

Ganho genético para peso corporal em população simulada de *Colossoma macropomum*

Gisele Ferreira da Silva^{1*}, Luciana Shiotsuki², Laila Talarico Dias³, Rodrigo de Almeida Teixeira³

¹Doutoranda do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil.

²Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, Brasil.

³Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor correspondente: gisele.zootecnia@gmail.com

Resumo: O objetivo deste estudo foi comparar o ganho genético para peso corporal em população simulada de *Colossoma macropomum* no decorrer de cinco gerações de seleção. A simulação dos dados foi realizada através do programa QMSim, com base nas herdabilidades para peso corporal aos 24 meses de idade (cenário I: $h^2 = 0,85$ e cenário II: $h^2 = 0,14$). No cenário I houve maior ganho genético, atingindo 16% de ganho da geração zero à geração cinco versus 3% do cenário II. Foi possível antecipar que ao realizar a escolha de reprodutores com base no fenótipo existe um risco muito alto de obter-se ganho genético praticamente nulo mesmo após 15 anos de seleção se a herdabilidade da característica for baixa.

Palavras-chave: herdabilidade, melhoramento genético, QMSim, seleção, Tambaqui, tendência genética.

Genetic gain for body weight in simulated population of *Colossoma macropomum*

Abstract: The objective of this study was to compare the genetic gain for body weight in the simulated population of *Colossoma macropomum* during five generations of selection. The simulation of the data was performed through the QMSim program, based on heritabilities for body weight at 24 months of age (scenario I: $h^2 = 0.85$ and scenario II: $h^2 = 0.14$). In scenario I there was greater genetic gain, reaching 16% of generation zero gain to generation five versus 3% of scenario II. It was possible to anticipate that when choosing breeders based on the phenotype there is a very high risk of almost zero genetic gain even after 15 years of selection if there was a low heritability for trait.

Keywords: genetic improvement, genetic tendency, heritability, QMSim, selection, Tambaqui.

Introdução

No Brasil, apesar da grande importância na produção do Tambaqui, a escassez de informações relacionadas a programas de registro e avaliação zootécnica em plantéis comerciais impedem a elaboração e progresso de programas de melhoramento genético dessa espécie (Resende, 2009).

Até que se tenha um banco de dados com volume e estrutura suficiente para estabelecer um programa de melhoramento para esta espécie, uma alternativa para vislumbrar os efeitos genéticos nas populações comerciais é o uso da simulação de dados, o que é particularmente importante nos estudos com peixes uma vez que, em geral, apresentam alta prolificidade e, por isso, decisões erradas na escolha de reprodutores potencialmente podem afetar rapidamente uma proporção muito grande da população.

O objetivo deste estudo foi estimar a tendência genética e o ganho genético estimado para peso corporal em população simulada de *Colossoma macropomum* considerando-se cenários com valores de herdabilidade de alta e baixa magnitude no decorrer de cinco gerações de seleção.

Material e Métodos

A simulação dos dados foi realizada através do programa QMSim (Sargolzaei & Schenkel, 2009) que permite utilizar diferentes cenários dentro de uma população, gerando valores genéticos (EBV) e fenotípicos para cada animal ao longo das gerações. O QMSim utiliza parâmetros iniciais de herdabilidade (h^2) e variância fenotípica (σ_p^2) para realizar a simulação dos dados.

Devido ao escasso número de artigos e ao baixo número de animais avaliados, existe alta imprecisão nos dados de literatura quanto aos valores de herdabilidade para crescimento na espécie Tambaqui. Mello et al. (2016) avaliaram uma população pré-selecionada de 198 *C. macropomum* do projeto Aquabrazil coordenado pela EMBRAPA, porém obteve estimativas com elevado erro-padrão. No presente estudo de simulação consideramos a amplitude máxima das estimativas obtidas por Mello et al. 2016 considerando-se o erro-padrão para a herdabilidade e para o valor fenotípico. Sendo assim, foram considerados dois cenários de simulação: Cenário I, foram considerados os valores de 0,85 e 0,77 para h^2 e σ_p^2 , respectivamente. E, cenário II os valores de 0,14 e 0,42 para h^2 e σ_p^2 , respectivamente.

A intensidade de seleção considerada para machos e fêmeas foi de 10% ($i = 1,76$) e, a exemplo do que é comumente praticado nas pisciculturas que fornecem alevinos, o método de seleção considerado foi a partir dos fenótipos com valores mais elevados. Em relação ao número de gerações, foi realizada a evolução por cinco gerações, uma vez que o intervalo de gerações médio desta espécie é de, aproximadamente, três anos de idade. A população histórica constituiu-se inicialmente de 20 indivíduos, sendo 10 machos e 10 fêmeas, com acasalamentos aleatórios. A partir da segunda geração até a quinta, o número de animais aumentou rapidamente de acordo com os parâmetros reprodutivos relatados na literatura de 78 ovos/g de corpo, 50% de taxa de fertilização dos ovos, eclosão e sobrevivência das larvas, atingindo-se 500.000 animais da primeira à quinta geração. Ao final do processo de simulação a avaliação do ganho genético foi realizada utilizando a equação chave para o ganho anual e foram avaliadas as mudanças nas variâncias genéticas.

Resultados e Discussão

O ganho genético anual para peso corporal de 1,02 kg/ano no cenário de alta herdabilidade ($h^2=0,85$) e de 0,06 kg/ano no cenário de baixa herdabilidade ($h^2=0,14$). Os valores genéticos estimados por simulação apresentaram a magnitude esperada e houve maior ganho genético estimado no cenário I onde a maior parte da superioridade (ou inferioridade) dos pais em relação à característica seriam transmitidas para progênie, enquanto no cenário II, a resposta à seleção seria de pequena magnitude mesmo que os reprodutores com maiores valores fenotípicos fossem selecionados. Sendo assim, mesmo após 15 anos não haveriam grandes alterações nos fenótipos e o objetivo de aumentar a velocidade de crescimento dos animais não seria atingido.

A tendência genética foi estimada por meio das médias dos valores genéticos (EBVs) dos indivíduos, no decorrer das cinco gerações, conforme ilustrado na Figura 1. O maior ganho genético ocorreu no cenário I (alta h^2) em comparação ao cenário II (baixa h^2). No cenário I o ganho genético atingido até a quinta geração foi de 16%, enquanto no cenário II foi de apenas 3%.

Em relação ao ganho genético, Gjedrem (2000) relatou que os programas de seleção de diferentes espécies de peixes têm mostrado um aumento de 10 a 15% na taxa de crescimento por geração; e Nguyen (2015) avaliando dados de produção de peixes e camarões relatou que tais espécies apresentaram ganhos genéticos para a produtividade que variaram entre 8 e 12% por geração. Ambos os autores concluem que estes resultados podem levar ao aumento da produção e redução nos custos de produção, porém a aplicação do melhoramento genético deve ser expandida para que haja o desenvolvimento de importantes espécies na aquicultura, de forma a aumentar a produção e melhorar a qualidade dos produtos.

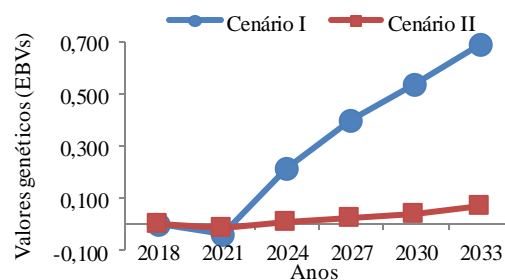


Figura 1. Tendência genética da população no decorrer das gerações simuladas nos cenários com alta e baixa herdabilidade para a característica peso corporal.

Marcos et al. (2016) avaliaram o ganho de peso e comprimento morfométrico do Tambaqui melhorado geneticamente no decorrer de 254 dias, com biometria mensal, totalizando 2.849 informações e, concluíram que na primeira geração de seleção houve um ganho de peso superior a 14,8% em comparação ao grupo aonde os animais não passaram por seleção.

As médias das variâncias genéticas estimadas na quinta geração foram de 7,577 e 0,125, no cenário I e II, respectivamente. Além disso, na Figura 2, foram apresentadas as curvas de distribuição dos valores genéticos estimados ao longo das gerações. Observa-se que em ambos os cenários as médias dos

valores genéticos e as variâncias genéticas aumentaram no decorrer das gerações, porém em diferentes magnitudes, o que pode ser observado pelas diferenças no eixo da abcissa em unidades de desvio-padrão para a característica nos dois cenários.

A população de *C. macropomum* no decorrer das cinco gerações simuladas tornou-se mais heterogênea, devido ao aumento no tamanho da população que passou de 20 indivíduos na população base para 500.000 animais na geração cinco (G5). Além disso, houve o aumento da variância genética das médias dos valores genéticos nos dois cenários. Neste mesmo sentido, resultados semelhantes foram relatados por Holtsmark et al. (2006) que apontaram como possível causa o efeito da heterogeneidade de variância que causaria maior impacto sobre a avaliação do ganho genético nos animais sob seleção. No cenário onde a herdabilidade considerada é baixa, o processo de aumento da variância genética foi de menor magnitude em relação ao cenário de alta herdabilidade o que pode ser resultado de uma maior proporção das diferenças observadas nos reprodutores ser transmitida à população.

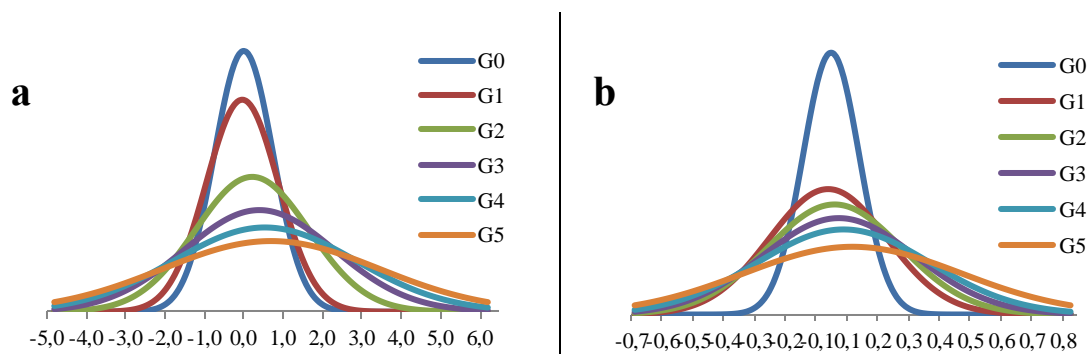


Figura 2. Variâncias genéticas da população no decorrer das gerações simuladas nos cenários com alta e baixa herdabilidade para a característica peso corporal.

Conclusão

Ao realizar a escolha de reprodutores para a espécie *C. macropomum* com base no fenótipo existe um risco muito alto de obter-se ganho genético praticamente nulo mesmo após 15 anos de seleção se a herdabilidade da característica de interesse for baixa, ainda neste cenário, diferenças genéticas estimadas entre os animais da população seriam pequenas se a população de origem for de pequeno número de animais, o que poderia acarretar em dificuldade na diferenciação de reprodutores. Por outro lado, caso a característica de interesse apresente parâmetro de herdabilidade alto, é possível promover diferenças de grande magnitude na média da população.

Literatura citada

- Holtsmark, M.; Sonesson, A.K.; Gjerde, B.; Klemetsdal, G. 2006. Number of contributing subpopulations and mating design in the base population when establishing a selective breeding program for fish. **Aquaculture**, 258, 241-249.
- Gjedrem, T. 2000. Genetic improvement of cold-water fish species. **Aquaculture Research**, 30, 25-33.
- Marcos, R.; Povh, J.A.; Fornari, D.C.; Oliveira, C.A.L.; Ribeiro, R.P.; Lopera-Barrero, N.M.; Corrêa Filho, R.A.C.; Abreu, J.S.; Murari, P.J.F. 2016. Weight gain and morphometric growth of genetically improved tambaqui (*Colossoma macropomum*). **Semina: Ciência Agrárias**, Londrina, 37, 4, suplemento 1, 2521-2528.
- Mello, F.; Oliveira, C.A.L.; Streit JR, D.; Resende, E.K.; Oliveira, S.N.; Fornari, D.C.; Barreto, R.V.; Povh, J.A. & Ribeiro, R.P. 2016. Estimation of genetic parameters for body weight and morphometric traits to tambaqui *Colossoma macropomum*. **Journal of Fisheries Sciences.com**, 10, 2, 96-100.
- Resende, E.K. 2009. Pesquisa em rede em aquicultura: bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aquicultura no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 38, 52-57.
- Sargolzaei, M. & Schenkel, F.S. 2009. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. **Bioinformatics**, 25, 680-681.