pp.
- Heidelberg, P., and Welch, P.D., 1983. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research* 31:1109-1114.
- Khaw, H.L., Ponzoni, R.W. and Danting, M.J.C., 2008. 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*, 275:64-69.
- Khaw, H.L., 2009. Genetic analysis of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture* 294: 37-42
- Kubitza, F. 2007. O mar está pra peixe...pra peixe cultivado. *Panorama da Aquicultura*, março/abril.
- Lovshin, L.L., 1997. Tilapia farming: a growing worldwide aquaculture industry. In: *Simpósio Sobre Manejo e Nutrição de Peixes*. Piracicaba. *Anais...* Piracicaba: v. 1., p.137-164.
- Maclean, J.L., 1984. Tilapia – The aquatic chicken. *ICLARM Newsletter*, 7(1):17.
- Maluwa, A.O., Gjerde, B., Ponzoni, R.W., 2006. Genetic parameters and genotype by environment interaction for body weight of *Oreochromis shiranus*. *Aquaculture* 259: 47-55.
- Meuwissen, T.H.E., 2007. Chapter 8 Operation of conservation schemes. p. 167–194. In: Oldenbroek, K. (Ed.), *Utilisation and Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. Wageningen Academic Press Publishers, Wageningen, The Netherlands. 232 pp.

- Meuwissen T.H.E., 1991. Reduction of selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. *Biometrics* 47:195–203.
- Morley, F.H.W., 1954. Selection for economic characters in Australian Merino sheep. IV. The effect of inbreeding. *Australian Journal of Agricultural Research* 5, 305–316.
- Nguyen, H.N., Khaw, H.L., Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2007. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture* 272 S1, S38-S46.
- Nicholas, F.W., 1989. Chapter 29 Incorporation of new reproductive technology in genetic improvement programmes. In: Hill, W.G., Mackay, T.F.C. (Eds.), *Evolution and Animal Breeding*. CAB International, Wallingford, UK. 313 pp.
- Notter, D.R., 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science* 77, 61–69.
- Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247, 203-210.
- Ponzoni, R.W., Khaw, H.L., Nguyen H.N., Hamzah, A., 2010. Inbreeding and effective population size in the Malaysian nucleus of the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 302, 42-48.
- R version 2.8.1 (2008-12-22) Copyright (C) 2008 The R Foundation for Statistical Computing ISBN 3-900051-07-0
- Robertson, A., 1961. Inbreeding in artificial selection programmes. *Genetical Research* 2, 189–194.
- Rutten, M.J.M., Komen, H., Bovenhuis, H., 2005. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture* 246, 101-113.
- Smitherman, R.O., Tave, D., 1987. Maintenance of genetic quality in cultured tilapia. *Asian Fisheries Science* 1, 75–82.
- Wright, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16:97-159.

