

Estimativas de parâmetros genéticos para medidas morfométrica em juvenis de tambaqui

Luciana Shiotsuki¹*, Kétuly da Silva Ataides¹², Luciana Nakaghi Ganeco Kirschnik¹, Fabrício Pereira Rezende¹, Luiz Eduardo Lima de Freitas¹, Eduardo Sousa Varela¹, Luciana Cristine Vasques Villela¹, Lucas Simon Torati¹

¹Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, Brasil.

²Universidade Católica do Tocantins, Palmas, TO, Brasil.

*Autor correspondente: luciana.shiotsuki@embrapa.br

Resumo: Objetivou-se com o presente trabalho estimar parâmetros genéticos de comprimento total (CT), comprimento padrão (CP) e altura (ALT) a fim de indicar sua utilização como critério de seleção na fase juvenil em tambaqui. Foram utilizadas informações de CT, CP e ALT em 4104 juvenis de tambaqui, contemporâneos e originários de 22 diferentes famílias. Os parâmetros genéticos foram estimados em análises uni-característica por máxima verossimilhança restrita. As estimativas de herdabilidade para essas características foram de moderada à baixa magnitude, indicando que a utilização de CT, CP e ALT como critério de seleção em juvenis de tambaquis tem pouco impacto em animais com maior potencial de crescimento, uma vez que existe grande influência ambiental nessa fase.

Palavras-chave: Aquicultura, *Colossoma macropomum*, herdabilidade, peixe nativo.

Estimates of genetic parameters for morphometric measurements in tambaqui juveniles

Abstract: The objective of this study was to estimate genetic parameters of total length (TL), standard length (SL) and height (HEI) in order to indicate their use as a selection criterion for tambaqui in the juvenile phase. TL, SL and HEI data were collected from 4104 juveniles tambaqui belonging to 22 families. Genetic parameters were estimated in uni-characteristic analyzes by restricted maximum likelihood. The heritability estimates of these traits were moderate to low, indicating that the use of TL, SL and HEI as a selection criterion in the tambaqui juveniles does not have an impact on animals with higher growth potential because there is great environmental influence at this phase.

Keywords: Aquaculture, *Colossoma macropomum*, heritability, native fish.

Introdução

O objetivo de um programa de melhoramento de peixes é impulsionar as bases de uma produção aquícola sustentável (Gjedrem; Baranski, 2009), entretanto, há menos de uma década, foi relatado que menos de 10% da produção de pescado era proveniente de algum programa de melhoramento genético. Para espécies nativas brasileiras com interesse comercial, a execução de programas de melhoramento genético para produção de alevinos padronizados, de qualidade, com baixa mortalidade e eficiência produtiva consistem em importantes demandas do setor aquícola. Entre as espécies nativas, com grande potencial produtivo, o tambaqui (*Colossoma macropomum*) é o peixe com maior representatividade na produção nacional. Em 2018 representou 39,84% (287.910 toneladas) da produção de pescado brasileiro (Anuário PeixeBR, 2019). Um dos entraves para implantação de programas de melhoramento para essas espécies com alta proliferação é que um único casal (um macho com uma fêmea) produz um número muito grande de progênie a cada reprodução. Outro fator que dificulta, é a definição de quais critérios devem ser utilizados na seleção dos animais. Segundo Nguyen (2016), o primeiro passo para o estabelecimento de programas de melhoramento é a formação de 60 a 100 famílias formadas contemporaneamente visando a variabilidade genética, e o segundo passo é a identificação de pelo menos 60 indivíduos por família para se testar à campo. Entretanto, em espécies altamente prolíficas, a identificação eletrônica individual (ou chipagem) exige uma pré-seleção de quais indivíduos serão colocados à prova. As características de fácil mensuração, como peso, comprimento (total ou padrão), largura e altura do animal são os critérios mais utilizados para selecionar tambaqui nas pisciculturas comerciais. Entretanto, não se sabe se a seleção de

animais através dessas características pode transmitir alguma habilidade às futuras progêneres ou até mesmo utilizá-las na implantação de programas de melhoramento. Por essa razão, objetivou-se estimar parâmetros genéticos de comprimento total (CT), comprimento padrão (CP) e altura (ALT) a fim de se indicar sua utilização como critério de seleção em tambaqui na fase juvenil.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de comprimento total, comprimento padrão, altura de 4104 juvenis de tambaqui (*Colossoma macropomum*) (Figura 1), contemporâneos, nascidos entre 15 de janeiro à 15 fevereiro de 2018, provenientes de 22 famílias de seis diferentes estados brasileiros. Definiu-se família um único reprodutor com uma matriz para realizar a reprodução. As medidas de comprimento total (CT), comprimento padrão (CP) e altura (ALT) foram obtidas a partir de fotografias dos tambaquis previamente capturados e com auxílio do software ImageJ.

Os parâmetros genéticos foram estimados em análises uni-característica por máxima verossimilhança restrita, com utilização do programa MTDFREML - Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood (BOLDMAN et al., 1991). Adotou-se o modelo animal contendo efeito aleatório aditivo direto, e como efeito fixo, foi considerado a família do animal. Não foi considerado efeito materno, uma vez que as fêmeas de tambaqui são induzidas artificialmente com extrato bruto de hipófise de carpa e a reprodução ocorre de forma controlada laboratorialmente. A informação de sexo do animal não foi considerada no modelo, uma vez que a espécie não possui dimorfismo sexual, sendo o sexo dificilmente identificado em indivíduos jovens (idade inferior a 24 meses). O critério de convergência foi de 10^{-12} . Várias reinicializações foram executadas de modo a assegurar a convergência no máximo global da função de verossimilhança.

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas para as características analisadas do tambaqui podem ser observadas na Tabela 1. Confirma-se com a idade dos animais, que o grupo avaliado é contemporâneo (diferença de 30 dias).

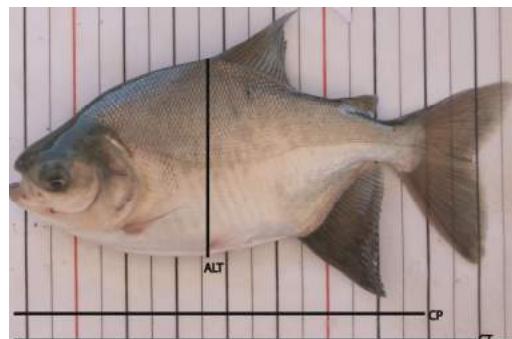


Figura 1. Medidas de Comprimento Total (CT), Comprimento Padrão (CP) e altura (ALT) em tambaquis (*Colossoma macropomum*) na fase juvenil.

Tabela 1. Estatística descritiva do comprimento total (CT), comprimento padrão (CP) e altura (ALT)

| Característica | Nº de medidas | Média | Desvio padrão | Valor Mínimo | Máximo |
|-------------------|---------------|--------|---------------|--------------|--------|
| Idade à biometria | 4121 | 198,27 | 4,51 | 180,00 | 210,00 |
| CT | 4104 | 20,35 | 8,53 | 14,58 | 28,66 |
| CP | 4104 | 18,14 | 8,63 | 13,05 | 26,03 |
| ALT | 4104 | 8,90 | 9,31 | 5,99 | 13,01 |

Os valores de variância genética aditiva representam pouco da variância fenotípica. (Tabela 2). Observou-se também que a maior parte dos valores fenotípicos são originários dos efeitos ambientais. Os valores de herdabilidade estimados para CT, CP e ALT foram de moderada a baixa magnitude (Tabela 2) indicando que, em animais jovens, a seleção com base nessas características morfométricas pode não ser

eficientemente utilizada como critério de seleção. Não há trabalhos descritos na literatura sobre parâmetros genéticos de tambaquis nessa fase juvenil. Os resultados encontrados no presente trabalho são inferiores aos descritos para tambaquis com 12 e 24 meses de idade (Mello et al. 2016).

Tabela 2. Estimativas dos valores de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica (σ_p^2) e herdabilidade (h^2) para comprimento total (CT), comprimento padrão (CP) e altura (ALT)

| Característica | Estimativas | | | |
|----------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| | σ_a^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | $h^2 \pm EP$ |
| CT | 0,485 | 1,839 | 2,324 | 0,21 ± 0,12 |
| CP | 0,411 | 1,432 | 1,843 | 0,22 ± 0,12 |
| ALT | 0,079 | 0,401 | 0,481 | 0,17 ± 0,13 |

Conclusão

A utilização de CT, CP e ALT como critério de seleção em juvenis de tambaquis pouco impacta em animais com maior potencial de crescimento porque há grande influencia ambiental nessa fase.

Agradecimentos

Os autores agradecem o Banco Nacional de Desenvolvimento Econômico e Social (BNDES) pelo auxilio financeiro, o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsas, e os parceiros Aniceto Campanha Wanderley Neto, Biofish Aquicultura LTDA, Fazenda São Paulo, José Mario Ribeiro Mendes, Marcelo Yokoyama, Estação de Piscicultura de Balbina, Secretaria de Produção Rural do Amazonas- SEPROR, Universidade Federal do Mato Grosso-UFMT, Centro de Aquicultura da Universidade Estadual “Júlio de Mesquita”-CAUNESP pela doação das pós-larvas de tambaqui.

Literatura citada

Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, L.D. et al. 1995. **A set programs to obtain estimates of variances and covariance. A manual for use of MTDFREML.** Dep. Agric., Agric. Res. Service. ARS, USDA, 120p.

Gjedrem, T. 2012. Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: a personal opinion review. **Aquaculture**, 344-349, 12-22.

Gjedrem, T. & Baranski, M. 2009. **Selective Breeding in Aquaculture: an introduction.** Series: Reviews: Methods and Technologies in Fish Biology and Fisheries. v. 10. Editora Springer, 2009. 221 p.

Melo, F., Oliveira, C.A.L., Streit Jr, D. ET al. 2016. Estimation of Genetic Parameters for Body Weight and Morphometric Traits to Tambaqui *Colossoma macropomum*. **Journal of Fisheries Sciences.com**, 10(2), 96-100.

Nguyen, N. H. 2015. Genetic improvement for important farmed aquaculture species with a reference to carp, tilapia and prawns in Asia: achievements, lessons and challenges. **Fish and Fisheries**, 17, 2, 483-506.