

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Estimativas de parâmetros genéticos para características morfométricas de tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*)¹

Emilia de Paiva Porto², Carlos Antonio Lopes de Oliveira³, Elias Nunes Martins³, Sheila Nogueira Oliveira⁴, Natali Miwa Kunita⁴, Ricardo Pereira Ribeiro³

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM)/Maringá-PR e Professora do Departamento de Veterinária e Produção Animal - Universidade Estadual do Norte do Paraná (UENP), Bandeirantes – PR, e-mail: emilia@uenp.edu.br

³Professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM)/Maringá-PR

⁴Alunas do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia - Universidade Estadual de Maringá (UEM)/Maringá-PR

Resumo: Objetivou estimar parâmetros genéticos para peso, largura e altura ao final do período de cultivo de tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*) do programa de melhoramento genético de tilápias no estado do Paraná, através da inferência bayesiana. Os valores de herdabilidades estimados para peso, largura e altura, ao longo período de seleção, foi entorno de 30%, a participação do efeito comum de ambiente materno de larvicultura variou de 7% a 14%, e o efeito comum de ambiente de alevinagem foi de aproximadamente 3% para as características. Sendo assim essas características podem ser exploradas por meio de seleção e a inclusão do ambiente comum de alevinagem e larvicultura nos modelos estatísticos, permite estimativas mais precisas dos componentes de variância de ordem genética e aumenta a acurácia dos valores genéticos.

Palavras-chave: GIFT, herdabilidade, inferência bayesiana

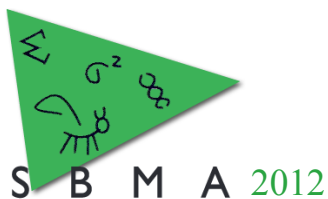
Estimates of genetic parameters for morphometric characteristics of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Abstract: Aimed to estimate genetic parameters for weight, width and height at the end of the period of cultivation of Tilápis do Nilo (*Oreochromis niloticus*) of the tilapia genetic improvement program of Parana state through Bayesian inference. The heritability values estimated for weight, width and height, during the period of selection, was around 30%, the participation of the common effect of the maternal environment of larvae ranged from 7% to 14%, and common environmental effect of fingerlings was approximately 3% to characteristics. Thus, these features can be exploited by selection and the inclusion of the environment common of fingerlings e larvae, in statistical models, allows more precise estimates of variance components of genetic order and increases the accuracy of genetic values.

Keywords: GIFT, heritability, Bayesian inference

Introdução

A produção de tilápias do nilo, segundo MPA (2010), representa 39% da produção da piscicultura continental brasileira, sendo o peixe cultivado de maior importância. Apesar disso, não existem, até recentemente, programas de melhoramento genético baseados na informação individualizada e no uso de avaliação genética com base em metodologias estatísticas já aplicadas em outras cadeias produtivas. De maneira que a qualidade do material genético disponibilizado para setor produtivo é completamente desconhecida (Oliveira et al, 2010). As ações de melhoramento genético de tilápias são, na maior parte dos casos, calcadas na introdução de material genético, cruzamentos inter e intra-específicos e seleção fenotípica (Resende et al., 2010). Contudo, a partir de um convênio entre a Universidade Estadual de Maringá e o WorldFish Center, como apoio da SEAP – Secretaria Especial de Aquicultura e Pesca – atual Ministério de Pesca e Aquicultura (MPA), foi realizada, em 2005, a transferência de 30 famílias da linhagem GIFT de Tilápia-do-Nilo, a partir das quais se iniciou o programa de melhoramento genético de tilápias do Nilo em Maringá - PR, em que objetivo é incrementar a velocidade de crescimento, utilizando-se como critério de seleção a característica ganho médio diário. No entanto, outras



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

características, como medidas corporais e mortalidade à idade comercial, têm sido coletadas para possível utilização posterior no programa (Oliveira et al, 2010).

Com a realização deste trabalho se objetivou estimar parâmetros genéticos para peso, largura e altura ao final do período de cultivo de tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*) do programa de melhoramento genético de tilápias no estado do Paraná.

Material e Métodos

Foram utilizadas as informações das características, peso (PE), largura (LA), altura (AL) ao final do período de cultivo de tilápias do nilo, cultivadas em sistema de tanques-rede, no período de 2007-2010.

O conjunto de dados utilizado nas análises foi cedido pelo Grupo PeixeGen da Universidade Estadual de Maringá e continha informações de 6650 animais, sendo preditos os valores genéticos de 8590 animais. O número de famílias foram 33, 58 e 78, e de animais 2196, 1721, 2733 para os anos de 2008, 2009 e 2010, respectivamente.

Para estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos utilizou-se o seguinte 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 a biometria como covariável); a , m , c e e são os vetores dos efeitos genéticos aditivos diretos, efeito ambiente comum larvicultura (devido à manutenção dos animais com as mães desde a desova até o final da estação reprodutiva), efeito de ambiente comum de alevinagem (relativo ao manejo de manter representantes das famílias em hapas distribuídos em locais diferentes nos tanques de alevinagem) e dos erros aleatórios, respectivamente. As matrizes X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são referentes às incidências dos efeitos ambientais identificáveis, genéticos aditivos diretos, de ambiente comum de larvicultura, de ambiente comum de alevinagem, respectivamente.

Os efeitos ambientais identificáveis considerados nas análises foram anos de cultivo, tanques rede e como covariável a idade. Considerou-se neste modelo o efeito de sexo como fonte de variação.

Para estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos da característica, bem como prever os valores genéticos dos animais para a característica, foram utilizados procedimentos bayesianos, utilizando-se o sistema computacional MTGSAM – *Multiple Trait Gibbs Sampling to Animal Model* (Van Tassel & Van Vleck, 1995). Os intervalos de credibilidade a 95% de probabilidade das estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, foram estimados utilizando o sistema R.

Nas análises foram utilizadas cadeias de Gibbs resultantes de 500.000 ciclos, com período de descarte de 10.000 ciclos e intervalo de retirada de 30 ciclos. A convergência das cadeias de Gibbs foi testada por meio do critério de Heidelberger & Welch (1983), utilizando-se a biblioteca CODA implementada no sistema R (R Development Core Team, 2011).

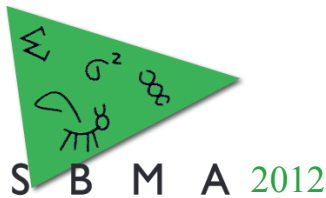
Resultados e Discussão

Houve indicação de convergência para todas as cadeias obtidas na análise.

Os valores de herdabilidades estimados para peso (PE), largura (LA) e altura (AL), ao longo período de seleção, mostram que cerca de 30% da variabilidade encontrada nas três características, é de origem genética aditiva, dessa forma, parte considerável das diferenças observadas entre os animais são resultantes de diferenças herdáveis, podendo ser exploradas por meio de seleção (tabela 1).

Tabela 1. Herdabilidade (h^2), efeito do ambiente comum de larvicultura (C^2) e alevinagem (W^2), seus respectivos intervalos de credibilidade (2,5% - 97,5%) para peso (PE), largura (LA) e altura (AL) ao final do período de cultivo.

Características	h^2	C^2	W^2
PE	0,32 (0,20 – 0,46)	0,14(0,089 – 0,19)	0,027 (0,016 – 0,042)
LA	0,29 (0,18 – 0,41)	0,071 (0,039 – 0,11)	0,018 (0,009 – 0,029)
AL	0,27 (0,17 – 0,40)	0,12 (0,08 – 0,17)	0,024 (0,013 – 0,04)



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Os intervalos de credibilidade das herdabilidades das três características, que variaram o limite inferior (2,5%) de 0,17 a 0,20 e limite superior (97,5%) 0,40 a 0,46, indicam precisão das estimativas e corroborando o fato das herdabilidades das características serem de média magnitude.

O valores de herdabilidades estimados neste trabalho para PE, LA e AL foi superior aos encontrados por Oliveira, (2011). Este autor utilizou informações da segunda e terceira geração de seleção de tilápias do Nilo da linhagem GIFT selecionadas nas condições de Brasil no estado do Paraná, utilizando os mesmo modelos estatísticos.

A participação do efeito comum de ambiente materno de larvicultura variou de 7% a 14%. Estas estimativas apontam para importância deste efeito como causa de diferenças entre os animais. Nesta situação em específico, na qual não houve incubação artificial, os alevinos foram mantidos com as mães, até o final da estação de acasalamento. Dessa forma, o número de alevinos produzidos, o tempo de permanência com a mãe e os cuidados parentais, além dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos, são importantes fontes de diferenciação entre famílias de irmãos.

Em se tratando do efeito comum de ambiente de alevinagem verificou-se que a importância relativa de 3% para as características. A manutenção de grupos de irmãos completos nas mesmas condições ambientais (hapas de alevinagem) pode ter gerado menores diferenças entre o grupo de irmãos completos e aumentado a variabilidade entre famílias.

A despeito das diferenças nos valores das estimativas e dos ambientes comuns considerados nos modelos estatísticos, a inclusão do ambiente comum a que os alevinos são submetidos antes da identificação individual, permite estimativas mais precisas dos componentes de variância de ordem genética e aumenta a acurácia dos valores genéticos.

Conclusões

Verificou-se que as herdabilidades para peso, largura e altura ao final do período de cultivo são de média magnitude, sendo assim essas características podem ser exploradas por meio de seleção. Verificou-se também que a inclusão do ambiente comum de alevinagem e larvicultura nos modelos estatísticos, permite estimativas mais precisas dos componentes de variância de ordem genética e aumenta a acurácia dos valores genéticos.

Literatura citada

- MINISTÉRIO DA PESCA E AQUICULTURA. **Produção pesqueira e aquícola - Estatística 2008 e 2009**. p. 17, 2010.
- Oliveira, C.A.L.; Resende, K.E.; Legat, A.P.; Ribeiro, R.P. Melhoramento genético de peixes no Brasil, situação atual e perspectivas. In: XX CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, ZOOTECA, 2010, Palmas – TO. **Anais...** Palmas: XX Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2010. p. 237-249.
- Oliveira, S. N. **Parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em tilápias do nilo (*oreochromis niloticus*)**. 2011. **Dissertação (Mestrado em Zootecnia)**. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia/Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2011.
- R Development Core Team (2011). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em <<http://www.R-project.org>>.
- Resende, E. K. ; OLIVEIRA, C. A. L. ; Legat, A. P. ; RIBEIRO, R. P. . Melhoramento genético animal: Uma visão crítica Espécies Aquáticas. In: VIII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2010, Maringá- PR. **Anais...** Maringá: VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal - Melhoramento Animal no Brasil: Uma visão crítica, 2010. (CD-ROM).
- 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. 86p.**