

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS**

**Escola de Veterinária**

**Programa de Pós-Graduação em Zootecnia**

Namíbia Rizzari Leite

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PESOS E RENDIMENTO DE CARÇA DE  
TILÁPIAS DO NILO AO LONGO DE CINCO GERAÇÕES DE SELEÇÃO EM  
AMBIENTES SUSTENTÁVEIS**

Belo Horizonte

2022

Namíbia Rizzari Leite

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PESOS E RENDIMENTO DE CARÇA DE  
TILÁPIAS DO NILO AO LONGO DE CINCO GERAÇÕES DE SELEÇÃO EM  
AMBIENTES SUSTENTÁVEIS**

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. Eduardo Maldonado Turra

Coorientador: Prof. Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral

Belo Horizonte

2022

L533a

Leite, Namibia Rizzari, 1990-

Avaliação genética de pesos e rendimento de carcaça de Tilápias do Nilo ao longo de cinco gerações de seleção em ambientes sustentáveis / Namibia Rizzari Leite. - 2022.  
39f.:il

Orientador: Eduardo Maldonado Turra

Tese apresentada ao programa de pós-graduação em Zootecnia da Escola de veterinária da UFMG como requisito parcial para obtenção do Título de Doutora em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e melhoramento animal.

Bibliografias: f. 36 a 39.

1. Tilápia - Teses – 2. Zootecnia – Teses - I. Turra, Eduardo Maldonado - II. Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária – III. Título.

**CDD – 636.08**

Bibliotecário responsável Marcio Alves dos Santos CRB 3589  
Biblioteca da Escola de Veterinária, UFMG



UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS  
ESCOLA DE VETERINÁRIA  
COLEGIADO DO CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA  
**FOLHA DE APROVAÇÃO**

**"Avaliação genética de peso e rendimento de carcaça de tilápias do Nilo ao longo de cinco gerações de seleção em ambientes sustentáveis"**

**NAMÍBIA RIZZARI LEITE**

Tese de Doutorado defendida e aprovada, no dia vinte e nove de junho de dois mil e vinte e dois, pela Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Minas Gerais, constituída pelos seguintes professores:

Dr. Arthur Francisco Araújo Fernandes - Universidade de Wisconsin

Dra. Maria del Pilar Rodriguez Rodrigues - Universidade Federal do Paraná

Dra. Talita Andrade Ferreira - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri

Dra. Gabriela Canabrava Gouveia - Universidade Federal de Minas Gerais

Dr. Eduardo Maldonado Turra (Orientador) - Universidade Federal de Minas Gerais

Belo Horizonte, 29 de junho de 2022.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, em primeiro lugar, por me proteger, me guiar e nunca me deixar desistir.

Aos meus pais, familiares e amigos que me apoiaram e reconheceram meu esforço.

Aos professores que tornaram este trabalho possível e contribuíram grandemente para o meu aprendizado.

Aos colegas do Laqua que, com muita união e comprometimento, fizeram o dia a dia acadêmico mais alegre e descontraído.

À CAPES pela concessão da bolsa que permitiu minha dedicação integral aos estudos e à pesquisa

A todos, um forte abraço de agradecimento!

## RESUMO

Viveiros e tanques-rede são os sistemas de cultivo mais comuns utilizados para a criação de tilápias do Nilo. Entretanto, problemas como escassez de água, predadores e baixa qualidade da água são recorrentes nesse tipo de ambiente. Sistema de Recirculação de Água (RAS) e a Tecnologia de Bioflocos (BFT) existem como opção de sistemas de cultivo fechados pouco afetados pelas variações ambientais, que permitem maior controle dos parâmetros de qualidade da água, biossegurança além de provocar menos impacto ambiental. Programas de melhoramento genético em BFT e RAS surgem como necessidade para se ajustar aos requisitos cada vez mais incidentes no âmbito de produção sustentável. Características relacionadas ao peso de tilápias são o principal critério de seleção em programas de melhoramento de tilápias. Informações sobre parâmetros genéticos para rendimento de carcaça são escassos até o momento. A resposta indireta é uma estratégia utilizada para obter ganhos genéticos em fenótipos que não são critérios de seleção por meio de correlações genéticas existentes, herdabilidade e intensidade de seleção. A tendência genética dos pesos corporais nas idades padrão foi crescente para todas as características de pesos. Para rendimentos de carcaça as respostas apresentaram-se próximas a zero. A tendência genética representa ganho genético acumulado ao longo do período estudado de 56% para peso ajustado aos 56 dias de idade (P56), 45% para peso ajustado aos 168 dias em BFT (P168BFT), 16% para peso ajustado aos 168 dias em RAS (P168RAS), 43% para peso ajustado aos 224 dias em BFT (P224BFT), 9% para peso ajustado aos 224 dias em RAS (P224RAS) e nulos para rendimento de carcaça em BFT (RCARBFT) e rendimento de carcaça em RAS (RCARRAS). Para P56, P168 e P224 as respostas indicaram que a mudança genética está sendo alcançada na direção pretendida em BFT e RAS, e que estas são opções de cultivo sustentáveis e promissoras para o ganho de peso de tilápias do Nilo cultivadas até 224 dias de idade.

Palavras-chave: bioflocos; correlação genética; herdabilidade; recirculação; tendência genética.

## ABSTRACT

Ponds and net cages are the most common farming systems used to raise Nile tilapia. However, problems such as water scarcity, predators and low water quality are recurrent in this type of environment. Water Recirculation System (RAS) and Biofloc Technology (BFT) exist as an option for closed cropping systems little affected by environmental variations, which allow greater control of water quality parameters, biosecurity in addition to causing less environmental impact. Genetic improvement programs in BFT and RAS emerge as a need to adjust to the requirements increasingly incident in the scope of sustainable production. Characteristics related to tilapia weight are the main selection criteria in tilapia breeding programs. Information on genetic parameters for carcass yield is scarce so far. The indirect response is a strategy used to obtain genetic gains in phenotypes that are not selection criteria through existing genetic correlations, heritability and selection intensity. The genetic trend of body weights at standard ages was increasing for all weight traits. For carcass yields, the responses were close to zero. The genetic trend represents accumulated genetic gain over the studied period of 56% for adjusted weight at 56 days of age (P56), 45% for adjusted weight at 168 days in BFT (P168BFT), 16% for adjusted weight at 168 days in RAS (P168RAS), 43% for adjusted weight at 224 days in BFT (P224BFT), 9% for adjusted weight at 224 days in RAS (P224RAS) and null for carcass yield in BFT (RCARBFT) and carcass yield in RAS (RCARRAS). For P56, P168 and P224 the responses indicated that the genetic change is being achieved in the intended direction in BFT and RAS, and that these are sustainable and promising culture options for the weight gain of Nile tilapia cultivated up to 224 days of age.

Keywords: bioflocs; genetic correlation; genetic trend; heritability; recirculation.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Tendências genéticas de pesos corporais ajustados a idades padrão (P56, P168, P224) e de rendimentos de carcaça de tilápias do Nilo cultivadas em BFT e RAS em seis gerações de seleção.....	33
--	----

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estrutura de dados ao longo das gerações.....	21
Tabela 2. Efeitos fixos e aleatórios incluídos nos modelos estatísticos de peso e rendimento para os sistemas BFT e RAS.....	22
Tabela 3. Número de observações (n), médias e desvios-padrão (dp) para cada característica avaliada ao longo das gerações.....	25
Tabela 4. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos para pesos e rendimentos nos sistemas BFT e RAS.....	29
Tabela 5. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) das correlações genéticas entre pesos corporais e rendimentos de carcaça em BFT e RAS....	31
Tabela. 6. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) da resposta a seleção direta e indireta para pesos corporais e rendimentos de carcaça em BFT e RAS.....	32

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

A2nd	Idade ao segundo peso após identificação
A3rt	Idade ao terceiro peso após identificação
Atag	Idade na identificação
BFT	Tecnologia de Bioflocos
BOA	<i>Bayesian Output Analysis</i>
dp	Desvio-padrão
EBV	Valores Genéticos Estimados
G	Geração
g	Gramas
HPD	Intervalo de Densidade Posterior
LAQUA	Laboratório de Aquicultura
N	Número de observações
NGTAqua	<i>Nutrition, Genetics and Technology</i>
P168	Peso padronizado aos 168 dias de idade pós-eclosão
P224	Peso padronizado aos 224 dias de idade pós-eclosão
P56	Peso padronizado aos 56 dias de idade pós-eclosão
RAS	Sistema de Recirculação de Água
RCar	Rendimento de carcaça
TG	Grupo de contemporâneos formado por tanque e geração
UFMG	Universidade Federal de Minas Gerais
W2nd	Segundo peso após identificação
W3rt	Terceiro peso após identificação
Wtag	Peso na identificação

## LISTA DE SÍMBOLOS

$<$	Menor que
$\%$	Porcentagem
$/$	Razão
$b$	Vetor dos efeitos fixos
$e$	Vetor dos efeitos aleatórios residuais
$e^2$	Razão entre as variâncias residual e fenotípica
$f$	Vetor dos efeitos de hapa
$f^2$	Razão entre as variâncias de hapa e fenotípica
$h^2$	Herdabilidade
$i$	Intensidade de seleção
$r_g$	Correlação genética
$u$	Vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos
$W$	Matriz de incidência dos efeitos de hapa
$X$	Matriz de incidência dos efeitos fixos
$x_i$	$i$ -ésima geração
$y$	Vetor de observações
$Z$	Matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos diretos
$\Delta G$	Ganho genético
$\varepsilon$	Erro aleatório
$\sigma$	Desvio-padrão
$\sigma^2$	Variância
$\sigma_a^2$	Variância genética aditiva
$\sigma_e^2$	Variância residual
$\sigma_f^2$	Variância de hapa
$\sigma_p^2$	Variância fenotípica

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	13
2.1. Sistemas de produção utilizados em programas de melhoramento de tilápias do Nilo.....	13
2.2. Correlação genética e resposta correlacionada .....	15
2.3. Ganhos genéticos para características de desempenho em tilápias do Nilo .....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1. Experimento.....	17
3.2. Registros dos dados .....	19
3.3. Análise dos dados .....	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
4.1. Componentes de variância, herdabilidades e proporções .....	26
4.2. Correlações genéticas .....	30
4.3. Resposta a seleção e tendências genéticas .....	31
5. CONCLUSÕES .....	34
6. REFERÊNCIAS .....	36

## 1. INTRODUÇÃO

A piscicultura representa a atividade que mais cresceu nos últimos anos, com aumento de 4,7% do ano de 2021 para 2022, ainda que o consumo dos brasileiros esteja baixo (menos de 5 kg habitante/ano) (Anuário PeixeBR, 2022). Mesmo com o progresso e a importância que a produção de tilápias já alcançou como fonte de proteína animal, o ramo tem espaço para expandir muito mais se puder contar com o vasto volume de água que o país possui e que ainda é pouco empregado para este fim. Além da expansão física, em termos de unidade de área utilizada, é possível evoluir na produção de peixes, bom como a tilápia, lançando mão de sistemas mais tecnificados e do uso de linhagens mais eficientes em ganho de peso, como aquelas melhoradas geneticamente.

De forma comparativa, é possível analisar a cadeia produtiva de espécies terrestres, tanto animal quanto vegetal, e observar que grande parte da sua evolução nas últimas décadas é resultado do desenvolvimento e do uso de raças ou variedades geneticamente superiores (Hill, 2008). Em contrapartida, apenas a décima parte da produção aquícola mundial é baseada em variedades geneticamente melhoradas (Gjedrem, 2012).

Apostando no potencial mercadológico da espécie *Oreochromis niloticus* (tilápia do Nilo), o grupo NGTAqua (Nutrição, Genética e Tecnologia em Aquicultura), do Laboratório de Aquicultura da Universidade Federal de Minas Gerais, iniciou no ano de 2013 o Programa de Melhoramento Genético de tilápias do Nilo. A cada ano (geração), é realizada a seleção dos reprodutores geneticamente superiores por meio do valor genético estimado com base no fenótipo.

O que diferencia o programa de melhoramento aqui citado dos demais existentes é fato de ter sido realizada seleção, durante três anos, em três sistemas de produção distintos: tanque-rede, recirculação de água (RAS) e tecnologia de bioflocos (BFT). Diante disso, Turra et al. (2016) comprovaram que a seleção poderia ser realizada em um dos três sistemas e os peixes cultivados em outro distinto, sem prejuízo significativo da expressão do potencial genético, isso pela alta correlação entre o valor genético dos indivíduos nos diferentes sistemas. Tal resultado científico permitiu que o programa de melhoramento prosseguisse nas dependências do laboratório de Aquicultura da UFMG utilizando os sistemas de bioflocos e recirculação de água apenas, dois importantes sistemas sustentáveis na aquicultura.

O objetivo dos programas de melhoramento de tilápias do Nilo é voltado para melhoria da taxa de crescimento e consequente redução da idade à despesca. Com isso, a maioria dos

programas utilizam características como peso corporal e ganho de peso diário, como principais critérios de seleção. Entretanto, poucas são as informações publicadas sobre parâmetros genéticos de rendimento de carcaça e de associações com o peso corporal em tilápias,

Diante do exposto, o objetivo com este estudo é avaliar os ganhos genéticos já obtidos no programa de melhoramento de tilápias do Nilo NGTAqua, por meio de estimativas de parâmetros e valores genéticos para características de desempenho e a resposta correlacionada em rendimento de carcaça de animais cultivados em sistemas sustentáveis, e ainda, analisar o potencial a ser explorado na espécie e ajustes que permitam contribuir para melhores resultados.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Sistemas de produção utilizados em programas de melhoramento de tilápias do Nilo**

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) é uma espécie da aquicultura de importância mundial, principalmente em países tropicais e subtropicais. Além da ampla distribuição geográfica, a espécie é cultivada nos mais diversos tipos de sistemas de produção por sua adaptabilidade às condições ambientais.

Viveiros e tanques-rede são os sistemas de cultivo mais comuns mundialmente utilizados para a criação da espécie devido à menor complexidade e baixo custo de implementação, manutenção e operacionalização, comparado aos sistemas fechados, como os Sistema de Recirculação de Água (RAS) e a Tecnologia de Bioflocos (BFT) (Fernandes et al., 2019). O sistema de tanques-rede permite o cultivo em altas densidades, além da possibilidade de os tanques serem instalados em lagoas ou reservatórios, o que é facilmente encontrado no país devido às grandes bacias hidrográficas (Araújo et al., 2020). Os viveiros escavados são formatos mais simples de produção, com menor investimento e uso de tecnologia. A simplicidade desses sistemas, relatada como vantajosa, por outro lado, torna-se uma dificuldade quando se trata de biossegurança, manutenção das condições ambientais e qualidade da água durante todo o ciclo de produção.

No Brasil, os principais pólos produtores de tilápia estão amplamente distribuídos no país e são responsáveis por 62% da produção nacional (Embrapa, 2020). Os sistemas de produção mais utilizados pelos tilapicultores nestes pólos são os tanques-rede (70%). Os viveiros escavados representam o segundo sistema de cultivo mais utilizado, mas em proporção muito menor (30%) (Embrapa, 2020). Essas informações reforçam a importância da

manutenção de programa de melhoramento que incluam a melhoria do peso da tilápia do Nilo nos sistemas de tanque-rede, principalmente no Brasil (Turra et al., 2016).

Entretanto, problemas ligados a fatores climáticos e ambientais têm ocorrido em praticamente todas as regiões produtoras de tilápia no Brasil, principalmente naquelas localizadas nos grandes reservatórios. A escassez de água é o principal gargalo ambiental que acomete mais da metade dos produtores. Outros problemas relatados são a presença do mexilhão dourado, plantas aquáticas, predadores e baixa qualidade da água (Embrapa, 2020) inconvenientes mais comuns em sistemas de cultivo abertos. A estrutura de cultivo de tilápias em tanques-rede permite a intensificação da produção de forma muito satisfatória. Contudo, a crescente preocupação com os impactos ambientais e todas as limitações dos sistemas abertos mencionadas anteriormente, reforçam a importância de estudos envolvendo sistemas de produção que permitam intensificação sustentável.

RAS e BFT existem como opção de sistemas fechados pouco afetados pelas variações ambientais, que permitem maior controle dos parâmetros de qualidade da água e biossegurança. Também provocam menor impacto ambiental, uma vez que possibilitam o reúso da água (RAS), troca mínima (BFT) e entrada de água nova apenas para repor a água perdida após algum manejo específico ou por evaporação. Ambos são sistemas mais tecnificados que exigem produção intensiva para justificar o alto investimento. Ainda assim, RAS e BFT são opções promissoras para a geração de grande parte da produção de tilápia do Nilo em um futuro próximo (Avnimelech, 2009), principalmente pela crescente exigência de redução dos impactos ambientais (Dalsgaard et al., 2013), justificando a avaliação da espécie e suas respostas genéticas em ambos os sistemas.

Nesse sentido, Turra et al. (2016) desenvolveram um estudo de interação genótipo-ambiente envolvendo BFT, RAS e tanques-rede. Os autores avaliaram o peso corporal de tilápias do Nilo aos 168 dias de idade. Elevadas estimativas de correlação genética foram encontradas entre os sistemas RAS e BFT (0,99), RAS e tanque-rede (0,88) e BFT e tanque-rede (0,83). Altas herdabilidades também foram relatadas ( $>0,62$ ) independente do sistema de cultivo utilizado. O estudo comprovou que a seleção poderia ser realizada em um dos três ambientes e os peixes cultivados em outro distinto, sem prejuízo significativo da expressão do potencial genético, isso pela alta correlação entre o valor genético dos indivíduos nos diferentes sistemas. Tal resultado permitiu que o programa de melhoramento prosseguisse nas dependências do laboratório de Aquacultura da UFMG utilizando os sistemas BFT e RAS apenas, dois importantes sistemas sustentáveis na aquacultura.

## **2.2 Correlação genética e resposta correlacionada**

No estudo genético de características quantitativas, a correlação genética entre dois fenótipos quaisquer desempenha um papel muito importante na discussão das respostas correlacionadas sob seleção e da combinação de diferentes medidas visando obter o desempenho máximo, por meio do índice de seleção (Robertson, 1959). Se duas características são correlacionadas positivamente a seleção praticada em uma promoverá consequente aumento na outra, gerando uma resposta correlacionada ou resposta indireta.

Por outro lado, se a correlação for negativa, um dos fenótipos pode ser reduzido enquanto o outro é elevado, o que reafirma a importância em se conhecer a relação existente entre as características, tanto quanto for possível, a fim de evitar respostas indesejadas. Assim, a resposta em uma característica correlacionada pode ser predita se a correlação genética e as herdabilidades de ambas as características forem conhecidas (Falconer, 1981). Quanto mais alta for a correlação entre dois fenótipos, menos influências externas afetarão a resposta; exceto, se a causa da correlação for o desequilíbrio de ligação, que por recombinação, pode alterar tanto o ganho indireto quanto a acurácia da predição. (Falconer 1981; Chebib e Guillaume, 2020).

Seguindo este raciocínio, a seleção indireta é uma das ferramentas utilizadas para alcançar progressos mais rápidos que a seleção direta de determinados fenótipos, por meio da resposta correlacionada. Neste caso, o critério de seleção é uma característica de mais fácil mensuração, altamente correlacionada à outra característica em que pretende-se obter ganho de fato, mas que a aferição é dificultada ou impossível de ser realizada nos candidatos à seleção. O mérito da seleção indireta em relação à direta é avaliado por meio da razão entre a resposta correlacionada e a resposta caso a seleção fosse praticada diretamente na característica alvo do melhoramento (resposta direta), levando em conta a correlação genética, a intensidade de seleção e a herdabilidade de ambas as características (Falconer, 1981). Sob intensidades de seleção iguais, a resposta a seleção indireta só supera a seleção direta se a correlação genética entre as características for alta e a herdabilidade da característica sob mensuração for substancialmente mais alta.

## **2.3 Ganhos genéticos para características de desempenho em tilápias do Nilo**

O cultivo de linhagens geneticamente superiores com alta taxa de desempenho se torna cada vez mais necessário pelo fato de terem o ciclo de produção encurtado quando comparado

àquelas selvagens. Juntamente com sistemas de cultivo intensivos as linhagens melhoradas permitem o aumento da produção por área a fim de suprir a demanda de proteína de origem animal proveniente de espécies aquícolas.

O foco dos programas de melhoramento de tilápias do Nilo tem sido aumentar a produção, melhorando a taxa de crescimento e reduzindo a idade na despesca. Com isso, a maioria dos programas de melhoramento de tilápias tem usado características de produção, como peso corporal e ganho de peso diário, como principais critérios de seleção (Khaw et al., 2009; Thodesen et al., 2011; Bentsen et al., 2012; Turra et al., 2016; Araújo et al., 2019; Fernandes et al., 2020, Yoshida et al., 2021). Entretanto, poucas são as informações existentes na literatura sobre parâmetros genéticos e resposta a seleção de rendimentos cárneos, como rendimento de carcaça e rendimento de filé, que representam, de fato, o valor do produto final. Gjedrem (2000) previu que o ganho genético por geração para características de desempenho em animais aquáticos pode variar de 10% a 20%, e vários estudos revelam que o ganho genético de tilápias está dentro desta previsão.

Ganhos genéticos para peso da tilápia do Nilo ao longo de cinco gerações foram relatadas por Eknath e Acosta, 1998. Os resultados revelaram que a linhagem GIFT alcançou 13% de ganhos genéticos por geração, proporcionando um aumento acumulativo próximo a 85% na taxa de crescimento em comparação com a população de base. Ponzoni et al. (2011) observaram ganho genético médio de 10% a 15% por geração, em seis gerações de seleção de tilápias do Nilo (Ponzoni et al., 2011).

Khaw et al. (2012) encontram respostas à seleção superiores, de 15,2 e 18,9% em média por geração, para tilápias cultivadas em viveiro e tanques-rede, respectivamente. Evidenciando que para as características de peso e conformação corporal avaliadas, as respostas foram grandes o suficiente para indicar que a mudança genética estava sendo alcançada na direção pretendida em ambos os ambientes.

Aumento de 10% por geração foi alcançado nas taxas de crescimento ao longo de dez gerações de seleção, (Hamzah et al., 2014), resultando no dobro do peso corporal sobre tilápias não selecionadas. A resposta a cinco gerações de seleção para aumento do peso corporal de tilápias foi avaliada por Bentsen et al. (2017). Os resultados indicaram que a resposta média à seleção foi de 13,6% por geração, levando a uma resposta acumulada de 88% em relação à população de base.

Araújo et al. (2020), avaliaram a tilápias em tanques-rede e viveiros e obtiveram respostas para peso a despesca, variando de 3,0 a 11,9% por geração, indicando que o progresso genético

também pode ser alcançado para essas características ao cultivar tilápias em viveiros ou em tanques-rede no Brasil.

Segundo Thodesen et al, (2012), a discrepância entre as estimativas, em diferentes trabalhos, pode ser devido à maior ou menor intensidade de seleção aplicada. Dessa forma, para se produzir as famílias em um menor intervalo de tempo é necessário aumentar o número de fêmeas selecionadas, com isso, a intensidade de seleção tende a se reduzir nas gerações posteriores causando uma desaceleração do ganho genético.

Ao contrário dos resultados relatados acima, avaliações genéticas para rendimento de filé não alcançaram respostas tão satisfatórias quanto àquelas para peso vivo, já que o ganho genético obtido para essa característica foi de apenas 0,2% por geração de seleção de tilápias (Thodesen et al., 2012). Tais resultados ilustram que as mudanças genéticas no rendimento do filé são um processo muito mais lento se comparadas ao peso corporal.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Experimento**

O estudo foi realizado nas instalações do Laboratório de Aquicultura (LAQUA) da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), nos anos de 2013 a 2019. O grupo de pesquisa científica do LAQUA, NGTAqua (Nutrição, Genética e Tecnologia em Aquicultura), conduz um programa de criação de tilápias desde o ano de 2013, no qual é produzida uma geração por ano.

Entre 3.000 a 4.000 indivíduos por geração foram candidatos à seleção, oriundos de 80 a 100 famílias. Os animais foram selecionados com base em seus valores genéticos estimados (EBV) para peso corporal ajustado aos 56 e 168 dias de idade pós absorção do saco vitelínico, com a maioria dos peixes, aproximadamente dois terços, criados em sistema de bioflocos (BFT), e também em sistema de recirculação de água (RAS) e tanques-rede (nas três primeiras gerações). Para este estudo foram utilizados apenas informações dos animais cultivados nos sistemas BFT e RAS.

A primeira característica, peso corporal ajustado aos 56 dias de idade (oito semanas), é a idade em que a maioria das tilápias do programa possui tamanho suficiente para receber o microchip de identificação (pit tags), em sua cavidade celomática, sem risco de mortalidade. Ao mesmo tempo, é uma idade comercialmente interessante, na qual os animais são

considerados juvenis aptos, por exemplo, para serem transferidos para gaiolas com malhas maiores, ou distribuídos em tanques de engorda. A segunda idade, 168 dias (24 semanas), representa um tempo de engorda que permitiria ao programa produzir duas gerações por ano. Por questões estruturais e de mão-de-obra, isso ainda não é feito, mas é possível e pode ser viável.

Cada família de irmãos completos produzida no programa de melhoramento foi cultivada em dois hapas de cerca de 100 L de volume útil cada, distribuídos em tanques com volume de 4 m<sup>3</sup> (20 hapas por tanque), com aeração e troca de água para manter as condições hídricas adequadas. Quando os peixes atingiram, aproximadamente, 56 dias de idade, foram pesados, identificados e distribuídos aleatoriamente nos tanques de engorda dos sistemas de produção em que foram avaliados, garantindo que o mesmo número de indivíduos de cada hapa fossem alocados em cada tanque de cultivo.

Na avaliação genética dos candidatos a seleção, o valor genético aditivo de cada tilápia foi predito para cada característica. Para compor o índice de seleção utilizado para ordenar os animais candidatos, esses valores genéticos, com diferentes escalas para cada característica, foram padronizados dividindo-os pelo desvio padrão genético aditivo de sua respectiva característica. Assim, o índice de seleção, utilizado como critério de seleção, foi a soma simples dos valores genéticos aditivos preditos para cada tilápia padronizados para suas características componentes, com quatro características nas três primeiras gerações (peso corporal aos 56 dias de idade, peso corporal aos 168 dias de idade em BFT, peso corporal aos 168 dias de idade em RAS e peso corporal aos 168 dias de idade em sistema de tanque-rede) e três características nas gerações seguintes (peso corporal aos 56 dias de idade, peso corporal aos 168 dias de idade em BFT e peso corporal aos 168 dias de idade em RAS). Após a classificação dos candidatos pelo resultado do índice de seleção, foram escolhidos 100 machos e 300 fêmeas de valores mais altos, porém garantindo que pelo menos 50 famílias tenham sido representadas por esses machos e fêmeas selecionados, evitando os efeitos negativos da depressão endogâmica.

O programa de melhoramento foi baseado em acasalamentos aleatórios de tilápias do Nilo oriundas de duas populações distintas de tilápia tailandesa. Tais populações eram provenientes de reprodutores de duas pisciculturas, uma no Estado de Minas Gerais e outra no Estado do Paraná (Turra et al., 2016). Esses acasalamentos deram origem à Geração 0 (G0) que, por meio de acasalamentos ao acaso (mas com progênie de tilápias identificadas por microchip), deu origem à Geração 1 (G1). A Geração 0, ou seja, a população base, era formada por 133 indivíduos, sendo 45 machos e 88 fêmeas. A primeira seleção de reprodutores foi

realizada com base nos critérios de seleção descritos acima e aplicada à G1 para escolha dos genitores da Geração 2 (G2), processo que se repetiu, ano após ano, até que fosse formada a sexta geração de animais selecionados (G6), que compõe o banco de dados utilizado neste estudo juntamente com as gerações anteriores.

A população base do programa de melhoramento NGTaqua (G0) é mantida dentro das instalações do programa sob cultivo no sistema de BFT, a partir da reprodução anual que ocorre de forma aleatória para renovação periódica do plantel. Para isto, são acasaladas, aproximadamente, 60 fêmeas, na proporção 1:1 e coletadas cerca de 50 larvas de cada fêmea, totalizando 3 a 4 mil larvas por geração. Estes peixes são cultivados até atingirem peso médio entre 100 e 150 g, e então, 200 machos e 200 fêmeas são escolhidos aleatoriamente para serem mantidos como reprodutores da próxima geração de G0.

### 3.2.Registros dos dados

Ao final da fase de cultivo das famílias em separado nos hapas, próximo aos 56 dias de idade pós eclosão, 30 exemplares de cada família foram identificados por microchips e pesados. Este primeiro peso foi padronizado como peso aos 56 dias de idade e ajustado para tal, da seguinte forma:

$$P_{56} = \frac{W_{tag}}{A_{tag}} \times 56$$

onde,  $P_{56}$  é o peso padronizado para 56 dias após a eclosão,  $W_{tag}$  é o peso quando a tilápia foi identificada,  $A_{tag}$  é a idade em que a tilápia foi identificada.

Na segunda pesagem, que ocorreu próximo a 24 semanas de idade pós-eclosão, o peso foi padronizado para 168 dias, tanto para BFT, quanto para RAS, como segue:

$$P_{168} = \frac{W_{2nd} - W_{tag}}{A_{2nd} - A_{tag}} \times (168 - A_{2nd}) + W_{2nd}$$

onde  $P_{168}$  é o peso padronizado para 168 dias pós-eclosão,  $W_{2nd}$  é o segundo peso da tilápia,  $A_{2nd}$  é a idade em que a tilápia foi pesada pela segunda vez. No momento da segunda pesagem, foi identificado o sexo dos animais.

A terceira pesagem ocorreu no intervalo de 174 a 450 dias após a eclosão, e o ajuste do peso foi padronizado para 224 dias de idade, como segue:

$$W_{224} = \frac{W_{3rd} - W_{2nd}}{A_{3rd} - A_{2nd}} \times (224 - A_{3rd}) + W_{3rd}$$

onde  $P_{224}$  é o peso padronizado para 224 dias pós-eclosão,  $W_{3rd}$  é o terceiro peso da tilápia (peso ao abate),  $A_{3rd}$  é a idade em que a tilápia foi pesada pela terceira vez. Como citado anteriormente, a seleção das tilápias foi realizada com base nos valores genéticos estimados a partir dos dados de peso ajustados aos 56 e 168 dias de idade. Os animais que não foram selecionados foram pesados uma terceira vez ( $P_{224}$ ) e abatidos para mensuração do peso ao abate, peso de carcaça e cálculo do rendimento de carcaça para os sistemas BFT e RAS. O peso de carcaça é resultante do peso do animal sem cabeça, cinturas pélvica e torácica (corte oblíquo da cabeça), vísceras e escamas. O rendimento de carcaça foi obtido pela razão entre o peso da carcaça e o terceiro peso vivo do animal ( $W_{3rd}$ ) e multiplicado por 100 para se obter os valores em porcentagem.

### 3.3. Análise dos dados

Foi realizada a edição do banco de dados, por meio do programa RStudio (R Core Team, 2020), e retirados animais sem informação de peso na marcação ( $P_{56}$ ) e sem informação de sexo. Também foram excluídas todas as informações de pesos e rendimentos altamente discrepantes, indicando falha na tabulação dos dados. Informações sobre o número de animais, número de famílias e sobre as características de peso e rendimento nas gerações avaliadas são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Número de observações ao longo das gerações

	<b>G1</b>	<b>G2</b>	<b>G3</b>	<b>G4</b>	<b>G5</b>	<b>G6</b>
<b>Famílias<sup>a</sup></b>	86	109	83	91	90	92
<b>Animais<sup>b</sup></b>	2896	2247	2742	3989	4232	2792
<b>P56<sup>c</sup></b>	2896	2247	2742	3989	4232	2792
<b>P168BFT<sup>d</sup></b>	1937	1288	2007	3491	3699	2211
<b>P168RAS<sup>e</sup></b>	959	959	735	484	519	579
<b>P224BFT<sup>f</sup></b>	1552	1010	1001	2742	3218	1907
<b>P224RAS<sup>g</sup></b>	783	513	529	352	496	503
<b>RCarBFT<sup>h</sup></b>	1526	933	975	2635	2093	795
<b>RCarRAS<sup>i</sup></b>	777	486	520	349	375	213

<sup>a</sup>Número de famílias; <sup>b</sup>Número de animais avaliados; <sup>c</sup>Peso aos 56 dias de idade; <sup>d</sup>Peso aos 168 dias de idade no sistema de bioflocos; <sup>e</sup>Peso aos 168 dias de idade no sistema de recirculação; <sup>f</sup>Peso aos 224 dias de idade no sistema de bioflocos; <sup>g</sup>Peso aos 224 dias de idade no sistema de recirculação; <sup>h</sup>Rendimento de carcaça no sistema de bioflocos; <sup>i</sup>Rendimento de carcaça no sistema de recirculação

Os parâmetros genéticos e componentes de variância foram obtidos por meio de análises bi-características por inferência Bayesiana utilizando modelo animal (Henderson, 1973), realizadas no software GIBBS3F90 (Misztal et al., 2022). As estimativas *a posteriori* foram obtidas com a utilização do aplicativo POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2022). As análises bi-características foram realizadas para as características de pesos padronizados (P56, P168BFT, P168RAS, P224BFT e P224RAS) e rendimentos de carcaça (RCarBFT e RCarRAS) em todas as combinações possíveis. O modelo animal misto incluiu os mesmos efeitos aleatórios para todas e efeitos fixos distintos entre algumas características (Tabela 2).

Tabela 2. Efeitos fixos e aleatórios incluídos nos modelos estatísticos de peso e rendimento para os sistemas BFT e RAS

Característica	Efeitos Aleatórios		Efeitos Fixos <sup>a</sup>		
	Animal	Hapa	Sexo	Geração	TG <sup>b</sup>
<b>P56</b>	X	X		X	
<b>P168BFT</b>	X	X	X		X
<b>P168RAS</b>	X	X	X		X
<b>P224BFT</b>	X	X	X		X
<b>P224RAS</b>	X	X	X		X
<b>RCarBFT</b>	X	X	X		X
<b>RCarRAS</b>	X	X	X		X

<sup>a</sup>Efeitos fixos significativos com base no teste da razão de Verossimilhança pelo pacote lmtest do programa R;

<sup>b</sup>Grupo contemporâneo formado por tanque de cultivo e geração.

O efeito de hapa consiste nas fases de larvicultura e alevinagem onde os indivíduos de cada família são divididos em dois hapas até atingirem tamanho suficiente para serem identificados e cultivados de forma comunal. Este efeito é uma tentativa de explicar influências de um ambiente comum, efeitos genéticos maternos aditivos e efeitos genéticos não aditivos (Martinez et al., 1999; Pante et al., 2002). O efeito de sexo não é incluído no modelo para Peso aos 56 dias pois, nesta fase os animais ainda não apresentam dimorfismo sexual.

Foram definidos grupos contemporâneos formados pelas variáveis geração e tanque de cultivo, uma vez que o grupo de indivíduos destinado aleatoriamente a cada tanque permaneceu no mesmo tanque até o fim do experimento, a cada geração. Para P56 foi incluído apenas o efeito de geração pois, esta mensuração acontecia antes da distribuição dos peixes aos respectivos tanques. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como,

$$[y_1 \ y_2] = [X_1 \ \phi \ \phi \ X_2] [b_1 \ b_2] + [Z_1 \ \phi \ \phi \ Z_2] [u_1 \ u_2] + [W_1 \ \phi \ \phi \ W_2] [f_1 \ f_2] + [e_1 \ e_2]$$

onde  $y_i$  é o vetor de observações para a característica  $i$ ,  $b_i$  é o vetor de efeitos fixos (sexo, geração e tanque-geração);  $u_i$ ,  $f_i$  e  $e_i$  são vetores de efeitos genéticos aditivos diretos, hapa e efeitos aleatórios residuais, respectivamente;  $X_i$ ,  $Z_i$  e  $W_i$  e são matrizes de incidência relacionadas a  $b_i$ ,  $u_i$  e  $f_i$ , respectivamente; e  $\phi$  é uma matriz nula. A idade do animal à marcação foi considerada como covariável para a características de Peso aos 56 dias de idade.

As distribuições assumidas *a priori* foram a distribuição uniforme para os efeitos fixos e distribuição normal para os efeitos aleatórios, considerando distribuição de Wishart invertida para as matrizes de (co)variâncias.

O comprimento das cadeias na implementação da amostragem de Gibbs para cada parâmetro foi de 1.500.000 ciclos, com descarte inicial de 500 mil e amostragem armazenada a cada 100 ciclos. O período de descarte e o intervalo de amostragem foram estabelecidos empiricamente. A convergência foi verificada pelo critério proposto por Heidelberger e Welch (1983) e por meio de inspeção gráfica utilizando o pacote estatístico *Bayesian Output Analysis* (BOA) do programa R (R Core Team, 2020).

A hipótese nula no teste de diagnóstico de convergência de Heidelberger e Welch (1983), é que os valores amostrais provêm de um processo estacionário. Quando há evidência de não estacionaridade, 10% das primeiras iterações é descartado e o teste é repetido. Esse processo continua até que 50% das iterações tenham sido descartadas ou até que a cadeia analisada passe no teste. A inspeção visual consiste na observação dos valores amostrados versus iterações e a convergência das cadeias é avaliada pela tendência e áreas de densidade de distribuição das cadeias.

Para determinação da tendência genética das características avaliadas, foram regredidos os valores genéticos dos animais em função das gerações, com uso da seguinte equação:

$$y_i = b_0 + b_1x_i + \varepsilon_i$$

em que  $Y_i$  é o valor genético para a característica avaliada na  $i$ -ésima geração;  $b_0$  é o intercepto;  $b_1$  é o coeficiente angular da reta;  $x_i$  é a  $i$ -ésima geração; e o  $\varepsilon_i$  é o erro aleatório.

Bem como a herdabilidade ( $h^2$ ), também foram estimadas as razões entre a variância de hapa e variância fenotípica ( $f^2$ ) e a variância residual (de ambiente) e variância fenotípica ( $e^2$ ), por meio das equações abaixo, a fim de demonstrar a proporção de cada efeito na variância total.

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}; \quad f^2 = \frac{\sigma_f^2}{\sigma_p^2}; \quad e^2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$$

As correlações genéticas ( $r_g$ ) entre qualquer par de características foram estimadas da seguinte forma:

$$r_{g_{i,i'}} = \frac{\sigma_{g_{i,i'}}}{\sqrt{\sigma_{g_i}^2 \times \sigma_{g_{i'}}^2}}$$

Amostras das distribuições posteriores das respostas diretas e indiretas à seleção foram obtidas com as amostras dos componentes de (co)variância, e intensidade de seleção de 1,76 (5% de machos e 10% de fêmeas selecionadas, respectivamente). As respostas esperadas à seleção direta por geração foram calculadas usando a seguinte equação:

$$\Delta G = i_i h_i^2 \sigma_{p_i}$$

onde  $\Delta G_i$  representa o ganho genético esperado por geração;  $i_i$  representa a intensidade de seleção;  $h_i^2$  representa a herdabilidade; e  $\sigma_{p_i}$  representa o desvio padrão fenotípico correspondente à característica  $i$ .

As respostas correlacionadas esperadas por geração foram calculadas usando a seguinte equação:

$$\Delta G_{yx} = r_{a_y a_x} h_y h_x i_x \sigma_{p_y}$$

onde  $\Delta G_{yx}$  representa a resposta correlacionada esperada por geração em relação a uma determinada característica no ambiente  $Y$  selecionando a mesma característica no ambiente  $X$ ;  $r_{a_y a_x}$  representa a correlação genética de uma característica medida no ambiente  $X$  e ambiente  $Y$  obtida na análise de duas características;  $h_y$  representa a raiz quadrada da herdabilidade da característica no ambiente  $Y$ ;  $h_x$  representa a raiz quadrada da herdabilidade da característica no ambiente  $X$ ;  $i_x$  representa a intensidade de seleção no ambiente  $X$ ; e  $\sigma_{p_y}$  representa o desvio padrão fenotípico no ambiente  $Y$ .

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um total de 18898 animais foram avaliados em seis gerações do programa de melhoramento NGTAqua. O número de informações reduziu à medida que a idade do animal avançou (Tabela 3). A diferença no número de informações entre os sistemas BFT e RAS é devida ao número de tanques de cultivo utilizados ser superior no primeiro, para todas as características avaliadas.

É observado aumento na média de peso dos animais, de 10,9; 99,3; 58,3; 140,7 e 51,8 g para as características P56, P168BFT, P168RAS, P224BFT e P224RAS, respectivamente, quando se analisa o efeito da sexta geração de seleção sobre a primeira (Tabela 3). Por outro lado, o rendimento de carcaça das tilápias avaliadas neste estudo se manteve constante ao longo das gerações, independe do sistema em que foram cultivadas.

Tabela 3. Número de observações (N), médias e desvios-padrão (dp) para cada característica avaliada ao longo das gerações

		<b>G1</b>	<b>G2</b>	<b>G3</b>	<b>G4</b>	<b>G5</b>	<b>G6</b>	<b>Geral</b>
<b>P56</b>	<b>N</b>	2896	2247	2742	3989	4232	2792	18898
	<b>Média (dp) (g)</b>	19,5 (9,2)	12,4 (6,5)	23,0 (10,2)	25,1 (8,0)	23,7 (8,5)	30,4 (8,2)	22,9 (9,8)
<b>P168BFT</b>	<b>N</b>	1937	1288	2007	3491	3699	2211	14633
	<b>Média (dp) (g)</b>	219,0 (67,5)	152,9 (67,3)	253,9 (103,7)	263,3 (83,2)	256,5 (81,0)	318,3 (65,0)	253,0 (90,2)
<b>P168RAS</b>	<b>N</b>	959	959	735	484	519	579	4235
	<b>Média (dp) (g)</b>	354,0 (91,2)	204,2 (94,0)	262,2 (100,6)	311,7 (70,7)	257,2 (60,7)	412,3 (77,7)	295,4 (111,4)
<b>P224BFT</b>	<b>N</b>	1552	1010	1001	2742	3218	1907	11430
	<b>Média (dp) (g)</b>	326,4 (80,4)	254,0 (94,2)	407,8 (129,3)	373,8 (113,1)	388,7 (118,7)	467,1 (90,5)	379,5 (121,1)
<b>P224RAS</b>	<b>N</b>	783	513	529	352	496	503	3176
	<b>Média (dp) (g)</b>	534,0 (140,8)	402,2 (125,4)	443,4 (150,3)	477,1 (107,6)	373,5 (81,6)	585,8 (110,8)	474,5 (144,5)
<b>RCarBFT</b>	<b>N</b>	1526	933	975	2635	2093	795	8957
	<b>Média (dp) (%)</b>	0,56 (0,03)	0,54 (0,04)	0,56 (0,04)	0,56 (0,04)	0,55 (0,04)	0,55 (0,04)	0,55 (0,04)
<b>RCarRAS</b>	<b>N</b>	777	486	520	349	375	213	2720
	<b>Média (dp) (%)</b>	0,55 (0,03)	0,55 (0,03)	0,54 (0,04)	0,55 (0,04)	0,54 (0,03)	0,55 (0,04)	0,55 (0,03)

A validade das estimativas dos componentes de (co)variância para predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção está diretamente ligada à qualidade do banco de dados e ao ajuste adequado de um modelo que contemple todos os fatores que exercem influência sobre o fenótipos dos indivíduos avaliados.

Uma vez que a seleção é realizada com base nas informações de peso aos 56 dias e peso aos 168 dias de idade e que os animais selecionados não são abatidos, o número de informações é menor tanto para os pesos padronizados aos 224 dias quanto para os rendimentos de carcaça. Eventuais mortalidades e falhas na tabulação dos dados também contribuem para a redução do número de informações ao longo das mensurações (Tabela 3).

O aumento nas médias dos pesos padronizados para as todas as idades ao longo das gerações, nos dois sistemas de cultivo avaliados, sugere alto ganho em resposta ao

melhoramento genético, principalmente no sistema BFT. O aumento de 10,9 g no peso aos 56 dias de idade (Tabela 3), possibilita a identificação dos indivíduos mais precocemente, reduzindo o tempo de cultivo em hapas na fase de alevinagem, e como consequência, diminuindo a proporção deste efeito sobre o fenótipo dos animais. O aumento do peso das tilápias aos em idades avançadas pode permitir que a seleção dos animais seja antecipada, e com isso, o período de cultivo e o custo do programa de melhoramento sejam reduzidos (Turra et al., 2012b).

O rendimento de carcaça se comporta de forma estável mesmo com o aumento do peso dos animais ao abate (P224) a cada geração (Tabela 3), sugerindo que não há ganhos genéticos significativos por meio da resposta correlacionada.

#### **4.1. Componentes de variância, herdabilidades e proporções**

As médias posteriores das variâncias genéticas aditivas para P168BFT, P168RAS, P224BFT e P224RAS diferiram entre si e são superiores para os animais testados no RAS para as idades ajustadas (Tabela 4). Para rendimento de carcaça não houve diferença significativa das variâncias genéticas entre os sistemas avaliados, pois houve sobreposição dos maiores intervalos de densidade posterior com 90% das amostras (HPD90%).

Conhecer bem a respeito das propriedades genéticas da população é imprescindível para fazer inferências sobre a mesma e importante para endossar a prática de seleção. A produção de tilápias no Brasil é predominantemente em viveiros escavados e tanques-rede. Parâmetros genéticos para características economicamente importantes em tilápias do Nilo são escassas para os sistemas BFT e RAS.

As variâncias genéticas observadas para P168 em BFT e RAS (Tabela 4) estão próximas às de Turra et al. (2016) que utilizaram a mesma população base deste estudo. O sistema de recirculação de água oferece aos animais de tanques distintas condições ambientais muito mais controladas que o sistema BFT, o que favorece a maior expressão dos genes responsáveis pelo desempenho e aumento de peso de tilápias do Nilo. A variância genética aditiva é a principal causa de semelhança entre parentes, conseqüentemente, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta da população à seleção (Falconer, 1981).

As variâncias de hapa se reduzem entre as características à medida que a idade do animal avança e pode ser melhor analisada por meio das médias posteriores da proporção entre a variância de hapa e a variância total ( $f^2$ ) (Tabela 4). As baixas estimativas aqui encontradas para

P168 e P224 (0,05 a 0,16) corroboram com informações para este efeito obtidas para peso a despesca de tilápias sob cinco gerações de seleção (0,02 a 0,14) (Reis Neto et al., 2014, Oliveira et al., 2015). Estimativas superiores, de 0,04 a 0,41, também foram relatadas para efeito de ambiente comum (Thodesen et al., 2011; Bentsen et al., 2012; Gjerde et al., 2012; Hamzah et al., 2014).

Para P56 o efeito hapa é responsável por quase metade da variância fenotípica ( $f^2 = 0,45$ ). Charo-Karisa et al. (2005) também relataram um alto  $f^2$  (0,61) para peso de juvenis de tilápias em idade próxima, 49 dias. Nguyen et al. (2010) observaram que os efeitos de ambiente materno e comum diminuíram quando as tilápias permaneceram por mais tempo na fase de crescimento e alcançaram maior peso na despesca. Tal fato leva a concluir que as estimativas do efeito de  $f^2$  em características medidas em estágios iniciais de desenvolvimento, frequentemente incluem grandes efeitos maternos (Vandeputte et al., 2002), provavelmente pela diluição que ocorre neste efeito ao longo do tempo por meio da alocação aleatória dos indivíduos nos tanques de crescimento. Portanto, espera-se uma menor estimativa do efeito de hapa quanto mais distante das fases de incubação e alevinagem a coleta de dados for feita.

Essas estimativas, como componente da variância total, indicam a importância deste efeito como causa das diferenças entre os animais (Oliveira et al., 2015). Logo, não considerar estes efeitos no modelo estatístico, implicaria na estimativa tendenciosa da herdabilidade e, por conseguinte, confundimento dos efeitos genéticos e sistemáticos não genéticos e redução da precisão de seleção (Bentsen et al., 2012).

Ninh e colaboradores (2013) compararam a resposta à seleção de famílias de carpa comum cultivadas separadamente e em conjunto, utilizando sete locos microssatélites para designação de parentesco dos indivíduos das famílias agrupadas. Tais autores relataram que os efeitos ambientais maternos e comuns foram próximos de zero na criação comunal. O melhoramento genético por meio da seleção convencional é uma forma mais econômica de contribuir para que os animais sejam identificados mais precocemente, reduzindo a influência deste efeito no fenótipo de animais jovens.

As proporções de variância ambiental na variância total ( $e^2$ ) para P168, P224 e RCar não se diferem entre BFT ou RAS, pela sobreposição dos HPD90%. Entretanto as médias posteriores para  $e^2$  em RCar se apresentaram bastante elevadas para ambos os sistemas testados.

Tais resultados de  $e^2$  em RCarBFT e RCarBFT (0,73 e 0,71) (Tabela 4) indicam grande influência do ambiente sobre as características. A variância atribuída aos desvios causados pelo ambiente, que abrange toda variação de origem não genética e pode ter uma série de causas,

conhecidas ou não. Fatores climáticos ou ambientais são causas comuns e muitas vezes passíveis de serem controlados, bem como falhas de mensuração, que frequentemente podem ser reduzidas. Boa parte da variância ambiental pode ser proveniente de causas desconhecidas, e por isto, não podem ser eliminadas. A variância residual é tratada como uma fonte de erro que pode influenciar a precisão das respostas nos estudos genéticos. Logo, tem-se como objetivo controlar o maior número possível de efeitos causadores desta variância.

Neste estudo, umas das causas do elevado  $e^2$  para RCar pode ser o fato de mais de uma pessoa executar a limpeza e corte das carcaças, devido ao alto número de animais abatidos por vez. A redução do número de pessoas nesta função ou a utilização de um maquinário próprio, pode refletir em maior padronização das carcaças, ocasionando em melhores estimativas dos parâmetros genéticos, incluindo aumento da herdabilidade. A inclusão deste efeito de forma separada no modelo, também poderia ser benéfica, pois evitaria ser atribuído ao resíduo.

As médias posteriores de  $h^2$  foram de alta magnitude para tanto para P168 quanto para P224 (0,52 a 0,76), mas não diferiram entre os sistemas avaliados (HPD90%). Vários autores avaliando o progresso genético de tilápias do Nilo com base no peso à despesca, observaram herdabilidades moderadas, entre 0,17 e 0,31 (Thodesen et al., 2011; Bentsen et al., 2012; Hamzah et al., 2014; Oliveira et al., 2015). Estimativas altas (0,56), como relatado no presente trabalho foram também relatadas por Bolivar e Newkirk (2002) para a mesma característica. Estas altas herdabilidades corroboram com o fato do peso ser o único critério de seleção utilizado no momento da escolha dos reprodutores em muitos programas de melhoramento.

Por outro lado, as médias posteriores de herdabilidade para P56, RCarBFT e RCarRAS foram menores que as demais (0,25 a 0,27) e iguais entre si devido à sobreposição dos maiores intervalos HPD90% (Tabela 4). Tais estimativas foram próximas às relatadas por Turra et al. (2012), que utilizaram em seu estudo a mesma população base.

Quando a herdabilidade de uma característica é baixa, é esperado que os fenótipos apresentem pouca mudança detectável na média da população, como resultado da seleção, pois a correspondência entre genótipos e fenótipos, neste caso, não é próxima, e a variância genética não aditiva e a variância ambiental têm grande influência sobre o fenótipo. (Boag e Noodwijk, 1987).

Tabela 4. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos de pesos corporais e rendimentos de carcaça em BFT e RAS

Parâmetro <sup>a</sup>	P56	P168BFT	P168RAS	P224BFT	P224RAS	RCarBFT	RCarRAS
$\sigma_a^2$	14,0 (11,6; 16,4)	2280,8 (2002,8; 2551,2)	4473,1 (3838,5; 5123,7)	5670,8 (5092,3; 6241,3)	10578,3 (8770,3; 12297,7)	3,29E-04 (2,50E-04; 4,05E-04)	2,52E-04 (1,72E-04; 3,32E-04)
$\sigma_f^2$	23,4 (21,3; 25,5)	752,5 (639,7; 861,2)	1113,1 (886,7; 1340,0)	412,3 (302,2; 519,5)	1311,6 (899,2; 1723,0)	1,41E-05 (2,58E-06; 2,47E-05)	4,46E-05 (1,17E-05; 7,51E-05)
$\sigma_e^2$	14,2 (13,0; 15,4)	1380,3 (1240,5; 1516,2)	1587,7 (1259,5; 2028,5)	1826,1 (1526,3; 2109,7)	1900,0 (993,9; 2507,3)	9,29E-04 (8,79E-04; 9,78E-04)	7,09E-04 (5,40E-04; 7,70E-04)
$h^2$	0,27 (0,23; 0,32)	0,52 (0,47; 0,57)	0,62 (0,55; 0,69)	0,72 (0,67; 0,77)	0,76 (0,68; 0,85)	0,26 (0,20; 0,31)	0,25 (0,18; 0,32)
$f^2$	0,45 (0,43; 0,48)	0,17 (0,15; 0,19)	0,16 (0,12; 0,19)	0,05 (0,04; 0,07)	0,10 (0,06; 0,13)	0,01 (0,00; 0,02)	0,04 (0,01; 0,08)
$e^2$	0,28 (0,25; 0,31)	0,31 (0,27; 0,35)	0,22 (0,17; 0,27)	0,23 (0,19; 0,28)	0,14 (0,07; 0,21)	0,73 (0,68; 0,78)	0,71 (0,64; 0,78)

<sup>a</sup>  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_f^2$  = variância de hapa,  $\sigma_e^2$  = variância residual,  $h^2$  = herdabilidade,  $f^2$  = proporção da variância de hapa na variância total,  $e^2$  = proporção da variância residual na variância total

## 4.2. Correlações genéticas

Todas as correlações genéticas entre os pesos e sistemas de cultivo avaliados foram positivas (Tabela 5). As maiores correlações genéticas foram observadas entre P168BFT, P168RAS, P224BFT e P224RAS, todas acima de 0,86. Estas estimativas corroboram com as correlações genéticas encontradas por Turra et al. (2012a) que foram superiores a 0,80 em idades próximas a deste estudo com tilápias avaliadas em BFT. Tal fato é mais um indicativo de que a seleção em idades precoces, próximas aos 160 dias, favorecem ganhos genéticos em idades posteriores. Em avaliações de tilápias cultivadas até idades próximas ao deste estudo, foram observadas correlações genéticas acima de 0,7 para o peso corporal entre BFT e RAS. A correlação genética é a correlação entre valores genéticos e representa a proporção em que o mesmo gene ou conjunto de genes afetam características do mesmo animal simultaneamente (Searle, 1961). A correlação genética fornece uma medida da taxa em que as características respondem à seleção indireta, ou seja, a seleção praticada em uma característica surte efeito em outra, desde que compartilhem os mesmos genes (Roff, 1996).

Por outro lado, as menores correlações genéticas se apresentaram entre pesos corporais e rendimentos de carcaça ( $< 0,45$ ), independente do sistema avaliado. As médias posteriores das correlações de P56, P168BFT, P224BFT com RCarRAS apresentaram amplo intervalo HPD90% incluindo zero (Tabela 5) indicando que não houve associação genética entre estas características. Turra et al., 2012b)

As médias posteriores de correlações genéticas estimadas entre pesos e rendimentos sugerem pouca mudança no rendimento de carcaça como resposta correlacionada quando o critério de seleção for o P168 em BFT ou RAS (Tabela 5). Os resultados sugerem que poderiam ser alcançadas respostas correlacionadas mais altas caso a seleção do peso fosse realizada com base no P224, preferencialmente em RAS. Entretanto, as vantagens em selecionar os indivíduos mais precocemente seriam perdidas.

Tabela 5. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) das correlações genéticas entre pesos corporais e rendimentos de carcaça em BFT e RAS

	P168BFT	P168RAS	P224BFT	P224RAS	RCARBFT	RCARRAS
P56	0,67 (0,61; 0,73)	0,60 (0,52; 0,68)	0,43 (0,34; 0,52)	0,49 (0,38; 0,60)	0,18 (0,016; 0,34)	0,14 (-0,06; 0,34)
P168BFT		0,93 (0,89; 0,98)	0,88 (0,86; 0,91)	0,89 (0,83; 0,94)	0,23 (0,10; 0,38)	0,15 (-0,04; 0,34)
P168RAS			0,86 (0,82; 0,91)	0,92 (0,90; 0,94)	0,28 (0,13; 0,43)	0,30 (0,09; 0,49)
P224BFT				0,93 (0,90; 0,96)	0,44 (0,32; 0,55)	0,14 (-0,05; 0,33)
P224RAS					0,50 (0,36; 0,64)	0,39 (0,22; 0,56)
RCARBFT						0,93 (0,85; 1,0)

#### 4.3. Resposta a seleção e tendências genéticas

Observa-se que a seleção direta para P168 é mais eficiente quando os animais são cultivados em sistema de recirculação (92,8) (Tabela 6), resultado que está de acordo com as estimativas elevadas de herdabilidade e variância genética para P168RAS (Tabela 4). A sobreposição dos intervalos HPD90% das respostas indiretas indicam que é possível aumentar o peso ao abate (P224) de animais cultivados em BFT ou RAS se a seleção for realizada com base no peso aos 168 dias em quaisquer dos sistemas (Tabela 6). Ganhos genéticos obtidos para rendimento de carcaça resultantes de respostas correlacionada quando o critério de seleção é P168 são mínimos, independente do sistema de cultivo avaliado (Tabela 6). Tal resultado já era esperado devido às baixas correlações genéticas observadas (0,15 a 0,30) entre P168 e RCar (Tabela 5). Sob intensidades de seleção iguais, a resposta a seleção indireta só supera a seleção direta se a correlação genética entre as características for alta e a herdabilidade da característica sob mensuração for substancialmente mais alta, o que não ocorre neste estudo.

As respostas obtidas por meio da seleção artificial das tilápias aqui avaliadas, são inferiores àquelas estimadas (Tabela 6). A escolha de animais fisicamente aptos a reproduzir, mortalidade e número de animais selecionados por famílias são causas diretas do aumento da intensidade de seleção na prática, afetando diretamente o ganho genético teórico.

Tabela 6. Médias posteriores (maior intervalo de densidade posterior com 90% das amostras) da resposta à seleção direta e indireta para pesos corporais e rendimentos de carcaça em BFT e RAS

<b>DIRETA</b>	<b>P56</b>	<b>P168BFT</b>	<b>P168RAS</b>	
	3,5 (2,9; 4,0)	60,9 (53,9; 66,95)	92,8 (81,3; 104,6)	
<b>INDIRETA</b>	<b>P224BFT</b>	<b>P224RAS</b>	<b>RCARBFT</b>	<b>RCARRAS</b>
<b>P168BFT<sup>a</sup></b>	74,3 (65,2; 83,7)	101,4 (88,0; 116,7)	0,005 (0,002; 0,009)	0,003 (-0,001; 0,007)
<b>Eficiência<sup>b</sup></b>	0,89 (0,85; 0,93)	0,82 (0,72; 0,91)	0,33 (0,13; 0,55)	0,23 (-0,07; 0,52)
<b>P168RAS<sup>c</sup></b>	91,3 (82,6; 100,6)	121,8 (103,3; 140,3)	0,007 (0,003; 0,011)	0,007 (0,002; 0,011)
<b>Eficiência</b>	0,82 (0,76; 0,88)	0,96 (0,90; 1,0)	0,45 (0,20; 0,69)	0,49 (0,15; 0,82)

<sup>a</sup>Resposta indireta quando a seleção direta for P168BFT; <sup>b</sup>Eficiência da resposta indireta; <sup>c</sup>Resposta indireta quando a seleção direta for P168RAS

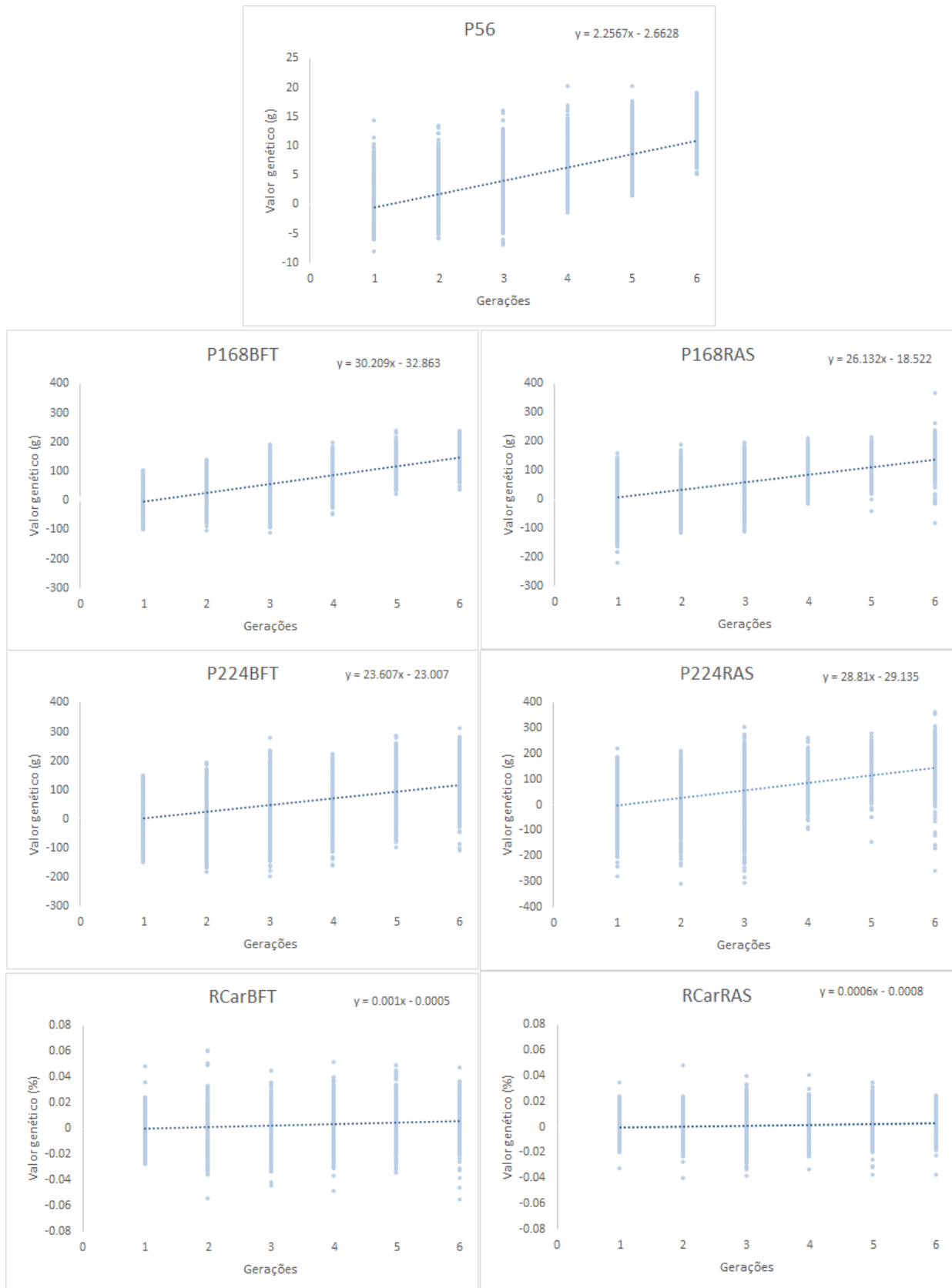


Figura 1. Tendências genéticas de pesos corporais ajustados a idades padrão (P56, P168, P224) e rendimentos de carcaça (RCAR) de tilápias do Nilo cultivadas em BFT e RAS em seis gerações de seleção

No presente estudo foram obtidos ganhos genéticos médios por seleção direta para P56 (11,1%), P168BFT (9,1) e P224RAS (3,3%) e ganhos indiretos para P224BFT (8,6%), P224RAS (1,9%) por geração. A literatura aponta que entre as espécies de aquicultura cultivadas, a resposta direta à seleção para o aumento do peso corporal varia de 5 a 15% por geração (Gjedrem, 2012; Nguyen, 2016). Taxas anuais já foram alcançadas para ganhos genéticos em tilápias variando de 3,8 a 13,6% para peso à despesca (Khaw et al., 2008; Thodesen et al., 2011; Hamzah et al., 2014; Oliveira et al., 2015; Bentsen et al., 2017), respostas que mostram o progresso genético de tilápias cultivadas em viveiros e tanques-rede. Os resultados deste estudo fornecem parâmetros genéticos importantes de tilápias cultivadas em BFT e RAS e complementam as informações já existentes (Fernandes et al., 2019, Rutten et al., 2005; Turra et al., 2012a, b)

A eficiência de um programa de melhoramento de uma espécie sob sucessivas gerações de seleção, é avaliada por meio da tendência genética, onde é expresso o ganho genético para determinada característica em avaliação. (Schaeffer, 1996).

A tendência genética dos pesos corporais nas idades padrão foi crescente (Figura 1) para todas as características: P56 (2,3 g/geração), P168BFT (30,2 g/geração), P168RAS (26,1 g/geração), P224BFT (26,6 g/geração), P224RAS (28,8g/geração). Para rendimentos de carcaça as tendências apresentaram-se próximas a zero ainda que os coeficientes de regressão tenham sido significativos (RCarBFT: 0,001 e RCarRAS: 0,006). Essa tendência genética representa ganho genético acumulado ao longo do período estudado de 56% para P56, 45% para P168BFT, 16% para P168RAS, 43% para P224BFT, 9% para P224RAS e nulos para RCARBFT e RCARRAS.

## 5. CONCLUSÕES

Para P56, P168 e P224 as respostas foram suficientes para indicar que a mudança genética está sendo alcançada na direção pretendida em sistemas de bioflocos e recirculação de água.

BFT e RAS são opções de sistemas de cultivo sustentáveis e promissores para o ganho de peso de tilápias do Nilo cultivadas até 224 dias de idade

A seleção de tilápias com base no peso padronizado aos 168 dias promove ganho no P224 como resposta correlacionada em BFT ou RAS.

Rendimento de carcaça é uma característica de importância econômica e, portanto, deve ser incorporada ao índice de seleção para obtenção de ganhos mais satisfatórios.

## **AGRADECIMENTOS**

Agradecemos o apoio da FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais), CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) para a realização desta pesquisa.

## 6. REFERÊNCIAS

ANUÁRIO BRASILEIRO DA PISCICULTURA PEIXEBR, p. 152, 2022.

ARAÚJO, F.C.T. et al. *Effects of genotype x environment interaction onde te estimation of genetic parameters and gains in Nile tilapia*. J. Appl. Genetics, v. 61, p. 575-580, 2020.

AVNIMELECH, Y. *Biofloc Technology - A Pratical Guide Book*. Word Aquaculture Society 177 p. , 2009.

BENTSEN, H. B. et al. *Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (Oreochromis niloticus) during five generations of testing in multiple environments*. Aquaculture, v. 338-341, p. 56-65, 2012.

BENTSEN, H. B. et al. *Genetic improvement of farmed tilapias: Response to five generations of selection for increased body weight at harvest in Oreochromis niloticus and the further impact of the project*. Aquaculture, v. 468, p. 206–217, 2017.

BOAG, P.T.; NOORDWIJK, A.V. *Quantitative Genetics*. In: Cooke, F.; Buckley, P.A. Avian genetic: A Population and Ecologic Approach, p. 45-74, 1987.

BOLIVAR, R.B.; NEWKIRK, G.F. *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, 2002.

CHARO-KARISA, H., REZK, M. A., BOVENHUIS, H., & KOMEN, H. *Heritability of cold tolerance in Nile tilapia, Oreochromis niloticus, juveniles*. Aquaculture, v. 249, p. 115–123, 2005.

CHEBIB,J.; GUILLAUME, C. *Pleiotropy or linkage? Their relative contributions to the genetic correlation of quantitative traits and detection by multi-trait GWA studies*. BioRxiv, v. 219, n. 4, p. 159, 2020.

DALSGAARD, J. et al. *Farming different species in RAS in Nordic countries: current status and future perspectives*. Aquacultural Engineering., v. 53, p. 2-13, 2013.

EKNATH, A.E., ACOSTA, B.O. *Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) Project: Final Report, March 1988 to December 1997*. ICLARM, Manila, Philippines, 75p., 1998.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária - Pesca e Aquicultura. *Caracterização da cadeia produtiva da tilápia nos principais polos de produção do Brasil*. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 26, p. 51, ISSN 2358-6273, Outubro, 2020.

FALCONER, D.S. *Introduction to Quantitative Genetics*. 2ª edição, Longman, Londres, 1981.

FERNANDES, A.F.A. et al. *Genotype by environment interaction across time for Nile tilapia, from juvenile to finishing stages, reared in different production systems*. *Aquaculture*, v. 513, p. 1-9, 2019.

GJERDE, B. et al. *Quantitative genetics of body weight, fillet weight and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)*. *Aquaculture*, v. 342–343, n. 1, p. 117–124, 2012.

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

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

HAMZAH, A. et al. *Genetic evaluation of the genetically improved farmed tilapia (GIFT) strain over ten generations of selection in Malaysia*. *Journal of Tropical Agricultural Science*, v. 37, p. 411-429, 2014.

HEIDELBERGER, P., WELCH, P.D. *Simulation run length control in the presence of an initial transient*. *Operations Research*. v. 31, p. 1109–1144, 1983.

HILL, W. G. *Estimation, effectiveness and opportunities of long term genetic improvement in animals and maize*. *Lohmann Information*, v. 43, p. 3–20, 2008.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; DANTING, M. J. C. *Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003*. *Aquaculture*, v. 275, n. 1–4, p. 64–69, 2008.

KHAW, H.L. et al. *Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments*. *Aquaculture*, v. 294, p. 37–42, 2009.

KHAW, H.L. et al. *Genotype by production environment interaction in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)*. *Aquaculture*, v. 326-329, p. 53-60, 2012.

MARTINEZ, V. et al. *The use of alternative breeding schemes to enhance genetic improvement in rainbow trout: II. Two-stage selection*. *Aquaculture* v. 254, p.195–202, 2005.

MISZTAL, I. et al. *Manual for BLUPF90 family of programs*. Georgia: Athens: Universidade da Georgia, 149p., 2022

NGUYEN, N. H. 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.

NGUYEN, N. H. *Genetic improvement for important farmed aquaculture species with a reference to carp, tilapia and prawns in Asia: Achievements, lessons and challenges*. *Fish and Fisheries*, v. 17, n. 2, p. 483–506, 2016.

NINH, N. H. et al. *A comparison of communal and separate rearing of families in selective breeding of common carp (Cyprinus carpio): Responses to selection*. *Aquaculture*, v. 408–409, p. 152–159, 2013.

NGUYEN N.H.; HAMZAH A.; THOA N.P. *Effects of genotype by environment interaction on genetic gain and genetic parameter estimates in red tilapia (Oreochromis spp.)*. *Frontiers in Genetics* 8:82, 2017.

OLIVEIRA, C. A. L. et al. *Avaliação genética de tilápias-do-nilo durante cinco anos de seleção*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 50, n. 10, p. 871–877, 2015.

PANTE, M.J.R., et al. *Estimation of additive and dominance genetic variances for body weight at harvest in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture* v. 204, p. 383–392, 2002.

PONZONI, R.W. et al. *Genetic improvement of Nile tilapia (Oreochromis niloticus) with special reference to the work conducted by the WorldFish Center with the GIFT strain*. *Reviews in Aquaculture*, v. 3, p. 27-41, 2011.

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2020.

REIS NETO, R. V. et al. *Genetic parameters and trends of morphometric traits of GIFT tilapia under selection for weight gain*. *Scientia Agricola*, v. 71, n. 4, p. 259–265, 2014.

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, 2005.

ROBERTSON, A. *The sample variance of the genetic correlation coefficient*. *Biometrics*, v. 15, n. 3, p. 469-488, 1959.

ROFF, D.A. *The evolution of genetic correlations: an analysis of patterns*. *Evolution*, v. 50, p. 1392–1403, 1996.

SCHAEFFER, L.R.; REENTS, R.; JAMROZIK, J. *Factors influencing international comparisons of dairy sires*. In: Symposium: Use of International Data in National Genetic Evaluations, Journal Dairy Science, v. 79, p. 1108-1116, 1996.

THODESEN, J. et al. *Genetic improvement of tilapias in China: genetic parameters and selection response in growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield*. Aquaculture, v. 322–323, p. 51-64, 2011.

THODESEN, J. et al. *Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in fillet traits of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield*. Aquaculture, v. 366–367, p. 67–75, 2012.

TURRA, E.M., et al. *Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models*. Aquaculture, v. 354, p. 31–37, 2012a.

TURRA, E.M., et al. *Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus**. Aquaculture, v. 356-357, p. 381–390, 2012b.

TURRA, E.M., et al. *Genotype×environment interaction for growth traits of Nile tilapia in biofloc technology, recirculating water and cage systems*. Aquaculture v. 460, p. 98–104, 2016.

VANDEPUTTE, M., QUILLET, E., & CHEVASSUS, B. *Early development and survival in brown trout (*Salmo trutta fario* L.): indirect effects of selection for growth rate and estimation of genetic parameters*. Aquaculture, v. 204, p. 435–445, 2002.