

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CENTRO DE AQUICULTURA DA UNESP

**Análises quantitativas e genômicas de
características reprodutivas e desempenho
de tilápias (*Oreochromis niloticus*)**

Msc. Thaís Gornati Gonçalves

Jaboticabal

2026

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CENTRO DE AQUICULTURA DA UNESP

**Análises quantitativas e genômicas de
características reprodutivas e desempenho
de tilápias (*Oreochromis niloticus*)**

Msc. Thaís Gornati Gonçalves

Orientador: Rafael Vilhena Reis Neto

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Aquicultura, do Centro de Aquicultura da Unesp – CAUNESP, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutora em Ciências, Área de Aquicultura.

Jaboticabal

2026

G635a Gonçalves, Thaís Gornati

 Análises quantitativas e genômicas de
 características reprodutivas e desempenho de
 tilápias (*Oreochromis niloticus*) / Thaís Gornati
 Gonçalves. -- Jaboticabal, 2026

 80 p. : il., tabs., fotos

 Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista
 (UNESP), Centro de Aquicultura da Unesp,
 Jaboticabal

 Orientador: Rafael Vilhena Reis Neto

 1. Genética. 2. Seleção Genômica. 3.
 Características Reprodutivas. 4. SNP. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da
Unesp. Dados fornecidos pelo autor(a).

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: Avaliação de ganho genético, para intervalo médio de desovas e volume total produzido de ovos, de duas gerações de tilápia (*Oreochromis nilóticos*) em uma propriedade no Vale do Ribeira

AUTORA: THAÍS GORNATI GONÇALVES

ORIENTADOR: RAFAEL VILHENA REIS NETO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Ciências, área de Aquicultura, pela Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 RAFAEL VILHENA REIS NETO
Data: 24/02/2026 17:57:44-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. RAFAEL VILHENA REIS NETO (Participação Presencial)
Diretoria / UNESP / Câmpus de Registro - FCAVR

Documento assinado digitalmente
 DIOGO TERUO HASHIMOTO
Data: 24/02/2026 20:51:16-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. DIOGO TERUO HASHIMOTO (Participação Virtual)
Coordenadoria Executiva - Centro de Aquicultura da Unesp / UNESP / Reitoria - RUNESP

Documento assinado digitalmente
 LUCIANA SHIOTSUKI
Data: 24/02/2026 19:58:55-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesquisadora LUCIANA SHIOTSUKI (Participação Virtual)
/ Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas-TO



Profa. Dra. LIANE NEY BASSINI (Participação Virtual)
Escola de Veterinária / Universidad Andrés Bello (Santiago-Chile)

Prof. Dr. RILKE TADEU FONSECA DE FREITAS (Participação Virtual)
Departamento de Zootecnia / Universidade Federal de Lavras

, 24 de fevereiro de 2026.

EPÍGRAFE

***“Ninguém é maior do que aquele
que está disposto a que lhe
assinalem os seus erros.”***

Dave Barry

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pela força de continuar a cada dia, mesmo sobre os desafios e contratempos que a vida nos dá, é Ele que nos ensina que sempre devemos continuar e nos fortalecer com os ensinamentos diários.

Agradeço aqueles que são a base de tudo, que me fizeram ser quem sou e proporcionaram a oportunidade de chegar aonde cheguei, meus pais, Paulo Sergio e Teresa Maria, sei que muitas vezes as coisas não são como vocês gostariam ou como sonhavam para mim, mas em todos os momentos apoiaram e apoiam minhas decisões. Agradeço por tudo que sempre fizeram e fazem por mim, acreditando que a cada dia posso ser melhor no que faço e no que deixo para as próximas gerações.

A meu irmão e minha cunhada, que assumiram em vários momentos o cuidado com meus pais e meus animais para que eu tivesse a oportunidade de vivenciar experiências no exterior, que me presentearam com a Olívia e acreditam que posso ser um exemplo para essa nova geração que está crescendo.

Ao meu orientador, Rafael Vilhena Reis Neto, que antes de orientador é amigo, por nossas brigas e desentendimentos, nos quais não queria estar aqui, mas hoje termino mais uma fase, conquisto mais um título graças a sua insistência de não desistir e acreditar que conseguiríamos chegar até aqui.

A todos da S3 Piscicultura, que conseguiram seguir o trabalho mesmo nos momentos de minha ausência para reuniões, aulas e tempos afastada para escrever esse trabalho; em especial a um amigo que assumiu as responsabilidades, Marcelo Tamagusko, eu agradeço a paciência e o seu apoio sempre. E agradeço também ao Paulo Lima, que começou como um estagiário temporário e acabou ficando mais tempo para fazer parte dessa equipe.

A equipe do LabGen da Universidade do Chile, sobre a supervisão do prof. Dr. José Yáñez, com os quais pude aprender durante 3 meses um pouco mais de genômica e trabalhar em dados que hoje completam a minha tese. Agradeço a Liane Bassini que me recebeu e acolheu nesse país, permitindo que me sentisse mais próxima ao Brasil, assim como as pessoas ali presentes que se

tornaram amigas, Karen Prada, Larissa Bassini, Patrícia López, Bruno Ruiz entre tantos outros.

Aos inúmeros amigos, próximos ou distantes, que sempre acreditaram em mim e sempre estão presentes torcendo pelo meu sucesso em tudo o que faço, que não vou citar nomes para não esquecer de ninguém, o meu muito obrigada por todo o apoio sempre.

Ao CNPq – Conselho Nacional de Pesquisa, pela bolsa de doutorado a mim concedida durante o período de estudos.

Meu obrigado a todos que acreditam e torcem por mim.

Sumário

Lista de Figuras	I
Lista de Tabelas.....	II
Anexos.....	III
Resumo	i
Abstract	ii
Introdução	iii
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1. Revisão Bibliográfica	1
1.1 Aspectos Reprodutivos da espécie Tilápia	1
1.2 Seleção de características para reprodução	3
1.3 Comparação entre diferentes abordagens para construção da matriz de parentesco: Evolução Metodológica na Avaliação Genética	5
2. Objetivos	8
2.1 Objetivo Geral	8
2.2 Objetivos específicos.....	8
3. Referência Bibliográfica	9
<i>CAPITULO 2 Avaliação fenotípica e genética para características reprodutivas de uma população de tilápias da linhagem GIFT em ambiente comercial</i>	16
Resumo	16
Abstract	17
1. Introdução	18
2. Materiais e métodos	20
2.1 Experimento 1: Comparação entre indivíduos com diferentes valores genéticos.....	21
2.1.1 Teste de desempenho reprodutivo	21
2.2 Experimento 2: Comparação entre Gerações	22

2.2.1 Formação da Geração G1	22
2.2.2 Formação da Geração G2	22
2.3 Manejo Reprodutivo e Coleta de Dados.....	23
2.3.1 Análise dos dados	25
3. Resultados e Discussões	27
3.1 Experimento 1: Comparação entre indivíduos com diferentes valores genéticos.....	27
3.2 Experimento 2: Comparação entre as diferentes gerações	29
4. Conclusão.....	34
5. Referência Bibliográfica	35
<i>CAPITULO 3 Utilização da matriz de parentesco genômica para estimativa de parâmetros genéticos para características de desempenho em uma população comercial de tilápias.....</i>	<i>38</i>
Resumo	38
Abstract	39
1. Introdução.....	40
2. Materiais e Métodos	43
2.1 Análise dos dados	44
2.1.1 Estimativas dos componentes de (co)variância	44
3. Resultados e Discussões	46
4. Conclusão.....	53
5. Referências Bibliográficas	54
CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	58
Anexos.....	60

Lista de Figuras

Figura 1 Ganho fenotípico relativo (%) entre famílias PS e PC	28
Figura 2 Ganhos genéticos esperados por geração (R).....	33
Figura 3 Imagem ilustrativa do banco de dados trabalhado	43
Figura 4 Gráfico de dispersão dos valores de acurácias encontradas entre os modelos	49

Lista de Tabelas

Tabela 1 Médias fenotípicas ($\pm$ erro padrão) das características reprodutivas de fêmeas de tilápias pertencentes a duas populações: selecionada (PS) e comercial (PC).....	28
Tabela 2 Estimativas de variância e herdabilidade para as características reprodutivas.	30
Tabela 3 Correlação genética e fenotípica entre características reprodutivas .	30
Tabela 4 Médias fenotípicas e dos valores genéticos (VG) para características reprodutivas de fêmeas de tilápia-do-Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) pertencentes às gerações G0, G1 e G2.....	31
Tabela 5 Estatística descritiva dos dados	43
Tabela 6 Comparação entre os coeficiente de parentesco entre os indivíduos através das informações de pedigree e moleculares (SNP)	46
Tabela 7 Estimativas de herdabilidade (h^2), desvio-padrão (SD), variância genética aditiva (σ^2_a) e variância residual (σ^2_e) para peso final (gr), peso de filé (gr), resíduo (gr), cabeça (gr) e comprimento (cm) em tilápia, obtidas por modelos animais utilizando matriz de parentesco derivada do pedigree (NRM) e matriz de parentesco genômico baseada em marcadores SNP (GRM).....	47
Tabela 8 Correlações genéticas (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre características de peso final, cabeça, resíduo, peso de filé e comprimento	50

Anexos

Anexo 1 Imagem aérea S3 Piscicultura	60
Anexo 2 Matrizes e sua identificação por microchip	60
Anexo 3 Preparação de manejo dos reprodutores	61
Anexo 4 Coleta e identificação do animal	61
Anexo 5 Retirada da desova individualmente	62
Anexo 6 Medição dos ovos coletados	62

Resumo

Este estudo avaliou o potencial da seleção genética para características reprodutivas e de desempenho em populações comerciais de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), integrando abordagens quantitativas e genômicas. No primeiro experimento, foram analisados dados fenotípicos e genéticos de 350 matrizes da linhagem GIFT, acompanhadas ao longo de três gerações (G0, G1 e G2) em ambiente comercial. As características avaliadas incluíram volume total de ovos, volume de ovos ajustado ao peso corporal e intervalo médio entre desovas. Diferenças consistentes foram observadas entre grupos com altos e baixos valores genéticos, com ganhos fenotípicos relativos de até 28,7% no volume médio de ovos e aumento de 26,8% na proporção de fêmeas com desova. As estimativas de herdabilidade indicaram potencial de resposta à seleção para volume total de ovos ($h^2 = 0,21$) e volume ajustado ao peso corporal ($h^2 = 0,36$), enquanto o intervalo entre desovas apresentou menor herdabilidade ($h^2 = 0,12$). As correlações genéticas evidenciaram associação positiva entre volume total de ovos e volume ajustado (0,94) e associação negativa entre intervalo de desovas e volume ajustado (-0,63), indicando que fêmeas mais produtivas tendem a apresentar ciclos reprodutivos mais curtos. No segundo experimento, foram utilizados dados genômicos de 1.189 tilápias genotipadas por marcadores SNP, avaliando características de desempenho e rendimento corporal. As estimativas genéticas obtidas por meio da matriz de parentesco genômica (GRM) apresentaram maior acurácia em comparação à matriz tradicional baseada em pedigree (NRM), especialmente para características de menor herdabilidade. Os resultados demonstram que a incorporação de informações genômicas melhora a precisão das avaliações genéticas e representa uma alternativa viável ao controle genealógico convencional. De forma integrada, os achados confirmam a viabilidade da seleção genética para características reprodutivas e de desempenho em tilápias, contribuindo para a redução do número de matrizes, aumento da eficiência produtiva e otimização de programas de melhoramento genético em sistemas comerciais.

Palavras-chave: Melhoramento genético; Características reprodutivas; Seleção genômica; SNPs; Aquicultura

Abstract

This study evaluated the feasibility of genetic selection for reproductive and performance traits in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) using quantitative and genomic approaches under commercial conditions. In the first experiment, phenotypic and genetic data from 350 GIFT strain broodstock females were collected over three consecutive generations (G0, G1 and G2) in a Brazilian commercial farm. Reproductive traits evaluated included total egg volume, egg volume adjusted to body weight, and average spawning interval. Females with higher breeding values showed superior reproductive performance, with relative phenotypic gains of up to 28.7% in average egg volume and a 26.8% increase in the proportion of spawning females compared to the commercial group. Heritability estimates were moderate for total egg volume ($h^2 = 0.21$) and egg volume adjusted by body weight ($h^2 = 0.36$), while spawning interval exhibited low heritability ($h^2 = 0.12$). Genetic correlations were strongly positive between total egg volume and egg volume adjusted by body weight (0.94) and negative between spawning interval and egg volume adjusted by body weight (-0.63), indicating that more productive females tend to exhibit shorter reproductive cycles. In the second experiment, genomic data from 1,189 tilapia genotyped using single nucleotide polymorphism (SNP) markers were analyzed to estimate genetic parameters for growth and carcass traits. Genomic relationship matrix (GRM)-based models showed higher accuracy of breeding value prediction compared to pedigree-based models (NRM), particularly for traits with lower heritability. Overall, the results demonstrate that selection for reproductive traits is feasible and effective in commercial tilapia populations, and that the incorporation of genomic information improves the accuracy of genetic evaluations, supporting more efficient and sustainable breeding programs in aquaculture.

Keywords: Reproductive traits; Genetic parameters; Genomic selection; SNP markers; Breeding programs

Introdução

A aquicultura mundial alcançou um marco histórico em 2022, superando pela primeira vez a pesca de captura como principal fonte de produção de animais aquáticos, segundo o relatório *The State of World Fisheries and Aquaculture 2024* da FAO (FAO, 2024). A produção global totalizou 223,2 milhões de toneladas, das quais 130,9 milhões foram provenientes da aquicultura, com destaque para os 94,4 milhões de toneladas de animais aquáticos cultivados, representando 51% da produção total de animais aquáticos consumidos no mundo (FAO, 2024). Nesse cenário, o Brasil tem se consolidado como um dos principais produtores da América Latina, contribuindo significativamente para os 4,3 milhões de toneladas produzidas pela região. Em 2024, segundo a Peixe BR, a piscicultura brasileira registrou um crescimento recorde de 9,2%, atingindo 968.745 toneladas, com a tilápia representando 68,3% desse volume (662.230 toneladas). O país ocupa a quarta posição mundial na produção dessa espécie, com forte concentração nos estados do Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Santa Catarina e Rondônia (Peixe BR, 2024).

As tilápias são peixes que se reproduzem naturalmente durante todo o ano, desde que existam condições ambientais adequadas. As fêmeas atingem a maturação sexual entre três e quatro meses de vida, com peso mínimo de 100 gramas. Para desovar, necessitam de temperatura da água superior a 21 °C, sendo ideal entre 27 °C e 29 °C, com produção de 500 a 2.000 ovos por desova (SENAR, 2017). Na produção comercial de alevinos, destacam-se técnicas como a coleta de nuvens (Kubitza, 2000) e a coleta de ovos diretamente da cavidade bucal das fêmeas, seguida de incubação artificial (Little et al., 1995). Apesar da plena expansão da produção de tilápias no país, um gargalo evidente na cadeia produtiva é a oferta de formas jovens ao setor produtivo na qualidade, quantidade e constância necessária para sustentar esse crescimento.

Problemas recorrentes como baixa fecundidade e desovas assíncronas contribuem para oscilações na oferta de alevinos, prejudicando a cadeia produtiva da tilápia (Hughes & Behrends, 1983; Campos-Mendonza et al., 2004); além da espécie, destacar-se por apresentar desova parcial com intervalo médio

de 28 dias, o que demanda a utilização de muitos reprodutores para garantir a produção constante de alevinos.

O manejo adequado dos reprodutores, incluindo densidade de estocagem e razão macho:fêmea, pode elevar significativamente a produção de alevinos (Lovshin, 1982). Além disso, técnicas como a coleta de ovos na boca contribuem para a redução do intervalo entre desovas, melhorando a sincronia reprodutiva (Campos-Mendonza et al., 2004; Coward; Bromage, 2000; Ridha; Cruz, 2000).

Embora o manejo reprodutivo seja ajustável nas pisciculturas, fatores ambientais como oxigênio dissolvido, salinidade, pH, fotoperíodo, pluviosidade e temperatura da água influenciam diretamente o desempenho reprodutivo (Duponchelle et al., 1997; Popma; Lovshin, 1996). Em muitas propriedades, esses fatores não são controláveis, variando conforme o clima e sistema de criação.

Além dos aspectos ambientais e do manejo, a genética dos reprodutores é determinante para a eficiência reprodutiva. A maior parte dos programas de melhoramento genético utiliza como critério de seleção características de crescimento, como taxa de ganho de peso. No entanto, a seleção para características reprodutivas pode trazer benefícios significativos, tanto para a produção de alevinos quanto para os próprios programas de melhoramento, que enfrentam como gargalo o tempo para obtenção de famílias completas para avaliação genética (Trong et al., 2013; Ponzoni et al., 2011; Bentsen et al., 2012). Dessa forma, o melhoramento genético torna-se uma ferramenta essencial para maximizar a produtividade por meio da seleção de animais superiores geneticamente.

O melhoramento genético clássico fundamenta-se na utilização de dados fenotípicos e genealógicos para a estimativa do valor genético dos indivíduos. A matriz de parentesco construída a partir do pedigree, denominada *Numerator Relationship Matrix* (NRM), representa a expectativa teórica de compartilhamento genético entre indivíduos, assumindo registros genealógicos corretos e completos.

A constituição de diferentes famílias de peixes em programas de melhoramento genético apresenta diversos desafios práticos e logísticos. É necessário manter cada família rigorosamente isolada até o momento da chipagem, para garantir a correta identificação individual e, consequentemente, a obtenção da NRM (Numerator Relationship Matrix) com precisão (Menezes, 2025). Esse isolamento demanda infraestrutura adequada, alto custo operacional e mão de obra especializada, além de aumentar o risco de variações ambientais entre tanques ou viveiros, que podem impactar o desempenho dos animais e gerar vieses nos resultados (Geraque, 2024). Outro problema recorrente é o estresse dos peixes devido ao manejo frequente e à separação prolongada, o que pode comprometer a sobrevivência e a qualidade reprodutiva. Somam-se ainda as dificuldades de sincronizar o crescimento e a maturação das diferentes famílias, bem como o risco de erros humanos na manutenção dos registros, que podem comprometer todo o processo de seleção genética (EMBRAPA, 2022).

Com o avanço das tecnologias de genotipagem, especialmente a disseminação dos marcadores moleculares, como os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), tornou-se possível incorporar diretamente informações genômicas aos modelos de avaliação genética. Nesse contexto, a matriz de parentesco genômica, ou *Genomic Relationship Matrix* (GRM), emerge como uma ferramenta inovadora, permitindo estimar o grau de parentesco real entre indivíduos com base na similaridade genômica observada. Ao refletir relações genéticas efetivas, a GRM supera as limitações da NRM e proporciona maior acurácia na predição dos valores genéticos (VanRaden, 2008; Resende et al., 2017).

A adoção da Matriz de Relações Genômicas (GRM) representa, antes de tudo, uma solução prática para superar os principais gargalos dos programas de melhoramento genético: a necessidade de constituir famílias distintas e mantê-las isoladas até o momento da chipagem. Ao substituir essas etapas pela análise direta da informação genômica, a GRM simplifica o fluxo operacional, reduz a dependência de infraestrutura e elimina barreiras que historicamente limitam a eficiência dos centros de desenvolvimento de reprodutores.

Somado a esse ganho prático, a GRM também representa uma evolução metodológica e conceitual em relação à matriz de parentesco por pedigree (NRM). Enquanto a NRM depende da estrutura genealógica registrada, a GRM é construída a partir da informação genômica real, permitindo corrigir erros de pedigree, identificar relações não documentadas e capturar de forma mais precisa a variabilidade genética entre indivíduos (EMBRAPA, 2020). Essa abordagem é especialmente vantajosa em populações com registros genealógicos incompletos ou em programas que envolvem indivíduos genotipados sem pedigree conhecido (SENAR EaD, 2023). Além disso, ao ser incorporada em modelos estatísticos como o Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP) e o Single-Step GBLUP (ssGBLUP), a GRM possibilita estimativas mais confiáveis dos valores genéticos, acelera o progresso em características de baixa herdabilidade e aumenta a taxa de ganho genético anual, tornando a seleção de indivíduos superiores mais precisa e eficiente.

Esta tese sustenta que características reprodutivas em tilápias apresentam variabilidade genética suficiente para responder à seleção mesmo em ambientes comerciais e que a incorporação da matriz de parentesco genômica aumenta a precisão das avaliações genéticas, representando uma alternativa viável ao controle genealógico tradicional.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. Revisão Bibliográfica

1.1 Aspectos Reprodutivos da espécie Tilápia

Pertencente ao gênero *Oreochromis*, a tilápia do Nilo destaca-se como uma das espécies mais cultivadas na aquicultura mundial devido à sua rusticidade, rápido crescimento, boa conversão alimentar e elevada capacidade reprodutiva (El-Sayed, 2006). Dentre as diferentes espécies que existem no gênero a espécie *Oreochromis niloticus*, tem maior destaque e é a espécie mais trabalhada para a produção comercial. O conhecimento dos aspectos reprodutivos dessa espécie são fundamentais para o sucesso dos programas de produção e melhoramento genético, influenciando diretamente a eficiência dos sistemas de cultivo e a qualidade dos lotes produzidos.

Com reprodução do tipo ovípara, fecundação externa e cuidado parental, a espécie se caracteriza pela incubação bucal materna, no qual a fêmea coleta os ovos fertilizados e os mantém na cavidade oral até a eclosão e desenvolvimento inicial dos alevinos (Coward & Bromage, 1999). Esse comportamento garante alta taxa de sobrevivência dos descendentes, mas também limita o número de ovos incubados por ciclo reprodutivo.

A maturação sexual ocorre precocemente, geralmente entre 4 e 6 meses de idade, dependendo das condições ambientais e nutricionais (Baroiller et al., 2009). Essa precocidade pode ser vantajosa em sistemas de reprodução, mas representa um desafio em cultivos comerciais, pois a reprodução espontânea em tanques pode levar à superpopulação, competição por recursos e heterogeneidade de tamanho entre os peixes.

A reprodução da tilápia é fortemente influenciada por fatores ambientais, especialmente temperatura, fotoperíodo e qualidade da água. A faixa ideal de temperatura para reprodução situa-se entre 24 °C e 30 °C, com atividade reprodutiva reduzida abaixo de 22 °C (Ridha & Cruz, 2000). O fotoperíodo

também exerce papel modulador, sendo ciclos de luz superiores a 12 horas por dia associados ao aumento da atividade gonadal (Mair et al., 1995).

Além disso, a qualidade da água — especialmente os níveis de oxigênio dissolvido, amônia e pH — afeta diretamente a viabilidade dos gametas e o sucesso da incubação. Sistemas de manejo que mantêm parâmetros estáveis favorecem a reprodução controlada e previsível (EMBRAPA, 2015; Kubitza, 1998).

A biologia reprodutiva da tilápia, embora adaptável, apresenta desafios significativos para a oferta constante de alevinos em sistemas produtivos. A reprodução espontânea em tanques mistos, a variação individual na resposta à indução hormonal e a sazonalidade reprodutiva dificultam o controle da produção de descendentes e comprometem a previsibilidade dos ciclos produtivos (EMBRAPA, 2022). Esses fatores tornam a sincronização reprodutiva e o planejamento de cruzamentos mais complexos, impactando diretamente a eficiência dos programas de melhoramento genético.

Nesse contexto, a seleção genética surge como uma ferramenta estratégica para mitigar esses problemas. A escolha de matrizes com maior eficiência reprodutiva, melhor resposta hormonal e maior produção de ovócitos permite acelerar o ciclo reprodutivo e reduzir o número de animais necessários para manter a produção de alevinos, sem comprometer a produtividade (Jornal da Unesp, 2024; Cerrado Rural Agronegócios, 2024). Aliada ao manejo adequado dos fatores ambientais — como temperatura, fotoperíodo e qualidade da água —, a seleção genética contribui para uma reprodução mais controlada, previsível e eficiente.

Nos núcleos de melhoramento genético, como o da Universidade Estadual de Maringá, o controle reprodutivo é essencial para garantir a acurácia dos dados genealógicos e fenotípicos (Santos et al., 2011). A reprodução é realizada de forma controlada, com cruzamentos planejados entre indivíduos selecionados, permitindo o acompanhamento da performance dos descendentes e a estimativa precisa dos valores genéticos.

A sincronização da reprodução, o uso de tanques individuais para acasalamento e a coleta manual de ovos são práticas comuns nesses sistemas.

Além disso, a criopreservação de sêmen tem sido explorada como ferramenta para conservação genética e planejamento de cruzamentos futuros (Cejko et al., 2018).

Apesar desses avanços, a formação de famílias ainda representa uma necessidade nos programas de melhoramento genético, especialmente em espécies com baixa fecundidade, comportamento animal territorialista ou comportamento reprodutivo complexo em cativeiro (EMBRAPA, 2018). A limitação no número de reprodutores por geração pode levar à endogamia e comprometer a variabilidade genética. Nesse contexto, o uso de matrizes previamente selecionadas para características reprodutivas, como sincronização do ciclo estral, maior produção de ovócitos e melhor resposta à indução hormonal, pode contribuir significativamente para uma reprodução mais eficiente e sincronizada, facilitando o planejamento dos cruzamentos e a formação de famílias com maior representatividade genética (FAEF, 2022). Esse tipo de seleção foi observado dentro de uma empresa privada, S3 Piscicultura, localizada na cidade de Registro/SP, onde o programa de seleção dos reprodutores está baseado no volume de ovos produzidos e no intervalo de desova dos reprodutores.

1.2 Seleção de características para reprodução

Na aquicultura, os programas de melhoramento genético tiveram início na década de 1970, com espécies como salmão e truta, priorizando características de alta herdabilidade, fecundidade e curto intervalo entre gerações (Gjedrem, 2012). No Brasil, esse movimento foi impulsionado pela importação de famílias da linhagem GIFT de tilápias, estabelecendo-se um núcleo de melhoramento genético na Universidade Estadual de Maringá, com foco na avaliação genética por métodos quantitativos e controle de pedigree (Santos et al., 2011).

A seleção de características reprodutivas em tilápias tem ganhado relevância nos programas de melhoramento genético, especialmente diante da crescente demanda por sistemas produtivos mais eficientes e sustentáveis. Pesquisas recentes demonstram que a seleção de fêmeas com características reprodutivas superiores — como maior eficiência na produção de ovócitos e melhor resposta à indução hormonal — pode acelerar o ciclo reprodutivo em

mais de um mês e reduzir em até 84% a necessidade de matrizes, sem comprometer a produtividade (Silva; Oliveira, 2024; Martins, 2024). Esses avanços contribuem diretamente para a sustentabilidade da piscicultura, ao otimizar o uso de recursos e aumentar a eficiência dos sistemas de produção.

Embora tradicionalmente os esforços de seleção tenham se concentrado em atributos de crescimento e resistência a doenças, estudos recentes demonstram que parâmetros reprodutivos como número de ovos por desova, frequência reprodutiva, peso dos ovos e taxa de fertilização apresentam variabilidade genética suficiente para serem incorporados às estratégias de seleção (Gonçalves et al, 2024; Silva, 2018; Yoshida, 2021).

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), principal espécie cultivada no Brasil, possui características reprodutivas que podem impactar diretamente a produtividade dos sistemas de cultivo. A precocidade sexual, por exemplo, embora vantajosa em contextos de reprodução controlada, pode gerar superpopulação e heterogeneidade de tamanho em sistemas de engorda. A seleção de indivíduos com maior propensão à reprodução espontânea ou com menor intervalo entre desovas pode contribuir para maior uniformidade dos lotes e melhor desempenho zootécnico (Beardmore et al., 2001).

O trabalho desenvolvido no âmbito da S3 Piscicultura, sistematizado no trabalho de Gonçalves et al. (2024), representa uma iniciativa pioneira na aquicultura nacional ao direcionar esforços de seleção para características reprodutivas de fêmeas da linhagem GIFT. A partir da análise de mais de 2.600 matrizes, foram estimados parâmetros genéticos como herdabilidade, repetibilidade e correlações, demonstrando que atributos como volume de ovos, frequência e intervalo médio de desovas possuem variabilidade genética suficiente para responder à seleção. Essa abordagem rompe com a tradição de priorizar apenas crescimento e resistência a doenças, evidenciando que a reprodução pode ser utilizada como critério estratégico para otimizar a produção de alevinos e reduzir gargalos operacionais.

Ao posicionar a S3 como pioneira nesse tipo de seleção, o estudo abriu caminho para que programas de melhoramento incorporem características reprodutivas como parte central de suas estratégias. No entanto, para assegurar

que os ganhos obtidos sejam consistentes e duradouros, é fundamental acompanhar a evolução genética das populações sob seleção, monitorando indicadores como variabilidade genética, resposta à seleção e possíveis efeitos colaterais indesejados. Esse acompanhamento contínuo garante que o processo de seleção não apenas promova avanços imediatos, mas também preserve a base genética necessária para sustentar o progresso reprodutivo ao longo das gerações.

1.3 Comparação entre diferentes abordagens para construção da matriz de parentesco: Evolução Metodológica na Avaliação Genética

A avaliação genética de organismos aquáticos historicamente baseou-se na matriz de parentesco tradicional, conhecida como *Numerator Relationship Matrix* (NRM). Essa matriz é construída a partir de registros genealógicos e representa a expectativa teórica de compartilhamento genético entre indivíduos, assumindo acurácia e completude dos dados de pedigree (Henderson, 1975). Embora eficaz em populações bem controladas, a NRM apresenta limitações importantes, como a sensibilidade a erros de registro e a ausência de informações sobre a diversidade genômica individual (VanRaden, 2008; Lopes et al., 2020). Tais limitações tornam-se especialmente relevantes em programas de melhoramento de tilápias, nos quais o controle genealógico pode ser comprometido por reprodução espontânea, manejo extensivo ou ausência de registros precisos, além de incompatibilidade de reprodutores, espaço físico para o isolamento de larvas e alevinos até o momento de microchipagem; fatores esses que muitas vezes limitam o produtor ou o centro de pesquisa a melhorar sua produção por custos e espaço que acarretam a fatores extremamente limitantes.

Com o avanço das tecnologias de genotipagem, especialmente a disseminação dos polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), tornou-se possível construir a *Genomic Relationship Matrix* (GRM), que estima o grau de parentesco real entre indivíduos com base na similaridade genômica observada (Hayes et al., 2009). A GRM reflete relações genéticas efetivas, corrigindo erros de pedigree, identificando relações não documentadas e capturando a variabilidade genética entre indivíduos. Ao contrário da NRM, que depende exclusivamente da estrutura genealógica registrada, a GRM é construída a partir

da informação genômica real, proporcionando maior acurácia na predição dos valores genéticos, especialmente para características de baixa herdabilidade e alta influência ambiental, como as reprodutivas (Resende et al., 2017; Gonçalves et al., 2024).

A substituição da NRM pela GRM representa uma evolução conceitual e metodológica na avaliação genética. Essa transição permite não apenas maior precisão nas estimativas, mas também viabiliza estratégias avançadas de seleção, como a identificação precoce de indivíduos superiores, a gestão da diversidade genética e a otimização dos cruzamentos. Em tilápias, essa abordagem tem contribuído para a melhoria da taxa de ganho genético anual, a redução do intervalo entre gerações e o fortalecimento da sustentabilidade da cadeia produtiva (Silva et al., 2016; Santos et al., 2011).

Modelos estatísticos como o *Genomic Best Linear Unbiased Prediction* (GBLUP) e o *Single-Step GBLUP* (ssGBLUP) têm sido amplamente utilizados para integrar a GRM às análises genéticas. O ssGBLUP, por exemplo, permite a inclusão simultânea de indivíduos genotipados e não genotipados, ampliando a aplicabilidade dos modelos genômicos em populações comerciais e núcleos de melhoramento (Aguilar et al., 2010). Estudos demonstram que a utilização da GRM pode aumentar em até 30% a acurácia das estimativas genéticas, promovendo ganhos significativos na eficiência dos programas de seleção (Silva et al., 2016).

A adoção da GRM em programas de melhoramento genético de tilápias pode vir a ser um avanço técnico e estratégico, capaz de superar as limitações da NRM e ampliar o impacto da genética na aquicultura. Ao se incorporar os dados genômicos à avaliação genética, existe a possibilidade de se ter maior confiabilidade nas decisões de seleção, acelerando o progresso genético e garantindo maior uniformidade e qualidade dos lotes produzidos, necessitando ainda de um menor espaço físico para a estocagem de animais.

Apesar dos avanços expressivos alcançados nos programas de melhoramento genético de tilápias nas últimas décadas, a maior parte dos esforços de pesquisa tem sido direcionada às características de crescimento, eficiência alimentar e rendimento de carcaça, em detrimento das características

reprodutivas (Gjedrem & Baranski, 2009). Embora o sucesso desses programas tenha consolidado a tilápia como uma das espécies mais importantes da aquicultura mundial, o conhecimento genético relacionado ao desempenho reprodutivo ainda permanece limitado, especialmente quando considerado sob condições comerciais de produção (Bentsen et al., 2017).

Estudos prévios indicam que características reprodutivas, como volume total de ovos, fecundidade e intervalo entre desovas, apresentam herdabilidades de baixa a moderada magnitude em diferentes espécies de peixes, sugerindo potencial de resposta à seleção (Gjedrem, 2000; Gjedrem & Baranski, 2009; Asturiano et al., 2016). No entanto, a maioria dessas estimativas foi obtida em ambientes experimentais controlados ou em populações mantidas sob condições específicas de manejo, o que limita a extrapolação dos resultados para sistemas produtivos reais. Assim, ainda existem lacunas importantes quanto à magnitude dos parâmetros genéticos dessas características em ambientes comerciais e quanto à efetividade da seleção genética aplicada diretamente a matrizes comerciais de tilápias.

Apesar do avanço das abordagens genômicas na aquicultura, ainda são escassos os estudos que avaliam, de forma comparativa, a acurácia das estimativas genéticas obtidas por modelos baseados em NRM e GRM em populações comerciais de tilápias, particularmente quando aplicadas simultaneamente a características reprodutivas e de desempenho produtivo. Dessa forma, investigações que integrem dados fenotípicos, pedigree e informações genômicas em condições comerciais são essenciais para subsidiar o desenvolvimento de programas de melhoramento genético mais eficientes e sustentáveis para a espécie.

Dessa forma, persiste a necessidade de estudos que integrem avaliações fenotípicas, genéticas e genômicas, capazes de quantificar o impacto da seleção genética sobre características reprodutivas ao longo de gerações e de verificar se a incorporação de informações genômicas pode aprimorar a precisão das avaliações genéticas, contribuindo para a evolução metodológica dos programas de melhoramento em aquicultura.

2. Objetivos

2.1 *Objetivo Geral*

Avaliar o impacto da seleção genética sobre características reprodutivas em uma população comercial de tilápias ao longo de duas gerações e investigar a viabilidade da utilização da matriz de parentesco genômico como alternativa ao pedigree tradicional na estimativa de parâmetros genéticos para características de desempenho.

2.2 *Objetivos específicos*

- Comparar as médias fenotípicas de características reprodutivas (volume total de ovos, volume de ovos ajustado ao peso corporal e intervalo entre desovas) entre matrizes selecionadas e matrizes do plantel comercial de uma população de tilápias em ambiente produtivo;
- Estimar os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para características reprodutivas em fêmeas pertencentes às gerações G0, G1 e G2;
- Estimar os valores genéticos individuais das fêmeas e avaliar a tendência genética para volume total de ovos produzidos e intervalo médio entre desovas ao longo das gerações;
- Estimar coeficiente de parentesco entre os indivíduos através das informações moleculares (SNP);
- Comparar a acurácia das estimativas de parâmetros genéticos para características de desempenho obtidas por meio da matriz de parentesco tradicional e da matriz genômica.

3. Referência Bibliográfica

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D. L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T. J. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, v. 93, n. 2, p. 743–752, 2010.

ASTURIANO, J. F. et al. Reproductive performance in fish: effects of genetic selection and broodstock management. *Aquaculture*, v. 472, p. 1–12, 2016.

BAROILLER, J. F.; D'COTTA, H.; SAILLANT, E. Environmental effects on fish sex determination and differentiation. *Sexual Development*, v. 3, n. 2–3, p. 118–135, 2009.

BEARDMORE, J. A.; MAIR, G. C.; LEWIS, R. I. Monosex male production in finfish as exemplified by tilapia: applications, problems, and prospects. *Aquaculture*, v. 197, n. 1–4, p. 283–301, 2001.

BENTSEN, H. B. et al. Genetic improvement of tilapias in Brazil: lessons from the GIFT program. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 41, p. 207–213, 2012.

BENTSEN, H. B.; GJERDE, B.; EKNATH, A. E.; DE VERA, M. S. P.; VELASCO, R. R.; DANTING, J. C.; 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.

CAMPOS-MENDOZA, A. et al. Reproductive biology of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low input ponds. *Aquaculture*, v. 230, p. 1–14, 2004.

CARNEIRO JÚNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. Lavras: UFLA, 2009.

CEJKO, B. I. et al. Cryopreservation of fish sperm: A review of current methods and future perspectives. *Aquaculture International*, v. 26, n. 3, p. 753–768, 2018.

CERRADO RURAL AGRONEGÓCIOS. Seleção genética turbina a produção de tilápias. 2024. Disponível em: <https://www.cerradoruralagronegocios.com.br/Publicacao.aspx?id=527210..>

COWARD, K.; BROMAGE, N. R. Spawning frequency, fecundity, and egg size in *Oreochromis niloticus* (L.) and *O. mossambicus* (Peters). *Aquaculture Research*, v. 30, n. 6, p. 405–413, 1999.

DOUDNA, J. A.; CHARPENTIER, E. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science*, v. 346, n. 6213, p. 1258096, 2014.

DUPONCHELLE, F. et al. Environmental influences on reproductive success in tilapia. *Aquatic Living Resources*, v. 10, p. 145–152, 1997.

EL-SAYED, A. F. M. *Tilapia Culture*. Wallingford: CABI Publishing, 2006.

EMBRAPA. Aplicações da genômica na produção animal. Brasília: Embrapa, 2020. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1157632/aplicacoes-da-genomica-na-producao-animal..>

EMBRAPA. Melhoramento genético de peixes: desafios e perspectivas. Brasília: Embrapa, 2018. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1102345/melhoramento-genetico-de-peixes-desafios-e-perspectivas..>

EMBRAPA. Novo teste genômico auxilia criadores de tilápia a melhorar a produção. Brasília: Embrapa, 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/69823171/novo-teste-genomico-auxilia-criadores-de-tilapia-a-melhorar-a-producao..>

EMBRAPA MEIO AMBIENTE. QUEIROZ, J. F. de; FRASCA-SCORVO, C. M. D.; SCORVO FILHO, J. D.; TURCO, P. H. N.; LOSEKANN, M. E.; ISHIKAWA, M. M.; ALVES, J. M. C. Recomendações práticas para avaliação da qualidade da água na produção de tilápia em tanques-rede. Circular Técnica 31. Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, 2015. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agroindustria-de-alimentos/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1131162/recomendacoes-praticas-para-avaliacao-da-qualidade-da-agua-na-producao-de-tilapia-em-tanques-redes..>

ESALQ/USP. Evolução: Tilápias do Nilo têm programa de melhoramento genético em andamento. *Visão Agrícola*, n. 11, p. 6–9, 2021. Disponível em: <https://www.esalq.usp.br/visaoagricola/sites/default/files/va11-genetica-e-reproducao01.pdf..>

FAEF – FACULDADE DE ENSINO SUPERIOR E FORMAÇÃO INTEGRAL.

Reprodução e melhoramento genético de peixes. 2022. Disponível em: <https://faef.edu.br/artigos/reproducao-e-melhoramento-genetico-de-peixes..>

FAO. Gene editing and its applications for sustainable animal production. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2021.

FAO. The State of World Fisheries and Aquaculture 2024: Blue Transformation in Action. Rome: FAO, 2024. Disponível em: <https://www.fao.org/3/cc4029en/cc4029en.pdf..>

GALL, G. A. E.; NEIRA, R. Genetic analysis of female reproductive traits in tilapia. *Aquaculture*, v. 234, p. 85–94, 2004.

GERAQUE, E. Seleção genética turbina a produção de tilápias. *Jornal da Unesp*, 20 ago. 2024. Disponível em: [https://jornal.unesp.br/2024/08/20/selecao-genetica-turbina-a-producao-de-tilapias/..](https://jornal.unesp.br/2024/08/20/selecao-genetica-turbina-a-producao-de-tilapias/)

GJEDREM, T.; BARANSKI, M. Selective breeding in aquaculture: An introduction. Dordrecht: Springer, 2009.

GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research*, v. 31, n. 1, p. 25–33, 2000.

GJEDREM, T. Aquaculture genetics and breeding. Dordrecht: Springer, 2012.

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

GONÇALVES T.G; ATAIDES K.S., CARVALHEIRO NOVA F.A.P.C, NETO R.V.R. Genetic parameter estimates indicate the possibility of genetic gain by selecting for reproductive traits of females from a commercial tilapia population (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 2024

HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; GODDARD, M. E. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, v. 92, n. 2, p. 433–443, 2009.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, v. 31, n. 2, p. 423–447, 1975.

HILSDORF, A. W. S.; MOREIRA, H. L. M.; FREITAS, R. T. F. Desafios do melhoramento genético de organismos aquáticos. *Revista Científica Tecnológica da Universidade de Mogi das Cruzes*, 2015. Disponível em: <https://www.umc.br/nucleos-pesquisa/lagoaa/publicacoes/revista-cientifica-tecnologica/pdf/pdf-22.pdf>.

HUGHES, J. S.; BEHREND, L. L. Effects of male-to-female ratio on spawning of tilapia. *Progressive Fish-Culturist*, v. 45, p. 57–60, 1983.

INFOPEIXE. Seleção genética impulsiona produção de tilápias e reduz necessidade de matrizes em 84%. 2024. Disponível em: <https://infopeixe.com.br/selecao-genetica-impulsiona-producao-de-tilapias-e-reduz-necessid-em-84/>.

KUBITZA, F. Tilápia: tecnologia e planejamento na produção comercial. Jundiaí: F. Kubitza, 2000.

LEITE, N. M. da et al. Melhoramento genético de peixes: revisão de literatura. *Revista FAEF*, v. 12, n. 2, p. 1–15, 2022. Disponível em: http://www.faeef.revista.inf.br/imagens_arquivos/arquivos_destaque/0A8EWsQ7njTEw6_2022-7-7-20-8-21.pdf.

LITTLE, D. C. et al. Strategies for improving the reproductive performance of tilapia. *Aquaculture Research*, v. 26, p. 77–82, 1995.

LOPES, P. S.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V. Genética Quantitativa e Genômica Animal. Lavras: Editora UFLA, 2020.

LOVSHIN, L. L. Tilapia hybridization and production in the Americas. *Proceedings of the World Symposium on Warm Water Fish Culture*, v. 1, p. 278–283, 1982.

MAIR, G. C. et al. Genetic manipulation of sex ratio for the large-scale production of all-male tilapia. *Aquaculture*, v. 137, n. 1–4, p. 93–99, 1995.

MAIR, G. C. et al. Strategies for genetic sex control in tilapia. *Aquaculture*, v. 146, n. 1–2, p. 205–213, 1997.

MARTINS, A. Avanços na reprodução de tilápias impulsionam sustentabilidade da piscicultura. *Jornal da Unesp*, 2024. Disponível em: <https://jornal.unesp.br/artigo/reproducao-tilapia..>

MENEZES, K. S. P. de. Melhoramento genético de tilápias. *Zootecnia Brasil*, 24 jun. 2025. Disponível em: <https://zootecniabrasil.com/2025/06/24/melhoramento-genetico-de-tilapias/>. Acesso em: 24 nov. 2025.

MEUWISSEN, T. H. E. et al. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, n. 4, p. 1819–1829, 2001.

OLIVEIRA, D. A. A. et al. Ganhos genéticos em tilápias do Nilo: uma revisão. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 44, n. 3, p. 89–98, 2015.

PEIXE BR – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA PISCICULTURA. Anuário 2024 da Piscicultura Brasileira. 2024. Disponível em: <https://www.peixebr.com.br/anuario2024..>

PEIXE BR – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA PISCICULTURA. Anuário da Piscicultura 2025. Brasília: Associação Brasileira da Piscicultura, 2025.

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, n. 1, p. 27–41, 2011.

PONZONI, R. W. et al. Genetic parameters and selection response for growth traits in Nile tilapia. *Aquaculture*, v. 322–323, p. 69–74, 2011.

POPMA, T.; LOVSHIN, L. L. Worldwide prospects for commercial production of tilapia. Auburn: Auburn University, 1996.

REIS NETO, R.; GONÇALVES, T. Seleção genética turbina a produção de tilápias. *Jornal da Unesp*, 2024. Disponível em: <https://jornal.unesp.br/2024/08/20/selecao-genetica-turbina-a-producao-de-tilapias..> Acesso em: 5 out. 2025.

RESENDE, M. D. V. et al. Genética quantitativa e seleção de tilápias. *Boletim Técnico da Embrapa*, n. 37, p. 1–12, 2017.

RESENDE, M. D. V. et al. Genomic selection for growth and wood quality in Eucalyptus: Accuracy and genetic gain. *Tree Genetics & Genomes*, v. 13, n. 3, 66, 2017.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; LOPES, P. S. Genômica aplicada à seleção de animais: Teoria e prática do uso da matriz de parentesco genômica. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2017.

RIDHA, M. T.; CRUZ, E. M. Effect of temperature on reproductive performance of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* L. *Aquaculture Research*, v. 31, n. 5, p. 453–459, 2000.

ROCHA, O. et al. Recursos hídricos e aquicultura no Brasil. *Revista Brasileira de Recursos Hídricos*, v. 18, n. 1, p. 7–20, 2013.

SALES, F. R. Avanços em edição genômica: CRISPR e o futuro do melhoramento genético. *Revista de Biotecnologia Aplicada*, v. 10, n. 3, p. 45–54, 2024.

SANTOS, A. I. et al. Melhoramento genético de tilápia do Nilo: avaliação de desempenho e controle de pedigree. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 40, n. 5, p. 1000–1008, 2011.

SANTOS, J. A. et al. Genetic improvement of Nile tilapia in Brazil: results and perspectives. *Genetics and Molecular Biology*, v. 34, n. 1, p. 30–37, 2011.

SANTOS, V. B. dos; OLIVEIRA, C. A. L. de; HASHIMOTO, D. T. Melhoramento genético de tilápias no Brasil: Histórico e perspectivas. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v. 35, n. 2, p. 230–236, 2011.

SENAR. Cartilha técnica: criação de tilápias. Brasília: Serviço Nacional de Aprendizagem Rural, 2017.

SENAR EaD. Curso de criação de tilápias: módulo de reprodução e melhoramento genético. Brasília: Serviço Nacional de Aprendizagem Rural, 2023.

SILVA, A. C. F. Características reprodutivas de diferentes grupos genéticos de Tilápia do Nilo. Dissertação (Mestrado) – UFMS, 2018.

SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V.; LOPES, P. S. Seleção genômica em aquicultura: Avanços e perspectivas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 45, n. 10, p. 567–578, 2016.

SILVA, G. F. da et al. Programas de melhoramento genético na piscicultura. Palmas: Embrapa Pesca e Aquicultura, 2018. (Documentos / Embrapa Pesca e Aquicultura, 37). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1093364/1/CNPASA2018doc37.pdf>. Acesso em: 5 out. 2025.

TRONG, T. Q. et al. Genetic improvement of Nile tilapia: achievements and future directions. *Aquaculture Research*, v. 44, n. 3, p. 167–182, 2013.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.

YOSHIDA, G. M. Genetic parameters for reproductive traits in Nile tilapia. *Aquaculture*, v. 534, 2021.

CAPITULO 2 Avaliação fenotípica e genética para características reprodutivas de uma população de tilápias da linhagem GIFT em ambiente comercial

Resumo

Neste trabalho realizou-se a avaliação genética e fenotípica de uma população de tilápias da linhagem GIFT em ambiente comercial, com foco em características reprodutivas. A pesquisa foi conduzida em uma piscicultura brasileira, utilizando dados genealógicos e reprodutivos de 350 matrizes microchipadas, comparando gerações sucessivas (G0, G1 e G2) e grupos de fêmeas com diferentes valores genéticos para intervalo entre desovas e volume de ovos coletados. Foram analisadas variáveis como volume total de ovos, intervalo médio entre desovas e volume por peso corporal, visando identificar o potencial de resposta à seleção e suas implicações para programas de melhoramento genético. Os resultados evidenciaram diferenças consistentes entre grupos de maior e menor valor genético, com destaque para ganhos fenotípicos relativos de até 28,7% no volume médio de ovos e 26,8% na proporção de fêmeas com desova. As estimativas de herdabilidade confirmaram o potencial de seleção, com valores moderados para volume total de ovos ($h^2 = 0,21$) e relativamente altos para volume ponderado por peso corporal ($h^2 = 0,36$), enquanto o intervalo de desova apresentou baixa herdabilidade ($h^2 = 0,12$), indicando maior influência ambiental. As correlações genéticas demonstraram associação positiva entre volume total e volume ponderado (0,94) e negativa entre intervalo de desova e volume ponderado (-0,63), sugerindo que fêmeas mais produtivas tendem a apresentar ciclos reprodutivos mais curtos. De forma geral, este capítulo demonstra que a seleção genética aplicada às características reprodutivas da linhagem GIFT pode promover ganhos consistentes em eficiência produtiva, reduzir o número de matrizes necessárias e contribuir para a sustentabilidade da piscicultura comercial.

Phenotypic and Genetic Evaluation of Reproductive Traits in a Commercial Population of GIFT Strain Nile Tilapia

Abstract

This study carried out the genetic and phenotypic evaluation of a commercial population of Nile tilapia of the GIFT strain, focusing on reproductive traits. The research was conducted in a Brazilian fish farm, using genealogical and reproductive data from microchipped broodstock females, comparing successive generations (G0 and G1) and groups of females with different breeding values. Variables such as total egg volume, average spawning interval, and egg volume relative to body weight were analyzed to identify the potential response to selection and its implications for genetic improvement programs. The results revealed consistent differences between groups with higher and lower breeding values, highlighting relative phenotypic gains of up to 28.7% in average egg volume and 26.8% in the proportion of spawning females. Heritability estimates confirmed the potential for selection, with moderate values for total egg volume ($h^2 = 0.21$) and relatively high values for egg volume adjusted by body weight ($h^2 = 0.36$), while the spawning interval showed low heritability ($h^2 = 0.12$), indicating greater environmental influence. Genetic correlations demonstrated a positive association between total egg volume and egg volume relative to body weight (0.94) and a negative association between spawning interval and egg volume relative to body weight (-0.63), suggesting that more productive females tend to exhibit shorter reproductive cycles. Overall, this chapter demonstrates that genetic selection applied to reproductive traits of the GIFT strain can promote consistent gains in production efficiency, reduce the number of broodstock females required, and contribute to the sustainability of commercial tilapia farming.

1. Introdução

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) é atualmente uma das espécies mais cultivadas na aquicultura mundial e ocupa posição de destaque no Brasil, que figura entre os maiores produtores globais (FAO, 2020; PEIXE BR, 2025). O sucesso da cadeia produtiva depende da oferta contínua de formas jovens, etapa que ainda enfrenta entraves relacionados à eficiência reprodutiva das matrizes. Tradicionalmente, os programas de melhoramento genético têm priorizado características de crescimento e resistência a doenças (Gjedrem, 2012; Bentsen et al., 2003), enquanto a produção de famílias para obtenção de pedigree permanece como um dos principais gargalos operacionais (Ponzoni et al., 2011).

Nesse contexto, a seleção genética voltada para características reprodutivas surge como alternativa estratégica para tornar a produção de alevinos mais eficiente e rentável, reduzindo o número de matrizes necessárias sem comprometer o desempenho zootécnico (Gonçalves et al., 2024; Yoshida et al., 2021).

Com base nesse histórico, foram aplicados modelos mistos para estimar parâmetros genéticos como herdabilidade, repetibilidade e correlações genéticas entre as características reprodutivas. A evolução dos valores genéticos ao longo das gerações demonstrou que havia resposta à seleção, com aumento progressivo no volume de ovos e redução no intervalo entre desovas nas famílias selecionadas. Esses resultados indicaram que seria possível obter ganho genético para características reprodutivas mesmo em ambientes comerciais, desde que haja controle mínimo de manejo e coleta sistemática de dados (Gonçalves et al., 2024).

Entretanto, para que os ganhos sejam consistentes e sustentáveis, é fundamental monitorar continuamente as populações sob seleção, assegurando que o progresso genético ocorra sem perda de variabilidade (Resende, 2010; Silva et al., 2016). O monitoramento das populações submetidas à seleção genética é realizado por meio da estimativa de parâmetros genéticos, como herdabilidade e repetibilidade, aliados ao acompanhamento da evolução dos valores genéticos ao longo das gerações. Essa abordagem permite identificar

tendências de ganho ou estagnação, avaliar a consistência da resposta à seleção e verificar possíveis alterações na variabilidade genética da população (Falconer & Mackay, 1996; Resende, 2010; Silva et al., 2016). Dessa forma, o estudo da trajetória dos valores genéticos fornece subsídios essenciais para ajustar estratégias de manejo e assegurar que o progresso obtido seja sustentável, evitando riscos de perda de diversidade e garantindo a eficiência dos programas de melhoramento em ambientes comerciais.

Dessa forma, este trabalho busca avaliar o desempenho genético e fenotípico de uma população de tilápias da linhagem GIFT para características reprodutivas em ambiente comercial, por meio da comparação entre 3 gerações e entre 2 grupos de fêmeas com diferentes valores genéticos, visando identificar o potencial de resposta à seleção e suas implicações para programas de melhoramento genético e sustentabilidade produtiva.

2. Materiais e métodos

O presente estudo foi conduzido na S3 Piscicultura, localizada no município de Registro – SP, na região do Vale do Ribeira (latitude 24°25'3"S, longitude 47°47'34"W), entre o segundo semestre de 2023 e o primeiro semestre de 2025. A propriedade trabalha com animais originários do Projeto GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), e possui histórico genético documentado por meio de banco de dados ativo desde 2009. A S3 Piscicultura, foi pioneira ao direcionar esforços de seleção para atributos reprodutivos, utilizando dados fenotípicos coletados ao longo de mais de uma década. A propriedade adota a estratégia de realizar coletas sistemáticas de informações sobre volume de ovos, intervalo entre desovas e frequência reprodutiva, permitindo a estruturação de um banco de dados robusto com milhares de registros individuais.

População Base (G0)

As matrizes utilizadas na propriedade são originárias do Projeto GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) que teve início no Brasil em 2005 por meio de uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá e o WorldFish Center (Malásia). Na época, foram importadas 30 famílias da linhagem GIFT e iniciou-se o Programa de Melhoramento Genético de Tilápias em Maringá – PR.

Os primeiros animais utilizados na S3 piscicultura, oriundos de três famílias da 4ª geração da GIFT no Brasil, foram adquiridos em 2008 e identificados com microchips, seguindo um protocolo de acasalamento para evitar endogamia. Novos lotes do GIFT foram incorporados em 2010 e 2011, totalizando oito famílias das gerações 4, 5 e 6. Devido à queda no desempenho reprodutivo das fêmeas mais antigas, foram produzidas duas gerações de fêmeas de reposição nos ciclos de 2015/2016 e 2016/2017 de forma aleatória com o controle das famílias, resultando em 22 e 14 famílias, respectivamente. No total, a população base da S3 piscicultura (G0) foi constituída de 44 famílias, sendo oito do Projeto GIFT e 36 de fêmeas de reposição. Com o banco

de dados contendo mais de 6.000 registros, coletados entre 2009 e 2021, de 2.675 fêmeas pertencentes às 44 famílias da população base, foram estimados os valores genéticos das fêmeas para as características “volume de desova” e “intervalo de desova” e iniciado o processo de seleção genética na propriedade. Mais detalhes sobre a população em estudo, consultar Gonçalves et al. (2024).

2.1 Experimento 1: Comparação entre indivíduos com diferentes valores genéticos

2.1.1 Teste de desempenho reprodutivo

Antes de dar início ao processo de seleção, com o objetivo de avaliar o desempenho reprodutivo dos animais de maiores valores genéticos quanto ao intervalo entre reprodução e maior produtividade de ovos em relação à média da população (população comercial), foi realizada uma análise comparativa entre dois grupos de fêmeas de tilápia com diferentes níveis de mérito genético. O estudo foi conduzido durante os meses de outubro e novembro de 2023, num período reprodutivo de 42 dias, em condições de temperatura média de $25,5 \pm 2,14^{\circ}\text{C}$, sendo alocados os animais em 10 tanques, sendo 5 tanques de cada população, período inicial da safra, porém quando os animais já estavam estabilizando suas desovas.

Foram selecionadas 80 fêmeas com valores genéticos superiores (população selecionada = PS) para volume de ovos produzidos e outras 80 fêmeas do plantel comercial, com valores genéticos medianos, (população comercial = PC), totalizando 160 indivíduos avaliados. As informações para a escolha das fêmeas foram extraídas do banco de pedigree da propriedade, que contém informações detalhadas sobre número de identificação (ID), peso corporal ($1,319\text{Kg} \pm 0,182\text{Kg}$), família de origem, valores genéticos estimados e histórico reprodutivo.

Durante o período de avaliação, 42 dias, as coletas foram realizadas a cada 7 dias, sendo coletadas as seguintes informações para cada animal:

□ **Volume total de ovos (VTO):** volume acumulado de ovos produzidos por fêmea durante o período experimental;

□ **Volume de ovos ajustado ao peso corporal (VOP):** razão entre o volume total de ovos e o peso corporal da fêmea no momento da desova;

□ **Intervalo médio entre desovas (ID):** média do número de dias entre eventos reprodutivos consecutivos por fêmea.

A coleta foi realizada por meio da técnica de retirada de ovos diretamente da cavidade bucal das fêmeas, com mensuração do volume em provetas de 100 mL com precisão de 1 mL. Os dados foram registrados em planilhas digitais integradas ao banco de dados da propriedade, permitindo a análise estatística posterior.

2.2 Experimento 2: Comparação entre Gerações

2.2.1 Formação da Geração G1

Para formação de G1, foi realizada a seleção fenotípica das fêmeas de G0. Assim, foram alocadas as 150 matrizes com melhor desempenho reprodutivo para intervalo entre desovas de G0 em tanques de reprodução com dimensões de 3 × 10 × 1 m, em ambiente comunitário, e avaliados a cada três dias, num período de 6 meses. Ao se observar a presença de ovos na cavidade bucal das fêmeas, os mesmos foram coletados em provetas para mensuração do volume e encaminhados para a incubação artificial em laboratório até a eclosão. Nessa seleção as únicas informações existentes de parentesco foram os avós.

Sendo essas fêmeas colocadas em teste reprodutivo posteriormente para a formação de G2. Durante o período de teste, 1 ciclo de desova de 6 meses, foram coletadas as informações de intervalo entre desovas, volume de ovos e frequência de desova.

2.2.2 Formação da Geração G2

Na formação de G2, as melhores fêmeas da geração G1 foram acasaladas com machos aptos à reprodução — identificados pela liberação de

sêmen mediante estímulo na região ventral, não sendo selecionados por características especiais. Os casais foram alocados em baias individualmente de reprodução com dimensões de 3 × 3 × 1 m, na proporção 1:1 (macho:fêmea), e avaliados a cada três dias, no período de 6 meses. Ao se observar a presença de ovos na cavidade bucal das fêmeas, os mesmos foram coletados em provetas para mensuração do volume e incubados de forma individualizados. Essas fêmeas foram substituídas por outra que se acasalou com o mesmo macho. Sendo formada por 6 famílias de irmãos completos e 11 famílias de meio irmãos. Posteriormente atingindo a idade reprodutiva, as fêmeas de G2 foram colocadas em teste de maneira comercial gerando assim as informações de volume de ovos, frequência de desova e intervalo entre desovas que foram comparativas as gerações anteriores.

2.3 Manejo Reprodutivo e Coleta de Dados

As fêmeas de G0, G1 e G2 foram avaliadas no período de 2023 a 2025, quando os animais passaram por manejo reprodutivo contínuo, com coleta sistemática de dados referentes à data e ao volume de desova, possibilitando a construção de um banco de dados robusto para comparação entre as gerações. Neste ponto vale salientar que as idades distintas dos animais pode gerar fenótipos viesados, como é o caso do volume de ovos de animais menores que vem a ser menor, entretanto normalmente o número de ovos por mL tende a ser maior, uma vez que os mesmos são menores ao comparar-se com os animais maiores e mais velhos, por isso o efeito de idade e peso foram corrigidos nos modelos de análise.

O protocolo reprodutivo adotado na propriedade baseia-se na coleta de ovos diretamente da cavidade bucal das matrizes, como demonstrado nas imagens em ANEXO. O período reprodutivo inicia-se em outubro e pode se estender até abril, dependendo da manutenção da temperatura da água em níveis adequados. Fora desse período, os reprodutores e matrizes permanecem em tanques de manutenção, separados por sexo. Com o início da reprodução, os animais são redistribuídos para tanques de alvenaria com 10 m de comprimento, 3 m de largura e 1,2 m de profundidade, com fluxo constante de água e renovação diária média de 20%, sendo alocados por famílias e gerações na densidade de 30 fêmeas e 10 machos por tanque, seguindo recomendações

de Hughes e Behrends (1983) e Siddiqui e Al-Harbi (1997), a proporção utilizada foi de 1:3 (macho:fêmea). Os animais foram alimentados durante todo o ano com ração comercial contendo 32% de proteína bruta, inclusive durante os ciclos reprodutivos.

Antes da estocagem nos tanques de reprodução, os animais foram pesados e identificados por meio de microchips, permitindo o direcionamento dos acasalamentos conforme as diretrizes do programa de melhoramento genético. Essa etapa foi essencial para evitar cruzamentos entre indivíduos aparentados.

A coleta de ovos foi realizada a cada cinco dias. O manejo foi conduzido de forma rápida e precisa, minimizando o estresse dos animais. A rede de despesca percorre o fundo do viveiro, capturando os peixes em uma bolsa. Cada animal foi inspecionado individualmente quanto ao sexo e à presença de ovos. Quando identificada a presença de ovos, eram registrados o número do microchip da fêmea e a data da desova. Os ovos coletados de cada fêmea eram transferidos para uma proveta de 100 mL com precisão de 1 mL para mensuração do volume da desova.

Os parâmetros de qualidade da água foram monitorados diariamente com sonda multiparâmetro InsthruTerm® (modelo MO-900), registrando temperatura ($25,2^{\circ}\text{C} \pm 2,1^{\circ}\text{C}$) e oxigênio dissolvido ($5,2\text{mg/l} \pm 0,9\text{mg/l}$) em cada tanque.

Variáveis Avaliadas

- **Intervalo de desova:** calculado para cada fêmea pela razão entre o período reprodutivo (máximo de 180 dias) e o número de desovas realizadas no ciclo (outubro a abril).
- **Volume total de ovos:** obtido pela soma dos volumes de todas as desovas de cada fêmea, mensurados em provetas de 100 mL com precisão de 1 mL.
- **Volume por Kg de fêmea:** com o peso dos animais e a quantidade de ovos (mL) produzidos, foram calculados os volumes por Kg de peso das fêmeas ao longo do ciclo de coleta.

Essas variáveis foram acompanhadas ao longo de dois ciclos

reprodutivos, com coletas iniciadas em outubro de 2023 e encerradas em março de 2025, permitindo a comparação entre as gerações G0, G1 e as 11 famílias de G2 quanto à eficiência reprodutiva e ao impacto do melhoramento genético aplicado.

2.3.1 Análise dos dados

Foram realizadas análises Bi-características para estimar os componentes de (co)variância e valores genéticos de cada fêmea para intervalo de desova, volume total e volume médio de ovos produzidos por meio de um modelo animal que considerou os efeitos fixos de ciclo de produção (2023/2024 e 2024/2025), tanque de reprodução e peso das fêmeas como co-variável para intervalo de desova e volume total. Como efeitos aleatórios foram incluídos o genético aditivo e o residual.

Foram calculados, utilizando os componentes (co)variâncias do modelo escolhido, a herdabilidade para cada característica separadamente, além das correlações genéticas entre as características avaliadas conforme as equações abaixo.

$$h^2 = \sigma^2a / \sigma^2p$$

$$rg_{1,2} = Cova_{1,2} / \sqrt{(\sigma^2a_1 \cdot \sigma^2a_2)}$$

Onde:

h^2 é a herdabilidade

$rg_{1,2}$ é correlação genética entre as características 1 e 2;

σ^2a é a variância genética aditiva;

σ^2p variância fenotípica;

$Cova_{1,2}$ é a covariância genética entre as características 1 e 2.

Como complemento, também foram estimadas as correlações fenotípicas entre as mesmas características.

Para estimar os componentes de variância, os valores genéticos aditivos e os parâmetros genéticos (herdabilidade, correlação), foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita, por meio do software AIREMLF90® da família BLUPF90® (MISTZAL et al, 2014).

Para comparar a evolução genética e fenotípica das três gerações (G0 vs G1 vs G2) foi aplicado, para as médias das características avaliadas e dos valores genéticos estimados, o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis dois a dois com correção de bonferroni, uma vez que nenhuma das variáveis atendeu as pressuposições da análise de variância (variância heterocedastica).

3. Resultados e Discussões

3.1 Experimento 1: Comparação entre indivíduos com diferentes valores genéticos

Quando analisados os resultados obtidos no primeiro experimento (Tabela 1) com os animais de valores genéticos diferentes nos 42 dias de coleta de dados é possível se observar que as fêmeas pertencentes à população selecionada (PS) apresentaram desempenho reprodutivo superior em relação à população comercial (PC), evidenciado pelo maior volume médio de ovos, maior volume de ovos ajustado ao peso corporal e maior proporção de fêmeas com desova ao longo do período avaliado. O ganho fenotípico relativo observado (Figura 1) para o volume médio de ovos ($\approx 29\%$) e para a proporção de fêmeas com desova ($\approx 27\%$) indica que a seleção genética aplicada foi efetiva mesmo em ambiente comercial, caracterizado por maior variabilidade ambiental e menor controle experimental.

Esses resultados corroboram evidências obtidas em outras espécies aquícolas, nas quais a seleção genética promoveu ganhos reprodutivos consistentes mesmo fora de condições laboratoriais. Em carpas (*Cyprinus carpio*), por exemplo, Vandeputte et al. (2019) relataram aumento significativo na fecundidade após ciclos de seleção, mesmo sob condições produtivas heterogêneas. De forma semelhante, em salmão do Atlântico (*Salmo salar*), ganhos na produção de ovos foram observados como resposta indireta à seleção para características produtivas (Gjedrem & Baranski, 2009).

No contexto da tilapicultura comercial, o aumento da proporção de fêmeas com desova é particularmente relevante, pois está diretamente associado à regularidade na produção de alevinos e à redução da necessidade de reposição constante de matrizes. Assim, os resultados observados demonstram que o mérito genético da população PS resultou em benefícios produtivos mensuráveis e aplicáveis à realidade do setor.

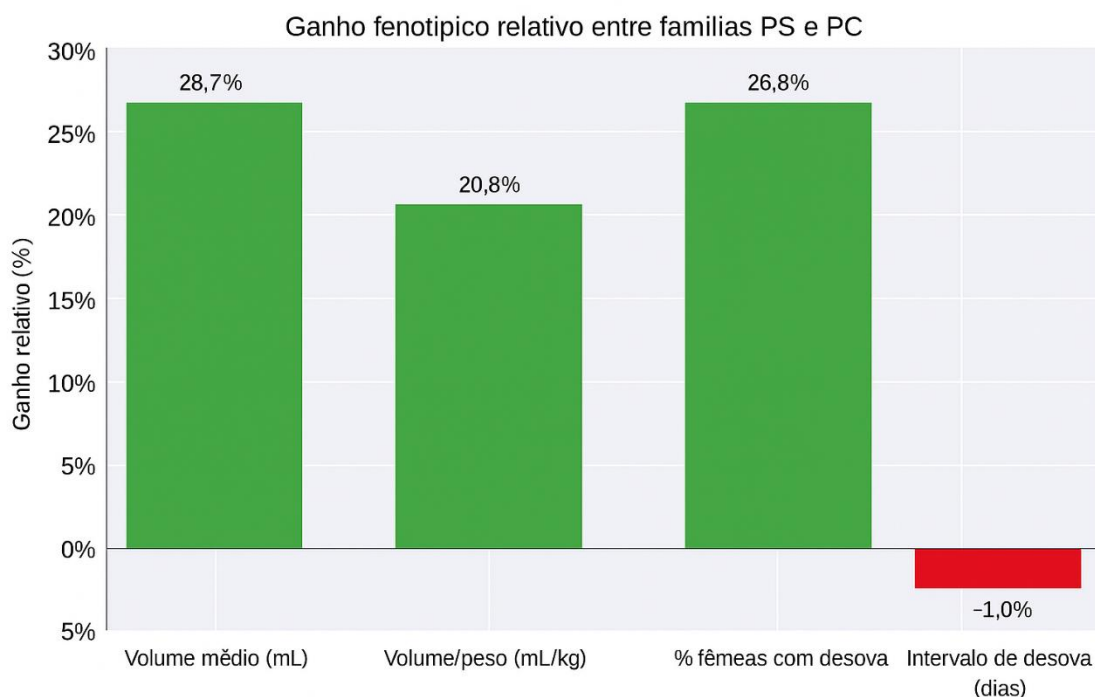


Figura 1 Ganho fenotípico relativo (%) entre famílias PS e PC

Tabela 1 Médias fenotípicas ($\pm$ erro padrão) das características reprodutivas de fêmeas de tilápias pertencentes a duas populações: selecionada (PS) e comercial (PC)

Variáveis	Média	
	PS	PC
Peso (Kg)	1,34 $\pm$ 0,17	1,25 $\pm$ 0,13
VolT (mL)	30,43 $\pm$ 14,5 *	24,4 $\pm$ 18,9
VolM (mL)	24,4 $\pm$ 11,25 *	18,96 $\pm$ 12,4
Int (dias)	37,7 $\pm$ 7,61	38,1 $\pm$ 8,2
Vol/peso (mL)	23,34 $\pm$ 12,2 *	19,32 $\pm$ 9,5
% de fêmeas com desova	35,5	28

* Diferenças significativas ($p < 0,05$)

VolT – Volume Total; VolM – Volume Médio; Int – Intervalo; Vol/peso – Volume $\div$ pelo peso animal

Esses ganhos confirmam que os valores genéticos estimados refletem diferenças reais no desempenho reprodutivo, indicando que a seleção já promoveu progresso inicial na população avaliada. Resultados semelhantes foram relatados por Silva et al. (2020), que observaram maior consistência reprodutiva em grupos não endogâmicos da linhagem GIFT em comparação a linhagens comerciais locais.

3.2 Experimento 2: Comparação entre as diferentes gerações

Quando analisamos as estimativas de variância e herdabilidade das três gerações juntas, para as características reprodutivas, Tabela 2, é possível observar o potencial de resposta à seleção. As estimativas de herdabilidade indicaram que o volume total de ovos apresentou herdabilidade moderada ($h^2 \approx 0,21$), enquanto o volume de ovos ajustado ao peso corporal apresentou herdabilidade relativamente elevada ($h^2 \approx 0,36$). Esses valores evidenciam que tais características possuem base genética suficiente para responder à seleção direta, mesmo em ambientes com elevada influência ambiental. Esses achados confirmam que variáveis relacionadas ao volume de ovos são bons indicadores para programas de melhoramento.

Enquanto o intervalo de desova deve ser manejado principalmente por meio de ajustes ambientais, resultados semelhantes têm sido reportados em diferentes espécies aquícolas. Em bagre africano (*Clarias gariepinus*), Rutten et al. (2005) observaram herdabilidades moderadas para fecundidade e peso de ovócitos, sugerindo controle genético consistente dessas características. Em camarões peneídeos, embora a reprodução seja fortemente influenciada pelo ambiente, herdabilidades moderadas para produção de ovos também foram descritas quando protocolos de seleção adequados foram empregados (Gitterle et al., 2005).

Por outro lado, o intervalo entre desovas apresentou herdabilidade baixa ($h^2 \approx 0,12$), indicando predominância de efeitos ambientais. Esse resultado é esperado e amplamente documentado na aquicultura, uma vez que a frequência reprodutiva é altamente sensível a fatores como temperatura da água, fotoperíodo, densidade de estocagem e manejo nutricional. Em espécies tropicais, como tilápias e bagres, variações ambientais têm sido apontadas como os principais moduladores da periodicidade reprodutiva, limitando a resposta à seleção direta para esse caráter. Esses valores estão dentro da faixa relatada por Araújo et al. (2020), que encontrou herdabilidades entre 0,20 e 0,40 para características produtivas e reprodutivas em tilápias.

Tabela 2 Estimativas de variância e herdabilidade para as características reprodutivas.

Parâmetros Genéticos	Volume (mL)	Intervalo (dias)	Volume ponderado (ml/Kg)
σ^2a	589,1 $\pm$ 167,3	1319 $\pm$ 783,5	2083 $\pm$ 545,1
σ^2p	2840 $\pm$ 241,5	11210 $\pm$ 913,1	5809 $\pm$ 544,9
h^2	0,21 $\pm$ 0,048	0,12 $\pm$ 0,061	0,36 $\pm$ 0,032

As correlações fenotípicas (Tabela 3) estimadas revelaram associação altamente positiva entre o volume total de ovos e o volume ajustado ao peso corporal ($r_g \approx 0,94$), indicando que a seleção para maior produção absoluta de ovos tende a favorecer simultaneamente maior eficiência reprodutiva relativa ao tamanho da fêmea. Esse resultado é particularmente desejável em sistemas comerciais, pois favorece a identificação de matrizes mais eficientes, reduzindo a necessidade de manutenção de grandes estoques reprodutivos.

Tabela 3 Correlação genética e fenotípica entre características reprodutivas

Correlação Fenotípica / Correlação Genética	Volume (mL)	Intervalo (dias)	Volume ponderado (ml/Kg)
Volume (mL)	---	-0,029 $\pm$ 0,41	0,94 $\pm$ 0,031
Intervalo (dias)	-0,56 $\pm$ 0,21*	---	-0,059 $\pm$ 0,43
Volume ponderado (ml/Kg)	0,67 $\pm$ 0,09*	-0,63 $\pm$ 0,16*	---

Correlação positiva semelhante foi observada em estudos conduzidos com robalo europeu (*Dicentrarchus labrax*), nos quais fêmeas geneticamente superiores em produção de ovos também apresentaram maior eficiência reprodutiva relativa (Chavanne et al., 2016). Esse padrão sugere que princípios genéticos associados à alocação energética para reprodução são conservados entre diferentes espécies aquícolas.

A correlação genética negativa observada entre intervalo de desova e volume ajustado ao peso corporal ($r_g \approx -0,63$) indica que fêmeas geneticamente mais eficientes tendem a apresentar ciclos reprodutivos mais curtos. Resultados semelhantes foram reportados em tilápias e outras espécies tropicais, nas quais maior investimento energético em reprodução está associado a maior frequência

reprodutiva (Campos-Mendoza et al., 2004; Yoshida et al., 2021). Do ponto de vista prático, essa associação sugere a possibilidade de ganhos simultâneos em quantidade de ovos e regularidade das desovas, mesmo considerando a baixa herdabilidade do intervalo entre desovas.

A comparação entre as gerações G0, G1 e G2 (Tabela 4) indicou manutenção ou incremento dos valores genéticos médios para as principais características reprodutivas, evidenciando a ocorrência de progresso genético ao longo do programa de seleção. Embora diferenças fenotípicas entre gerações possam ser parcialmente atribuídas à variação na idade e no peso corporal das fêmeas, os valores genéticos estimados sugerem que o mérito genético foi preservado ou ampliado nas gerações subsequentes.

Tabela 4 Médias fenotípicas e dos valores genéticos (VG) para características reprodutivas de fêmeas de tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) pertencentes às gerações G0, G1 e G2

Variáveis	G0	G1	G2
Peso (gr)	1,265 ± 0,132 a	1,316 ± 0,104 a	0,365 ± 0,053 b
Volume Total (ml)	67,50 ± 50,24 b	102,45 ± 33,33 a	28,10 ± 20,97 c
Intervalo (dias)	140,69 ± 101,28 a	30,70 ± 4,36 c	121,36 ± 96,03 b
Volume/Peso	53,45 ± 39,61 b	77,32 ± 21,78 a	79,25 ± 59,11 a
VG volume total	-1,567 ± 2,8205 c	0,7621 ± 1,66 b	1,948 ± 17,559 a
VG Interv	1,229 ± 8,4809 a	-4,401 ± 10,3419 b	-10,388 ± 10,050 c
VG Vol/Peso	-4,288 ± 6,470 c	4,659 ± 52,8969 a	-0,8981 ± 6,074 b

Médias seguidas por letras diferentes na mesma linha diferem estatisticamente entre si ($p < 0,05$).

Observa-se que G1 apresentou maior volume total de ovos (102,45 mL) e intervalo mais curto (30,7 dias), confirmando seu papel como base genética superior. Já G2, entretanto, demonstrou ganhos expressivos em volume por peso (79,25 mL/kg), superando tanto G1 quanto a G0, o que evidencia progresso genético inicial. O ganho fenotípico relativo foi de 48,3% em volume por peso corporal em relação à G0 e de 2,5% em relação G1, além de uma redução de 13,8% no intervalo de desova quando comparadas à G0. Contudo, o volume total de ovos de G2 foi inferior (-58,4% em relação à G0 e -72,6% em relação G1), o que pode estar associado à idade dos animais de G2, uma vez que animais mais novos podem apresentar uma reprodução menor em seu primeiro ano de desova.

Esse comportamento é consistente com resultados observados em programas de melhoramento genético de outras espécies aquícolas, como salmão e camarão, nos quais ganhos genéticos sustentados foram detectados mesmo quando variações ambientais ocorreram entre ciclos produtivos (Gjedrem, 2012; Gitterle et al., 2005). Assim, os resultados indicam que o progresso observado neste estudo não se limita a efeitos fenotípicos temporários, mas reflete ganhos genéticos efetivos.

Os valores genéticos estimados para as características reprodutivas apresentadas na Tabela 4 evidenciam diferenças importantes entre as famílias G0, G1 e G2 quanto ao potencial de transmissão dessas características às gerações seguintes. De forma geral, valores positivos de VG indicam maior contribuição genética para o aumento da característica avaliada, enquanto valores negativos sugerem tendência à redução.

As famílias de G2 apresentou VG positivo para volume total ($1,948 \pm 17,559$) e volume/peso ($4,659 \pm 52,8969$), demonstrando maior potencial genético para produção de ovos. Já as famílias de G1, apesar de apresentar VG positivo para volume total ($0,7621 \pm 1,66$), destacou-se pelo VG negativo para intervalo entre desovas ($-10,388 \pm 10,050$), o que pode indicar maior frequência reprodutiva e, conseqüentemente, maior eficiência na produção de alevinos. As famílias de G0, por sua vez, apresentou VG negativo para volume total e volume/peso, mas manteve VG positivo para intervalo entre desovas ($1,229 \pm 8,4809$), sugerindo menor frequência de desovas e menor desempenho reprodutivo em relação às demais.

Esses resultados reforçam a importância da seleção genética para características reprodutivas, especialmente aquelas com maior herdabilidade, como o volume total de ovos, que pode impactar diretamente na eficiência produtiva e na estruturação de programas de melhoramento genético voltados à tilapicultura.

A análise da tendência genética (Figura 2) revelou incremento consistente nos valores genéticos preditos para volume total de ovos ao longo das gerações, confirmando que a seleção aplicada foi capaz de promover ganho genético acumulado. Esse padrão é compatível com os princípios clássicos do

melhoramento animal, segundo os quais a resposta à seleção é função direta da herdabilidade da característica e da intensidade seletiva aplicada (Falconer e Mackay, 1996).

Estudos conduzidos em programas de melhoramento genético de tilápias demonstram que ganhos genéticos sustentáveis podem ser mantidos por múltiplas gerações quando a variabilidade genética é preservada e o tamanho efetivo populacional é adequadamente manejado (Ponzoni et al., 2011; Bentsen et al., 2017). Nesse sentido, os resultados obtidos neste estudo indicam que a população avaliada apresenta base genética suficiente para a continuidade do processo seletivo, inclusive para características reprodutivas.

A redução nos valores genéticos associados ao intervalo entre desovas observada ao longo das gerações representa um resultado de elevada relevância prática, uma vez que maior frequência reprodutiva impacta diretamente a eficiência operacional das unidades produtoras de alevinos, conforme discutido por El-Sayed (2006).

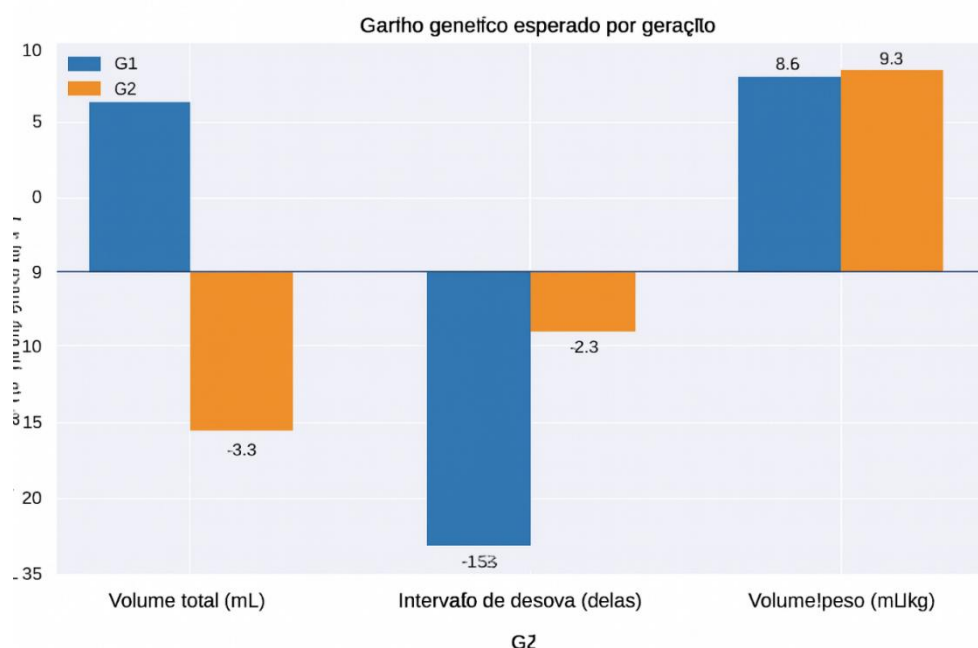


Figura 2 Ganhos genéticos esperados por geração (R)

4. Conclusão

As análises evidenciaram a existência de variabilidade genética aditiva para os caracteres estudados, com estimativas de herdabilidade de baixa a moderada magnitude, indicando a possibilidade de resposta à seleção mesmo em sistemas comerciais de produção. Mesmo em processo inicial de seleção foi possível observar uma evolução genética no plantel com as fêmeas selecionadas (G2) apresentando valores genéticos melhores para as características avaliadas.

5. Referência Bibliográfica

ARAÚJO, J. L.; OLIVEIRA, C. A.; REIS NETO, R. V. Effects of genotype × environment interaction on the estimation of genetic parameters in Nile tilapia. *Animal Genetics*, v. 51, n. 5, p. 789–798, 2020.

ARAÚJO, L. F.; et al. Estimativas de herdabilidade para características produtivas e reprodutivas em tilápias do Nilo. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 49, n. 1, p. 1–10, 2020.

CARNEIRO JÚNIOR, J. *Melhoramento genético animal: fundamentos e aplicações*. Brasília: Embrapa, 2009.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to quantitative genetics*. 4. ed. London: Longman Scientific and Technical, 1996.

GJEDREM, T. *Aquaculture genetics and breeding programs*. 2. ed. New York: Springer, 2012.

GJEDREM, T.; BARANSKI, M. *Selective breeding in aquaculture: an introduction*. Dordrecht: Springer, 2009. 221 p. (Methods and Technologies in Fish Biology and Fisheries, v. 10).

GLOBAL SEAFOOD ADVOCATE. Brazilian Fish turns to genome editing technology to boost tilapia growth and sustainability. *Global Seafood Advocate*, 2025. Disponível em: <<https://www.globalseafoodadvocate.com>>.

GONÇALVES T.G; ATAIDES K.S., CARVALHEIRO NOVA F.A.P.C, NETO R.V.R. Genetic parameter estimates indicate the possibility of genetic gain by selecting for reproductive traits of females from a commercial tilapia population (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 2024

HILSDORF, A. W. S.; MOREIRA, H. L. M.; SILVA, P. S. Melhoramento genético de peixes: avanços e perspectivas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 44, n. 1, p. 1–10, 2015.

ISAAA. Brazilian Fish and CAT Introduce First Gene-Edited Tilapia in Brazil. *ISAAA News*, 2025. Disponível em: <<https://www.isaaa.org>>.

JOSHI, R. Advances in genomic selection in aquaculture species: lessons from tilapia breeding programs. *Aquaculture Reports*, v. 28, p. 101–115, 2024.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, n. 4, p. 1819–1829, 2001.

MOHAMMADI, H.; et al. Reproductive traits in different genetically improved Nile tilapia strains. *Aquaculture Research*, v. 56, n. 4, p. 2120–2135, 2025.

MOHAMMADI, H.; et al. Genetic improvement of reproductive traits in Nile tilapia: implications for sustainable aquaculture. *Aquaculture Research*, v. 56, n. 2, p. 345–360, 2025.

MORAES, R. A.; LEITE, R. M.; SILVA, P. S. Aplicações da matriz genômica na aquicultura brasileira. *Revista de Genética Aplicada*, v. 12, n. 1, p. 22–35, 2023.

REIS NETO, R. M.; GONÇALVES, L. F. Eficiência reprodutiva em tilápias: impacto da seleção genética. *Revista de Produção Animal Sustentável*, v. 11, n. 1, p. 55–63, 2024.

REIS NETO, R. V.; GONÇALVES, T. G. Efficiency of broodstock reduction in Nile tilapia breeding programs. *Aquaculture Reports*, v. 25, p. 100–112, 2024.

REIS NETO, R. V.; OLIVEIRA, C. A. Genetic parameters and trends of morphometric traits of GIFT tilapia. *Scientia Agricola*, v. 77, n. 3, p. e20190045, 2020.

REIS NETO, R.; GONÇALVES, T. Seleção de matrizes mais eficientes reduz número de fêmeas em programas de melhoramento de tilápias. *Jornal da Unesp*, 2024. Disponível em: <<https://jornal.unesp.br/2024/08/20/selecao-genetica-turbina-a-producao-de-tilapias/>>. Acesso em: 25 nov. 2025.

REIS NETO, R.; OLIVEIRA, M. Correlações genéticas entre características reprodutivas em tilápias da linhagem GIFT. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v. 44, n. 3, p. 215–223, 2020.

RESENDE, M. F. R.; et al. Integration of genomic information in animal breeding programs. In: INTERNATIONAL CONGRESS ON GENETICS, São Paulo, 2017. Anais... São Paulo: SBC, p. 123–130.

SANTOS, J. A.; et al. Genetic improvement of Nile tilapia in Brazil: results and perspectives. *Genetics and Molecular Biology*, v. 34, n. 1, p. 30–37, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1415-47572011000100005>>.

SIDDIQUI, A. Q.; AL-HARBI, A. H. Effects of stocking density on the reproductive performance of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture Research*, v. 28, n. 9, p. 695–701, 1997.

SILVA, F. P.; ARAÚJO, J. L.; REIS NETO, R. V. Reproductive traits in different Nile tilapia genetic groups. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 72, n. 5, p. 1657–1666, 2020.

SILVA, J.; et al. Consistência reprodutiva em grupos não endogâmicos da linhagem GIFT de tilápias. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 49, n. 2, p. 1–12, 2020.

SILVA, P. S.; et al. Utilização da matriz genômica na predição do valor genético em tilápias. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 45, n. 2, p. 89–98, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1806-92902016000200010>>.

SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. *Genetics Selection Evolution*, v. 41, p. 37, 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-37>>.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>>.

YAÑEZ, J. M.; et al. Genetic improvement in aquaculture species: progress and prospects. *Reviews in Aquaculture*, v. 16, n. 1, p. 45–62, 2024.

CAPITULO 3 Utilização da matriz de parentesco genômica para estimativa de parâmetros genéticos para características de desempenho em uma população comercial de tilápias

Resumo

Este estudo avaliou a incorporação de informações genômicas na estimativa de parâmetros genéticos e na predição de valores genéticos para características de desempenho em uma população comercial de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Foram utilizados dados fenotípicos, de pedigree e genômicos de 1.189 indivíduos genotipados por meio de marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). Características relacionadas ao crescimento e ao rendimento corporal foram analisadas por meio de modelos animais baseados na matriz de parentesco derivada do pedigree (NRM) e na matriz de parentesco genômico (GRM), permitindo a comparação direta entre as abordagens quanto às estimativas de parâmetros genéticos e à acurácia dos valores genéticos preditos. As estimativas de herdabilidade obtidas a partir de modelos baseados em GRM foram semelhantes ou ligeiramente superiores às aquelas estimadas por modelos baseados em NRM, especialmente para características de menor herdabilidade. A acurácia da predição dos valores genéticos foi consistentemente maior nos modelos que incorporaram informação genômica, evidenciando melhor discriminação entre indivíduos e maior precisão na captura das relações genéticas realizadas. As diferenças entre NRM e GRM foram mais pronunciadas para características com maior influência ambiental, indicando que a utilização de informações genômicas contribui para reduzir vieses associados a pedigree incompleto e a efeitos de manejo. De modo geral, os resultados demonstram que a inclusão da matriz de parentesco genômico melhora a qualidade das avaliações genéticas em populações comerciais de tilápias, aumentando a acurácia das estimativas e reduzindo a dependência do controle genealógico tradicional. Esses achados confirmam a viabilidade da aplicação da seleção genômica em programas de melhoramento genético da espécie, com potencial para acelerar o ganho genético e contribuir para a sustentabilidade da aquicultura comercial.

Use of the Genomic Relationship Matrix for Estimation of Genetic Parameters of Performance Traits in a Commercial Population of Nile Tilapia

Abstract

This study evaluated the use of genomic information to improve genetic parameter estimation and breeding value prediction for performance traits in a commercial population of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Phenotypic, pedigree, and genomic data were collected from 1,189 fish genotyped with single nucleotide polymorphism (SNP) markers. Growth- and carcass-related traits were analyzed using animal models based on both pedigree-derived numerator relationship matrices (NRM) and genomic relationship matrices (GRM), allowing a direct comparison of their impact on genetic parameter estimates and prediction accuracy. Heritability estimates obtained using GRM-based models were generally similar or slightly higher than those derived from NRM, particularly for traits with lower heritability. The incorporation of genomic information improved the accuracy of estimated breeding values, reflecting a more precise capture of realized genetic relationships among individuals. Differences between NRM- and GRM-based models were more pronounced in traits with greater environmental influence, indicating the advantage of genomic information in reducing bias associated with incomplete pedigree or management-related confounding effects. The results demonstrate that genomic selection is a feasible and effective approach for commercial tilapia breeding programs, offering higher accuracy and reduced dependence on pedigree control. The integration of genomic information into genetic evaluation models represents an important step toward more efficient selection strategies, enabling greater genetic gains and supporting the long-term sustainability of tilapia aquaculture.

1. Introdução

O melhoramento genético animal tem historicamente se fundamentado na utilização de dados fenotípicos e genealógicos para a estimativa do valor genético dos indivíduos. A matriz de parentesco clássica, denominada Numerator Relationship Matrix (NRM), é construída com base em registros de pedigree e representa a expectativa teórica de compartilhamento genético entre indivíduos, assumindo genealogias corretas e completas (Falconer & Mackay, 1996). Embora amplamente utilizada e eficaz em diversos contextos produtivos, essa abordagem apresenta limitações importantes, como a não consideração da variabilidade real decorrente da segregação mendeliana, a sensibilidade a erros de registro e a incapacidade de capturar a diversidade genômica individual (Lynch & Walsh, 1998).

A constituição de diferentes famílias de peixes em programas de melhoramento genético apresenta diversos desafios práticos e logísticos. É necessário manter cada família rigorosamente isolada até o momento da chipagem, para garantir a correta identificação individual e, consequentemente, a obtenção da NRM com precisão (Menezes, 2025). Esse isolamento demanda infraestrutura adequada, alto custo operacional e mão de obra especializada, além de aumentar o risco de variações ambientais entre tanques ou viveiros, que podem impactar o desempenho dos animais e gerar vieses nos resultados (Geraaque, 2024). Outro problema recorrente é o estresse dos peixes devido ao manejo frequente e à separação prolongada, o que pode comprometer a sobrevivência e a qualidade reprodutiva. Somam-se ainda as dificuldades de sincronizar o crescimento e a maturação das diferentes famílias, bem como o risco de erros humanos na manutenção dos registros, que podem comprometer todo o processo de seleção genética (EMBRAPA, 2022).

Com o avanço das tecnologias de genotipagem, especialmente a disseminação dos marcadores moleculares como os polimorfismos de nucleotídeo único (Single Nucleotide Polymorphisms – SNPs), tornou-se possível incorporar diretamente informações genômicas aos modelos de avaliação genética. Nesse cenário, a matriz de parentesco genômica, ou Genomic Relationship Matrix (GRM), emerge como uma ferramenta inovadora, permitindo estimar o grau de parentesco real entre indivíduos com base na

similaridade genômica observada (Meuwissen et al., 2001; VanRaden, 2008). Ao refletir relações genéticas efetivas, a GRM supera as limitações da NRM e proporciona maior acurácia na predição dos valores genéticos, especialmente em populações com registros genealógicos incompletos ou inconsistentes (Hayes et al., 2009).

Mais recentemente, programas de melhoramento de peixes têm incorporado ferramentas genômicas, como a matriz de relações genômicas (GRM), que permite estimar valores genéticos com maior precisão e reduzir os gargalos associados à formação de famílias. No salmão do Atlântico, por exemplo, a incorporação da GRM em modelos de predição genômica aumentou a acurácia da seleção para características de crescimento e resistência a doenças (Yáñez et al., 2016). Em trutas arco-íris, estudos demonstraram que o uso da GRM melhora a identificação de indivíduos superiores para resistência a enfermidades bacterianas (Vallejo et al., 2017). No caso da tilápia, pesquisas recentes também têm aplicado a GRM em modelos como o GBLUP e o ssGBLUP, mostrando ganhos significativos na acurácia das estimativas genéticas para características reprodutivas e produtivas (Yoshida et al., 2019).

Esses avanços evidenciam que a integração da genômica aos programas de melhoramento de peixes não apenas aumenta a eficiência da seleção, mas também abre novas perspectivas para superar gargalos históricos da aquicultura, como a dependência da constituição de famílias e o elevado custo de manejo.

A substituição da NRM pela GRM representa não apenas uma mudança metodológica, mas uma evolução conceitual na forma como se compreende e aplica o conhecimento genético. Enquanto a NRM depende exclusivamente da estrutura genealógica registrada, a GRM é construída a partir da informação genômica observada, corrigindo erros de pedigree, identificando relações não documentadas e capturando a variabilidade genética entre indivíduos (Sonesson; Meuwissen, 2009). Essa abordagem é especialmente vantajosa em populações genotipadas sem pedigree conhecido ou em sistemas de produção com registros genealógicos limitados.

Contudo, a implementação da GRM exige infraestrutura laboratorial e computacional adequada, além de políticas claras sobre o uso e a proteção dos dados genéticos. A qualidade e a densidade dos marcadores utilizados, bem como a representatividade da população genotipada, são fatores críticos para a construção de uma matriz genômica confiável (Hayes et al., 2009), tendo ainda a questão do custo da mesma.

Diante desse contexto, este trabalho tem como objetivo comparar o desempenho da matriz de parentesco genômica (GRM) com a matriz de pedigree (NRM) em modelos de avaliação genética, através da acurácia das predições dos valores genéticos dos animais e das estimativas das herdabilidades e correlações genéticas das características analisadas.

2. Materiais e Métodos

Para o presente estudo foi utilizado um banco de dados cedido pela Universidade do Chile, contendo informações de medidas morfométricas, peso inicial e final, e rendimentos corporais de 1189 animais pertencentes 72 famílias da linhagem turbo, linhagem comercial da Costa Rica, contendo informações fenotípicas (peso final, peso de filé, resíduo, cabeça e comprimento) presentes na Tabela 5, também os genótipos, no qual o DNA genômico foi extraído de amostras de nadadeira de 108 pais (45 machos e 63 fêmeas) e 1.364 descendentes da geração de 2017. As amostras foram genotipadas com o painel Illumina BeadChip de 50K SNPs, conforme descrito por Yáñez et al. (2019). A purificação do DNA foi realizada com o kit DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN), gerando um banco de dados como ilustrado na Figura 3.

Tabela 5 Estatística descritiva dos dados

Característica	N	Média	SD	Min	Max	CV%
Peso Final (gr)	1173	797	236,19	236,19	1473	29,6
Peso Filet (gr)	1170	270,09	83,9	68	510	31,1
Resíduo (gr)	1173	546,2	157,8	166	992	28,9
Cabeça (gr)	1173	207,52	52,44	56	398	25,3
Comprimento (cm)	1173	25,89	2,59	17,5	34,5	10,0

N – número de amostragem, Média – da característica, SD – desvio padrão, Min – valor mínimo, Max – Valor máximo, CV% - Coeficiente de variação

ID	sexo	Grupo	Idade	Familia	Sire	Dam	Contemp	Idade	PI	IdadeF	PF	Comp	File(g)	Resido	Cabeça	GMD	rend.File
TB2017000300	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	57	396	1342	35,4	429	913	316	49,234	31,97
TB2017000289	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	48	396	1362	29,5	436	926	302	50,345	32,01
TB2017000315	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	42	396	1278	29,5	404	874	348	47,356	31,61
TB2017000339	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	59	396	1150	28,9	378	772	282	41,801	32,87
TB2017000322	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	57	396	1222	28,7	379	743	270	44,636	31,01
TB2017000327	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	62	396	1026	29,5	371	655	269	36,935	36,16
TB2017000317	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	46	396	1066	28,5	368	698	291	3,908	34,52
TB2017000293	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	53	396	1025	29,2	371	654	263	37,241	36,2
TB2017000304	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	50	396	936	28	303	633	259	33,946	32,37
TB2017000359	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	45	396	910	26,5	305	605	224	33,142	33,52
TB2017000358	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	57	396	743	27,9	244	499	222	26,284	32,84
TB2017000275	M	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	53	396	663	24	205	458	190	23,372	30,92
TB2017000296	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	56	396	1336	30,4	409	927	316	49,042	30,61
TB2017000319	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	58	396	1132	29,1	346	786	297	41,149	30,57
TB2017000325	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	57	396	1040	27,4	333	707	245	37,663	32,02
TB2017000280	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	54	396	1003	27,5	334	669	253	3,636	33,3
TB2017000342	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	53	396	955	27,5	313	642	241	34,559	32,77
TB2017000297	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	57	396	916	26,8	293	623	231	32,912	31,99
TB2017000329	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	61	396	869	26,8	277	592	220	30,958	31,88
TB2017000303	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	53	396	853	26,5	265	588	241	30,651	31,07
TB2017000299	H	148	2017	TB20170004	TB2015004887	TB2015005753	GR00180148R	135	52	396	718	26,5	231	487	187	25,517	32,17
TB2017000409	H	148	2017	TB20170005	TB2017001739	TB2015001522	GR00180148R	135	90	396	1456	30,9	428	1028	380	52,337	29,4
TB2017000393	H	148	2017	TB20170005	TB2015001739	TB2015001522	GR00180148R	135	94	396	1176	31	395	781	323	41,456	33,59
TB2017000406	M	148	2017	TB20170005	TB201521739	TB2015001522	GR00180148R	135	93	396	1468	32	421	1047	458	52,682	28,68
TB2017000405	M	148	2017	TB20170005	TB2018001739	TB2015001522	GR00180148R	135	78	396	1273	32	410	863	372	45,785	32,21

Figura 3 Imagem ilustrativa do banco de dados trabalhado

Os dados genotípicos foram submetidos a um processo de controle de qualidade, seguindo critérios amplamente utilizados em estudos genômicos

com tilápias (Yoshida et al., 2019; Peñaloza et al., 2020; Barría et al., 2021). Inicialmente, o conjunto de SNPs obtido pelo painel de 50K foi filtrado para garantir consistência e confiabilidade das análises. Foram excluídos os marcadores com frequência alélica mínima inferior a 0,05, em desequilíbrio de Hardy-Weinberg ($p < 1 \times 10^{-6}$) e aqueles com taxa de chamada inferior a 95%. Esse procedimento reduziu o número inicial de SNPs, mas assegurou que apenas marcadores informativos e de alta qualidade fossem utilizados nas análises subsequentes, aumentando a robustez das estimativas genéticas e a acurácia dos valores preditos.

2.1 Análise dos dados

Com a matriz de parentesco genômica G , foi estimado, a partir da similaridade genotípica entre indivíduos, os coeficientes de parentesco entre irmãos-completos, pais e filhos, tios e sobrinhos, avós e netos e entre primos, para comparar com os coeficientes calculados pela metodologia de Wright (1922).

2.1.1 Estimativas dos componentes de (co)variância

Para estimativa dos componentes de (co)variância para as características avaliadas, foram utilizados modelos mistos do tipo animal model, que permitem a inclusão simultânea de efeitos fixos e aleatórios.

- Efeitos fixos: sexo e peso inicial.
- Efeitos aleatórios: efeito genético aditivo direto e efeito residual.

As análises foram realizadas utilizando o software BLUPF90 (Misztal et al., 2002), amplamente empregado em estudos de melhoramento animal.

O modelo linear misto utilizado pode ser representado por:

$$y = X\beta + Za + e$$

onde:

- y = vetor de observações fenotípicas (características reprodutivas)
- $X\beta$ = efeitos fixos (sexo, peso inicial)

- Za = efeitos aleatórios genéticos aditivos
- e = erro residual.

De posse dos componentes de variância foram calculadas as herdabilidades (h^2) para todas as características avaliadas e as correlações genéticas entre as características, conforme as seguintes equações:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

onde:

- σ_a^2 = variância genética aditiva
- σ_e^2 = variância residual.

$$r_g = \frac{\sigma_{a_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{a_x}^2 \cdot \sigma_{a_y}^2}}$$

onde:

- $\sigma_{a_{xy}}$ = covariância genética entre as características x e y .

A acurácia (r_a) das estimativas dos valores genéticos (r_a) foi obtida pela seguinte expressão:

$$r_a = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}}$$

onde:

- PEV = erro de predição (Prediction Error Variance)
- σ_a^2 = variância genética aditiva.

3. Resultados e Discussões

Os resultados obtidos na Tabela 6 evidenciam diferenças consistentes entre as estimativas de parentesco baseadas em pedigree (NRM ou matriz A) e aquelas derivadas da matriz de parentesco genômico (GRM). A abordagem tradicional, fundamentada na formulação clássica de Wright (1922) e operacionalizada por Henderson (1976), estima o parentesco esperado entre indivíduos, atribuindo coeficientes fixos a classes de parentesco e desconsiderando a variabilidade decorrente da segregação mendeliana. Como consequência, essa metodologia pode levar à superestimação da covariância genética e da variância aditiva, especialmente em populações com pedigree incompleto ou sob seleção.

Em contraste, a matriz genômica proposta por VanRaden (2008) estima o parentesco realizado a partir de marcadores SNP distribuídos ao longo do genoma, capturando de forma mais precisa a proporção efetiva do material genético compartilhado entre os indivíduos. Essa abordagem resulta em maior variabilidade e discriminação entre indivíduos aparentados, reduzindo vieses associados ao uso exclusivo do pedigree. Estudos prévios demonstram que a utilização da GRM aumenta a precisão das avaliações genéticas e a acurácia da predição de valores genéticos quando comparada à NRM (Meuwissen et al., 2001; Habier et al., 2007; Legarra et al., 2009).

Tabela 6 Comparação entre os coeficiente de parentesco entre os indivíduos através das informações de pedigree e moleculares (SNP)

Parentesco	Pedigree	SNP's
Pais e Irmãos	0,5	0,177-0,354
Tios e Avôs	0,25	0,088-0,177
Primos	0,125	0,044-0,088

Com as análises no software BlupF90, os resultados de parâmetros genéticos de herdabilidade (h^2), variância genética (σ^2_a), variância residual (σ^2_e) e desvio padrão (SD) das cinco características produtivas em tilápias: peso final, peso do filé, resíduo, cabeça e comprimento, são observados na Tabela 6, onde observar-se que os valores de herdabilidade obtidos via SNP's foram próximos

aos estimados por pedigree para quatro das cinco características avaliadas, indicando maior acurácia na identificação do componente genético.

Tabela 7 Estimativas de herdabilidade (h^2), desvio-padrão (SD), variância genética aditiva (σ^2a) e variância residual (σ^2e) para peso final (gr), peso de filé (gr), resíduo (gr), cabeça (gr) e comprimento (cm) em tilápia, obtidas por modelos animais utilizando matriz de parentesco derivada do pedigree (NRM) e matriz de parentesco genômico baseada em marcadores SNP (GRM)

Características	Pedigree				SNP's			
	h^2	SD	σ^2a	σ^2e	h^2	SD	σ^2a	σ^2e
Peso Final	0,538	0,078	22494	19383	0,570	0,048	23100	19472
Peso do File	0,546	0,079	71,982	281,34	0,585	0,047	70,907	281,75
Resíduo	0,523	0,077	75,055	282,74	0,541	0,049	73,692	283,32
Cabeça	0,536	0,078	52,698	202,93	0,549	0,049	39,548	217,18
Comprimento	0,182	0,052	0,2021	0,9105	0,177	0,044	0,1983	0,92112

As estimativas de herdabilidade para as características de desempenho avaliadas apresentaram magnitudes semelhantes entre os modelos baseados em NRM e GRM, porém com menor erro padrão nos modelos genômicos. Para características como peso final, peso de filé e comprimento corporal, a utilização da GRM resultou em estimativas mais estáveis, indicando melhor particionamento da variância genética aditiva.

Esse comportamento confirma que a informação genômica permite capturar de forma mais eficiente a variabilidade genética entre os indivíduos, especialmente em populações com estrutura familiar complexa ou incompleta. Estudos conduzidos em robalo europeu (*Dicentrarchus labrax*) e bagre africano (*Clarias gariepinus*) demonstraram que a adoção da GRM melhora a precisão das estimativas de herdabilidade, particularmente para características influenciadas por múltiplos loci de pequeno efeito (Chavanne et al., 2016; Rutten et al., 2005).

No presente estudo, a proximidade entre as estimativas obtidas por NRM e GRM sugere que, apesar das limitações do pedigree, a população apresenta estrutura genética relativamente consistente. No entanto, a redução do erro padrão observada nos modelos genômicos indica maior confiabilidade

estatística, aspecto crucial para a tomada de decisão em programas de melhoramento genético.

A variância genética estimada também foi maior nos modelos SNP's para todas as características, com destaque para o Peso do Filé ($\sigma^2_a = 12097$ por SNP's vs. 11291 por pedigree), indicando que os marcadores genéticos capturam com maior fidelidade a base genética subjacente. Essa observação está alinhada com os achados de Sonesson & Meuwissen (2009), que destacam o papel dos SNP's na identificação de QTLs (Quantitative Trait Loci) associados a características produtivas, permitindo uma seleção mais precisa e acelerada.

A comparação entre as acurácias dos valores genéticos estimados (Figura 4) revelou superioridade consistente dos modelos baseados na GRM em relação à NRM para todas as características avaliadas. Esse incremento foi particularmente evidente para características de herdabilidade alta, como peso de filé e rendimento corporal, nas quais a informação genômica contribuiu significativamente para aumentar o poder preditivo dos modelos.

Resultados semelhantes têm sido amplamente reportados na aquicultura. Em salmão do Atlântico, aumentos de até 30% na acurácia dos valores genéticos foram observados com a adoção da seleção genômica, especialmente para características de desempenho e resistência a doenças (Meuwissen et al., 2001; Gjerdem, 2012). Em camarões peneídeos, a utilização de marcadores SNP também resultou em maior consistência na classificação dos indivíduos, mesmo na ausência de pedigree confiável (Houston et al., 2020).

No contexto aplicado, o aumento da acurácia observado neste estudo implica maior confiabilidade no ranqueamento dos indivíduos e, consequentemente, maior eficiência na seleção dos reprodutores. Esse ganho é particularmente relevante em sistemas comerciais, nos quais decisões equivocadas de seleção podem comprometer o progresso genético e aumentar custos operacionais.

A acurácia praticamente idêntica entre as características (modelo estatístico ajustado para cada característica fenotípica), cabeça sugere menor

variabilidade genética ou eficácia equivalente na predição desse atributo. De modo geral, os resultados reforçam a superioridade da seleção genômica como ferramenta estratégica em programas de melhoramento genético, especialmente quando se busca maior precisão na identificação de indivíduos com características economicamente desejáveis.

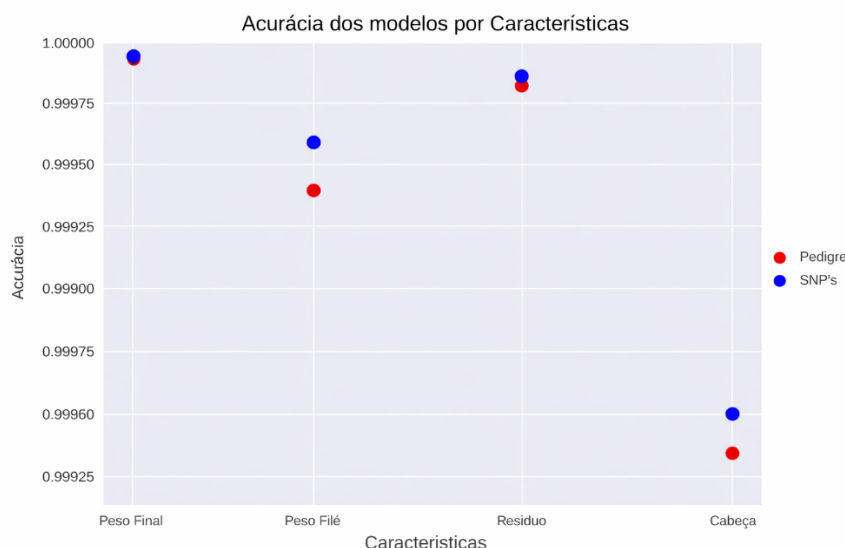


Figura 4 Gráfico de dispersão dos valores de acurácias encontradas entre os modelos

Além disso, a elevada acurácia observada em ambas as abordagens indica que os dados utilizados são altamente informativos e que os modelos estatísticos foram bem ajustados. Isso é especialmente relevante para programas de melhoramento genético, pois a acurácia de predição está diretamente relacionada ao ganho genético esperado por geração (Falconer & Mackay, 1996; Leite et al., 2022).

Portanto, os resultados obtidos demonstram que a matriz genômica não apenas iguala, mas supera a matriz de pedigree em termos de precisão na estimativa dos valores genéticos, consolidando-se como uma ferramenta estratégica para acelerar o progresso genético e aumentar a eficiência dos programas de seleção.

Na Tabela 8 encontram-se as correlações genéticas entre as diferentes características fenotípicas dos animais, estimadas pelos dois modelos, com base em pedigree e por meio de marcadores SNP's. Na diagonal principal da matriz, encontra-se a correlação perfeita (1.000) entre cada característica

consigo mesma, enquanto os valores fora da diagonal expressam o grau de associação genética entre pares de características, sendo na parte superior da mesma os resultados obtidos pelo pedigree e na parte inferior os obtidos pelos SNP's.

Tabela 8 Correlações genéticas (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre características de peso final, cabeça, resíduo, peso de filé e comprimento

		Pedigree				
		Peso Final	Cabeça	Resíduo	Peso Filet	Comprim
snp's	Peso Final	1,000	0,197	-0,387	0,393	0,241
	(gr)		(0,15)	(0,13)	(0,14)	(0,14)
	Cabeça	0,400		0,663	-0,666	0,748
	(gr)	(0,13)	1,000	(0,11)	(0,11)	(0,06)
	Resíduo	-0,488	0,695			-0,464
	(gr)	(0,11)	(0,11)	1,000	0,000	(0,09)
	Peso Filet	0,482	-0,700	-0,023		0,471
	(gr)	(0,11)	(0,12)	(0,07)	1,000	(0,1)
	Comprim	0,617	0,978	-0,459	0,458	
	(cm)	(0,10)	(0,07)	(0,12)	(0,12)	1,000

As correlações genéticas estimadas entre peso final, peso de filé, rendimento e comprimento corporal apresentaram magnitudes moderadas a altas, indicando que a seleção para crescimento tende a promover ganhos correlacionados em características de rendimento. Esse padrão é desejável do ponto de vista produtivo, pois permite otimizar múltiplos atributos simultaneamente.

Resultados semelhantes foram relatados em diferentes espécies aquícolas, como tilápias, salmão e robalo, nas quais correlações positivas entre crescimento e rendimento de carcaça têm sido consistentemente observadas (Ponzoni et al., 2011; Chavanne et al., 2016). No entanto, a presença de correlações genéticas também reforça a necessidade de monitoramento contínuo, a fim de evitar respostas correlacionadas indesejadas, como aumento proporcional de resíduos ou redução da eficiência alimentar.

Esse padrão é amplamente descrito na literatura de genética quantitativa e genômica, tanto em espécies aquícolas quanto terrestres. Em salmão do Atlântico (*Salmo salar*), Tsai et al. (2015) observaram correlações

moderadas entre NRM e GRM, atribuídas principalmente a erros de pedigree e à variação no parentesco realizado entre irmãos completos. Resultados semelhantes foram relatados em camarão branco do Pacífico (*Litopenaeus vannamei*), espécie na qual o controle genealógico é limitado e a GRM se mostrou mais eficiente para capturar relações genéticas reais (Houston et al., 2020).

No contexto da tilapicultura comercial, essa discrepância entre NRM e GRM assume importância estratégica, uma vez que registros genealógicos incompletos ou inconsistentes podem comprometer a acurácia da avaliação genética. Assim, a correlação observada neste estudo reforça que a GRM fornece uma representação mais precisa do parentesco efetivo, reduzindo vieses associados à expectativa teórica do pedigree.

A comparação entre os modelos de avaliação genética baseados em pedigree e em marcadores SNP evidenciou que as correlações genéticas estimadas a partir da matriz de parentesco genômico tendem a apresentar maior magnitude e, em alguns casos, menores erros padrão quando comparadas às obtidas pelo modelo tradicional baseado em pedigree. Esse comportamento tem sido amplamente relatado na literatura e é atribuído à capacidade da informação genômica de capturar diretamente a variabilidade genética entre indivíduos, refletindo o parentesco genético realizado, em contraste com o parentesco médio esperado derivado do pedigree (VanRaden, 2008; Yang et al., 2010).

A utilização de SNPs permite uma representação mais precisa das relações genéticas reais, uma vez que incorpora os efeitos da segregação mendeliana e do desequilíbrio de ligação ao longo do genoma, reduzindo vieses associados a registros genealógicos incompletos, erros de pedigree ou estruturas familiares pouco informativas (Hayes et al., 2009; Legarra et al., 2014). Em populações comerciais de aquicultura, nas quais o controle individual e o acompanhamento genealógico são frequentemente limitados, a abordagem genômica tem se mostrado particularmente vantajosa, proporcionando estimativas mais estáveis e robustas de parâmetros genéticos e correlações entre características (Tsai et al., 2015; Vallejo et al., 2017).

Dessa forma, considerando a maior magnitude das correlações genéticas, a consistência dos sinais genéticos e a maior precisão das estimativas observadas neste estudo, o modelo baseado em SNPs demonstra maior robustez e poder informativo para análises genéticas multivariadas. A aplicação dessa abordagem em programas de melhoramento genético pode potencializar os ganhos genéticos, ao permitir a identificação mais acurada de indivíduos superiores para características de interesse econômico, especialmente em sistemas produtivos comerciais (Meuwissen et al., 2001; Hayes et al., 2013).

4. Conclusão

Os resultados deste capítulo demonstram que a incorporação de informações genômicas por meio da GRM aprimora a qualidade das avaliações genéticas em populações comerciais de tilápias, tornando as estimativas de parâmetros genéticos e os valores genéticos preditos mais precisos e robustos. Assim, a aplicação de modelos genômicos representa uma alternativa eficiente e operacionalmente viável aos modelos baseados exclusivamente em pedigree, com potencial para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético e acelerar os ganhos genéticos para características de interesse econômico na aquicultura comercial.

5. Referências Bibliográficas

BARRÍA, A.; TRỊNH, T. Q.; MAHIRAH MAHMUDDIN, M.; PEÑALOZA, C.; PAPADOPOULOU, A.; GERVAIS, O.; CHADAG, V. M.; BENZIE, J. A. H.; HOUSTON, R. D. *A major quantitative trait locus affecting resistance to Tilapia lake virus in farmed Nile tilapia (Oreochromis niloticus)*. *Heredity*, v. 127, p. 334–343, 2021.

CARNEIRO JÚNIOR, J. *Melhoramento genético animal: fundamentos e aplicações*. Brasília: Embrapa, 2009.

EMBRAPA. Novo teste genômico auxilia criadores de tilápia a melhorar a produção. Brasília: Embrapa, 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/69823171/novo-teste-genomico-auxilia-criadores-de-tilapia-a-melhorar-a-producao>. Acesso em: 24 nov. 2025.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to quantitative genetics*. 4. ed. London: Longman Scientific and Technical, 1996.

GERAQUE, E. Seleção genética turbina a produção de tilápias. *Jornal da Unesp*, 20 ago. 2024. Disponível em: <https://jornal.unesp.br/2024/08/20/selecao-genetica-turbina-a-producao-de-tilapias/>. Acesso em: 24 nov. 2025.

GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research*, v. 31, n. 1, p. 25–33, 2000.

GJEDREM, T. *Genetic improvement of farmed fish and shellfish*. World Aquaculture Society, 2000.

GJEDREM, T. *Genetic improvement of farmed fish and shellfish*. 2. ed. New York: Springer, 2012.

GJERDE, B.; SCHAEFFER, L. R. Body traits in fish: Genetic correlations and selection strategies. *Aquaculture*, v. 80, n. 1–2, p. 63–72, 1989.

HABIER, D.; FERNANDO, R. L.; DEKKERS, J. C. M. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*, v. 177, p. 2389–2397, 2007.

HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; GODDARD, M. E. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, v. 92, n. 2, p. 433–443, 2009.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix. *Biometrics*, v. 32, p. 69–83, 1976.

HILSDORF, A. W. S.; MOREIRA, H. L. M.; SILVA, P. S. Melhoramento genético de peixes: avanços e perspectivas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 44, n. 1, p. 1–10, 2015.

KAUSE, A.; RITOLA, O.; PAANANEN, T.; MÄNTYSAARI, E.; ESKELINEN, U. Coupling body weight and its composition: A genetic analysis in rainbow trout. *Aquaculture*, v. 211, n. 1–4, p. 65–79, 2002.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of Dairy Science*, v. 92, p. 4656–4663, 2009.

LEITE, R. M.; SILVA, P. S.; MORAES, R. A. Ganho genético em tilápias: estratégias e aplicações. *Aquaculture Genetics Journal*, v. 18, n. 2, p. 45–59, 2022.

LYNCH, M.; WALSH, B. *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

MENEZES, K. S. P. Melhoramento genético de tilápias. *Zootecnia Brasil*, 24 jun. 2025. Disponível em: <https://zootecniabrasil.com/2025/06/24/melhoramento-genetico-de-tilapias/>. Acesso em: 24 nov. 2025.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, n. 4, p. 1819–1829, 2001.

MORAES, R. A.; LEITE, R. M.; SILVA, P. S. Aplicações da matriz genômica na aquicultura brasileira. *Revista de Genética Aplicada*, v. 12, n. 1, p. 22–35, 2023.

- NEIRA, R.; AGUILAR-MANJARREZ, J.; MONTALDO, H. H.** Genetic improvement of tilapia in Latin America: Advances and challenges. *Aquaculture Research*, v. 35, n. 9, p. 867–883, 2004.
- OLIVEIRA, R. S.; SANTOS, J. A.; SILVA, P. S.** Progresso genético em tilápias: uma abordagem temporal. *Revista Brasileira de Melhoramento Animal*, v. 16, n. 3, p. 89–97, 2015.
- PEÑALOZA, C. et al.** Development and validation of an open access SNP array for Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *G3: Genes | Genomes | Genetics*, v. 10, n. 8, 2020. DOI: 10.1534/g3.120.401343.
- PÉREZ-ENCISO, M.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.** Genomic relationship matrices: theory and applications. 2014.
- REIS NETO, R. M.; GONÇALVES, L. F.** Eficiência reprodutiva em tilápias: impacto da seleção genética. *Revista de Produção Animal Sustentável*, v. 11, n. 1, p. 55–63, 2024.
- RESENDE, M. F. R. et al.** Integration of genomic information in animal breeding programs. In: *INTERNATIONAL CONGRESS ON GENETICS*, 2017, São Paulo. *Anais...* São Paulo: SBC, p. 123–130.
- RUTTEN, M. J. M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H.** Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v. 246, n. 1–4, p. 125–132, 2005.
- SALES, F. R.** Avanços em edição genômica: CRISPR e o futuro do melhoramento genético. *Revista de Biotecnologia Aplicada*, v. 10, n. 3, p. 45–54, 2024.
- SANTOS, A. I. et al.** Melhoramento genético de tilápias no Brasil: avanços e perspectivas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 40, p. 1–10, 2011.
- SANTOS, J. A. et al.** Genetic improvement of Nile tilapia in Brazil: results and perspectives. *Genetics and Molecular Biology*, v. 34, n. 1, p. 30–37, 2011.
- SILVA, P. S. et al.** Utilização da matriz genômica na predição do valor genético em tilápias. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 45, n. 2, p. 89–98, 2016.

SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. *Genetics Selection Evolution*, v. 41, p. 37, 2009.

SONESSON, A. K.; MEUWISSEN, T. H. E. The use of genomic models in aquaculture breeding programs. *Aquaculture*, v. 289, p. 1–8, 2009.

VALLEJO, R. L. et al. Genomic selection models for rainbow trout resistance to bacterial cold water disease. *Frontiers in Genetics*, v. 8, p. 1–12, 2017.

VANDEPUTTE, M.; KOCOUR, M.; MAUGER, S.; DUPONT-NIVET, M.; DE GUERRY, D.; RODINA, M.; LINHART, O. Genetic variation for growth and morphology traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) and its relation to welfare indicators. *Aquaculture*, v. 242, n. 1–4, p. 69–84, 2004.

VANDEPUTTE, M. et al. Morphological traits and their genetic basis in fish breeding. *Aquaculture*, v. 235, n. 1–4, p. 55–70, 2004.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. *American Naturalist*, v. 56, p. 330–338, 1922.

YÁÑEZ, J. M. et al. Genomic prediction in aquaculture: Atlantic salmon as a case study. *Genetics Selection Evolution*, v. 48, p. 1–12, 2016.

YOSHIDA, G. M. et al. Accuracy of genomic prediction for Nile tilapia using different models and relationship matrices. *Aquaculture*, v. 512, p. 734–739, 2019.

YOSHIDA, G. M. et al. Genomic prediction accuracy for growth and reproductive traits in Nile tilapia. *Aquaculture*, v. 505, p. 182–190, 2019.

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente estudo apresentou uma abordagem integrada para a avaliação genética de tilápias (*Oreochromis niloticus*), contemplando tanto características reprodutivas quanto de desempenho zootécnico, por meio de análises quantitativas e genômicas. Os dois estudos desenvolvidos — um em ambiente comercial brasileiro com a linhagem GIFT e outro em parceria internacional com a Universidad de Chile utilizando dados genotípicos — permitiram uma visão abrangente sobre o potencial da seleção genética aplicada à aquicultura.

No primeiro estudo, conduzido em ambiente comercial, verificou-se que a seleção de matrizes com maior valor genético para características reprodutivas, como volume total de ovos e intervalo médio entre desovas, é viável e já promove ganhos fenotípicos relevantes. As estimativas de herdabilidade confirmaram que variáveis relacionadas ao volume de ovos possuem forte componente genético, com potencial de resposta consistente à seleção. Esses resultados demonstram que é possível reduzir significativamente o número de matrizes necessárias sem comprometer a produtividade, contribuindo para maior eficiência econômica e sustentabilidade ambiental da piscicultura.

O segundo estudo, baseado em dados genômicos de famílias genotipadas, evidenciou que a matriz de parentesco genômica (GRM) supera a matriz de pedigree tradicional (NRM) em termos de acurácia e estabilidade das estimativas genéticas. Herdabilidades mais consistentes e correlações biologicamente plausíveis reforçam que a incorporação de SNPs em programas de melhoramento representa um avanço metodológico e conceitual, capaz de acelerar o progresso genético e reduzir erros genealógicos. Essa abordagem amplia as possibilidades de seleção em contextos comerciais, especialmente em populações com registros genealógicos incompletos ou inexistentes.

De forma integrada, os resultados desta tese confirmam que a genética aplicada, aliada ao manejo adequado, é uma ferramenta estratégica para superar gargalos históricos da piscicultura, como a oferta irregular de alevinos e a baixa acurácia das estimativas genéticas. Os avanços obtidos demonstram

que a seleção reprodutiva e o uso de ferramentas genômicas podem promover ganhos consistentes em eficiência produtiva, otimizar recursos e consolidar a tilápia como espécie-chave para o desenvolvimento sustentável da aquicultura brasileira.

Entretanto, alguns desafios permanecem. O intervalo de desova mostrou baixa herdabilidade, indicando forte influência ambiental e necessidade de estratégias de manejo complementares. Além disso, os custos associados às análises genômicas ainda representam barreira para a aplicação ampla da GRM em sistemas comerciais.

Como perspectivas futuras, recomenda-se:

- Expandir os estudos para diferentes populações e ambientes de cultivo, validando os resultados em maior escala.
- Integrar dados genômicos com informações fenotípicas e ambientais em modelos preditivos mais robustos.
- Investir em tecnologias de genotipagem mais acessíveis, que permitam a democratização do uso da GRM em programas comerciais.
- Explorar novas ferramentas, como a edição genômica, que podem potencializar ainda mais os ganhos produtivos e reprodutivos.

Em síntese, esta tese demonstra que é possível avançar geneticamente em características reprodutivas de tilápias em ambiente comercial e que a genômica representa uma ferramenta concreta para tornar os programas de melhoramento mais eficientes, acessíveis e sustentáveis.

Anexos



Anexo 1 Imagem aérea S3 Piscicultura



Anexo 2 Matrizes e sua identificação por microchip



Anexo 3 Preparação de manejo dos reprodutores



Anexo 4 Coleta e identificação do animal



Anexo 5 Retirada da desova individualmente



Anexo 6 Medição dos ovos coletados