

Resposta à seleção de características de desempenho e morfométricas de tilápia-do-nilo ao longo do período de cultivo

[*Selection response for performance and morphometrics traits of Nile tilapia along the culture period*]

G.M. Yoshida¹, C.A.L. Oliveira^{1*}, N.M. Kunita¹, S.N. Oliveira¹, L. Alexandre Filho¹, E.K. Resende², N.M. Lopera-Barrero³, R.P. Ribeiro¹

¹Universidade Estadual de Maringá – Maringá, PR

²Embrapa – Pantanal – Corumbá, MS

³Universidade Estadual de Londrina – UEL – Londrina, PR

RESUMO

Estudou-se a resposta à seleção para características de desempenho e morfométricas de tilápia-do-nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes períodos de cultivo. Realizaram-se análises unicaracter para todas as características estudadas e as análises bicaracter, associando-se o ganho de peso diário, mensurado em quatro biometrias, com as características morfométricas obtidas ao final do período de cultivo. As herdabilidades estimadas para peso vivo, altura e comprimento de cabeça foram mais altas em análises unicaracter do que as estimadas em análises bicaracter. Os valores de correlações genéticas, fenotípicas, Pearson e Spearman foram positivas e crescentes com o avanço da idade dos animais. As respostas à seleção indireta foram 87% mais altas que as obtidas pela resposta direta, indicando que a seleção pode ser realizada precocemente, utilizando como critério de seleção o ganho de peso diário total medido em biometrias intermediárias, sem apresentar perdas expressivas no ganho genético.

Palavras-chave: peixe, herdabilidade, correlação genética, ganho genético

ABSTRACT

The objective of this work was to study the selection response for performance and morphometrics traits in Nile tilapias (Oreochromis niloticus) in different measurements of farming. The one-trait analysis was performed for all traits studied and the two-traits analysis, were associated with the daily total weight gain in four measurement among performance and morphometrics traits in the fourth measurement. The heritabilities estimated for live weight, height and head length were higher in one-trait analysis than two-traits analysis. The genetic correlations, phenotypic, Pearson and Spearman among weight gain and all other measurements were higher along the farming. The indirect response was estimated at over 87% of direct response, which indicates that the selection may be performed early, using the daily total weight gain as selection criteria in intermediate measurement, without significant losses in genetic gain and contributing to reduction of cost production.

Keywords: fish, heritability, genetic correlation, genetic gain

INTRODUÇÃO

Atualmente a aquicultura é considerada a atividade produtiva de maior crescimento, apresentando evolução de 43,8% no período entre 2007 e 2009. Em se tratando da piscicultura, a produção de tilápias (*Oreochromis*

niloticus) é a que mais se destaca por ser a espécie mais numerosa, representando 39% do total de pescado proveniente da piscicultura continental, e por ser encontrada praticamente em todas as regiões do Brasil (Brasil, 2010).

Recebido em 17 de abril de 2012

Aceito em 24 de abril de 2013

*Autor para correspondência (*corresponding author*)

E-mail: caloliveira@uem.br

Em razão do elevado crescimento na produção, e buscando melhorias no desempenho produtivo de tilápia-do-nylo, há necessidade de se estabelecer critérios de seleção que sejam associados com a velocidade de crescimento, conversão alimentar, qualidade de carne, resistência a doenças e idade à maturação sexual (Gjedrem, 2000).

Considerando que os critérios de seleção podem ser diferentes dos usados para características de acasalamento (Ribeiro e Legat, 2008), Rutten *et al.* (2004) e Nguyen *et al.* (2010) estudaram o impacto no peso e no rendimento de filé utilizando o peso corporal e as características morfométricas como critérios de seleção em tilápia-do-nylo. No entanto, pouco são os trabalhos em que os animais são avaliados em diferentes idades no período de cultivo com o objetivo de estabelecer a seleção precoce e, ainda, apresentar ganhos indiretos para características de desempenho e morfométricas.

Assim, este trabalho teve o objetivo de estudar a resposta à seleção para características de desempenho e morfométricas de tilápia-do-nylo, linhagem GIFT, quando selecionadas a partir da velocidade de crescimento, medidas em diferentes períodos do ciclo de produção.

MATERIAL E MÉTODOS

O conjunto de dados utilizado nas análises foi cedido pelo Grupo PeixeGen, da Universidade Estadual de Maringá, e continha informações de 1.817 animais de 58 famílias de irmãos completos e meios-irmãos. O detalhamento do processo de formação das famílias e a identificação foram descritos em Santos *et al.* (2010). O período de cultivo foi de junho a outubro de 2009, na Unidade Demonstrativa de Produção de tilápia-do-nylo, em tanques-rede, no Rio do Corvo, localizado no Município de Diamante do Norte, PR (22°39'21" S e 52°51'36" W). Os animais foram alocados em dois tanques-rede com 6 m³ de volume (2x2x1,5m), onde havia representantes de todas as famílias em ambos os tanques.

Foram realizadas quatro biometrias, com intervalos aproximados de 30 dias, sendo mensuradas informações individuais de comprimento total (CT), comprimento padrão (CP), altura (ALT), largura (LAR), comprimento de cabeça (CAB), peso vivo, sexo e idade em cada biometria. Foi medido o ganho de peso diário de duas formas distintas: a primeira caracterizou o ganho de peso diário na última fase de cultivo (GPD), calculado pela diferença dos pesos pelo intervalo de dias entre a terceira e quarta biometria, e a segunda descreveu o ganho de peso diário acumulado (GPT), calculado pela divisão do peso vivo medido em cada biometria pela idade correspondente do animal. Isso resultou em quatro características: GPT1, GPT2, GPT3 e GPT4, referentes aos ganhos de peso diário até a primeira, segunda, terceira e quarta biometria, respectivamente.

Para estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, utilizou-se o modelo animal:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$$

em que y é o vetor de observações das características analisadas; β é o vetor dos efeitos ambientais identificáveis – sexo, tanque-rede e idade à biometria como covariável –; a , m , c e e são os vetores dos efeitos genético aditivo direto, ambiente comum de larvicultura – devido à manutenção dos animais com as mães desde a desova até o final da estação reprodutiva –, de ambiente comum de alevinagem – relativo ao manejo de manter representantes das famílias em hapas distribuídos em locais diferentes nos tanques de alevinagem – e do erro aleatório, respectivamente. As matrizes X , Z_1 , Z_2 e Z_3 referem-se às incidências dos efeitos ambiental identificável, genético aditivo direto, de ambiente comum de larvicultura e de ambiente comum de alevinagem, respectivamente. Admitindo-se que a , m , c e e possuem distribuição conjunta normal multivariada, tem-se:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} \phi \\ \phi \\ \phi \\ \phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & \phi & \phi & \phi \\ \phi & I_h \sigma_m^2 & \phi & \phi \\ \phi & \phi & I_c \sigma_c^2 & \phi \\ \phi & \phi & \phi & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\};$$

$$E(y) = X\beta; \text{Var}(y) = Z_1AZ_1'\sigma_a^2 + Z_2Z_2'\sigma_m^2 + Z_3Z_3'\sigma_c^2 + I_n\sigma_e^2;$$

em que A é a matriz de parentesco entre os animais; σ_a^2 é a variância genética aditiva direta; σ_m^2 , σ_c^2 e σ_e^2 são as variâncias dos efeitos de ambiente comum de larvicultura, de ambiente comum de alevinagem e residual, respectivamente; I_h é a matriz identidade de ordem h , sendo h igual ao número de famílias de irmãos completos; I_c é a matriz identidade de ordem c , sendo c igual ao número de hapas de alevinagem; I_n é a matriz identidade de ordem n , sendo n igual ao número de observações.

Para as análises bicaracter, tem-se: $G = A \otimes G_0$, em que G_0 é a matriz de variância genética das características; $P = I_h \otimes P_0$, em que P_0 é a matriz de variância relativa ao efeito de ambiente comum de larvicultura; $C = I_c \otimes C_0$, em que C_0 é a matriz de variância relativa ao efeito de ambiente comum de alevinagem; $R = I_n \otimes R_0$, em que R_0 é a matriz de variância e covariância residual. As matrizes G_0 , P_0 , C_0 e R_0 têm ordem dois nas análises bicaracter.

Nas análises unicaracter, foi utilizado o GPT calculado para todas as biometrias; para o GPD e características morfométricas, utilizaram-se as informações coletadas apenas na última biometria.

Nas análises bicaracter, utilizou-se a estratégia de combinar o GPT de diferentes biometrias com as informações das demais características coletadas no final do período de cultivo, permitindo a estimação da estrutura de associação entre as características, bem como as correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos preditos para cada característica.

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados procedendo-se à inferência bayesiana, por meio do sistema computacional MTGSAM – *Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models* (Van TASSEL e Van VLECK, 1995). Consideraram-se os efeitos genéticos aditivos, de ambiente comum de larvicultura, ambiente comum de alevinagem e residual, como tendo distribuição *a priori* normal para as análises unicaracter e bicaracter. Para os demais efeitos, considerou-se a distribuição *a priori* como plana *flat prior*.

Para os componentes de (co)variância, considerou-se a distribuição *a priori* qui-quadrado invertida e *wishard* invertida para as análises unicaracter e bicaracter, respectivamente. A partir dos componentes de (co)variância, realizaram-se análises uni e bicaracter, e estimaram-se a herdabilidade, a participação relativa dos ambientes comuns de larvicultura (C^2) e de alevinagem (W^2) na variação total e as correlações genéticas e fenotípicas.

As distribuições posteriores para os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram obtidas utilizando, inicialmente, 500.000 ciclos, e aumentados até que fosse atingida a convergência, e retiradas amostras a cada 10 ciclos, após a eliminação dos 50.000 ciclos iniciais.

Para avaliar a convergência das cadeias geradas, utilizou-se o teste de HEIDELBERGER & WELCH, descrito por Cowles *et al.* (1995), usando-se a biblioteca CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementada no programa R (version 2.12.0).

A partir das amostras geradas no programa computacional MTGSAM, estimaram-se a média *a posteriori* e os intervalos de credibilidade de 95%.

Adicionalmente, calcularam-se as respostas esperadas à seleção direta para GPT em todas as biometrias; GPD e características morfométricas, na última biometria. Estimaram-se as respostas indiretas à seleção para GPT4, GPD e morfométricas, ao selecionar-se para GPT1, GPT2, GPT3 e GPT4.

Com intuito de verificar a associação da seleção precoce com a seleção ao final do período de cultivo, calculou-se a eficiência de seleção indireta – realizada precocemente – e direta – ao final do período de cultivo – para todas as características.

A resposta à seleção direta padronizada para o desvio padrão genético aditivo foi calculada como $R_{x_p} = \left[\frac{(\bar{a}_m + \bar{a}_f)}{2} - \bar{a}_p \right] / \sigma_{a_x}$, em que: x =

característica sob seleção direta; \bar{a}_m = média do valor genético dos machos selecionados; \bar{a}_f = média do valor genético das fêmeas selecionadas; \bar{a}_p = média do valor genético da população e σ_{a_x} = desvio padrão genético aditivo. A resposta à seleção indireta padronizada para o desvio-padrão genético aditivo foi calculada como $R_{(YX)_p} = R_{x_p} \cdot r_{a_x a_y}$, em que: y = característica sob seleção indireta e $r_{a_x a_y}$ = correlação genética entre a característica x e y. A eficiência de seleção indireta foi calculada como $R_{(YX)_p} / R_{x_p}$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores de herdabilidade estimados para a característica GPT ao longo do período de cultivo variaram de 0,169 a 0,117 em análise unicaracter e de 0,196 a 0,128 nas análises bicaracter (Tab. 1). Tais estimativas apresentaram comportamento decrescente até a terceira biometria e acréscimo na última biometria, indicando redução da participação relativa das diferenças genéticas aditivas na variação total ao longo do período de cultivo.

Para as estimativas de herdabilidade das características GPD, CT, CP e LAR, observou-se que os valores foram maiores em análises bicaracter, quando comparadas com as análises unicaracter; para as características PESO, ALT e CAB, foi observado comportamento contrário

(Tab. 1). No entanto, as estimativas de herdabilidade em análise bicaracter estão contidas nos intervalos de credibilidade desses parâmetros em análises unicaracter, indicando que ambas as estimativas têm elevada probabilidade de representar um único valor.

Em estudos de estimação de parâmetros genéticos, cujo objetivo era selecionar para características de filé baseado em mensurações corporais, de tilápias-do-nylo, e utilizando metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita, Rutten *et al.* (2005a) encontraram valores de herdabilidade para as características peso corporal, comprimento padrão, comprimento de cabeça, altura e largura variando de 0,25 a 0,27. Esses valores são mais altos que os encontrados no presente trabalho, tanto em análises unicaracter como em análises bicaracter. Tais diferenças podem ter ocorrido em razão de os autores terem utilizado sistema fechado de recirculação, alta densidade e alimentação com alta proporção de proteína bruta para o cultivo dos animais, o que reduziu, assim, as diferenças ambientais, diferentemente do presente trabalho, em que houve maior indicação da participação dos efeitos ambientais não identificáveis.

Quando estimados os efeitos comuns de ambiente em análises unicaracter, observou-se que a participação relativa da variação atribuída ao ambiente comum de larvicultura (C^2) para a característica GPT permaneceu constante ao longo do período de cultivo, ao passo que, para o ambiente comum de alevinagem (W^2), os valores apresentaram redução com o avanço da idade dos animais (Tab. 1).

Ao estimar os efeitos ambientais para as características estudadas na quarta biometria, verificou-se maior participação relativa do efeito comum de larvicultura na variação total quando comparado com o ambiente comum de alevinagem, assumindo valores entre 0,038 e 0,060 para C^2 , enquanto para W^2 os valores não ultrapassaram 0,044 (Tab. 1). Tal comportamento pode estar relacionado às diferentes causas de variação contidas no efeito comum de larvicultura, pois neste estão incluídos os efeitos do número de alevinos produzidos, a diferença no cuidado parental e o tempo de permanência junto à mãe.

Resposta à seleção...

Tabela 1. Herdabilidades, efeito do ambiente comum de larvicultura (C²) e alevinagem (W²) para ganho em peso diário total em todas as biometrias e as características de desempenho e morfométricas na quarta biometria.

CARC.	h ^{2*}	h ^{2**}	C ²	W ²
GPT1	0,196	0,169 (0,04 - 0,33)	0,052 (0,01 - 0,13)	0,044 (0,02 - 0,09)
GPT2	0,170	0,149 (0,04 - 0,30)	0,057 (0,01 - 0,13)	0,029 (0,01 - 0,06)
GPT3	0,128	0,117 (0,04 - 0,25)	0,056 (0,02 - 0,12)	0,024 (0,01 - 0,05)
GPT4	0,135	0,127 (0,06 - 0,27)	0,059 (0,02 - 0,12)	0,023 (0,01 - 0,05)
PESO	0,110	0,118 (0,04 - 0,25)	0,060 (0,02 - 0,12)	0,025 (0,01 - 0,05)
GPD	0,142	0,130 (0,04 - 0,26)	0,048 (0,01 - 0,11)	0,019 (0,008 - 0,04)
CT	0,130	0,118 (0,04 - 0,24)	0,046 (0,01 - 0,10)	0,022 (0,01 - 0,05)
CP	0,124	0,114 (0,04 - 0,23)	0,044 (0,01 - 0,09)	0,021 (0,009 - 0,04)
ALT	0,110	0,111 (0,04 - 0,23)	0,042 (0,01 - 0,09)	0,026 (0,01 - 0,05)
LAR	0,103	0,097 (0,03 - 0,20)	0,038 (0,01 - 0,08)	0,019 (0,008 - 0,04)
CAB	0,081	0,088 (0,03 - 0,19)	0,040 (0,01 - 0,08)	0,032 (0,01 - 0,06)

(*) Herdabilidade das análises bicaracter; (**) herdabilidade das análises unicaracter. CARC: característica; GPT1, GPT2, GPT3, GPT4: ganho em peso diário total na primeira, segunda, terceira e quarta biometria, respectivamente; PESO: peso vivo; GPD: ganho em peso diário; CT: comprimento total; CP: comprimento padrão; ALT: altura; LAR: largura; CAB: comprimento de cabeça.

Dessa forma, observa-se que o prolongamento do período de cultivo (Rutten *et al.*, 2005b) e a alocação dos animais nos hapas de alevinagem de forma adequada podem minimizar o impacto desse efeito. Porém, devem ser tomadas medidas para reduzir a participação relativa do ambiente comum de larvicultura na variação total das características medidas. A utilização da incubação artificial pode ser uma prática eficaz para promover tal redução, uma vez que as diferenças ambientais no período larval resultam em diferenças no desempenho dos animais em idades próximas ao abate.

Ao associar o GPT, ao longo do período de cultivo, com as características mensuradas na quarta biometria, observou-se que os valores de correlação genética e fenotípica aumentaram com as biometrias. Porém, para a característica largura, as estimativas de correlação genética não apresentaram alterações de acordo com as fases de cultivo (Tab. 2), com valores próximos a 0,80, indicando ganhos indiretos para essa característica, ao proceder à seleção para ganho de peso diário total em qualquer uma das fases.

A característica GPD associada às características GPT1, GPT2 e GPT3 apresentaram pequena associação genética, com variação de 0,429 a 0,694. Esses resultados evidenciaram que o ganho de peso diário dos animais na última fase de cultivo foi pouco influenciado pelo ganho de peso diário acumulado nas diferentes biometrias, e essas características podem ser controladas por grupos de genes diferentes ou cuja expressão ocorre em períodos diferentes.

Ao associar o GPT2 e GPT3 com as características de desempenho e morfométricas mensuradas na última biometria, verificou-se que as correlações genéticas apresentaram valores acima de 0,76 e 0,81 para a segunda e terceira biometria, respectivamente, indicando forte associação do critério de seleção medido precocemente com as características relacionadas com a forma dos animais. Tais valores demonstram que a seleção dos animais pode ser realizada precocemente, contribuindo com a redução do intervalo de gerações e, consequentemente, aumento do ganho genético anual (Tab. 2).

Tabela 2. Correlações genéticas, fenotípicas, de Pearson e Spearman entre a característica ganho em peso diário total em todas as biometrias (B) e as características de desempenho e morfométricas na quarta biometria

	B	GPT	PES	GPD	CT	CP	ALT	LAR	CAB	B	GPT	PES	GPD	CT	CP	ALT	LAR	CAB
	Correlações genéticas									Correlações fenotípicas								
Ganho em peso diário total	1	0,767	0,794	0,429	0,716	0,777	0,740	0,815	0,585	1	0,821	0,821	0,487	0,780	0,770	0,762	0,632	0,711
	2	0,843	0,854	0,528	0,761	0,811	0,821	0,786	0,687	2	0,898	0,889	0,570	0,849	0,833	0,836	0,689	0,781
	3	0,927	0,903	0,694	0,860	0,883	0,863	0,812	0,787	3	0,955	0,955	0,641	0,901	0,881	0,892	0,730	0,833
	4	1,00	0,980	0,848	0,891	0,897	0,909	0,801	0,828	4	1,00	0,993	0,828	0,899	0,883	0,909	0,742	0,850
	Correlações de Pearson									Correlações de Spearman								
1	0,814	0,810	0,478	0,727	0,770	0,782	0,718	0,672	1	0,775	0,773	0,437	0,713	0,757	0,738	0,750	0,634	
2	0,894	0,889	0,580	0,804	0,836	0,854	0,772	0,755	2	0,869	0,866	0,555	0,792	0,824	0,825	0,813	0,720	
3	0,967	0,966	0,702	0,885	0,906	0,921	0,813	0,854	3	0,967	0,965	0,711	0,889	0,910	0,911	0,868	0,831	
4	1,00	0,995	0,859	0,896	0,909	0,941	0,804	0,869	4	1,00	0,998	0,859	0,915	0,923	0,940	0,864	0,875	

GPT: ganho em peso diário total; PES: peso vivo; GPD: ganho em peso diário; CT: comprimento total; CP: comprimento padrão; ALT: altura; LAR: largura; CAB: comprimento de cabeça.

Não foram encontrados estudos sobre correlações genéticas e fenotípicas entre ganho de peso diário com características morfométricas, mas alguns trabalhos, como o realizado por Rutten *et al.* (2005), ao utilizarem a característica peso corporal medido em cinco fases diferentes do período de cultivo de tilápia-do-nilo, indicaram aumento da associação genética com a proximidade das mensurações. Santos *et al.* (2011) verificaram baixa correlação genética ao associar o peso corporal de tilápia-do-nilo no início e no final do período de cultivo – comportamento semelhante ao observado neste trabalho.

Para todas as características, observou-se que as correlações de Pearson e Spearman foram positivas e crescentes à medida que as mensurações do GPT se aproximaram da quarta biometria, e assumiram valores acima de 0,70 e 0,80 na segunda e terceira biometria, respectivamente, para todas as características mensuradas, com exceção de GPD (Tab. 2).

As estimativas de correlações de Pearson dos valores genéticos confirmaram os valores

encontrados para as correlações genéticas. Os altos valores de correlação de Spearman indicaram pequena variação na classificação dos animais, de maneira que a maioria dos animais selecionados na quarta biometria também o seriam se a seleção fosse realizada em biometrias anteriores. Esses resultados comprovaram que a seleção dos animais pode ser realizada precocemente e pode apresentar ganhos indiretos para as características morfométricas, em razão da alta correlação genética e da pequena alteração no *ranking* dos animais, quando se utilizam informações de ganho de peso diário total coletadas na segunda ou terceira biometria.

Considerando que a seleção dos animais para compor o plantel de reprodução foram realizadas as informações de GPT na quarta biometria, ao comparar a seleção direta para essa característica com a seleção direta para as características GPD e morfométricas, observou-se que apenas para GPD os valores da resposta direta à seleção padronizada foi maior que para GPT (Tab. 3), em razão do maior valor de herdabilidade de GPD, quando comparada com as demais características.

Resposta à seleção...

Tabela 3. Respostas à seleção direta, indireta e eficiência de seleção indireta entre ganho em peso diário total em todas as biometrias (BIO) e as características de desempenho e morfométricas na quarta biometria

	GPT	PESO	GPD	CT	CP	ALT	LAR	CAB
Seleção direta	0,275	0,264	0,278	0,233	0,230	0,236	0,205	0,200
GPT	Seleção Indireta							
1	0,260	0,269	0,145	0,243	0,263	0,251	0,276	0,198
2	0,260	0,260	0,161	0,232	0,247	0,250	0,240	0,209
3	0,242	0,230	0,177	0,219	0,225	0,220	0,207	0,201
4	0,275	0,270	0,233	0,245	0,247	0,250	0,220	0,228
GPT	Eficiência de seleção indireta (%)							
1	94,39	101,73	52,35	104,05	114,26	105,96	134,62	98,98
2	94,60	98,45	57,86	99,48	107,25	105,70	116,85	104,61
3	88,08	87,23	63,72	94,12	97,84	93,05	100,98	100,28
4	100,00	102,12	84,04	105,23	107,20	105,84	107,51	113,88

GPT: ganho em peso diário total; PESO: peso vivo; GPD: ganho em peso diário; CT: comprimento total; CP: comprimento padrão; ALT: altura; LAR: largura; CAB: comprimento de cabeça.

Ao observar a razão da resposta indireta da seleção para as características de desempenho e morfométricas ao selecionar para GPT4, verificou-se que apenas o GPD não apresentou resposta indireta mais alta à direta, indicando que o ganho de peso diário total, além de promover ganho genético para velocidade de crescimento, produz resposta à seleção das características morfométricas mais altas que as obtidas ao utilizar as próprias características como critério de seleção (Tab. 3).

A seleção indireta para a característica GPD apresentou estimativas entre 52,3 e 84% da seleção direta, e os baixos valores são resultantes da baixa associação genética entre GPD e critério de seleção (Tab. 2). Essa distorção de valores, quando comparada com as demais características estudadas, pode ser justificada pelo fato de o GPD retratar uma situação momentânea, ou seja, o GPD mostra o desempenho apenas no último período de cultivo, enquanto as demais características são cumulativas. Além disso, é

CONCLUSÃO

A antecipação na seleção dos animais pode trazer benefícios para o Programa de Melhoramento Genético de tilápias-do-nylo, decorrentes da

possível que as diferenças nas respostas à seleção apontem a existência de interação genótipo x ambiente, evidenciada na pequena associação genética, principalmente na primeira e segunda biometria, e expressa nas diferentes classificações para essa característica (Tab. 2).

Quando realizada a seleção precoce na segunda e terceira biometria, utilizando GPT como critério de seleção, observou-se que as respostas indiretas para as características de desempenho e morfométricas medidas no final do período de cultivo foram superiores a 87% da resposta direta (Tab. 3). Esses resultados indicam que, ao realizar a seleção precocemente, a resposta indireta para todas as características morfométricas seria semelhante à seleção direta, provavelmente em razão das estimativas de correlação genética entre as características estudadas e os valores de herdabilidade dos critérios de seleção, evidenciando pequena perda no ganho genético.

redução do intervalo de gerações, aumento do ganho genético anual e, sobretudo, pode reduzir os custos referentes à mão de obra na realização das biometrias e na produção dos animais.

REFERÊNCIAS

- BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. Produção pesqueira e aquícola – Estatística 2008 e 2009. p.12-17, 2010.
- COWLES, M.K.; BEST, N.; VINES, K. Convergence diagnostics and output analysis. MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40. 1995.
- GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquacult. Res.*, v.31, p.25-33, 2000.
- NGUYEN, N.H.; PONZONI, R.W.; ABUBAKAR, K.R. *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*, v.305, p.1-5, 2010.
- RIBEIRO, R.P.; LEGAT, A.P. Delineamento de programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no Brasil. In: Documentos/Embrapa Meio-Norte, ISSN 0104-866X 184, p.25, 2008.
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v.246, p.101-113, 2005a.
- RUTTEN, M.J.M.; KOMEN, H.; BOVENHUIS, H. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, 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*, v.246, p.101-113, 2005b.
- SANTOS, A.I.; RIBEIRO, R.P.; VARGAS, L. *et al.* Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. *Pesqu. Agropecu. Bras.*, v.46, p.33-43, 2011.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK D.L. A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture Research Service, 1995. p.86.