

DOCUMENTOS

37

ISSN 2318-1400
Julho / 2018

Programas de melhoramento genético na piscicultura



Embrapa

***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Pesca e Aquicultura
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

DOCUMENTOS 37

Programas de melhoramento genético na piscicultura

*Gisele Ferreira da Silva
Luciana Shiotsuki
Rodrigo de Almeida Teixeira
Laila Talarico Dias
Luciana Cristine Vasques Villela
Luiz Eduardo Lima de Freitas
Luciana Nakaghi Ganeco Kirschnik
Eduardo Sousa Varela*

***Embrapa Pesca e Aquicultura
Palmas, TO
2018***

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Pesca e Aquicultura
Avenida NS 10, Loteamento Água Fria,
Palmas, TO Caixa Postal nº 90,
CEP 77008-900, Palmas, TO
Fone: (63) 3229-7800
Fax: (63) 3229-7800
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
da Unidade Responsável

Presidente
Eric Arthur Bastos Routledge

Secretário-Executivo
Ernandes Barboza Belchior

Membros
*Jefferson Christofolletti, Leonardo Simões de
Barros Moreno, Lucas Simon Torati, Luciana
Cristine Vasques Villela, Luciana Nakaghi
Ganeco, Rodrigo Estevam Munhoz de Almeida
e Rodrigo Veras da Costa.*

Supervisão editorial
Embrapa Pesca e Aquicultura

Revisão de texto
Embrapa Pesca e Aquicultura

Normalização bibliográfica
Embrapa Pesca e Aquicultura

Tratamento das ilustrações
Jefferson Christofolletti

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Jefferson Christofolletti

Foto da capa
Molestie pellenquesque

1ª edição
Versão eletrônica (2018)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Nome da unidade catalogadora

Programas de melhoramento genético na piscicultura / autores, Gisele Ferreira da
Silva... [et al.]. Palmas, TO: Embrapa Pesca e Aquicultura, 2018.

58 p. (Documentos / Embrapa Pesca e Aquicultura, ISSN 2318-1400 ; 37).

1. Genética. 2. Aquicultura. 3. Peixe. I. Silva, Gisele Ferreira da. II. Shiotsuki, Lu-
ciana. III. Teixeira, Rodrigo de Almeida. IV. Dias, Laila Talarico. V. Villela, Luciana
Cristine Vasques. VI. Freitas, Luiz Eduardo Lima de. VII. Kirschnik, Luciana Nakaghi
Ganeco. VIII. Varela, Eduardo Sousa. IX. Embrapa Pesca e Aquicultura. X. Série.

CDD 664.942

Autores

Gisele Ferreira da Silva

Zootecnista, mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal do Paraná, Paraná/PR.

Luciana Shiotsuki

Zootecnista, Doutora em Genética e Melhoramento Animal, Pesquisadora da Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas/TO.

Rodrigo de Almeida Teixeira

Zootecnista, Doutor em Zootecnia, Professor adjunto da Universidade Federal do Paraná, Paraná/PR.

Laila Talarico Dias

Zootecnista, Doutora em Produção Animal, Professora associada da Universidade Federal do Paraná, Paraná/PR.

Luciana Cristine Vasques Villela

Zootecnista, Doutora em Ciência Animal, Pesquisadora da Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas/TO.

Luiz Eduardo Lima de Freitas

Engenheiro de Pesca, Doutor em Aquicultura, Pesquisador da Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas/TO.

Luciana Nakaghi Ganeco Kirschnik

Zootecnista, Doutora em Aquicultura, Pesquisadora da
Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas/TO.

Eduardo Sousa Varela

Biólogo, Doutor em Genética e Biologia Molecular, Pesquisador
da Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas/TO.

Apresentação

A aquicultura é uma das atividades de produção animal que mais cresce no mundo, embora sejam poucos os animais aquáticos que passaram por um processo de melhoramento genético ou domesticação. A execução de programas de melhoramento genético em animais terrestres e plantas, após anos de seleção, resultaram em grande contribuição para o aumento da produção, e consequentemente, a viabilidade econômica na atividade.

Este contraste deixa claro o enorme potencial para melhorar a produtividade aquícola através da aplicação de programas de melhoramento genético e aproveitar a ampla diversidade genética presente em muitas populações de peixes e outros organismos aquáticos selvagens que apresentam potencial zootécnico. A escassez de programas de melhoramento genético em peixes deve-se a falta de conhecimento do ciclo reprodutivo das espécies, sobretudo em cativeiro, e principalmente, pela deterioração do material genético pelo acúmulo da endogamia, em função da utilização de poucos reprodutores por geração. Esse é um problema em todas as espécies com alta fertilidade.

Nesta Série Documentos apresenta-se os principais métodos de seleção utilizados na aquicultura, ponderando-se vantagens e desvantagens. Também foram caracterizados os casos de sucesso de programas de melhoramento genético na piscicultura para diferentes espécies, no mundo e no Brasil a fim de subsidiar novos projetos de pesquisa voltados a melhoramento genético de peixes nativos, ainda escassos no Brasil.

Eric Arthur Bastos Routledge
Chefe de Pesquisa e Desenvolvimento

Sumário

Introdução	9
Domesticação de espécies aquícolas	10
Seleção natural e artificial	11
Métodos de seleção utilizados na piscicultura	12
Seleção individual ou massal	13
Seleção de família (entre famílias).....	14
Seleção dentro de família.....	16
Seleção combinada.....	16
Seleção pelo <i>pedigree</i>	17
Teste de progênie.....	17
Índice de seleção	17
Programas de melhoramento genético na piscicultura	18
Elementos de um programa de melhoramento genético	19
Descrição do(s) sistema(s) de produção.....	20
Escolha da espécie, variedades e sistemas de cruzamento.....	20
Formulação do objetivo de seleção.....	21

Definição dos critérios de seleção.....	22
Delineamento do sistema de avaliação genética.....	22
Seleção dos animais e definição do sistema de acasalamento.....	23
Delineamento do sistema para multiplicação da população melhorada	23
Programas de melhoramento genético na piscicultura: Casos de sucesso	24
Programas de melhoramento do Salmão do Atlântico (<i>Salmo salar</i>).....	25
Programas de melhoramento da Carpa Comum (<i>Cyprinus carpio</i>).....	28
Programas de melhoramento da Tilápia do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>).....	31
Programas de melhoramento de peixes nativos no Brasil	34
Mapeamento de QLTS e seleção genômica na aquicultura	36
Aplicações das tecnologias de mapeamento de QTLs e seleção genômica na aquicultura	40
A utilização de híbridos na piscicultura	41
Híbridos interespecíficos de peixes nativos	42
Impactos da produção de híbridos	45
Considerações finais	47
Referências	49

Introdução

A Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO) destaca que a aquicultura e a pesca são os setores de produção de alimentos que mais crescem no mundo, atingindo 167,2 milhões de toneladas em 2016. Toda essa produção destina-se a crescente demanda mundial por proteína animal. Para garantir o aumento eficiente da produção de pescado, assim como, o atendimento das demandas quanto a proteína animal, tem-se utilizado animais geneticamente superiores, selecionados pelos seus desempenhos zootécnicos, impactando diretamente na eficiência de produção do animal, por exemplo, animais com maior convergência alimentar, mais precoces, que atingem o peso de abate mais cedo. No mundo, há programas consolidados na piscicultura, como os das espécies Salmão do Atlântico (*Salmo salar*) na Noruega, *Cyprinus carpio* na Hungria e *Oreochromis niloticus* nas Filipinas.

No Brasil, a piscicultura tem acompanhado o crescimento mundial. Entre os anos de 2004 a 2014, o país teve um crescimento anual médio de 8% (Kubitza, 2015), e atingiu um valor de produção de R\$ 3,27 bilhões (IBGE, 2016). Entre as espécies de peixes mais produzidas no Brasil, a tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*) e o tambaqui (*Colossoma macropomum*) representam mais de 70% da produção da piscicultura continental brasileira (IBGE, 2016). Por outro lado, poucos programas de melhoramento genético têm sido executados para tilápia em instituições públicas e privadas (Resende et al., 2010; Oliveira et al., 2012). Para espécies nativas, como o tambaqui, as iniciativas de programas de melhoramento genético têm impactado muito pouco a piscicultura comercial.

Para garantir o aumento da produtividade da piscicultura no Brasil, consequentemente, produção de animais mais eficientes quanto a convergência alimentar, velocidade de crescimento, resistência a doenças é necessário a implantação de programas de melhoramento genético nacionais difundidos amplamente para cada espécie. Portanto, objetivou-se com a presente publicação descrever programas de melhoramento genético de sucesso na piscicultura mundial, apontando tendências sobre o tema e indicando as futuras contribuições que programas de melhoramento genético para espécies nativas podem alcançar no Brasil.

Domesticação de espécies aquícolas

O conceito de domesticação passou por diversas modificações ao longo do tempo o mais antigo foi definido como: “uma parte do crescimento e da reprodução dos animais esteja sob o controle do homem” (Lush, 1943). “A domesticação é o processo pelo qual uma população de animais se adapta ao homem e ao ambiente cativo por alguma combinação de mudanças genéticas que ocorrem ao longo das gerações e eventos de desenvolvimento induzidos pelo meio ambiente recorrentes durante cada geração” (Price, 1984); e a definição de Price (2002): “Domesticação é sobre adaptação ao homem e ao ambiente que ele fornece. As adaptações fenotípicas ao ambiente cativo ocorrerão com base nos mesmos processos evolutivos que permitem que as populações de vida livre se adaptem às mudanças em seu ambiente. A principal diferença é que, em cativeiro, o homem pode acelerar mudanças fenotípicas que de outra forma não apareceriam ou persistiriam na natureza, através de seleção artificial”. Em uma descrição mais recente, Teletchea and Fontaine (2014) consideraram um animal como domesticado somente quando todo o seu ciclo de vida for realizado em cativeiro.

A domesticação de animais de criação (bovinos, suínos, aves, entre outros) ocorreu no período Neolítico, cerca de 14.000 anos A.C. (Lush, 1943; Balon, 1995). Os peixes, foram domesticados mais tarde, aproximadamente há 10.500 anos A.C. (Diamond, 2002). Por ser um processo lento, é necessário um longo período de tempo para que os animais tornem-se cada vez mais adaptados ao ambiente de criação (Gjedrem; Baranski, 2009). Por isso, uma espécie aquícola não poderia viver somente alguns anos em viveiros para ser considerada como domesticada (Teletchea; Fontaine, 2014).

A domesticação promove mudanças genéticas e fenotípicas nos animais e o comportamento animal é uma das primeiras características a ser afetada pelo processo de domesticação (Ruzzante, 1994). Alguns comportamentos significativos para sobrevivência da espécie na natureza, como por exemplo, fugir de predadores ou procurar alimentos, perdem muito do seu significado adaptativo em criação; como consequência, tanto a variabilidade genética como a fenotípica para essas características estão sujeitas a aumentar (Price, 1999). O fenômeno genético com maior impacto sobre o processo de domesticação é a seleção (Gjedrem; Baranski, 2009).

Seleção natural e artificial

A seleção é o processo de escolha de indivíduos que deixarão maior número de descendentes na população, podendo ser conceituada de duas formas distintas: seleção natural e artificial.

A seleção natural ocorre em todas as populações de animais naturalmente. Animais mais adaptados a um habitat particular irão gerar um número maior de descendentes que sobrevivem em relação àqueles que são menos adaptados. Consequentemente, a população em geral se tornará mais adaptada a uma determinada condição ambiental. Este é um processo considerado lento, visto que as alterações ambientais necessárias para os animais se adaptarem tendem a acontecer aos poucos e ocorrem somente no âmbito do indivíduo, não sendo influenciada pelo comportamento dos parentes (Price, 2002; Gjedrem; Baranski, 2009).

A seleção artificial está relacionada à condição imposta pelo homem, que tende a selecionar para a reprodução os indivíduos com as características desejadas a serem transmitidas para a progênie. Além disso, a seleção artificial pode ser consciente/intencional ou inconsciente. Consciente, quando há um programa de seleção que define quais as características desejáveis para uma espécie e/ou plantel em questão; e inconsciente quando a seleção é realizada a partir de interesses pessoais do produtor (Price, 1999; Price, 2002; Gjedrem; Baranski, 2009). Esse tipo de seleção promove alterações nas frequências gênicas e genotípicas com efeitos aditivos, aumentando a frequência de alelos favoráveis e diminuindo a frequência de alelos desfavoráveis. Para isso acontecer, o primeiro passo é obter registros e medidas da(s) característica(s) dos animais disponíveis na população, promovendo o início do melhoramento genético (Gjedrem; Baranski, 2009).

A seleção natural só pode ser mensurada após a reprodução dos animais, ao passo que a seleção artificial pode ser aplicada antes da reprodução.

Métodos de seleção utilizados na piscicultura

O objetivo da maioria dos piscicultores é obter maior renda através da maximização da sua produtividade, havendo duas maneiras distintas de se alcançar este objetivo: a primeira é trabalhando com os fatores ambientais envolvidos na produção de peixes, como por exemplo, nutrição, qualidade da água e disponibilidade de oxigênio, o que levará a uma melhoria do bem-estar dos animais e, por conseguinte, ao aumento da sua produtividade. A segunda opção é o uso de alevinos provenientes de acasalamentos entre reprodutores selecionados para as características de interesse de cada piscicultura. Quando o aumento da produtividade se dá pelo aperfeiçoamento das condições do ambiente, este ganho pode ser restrito, devido à baixa qualidade genética dos indivíduos ou mesmo pelas prováveis modificações destas condições. Porém, se o aumento ocorrer após mudanças genéticas estabelecidas pelo uso de alevinos melhorados (programas de melhoramento genético), o ganho tende a ser permanente (Freitas et al., 2013).

A seleção é uma das ferramentas mais utilizada para promover o melhoramento genético de qualquer espécie, indicando quais animais, geneticamente superiores, se tornarão pais da próxima geração. É por meio da seleção que serão escolhidos os melhores indivíduos, ampliando, continuamente, a frequência de genes favoráveis para a(s) característica(s) de interesse, fazendo com que a progênie apresente uma média para a característica selecionada igual ou superior à dos pais. Isto é denominado “ganho de seleção” (Freitas et al., 2013).

A seleção genética privilegia o acasalamento de indivíduos geneticamente superiores em relação aos demais indivíduos da população dentro da mesma espécie, gerando modificações nas frequências dos alelos com redução na frequência dos alelos desfavoráveis e aumento na frequência dos alelos favoráveis (Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010). Para as espécies aquáticas, a seleção individual ou massal, a seleção de família e a seleção dentro de família são as mais utilizadas (Gjedrem; Baranski, 2009). Porém, existem outros métodos disponíveis, como, a seleção de pedigree, a seleção combinada e o teste de progênie (Moreira et al., 2013).

A escolha do método de seleção depende de uma diversidade de fatores. Dentre eles, destacam-se quatro (Gjedrem; Baranski, 2009):

- Características alvo do melhoramento genético;
- Viabilidade de registrar tais características em animais vivos;
- Magnitude da herdabilidade para as características em questão;
- Capacidade de reprodução das espécies.

A seleção de indivíduos para os diferentes sistemas de acasalamentos pode ocorrer em função dos métodos de seleção.

Seleção individual ou massal

A seleção individual, também conhecida como seleção massal, é baseada unicamente no desempenho de cada indivíduo a ser avaliado, observando somente o seu valor fenotípico, ou seja, os peixes são selecionados unicamente através da sua morfologia externa (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013; Eler, 2017).

É de fácil execução, sendo considerado o método mais simples e barato de operar, não precisando de grandes investimentos em infraestrutura, como por exemplo, a criação dos animais separados com suas respectivas famílias, e exige menos manutenção dos animais selecionados; sendo assim, é mais fácil de ser estabelecido em pequenas e médias pisciculturas (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013; Hilsdorf et al., 2013b; Eler, 2017). Entretanto, a seleção individual só é possível de ser realizada para características que podem ser mensuradas em animais vivos e registradas individualmente como, por exemplo, as características morfométricas (peso e comprimento). Para características que não podem ser medidas diretamente no animal vivo, tais como, características de carcaça ou de qualidade da carne, a seleção individual não se enquadra (Gjedrem; Baranski, 2009; Eler, 2017).

Outro aspecto importante da seleção através do desempenho individual é a restrição com relação ao número de características que podem ser selecionadas simultaneamente, normalmente, delimitando-se uma ou duas características por vez (Moreira et al., 2013). A eficiência da seleção individual

é dependente da herdabilidade da característica selecionada, sendo mais eficiente quando as características possuem alta herdabilidade, circunstância na qual o valor fenotípico representa indicação clara do valor genético dos animais (Eler, 2017).

A seleção individual apresenta algumas desvantagens: se os peixes permanecerem em diferentes situações de manejo ou locais (tanques, viveiros ou lagoas), haverá uma relevante variação ambiental. Portanto, essas condições devem ser padronizadas para todos os animais durante todo o seu ciclo de vida, evitando que haja uma redução na acurácia de seleção devido aos fatores ambientais (Gjedrem; Baranski, 2009). Geralmente, os peixes não são marcados (identificados) individualmente, além de ocorrer uma seleção intensa sobre eles, o que leva ao não conhecimento do seu pedigree. Consequentemente, animais aparentados podem ser selecionados e acasalados, levando à produção de animais consanguíneos. Com o decorrer do tempo o ganho genético reduz e a produtividade dos animais diminui, porém, estes problemas podem ser reduzidos com o uso de um grande número de progenitores em cada geração (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013).

Seleção de família (entre famílias)

A seleção de família considera o valor fenotípico médio de cada família como uma referência adicional ao valor fenotípico individual, sendo que as famílias podem ser de meio-irmãos ou de irmãos completos. Meio-irmãos compartilham um quarto dos seus alelos idênticos, enquanto os irmãos completos têm a metade de seus alelos em comum. Esta relação sugere que o desempenho de irmãos pode ser usado como base para a seleção, sendo possível estimar os valores genéticos de animais aquáticos (Gjedrem; Baranski, 2009; Eler, 2017).

Quando uma família não é selecionada, todos os animais são “descartados”, da mesma forma que se uma família é selecionada, todos os indivíduos são mantidos no plantel. A seleção nessa situação é efeito da diferença entre famílias e não entre indivíduos (Moreira et al., 2013).

A seleção de família é utilizada, preferencialmente, quando a herdabilidade da característica é baixa, como sobrevivência e idade de maturação sexual. Isto porque a eficiência baseia-se no fato de que ao se usar a média da família, considera-se que as médias dos desvios ambientais dentro de cada família anulam-se e que, assim, a média fenotípica descreve um valor muito próximo da média genotípica. A vantagem obtida é maior quando os desvios ambientais integram uma grande parte da variação fenotípica, isto é, quando a herdabilidade é baixa (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013; Eler, 2017). O número de indivíduos na família é igualmente relevante, ou seja, quanto maior o número de animais em cada família, mais próxima é a relação entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio (Eler, 2017).

Para as características que não podem ser medidas em animais vivos, como por exemplo, características de carcaça, qualidade da carne ou resistência a doenças, o uso da seleção de família é relevante, pois, a determinação destas características nos irmãos torna exequível a estimativa dos valores genéticos com elevada precisão (Gjedrem; Baranski, 2009).

Para a aplicação da seleção de família é necessário conhecer o parentesco de cada animal e, conseqüentemente, é importante manter corretamente os registros genealógicos (Gjedrem; Baranski, 2009). Isto, geralmente, requer a marcação ou identificação individual dos animais, o que torna este processo mais oneroso em relação à seleção individual.

Os animais devem ser criados em unidades separadas, com suas respectivas famílias, até que atinjam tamanho suficiente para serem marcados fisicamente. No decorrer deste período, cada família terá um ambiente comum que é distinto das outras famílias. Se este efeito ambiental comum for duradouro e expressivo, pode “ocultar” as diferenças genéticas entre as famílias tornando a seleção ineficiente. Portanto, este período deve ser o mais curto possível, o que ressalta a importância de proporcionar a todas as famílias condições ambientais tão semelhantes quanto possível, a fim de diminuir os efeitos ambientais comuns (Gjedrem; Baranski, 2009; Eler, 2017).

Seleção dentro de família

A seleção dentro de família é baseada no desvio de cada indivíduo a partir da sua média familiar e, quando aplicada, as famílias são testadas em unidades separadas. Neste método, a média da família é ignorada, tendo valor zero. Resumindo, na seleção dentro de família os peixes previamente são classificados segundo o seu desempenho individual dentro de cada família e depois são selecionados os melhores dentro de cada família. Este método elimina o efeito ambiental comum, sendo dependente de grande variância (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013; Eler, 2017).

Uma desvantagem desta seleção é a necessidade de instalações para cada família até completarem o tamanho de mercado, o que torna o sistema um pouco mais oneroso. Por outro lado, não há a necessidade de marcação individual, além de ser simples monitorar problemas com a consanguinidade, evitando o acasalamento de indivíduos aparentados. Assim como a seleção individual, a seleção dentro de família não é praticável em características que não possam ser medidas em animais vivos (Gjedrem; Baranski, 2009).

Seleção combinada

Os métodos de seleção de maior relevância para as espécies aquáticas são o individual, de família e dentro de família. Porém, é possível utilizar combinações entre estes três métodos para se obter maior acurácia dos valores genéticos estimados (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013).

A combinação mais simples é a de seleção individual com a seleção de família (Moreira et al., 2013). Essa metodologia é baseada no peso adequado dos componentes de média de família e de desvios dentro de família, provavelmente, o melhor procedimento de seleção compreendendo os desempenhos das famílias (Eler, 2017).

Com relação à acurácia de seleção, a seleção de família é melhor em relação à seleção dentro de família. A seleção combinada, em geral, fornece uma resposta por geração entre 10 a 30% acima da seleção individual e de família, e cerca de duas vezes maior que a resposta esperada para a seleção dentro de família (Gjedrem; Baranski, 2009).

Seleção pelo *pedigree*

A seleção pelo *pedigree*, também chamada genealógica, usa informações dos pais e avós (ascendentes ou parentes colaterais) dos indivíduos candidatos à seleção. Este método de seleção possui maior relevância para os animais jovens, pois os mesmos não possuem dados sobre o seu próprio desempenho, sendo a média do valor genético dos pais sua melhor estimativa.

Com relação à acurácia de seleção deste método, apesar dos indivíduos herdarem metade do material genético dos seus pais, a segregação mendeliana causa variação no valor genético e, com isso, a acurácia é relativamente baixa. Esse fator, juntamente com a disponibilidade geral de informações dos membros da família, sugere que a seleção de *pedigree* tenha menor importância em espécies aquáticas. (Gjedrem; Baranski, 2009; Moreira et al., 2013; Eler, 2017).

Teste de progênie

No teste de progênie, o valor genético do indivíduo é obtido pelo desempenho dos seus descendentes, sendo um método pouco utilizado em peixes (Moreira et al., 2013; Eler, 2017). O teste de progênie tem a vantagem de poder ser utilizado para selecionar características que não podem ser estimadas em indivíduos vivos, como por exemplo, resistência a doenças, características de carcaça e qualidade da carne, assim como a seleção de família. Entretanto, a maior desvantagem é o aumento considerável no intervalo de gerações (Gjedrem; Baranski, 2009).

Índice de seleção

É possível selecionar para diferentes características através do índice de seleção, no qual um peso econômico é atribuído a cada característica do índice, levando em consideração a herdabilidade, o valor econômico, a variabilidade (fenotípica e genética) e as correlações fenotípicas e genéticas com outras características. Este processo procura estabelecer as relações entre as características de interesse para seleção de modo que, pela relevância adequada de cada uma, surja um único número que represente a estimativa

do valor genético do indivíduo e os animais sejam ordenados por esse índice. Dois tipos de índices de seleção são utilizados para peixes: (1) índice para o indivíduo e, (2) índice para as famílias. O índice de seleção individual é usado para a seleção final, enquanto que o índice de seleção de família é indicado para a pré-seleção de potenciais reprodutores (Gjedrem; Baranski, 2009; Eler, 2017).

É o método de melhor eficiência relativa e o objetivo da seleção pelo índice não é nenhuma das características exclusivamente, mas sim o retorno econômico proporcionado pela seleção simultânea para o conjunto de características (Eler, 2017).

Programas de melhoramento genético na piscicultura

O melhoramento genético na produção animal tem sido desenvolvido desde a década de 1930 e vem apresentando resultados significativos na bovino-cultura de corte e leite, na avicultura de corte e postura e na suinocultura (Gjedrem; Thodesen, 2005). Para os peixes, os programas de melhoramento tiveram início somente na década 70, e ainda hoje (Gjedrem; Thodesen, 2005), são pouco utilizados, tendo em vista que a produção mundial de peixes provenientes de programas de melhoramento é de, aproximadamente, 10% da produção total (Gjedrem, 2012).

O objetivo básico de um programa de melhoramento é impulsionar as bases de uma produção aquícola sustentável, e suas metas e objetivos são alcançados em um longo prazo (Gjedrem; Baranski, 2009). Os peixes são ótimos modelos para programas de melhoramento genético, pois possuem fecundação externa, possibilitando o manuseio dos gametas para a realização de sistemas de acasalamento dirigido e manipulação cromossômica; alta fecundidade, produzindo um grande número de descendentes, o que permite uma seleção mais intensa e a realização de teste de desempenho com diferentes grupos genéticos; possibilidade de formação de híbridos, que apesar de ser uma prática ambientalmente questionável tem sido muito utilizada no Brasil, com diferentes espécies de peixes nativos (Hiltsdorf et al., 2013a).

Os objetivos do melhoramento devem ser estabelecidos individualmente para cada espécie e/ou população, pois as características economicamente relevantes são distintas entre as espécies e os diferentes países. Porém, algumas características são de especial importância econômica na maioria das populações, como por exemplo, taxa de crescimento, resistência às doenças, sobrevivência, eficiência alimentar, idade à maturação sexual e qualidade do produto (carne) (Gjedrem, 2000; Ponzoni, 2006; Gjedrem; Baranski, 2009).

Com relação aos parâmetros fenotípicos e genéticos mais significativos na avaliação das características em programas de melhoramento genético de peixes, destaca-se os seguintes (Gjedrem, 2000):

- Média, desvio-padrão e coeficiente de variação;
- Variação fenotípica e genética;
- Herdabilidade para cada característica;
- Correlações fenotípicas e genéticas entre as características.

Elementos de um programa de melhoramento genético

A primeira medida a se tomar quando se inicia um programa de melhoramento é a criação de uma população base com ampla variabilidade genética, tentando evitar problemas com a consanguinidade e possibilitando o aumento na probabilidade de respostas genéticas em longo prazo (Gjedrem; Baranski, 2009; Streit Júnior et al., 2012).

No cultivo de peixes, a população base pode ser formada por peixes oriundos de indivíduos selvagens, domesticados (de pisciculturas) ou uma combinação dos dois (Holtmark et al., 2006). Deve-se avaliar se os animais disponíveis nas pisciculturas possuem ou não informações de pedigree, visto que indivíduos sem informações podem ter elevada endogamia, bem como analisar o tamanho efetivo da população a ser avaliada, a fim de observar se será necessário incluir reprodutores de populações de outras pisciculturas ou selvagens (Gjedrem; Baranski, 2009). A introdução no plantel de animais selvagens, capturados em rios pode ser dificultada por problemas como: locais de captura afastados, o que torna a apreensão desses peixes cara e trabalhosa; existência de rigorosas leis ambientais para captura e transporte de

animais silvestres; dificuldade de adaptação ao cativeiro, o que não garante respostas zootécnicas produtivas positivas; possibilidade de captura de um animal velho, que não alcançou o tamanho específico da espécie, por restrição alimentar ou herança genética, o que faz com que essa característica possa ser repassada a seus descendentes (Streit Júnior et al., 2012).

Populações selvagens e domésticas podem contribuir para uma população base. No entanto, o desempenho dos indivíduos domésticos pode ser conhecido, pelo menos para uma ou algumas características. Já para as populações selvagens existe pouca ou nenhuma informação sobre o desempenho genético. Uma vez que os fenótipos são afetados por gênero, idade e meio ambiente, a informação fenotípica deve ser vista com cautela na avaliação de peixes selvagens para reprodução (Holtmark et al., 2006).

Para que um programa de melhoramento genético leve a ganhos genéticos relevantes e permanentes são apresentados, na literatura científica, alguns critérios que devem ser seguidos. Esses critérios são descritos a seguir (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010):

Descrição do(s) sistema(s) de produção

Para que os ganhos genéticos obtidos em núcleos de melhoramento genético sejam replicados em tanques ou viveiros de produção, é necessário que o programa de melhoramento genético seja executado em ambiente o mais similar possível ao sistema de produção no qual os peixes serão produzidos (Ribeiro; Legat, 2008). Devem ser analisadas informações como: a natureza do sistema de produção (por exemplo, mono ou policultura), o regime alimentar, o desafio ambiental (doenças, temperatura, qualidade da água), o sexo, idade e tamanho dos indivíduos, além do ambiente social (Ponzoni, 2006).

Escolha da espécie, variedades e sistemas de cruzamento

Para definir qual espécie/variedade de peixe será utilizada em um programa de melhoramento genético, é necessário definir se a espécie apresenta habilidade natural de crescimento, se existem informações sobre seu processo reprodutivo, como está a distribuição da sua variabilidade genética na na-

tureza, se existe variabilidade genética suficiente para se formar um plantel inicial que sofrerá seleção, quais as características que atribuem qualidade de carne, entre outras (Hilsdorf; Orfão, 2011).

A seleção da espécie deve ser realizada com base em comparações de espécies e variedades e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos. Os estoques de animais da espécie selecionada deverão passar por todos os cruzamentos viáveis entre eles e um cruzamento seletivo posterior da prole formada, independente da sua origem (Ribeiro; Legat, 2008).

Estabelece-se, então, uma população base com aumento da variação genética. Todos os estoques são iguais na inclusão de valores individuais. Após a seleção do melhor estoque, pode-se não fazer uso dos valores individuais para outros estoques. O procedimento indicado promove o melhor uso dos recursos genéticos, independentemente da origem dos mesmos (Ribeiro; Legat, 2008).

Formulação do objetivo de seleção

A formulação do objetivo de seleção é fundamental, pois determina a ênfase nas características que serão contempladas em um programa de melhoramento genético, no sentido de responder ao mercado consumidor, quais características causam maior impacto na cadeia produtiva ou em parte dela. Sendo assim, o objetivo de seleção deveria estar estreitamente relacionado com o sistema de produção (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

O objetivo de seleção inclui características como: taxa ou tamanho de crescimento, taxa de sobrevivência, idade de maturidade sexual, resistência às doenças, tolerância à temperatura, à salinidade ou a outros atributos da água, qualidade da carne e conversão alimentar. Dentre estas características, a taxa de crescimento (ou tamanho em uma determinada idade) tem sido a mais comum, principalmente porque o seu resultado é facilmente percebido, sua medição é simples e possui grande importância no sistema de produção. O rápido crescimento de um peixe permite a sua produção em um período menor de tempo (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Definição dos critérios de seleção

O critério de seleção é o método de mensuração de características, a partir das quais será feita a escolha dos indivíduos. O objetivo de seleção define “aonde ir” com o programa de melhoramento, ao passo que o critério de seleção define “como chegar lá”. Portanto, as características que compõem os critérios de seleção devem ser de mensuração simples, apresentarem resposta à seleção e estarem relacionadas com o objetivo de seleção, para expressarem o mérito genético dos animais e, posterior, retorno econômico da seleção (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Um exemplo de critério de seleção com o objetivo de acelerar a seleção dos animais é elevar o peso ao abate, mas para isso, é necessário selecionar os indivíduos a partir de pesos aferidos em idade anterior àquela ao alcançar o peso na comercialização, determinando mais cedo quais animais serão usados nos cruzamentos (Ribeiro; Legat, 2008).

Delineamento do sistema de avaliação genética

O sistema de avaliação genética é o processo de definição da metodologia utilizada na determinação do mérito genético dos animais a partir dos dados coletados. Pode ser simples, envolvendo seleção massal, ou mais complicado, envolvendo a adaptação de um modelo animal para os dados (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Quando os peixes são identificados individualmente (com dispositivos eletrônicos, por exemplo), é possível manter as informações de *pedigree* e, dessa forma, utilizar o procedimento estatístico de predição de variáveis aleatórias, o BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction” – Melhor Preditor Linear não Viesado). Nesta metodologia é incorporada a matriz de parentesco para prever os valores genéticos dos animais, sendo possível a estimação dos valores de cruzamento (EBVs – “Estimated Breeding Values” ou Valores Genéticos Estimados) combinando a informação disponível. Este procedimento é considerado uma alternativa melhor que a seleção massal ou a seleção combinada entre e dentro de família. Na estimativa dos valores de cruzamento pelo BLUP, é utilizada a informação tanto de cada indivíduo como

daqueles relacionados na população (família) (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Seleção dos animais e definição do sistema de acasalamento

Refere-se à escolha dos indivíduos que terão preferência de acasalamentos. O ideal seria utilizar apenas os “melhores” indivíduos, mas na prática, deve-se levar em consideração a intensidade de seleção e o tamanho efetivo da população, sendo necessário que um número relativamente grande de animais participe da reprodução. O acasalamento dos animais selecionados deve ser conduzido de forma que haja um aumento no desempenho médio da nova população, manutenção de variabilidade genética e dos ganhos genéticos durante várias gerações e controle do incremento de consanguinidade (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Delineamento do sistema para multiplicação da população melhorada

O sistema de multiplicação do material genético selecionado deve possibilitar a transferência rápida e efetiva do ganho genético obtido na “elite” dos animais superiores para o setor produtivo. Esse fluxo gênico é ilustrado na Figura 1 (Núcleo, Multiplicadores e Comercial). Embora o melhoramento genético geralmente ocorra em uma pequena parte da população (“elite”), é suficiente para fornecer indivíduos melhorados para uma grande população envolvida na produção. Ou seja, o melhoramento genético obtido na “elite” dos animais superiores em um “Centro de Melhoramento” é multiplicado e disseminado para o sistema de produção e esse processo pode ocorrer de maneira mais rápida e eficiente em espécies com elevado potencial reprodutivo, como é o caso dos peixes (Ponzoni, 2006).

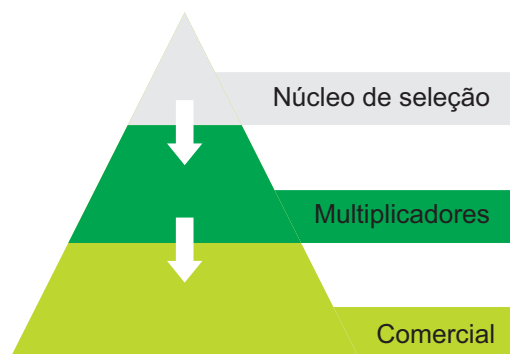


Figura 1. Fluxo gênico em programas de melhoramento genético (Fonte: Adaptado de Ponzoni (2006).

Portanto, o estabelecimento de um sistema de avaliação do programa de melhoramento genético é importante para garantir que o ganho genético está sendo alcançado. Caso ocorra algum problema, haverá a necessidade de ajustes no programa. Este procedimento é feito comparando o desempenho das progênie dos animais selecionados com a progênie de animais com desempenho médio, utilizados como população controle. A diferença no desempenho indicará a resposta à seleção obtida na geração anterior (Ponzoni, 2006; Ribeiro; Legat, 2008; Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

Programas de melhoramento genético na piscicultura: Casos de sucesso

Os peixes provenientes de programas de melhoramento genético refletem uma pequena parcela dos animais utilizados na produção animal. Com base nesse pequeno grupo de peixes selecionados no núcleo, animais testados que passaram pelo processo de seleção e melhoramento genético (Figura 1), serão definidos os reprodutores (multiplicadores), que serão pais dos animais utilizados para a produção comercial (produto que chegará à população). Em peixes, devido à alta eficiência reprodutiva, é possível atender a altas demandas de produção a partir de um número pequeno de reprodutores geneticamente superiores (Ponzoni, 2006; Oliveira et al., 2010).

Os primeiros programas de melhoramento genético voltados para espécies aquáticas, registrados na literatura científica e de aplicabilidade pelo setor produtivo, datam do final da década de 1960 e início da década de 1970: programas de melhoramento de salmões e trutas nos Estados Unidos e Noruega (Hiltsdorf et al., 2015).

Programas de melhoramento do Salmão do Atlântico (*Salmo salar*)

O primeiro programa nacional de melhoramento genético com Salmão do Atlântico (*Salmo salar*) começou na Noruega, no centro de genética AKVAFORSK, no início dos anos 70. Inicialmente, foram analisados parâmetros fenotípicos e genéticos apenas para a característica peso corporal (taxa de crescimento) dos indivíduos selecionados. Porém, de caráter mais complexo, o programa foi delineado para ir incorporando, gradativamente, outras características economicamente importantes ao seu objetivo de seleção, como idade na maturação sexual (redução na frequência de maturidade sexual precoce), taxa de sobrevivência (em água doce), resistência às doenças específicas (furunculose, anemia infecciosa do salmão – ISA, necrose pancreática infecciosa – IPN) e características relacionadas à qualidade da carne (cor, teor e distribuição de gordura) (Thodesen; Gjedrem, 2006; Gjedrem, 2012).

Com relação à população base utilizada, visto que o Salmão do Atlântico possui um intervalo entre gerações de 4 anos, com uma alta taxa de mortalidade pós-desova, foram estabelecidas quatro populações reprodutoras para fornecer gerações geneticamente melhoradas a cada ano. Foram recolhidos ovos de diversas variedades de Salmão do Atlântico selvagem, a fim de assegurar o máximo de variação genética, tentando evitar, assim, a endogamia (Holtmark et al., 2006; Gjedrem, 2012). Este programa utilizou a estratégia de combinar a seleção entre e dentro de família, para melhorar, simultaneamente, todas as características que faziam parte do objetivo de seleção (Thodesen; Gjedrem, 2006).

Ao selecionar os indivíduos com base apenas na taxa de crescimento, observa-se uma correlação genética favorável com a conversão alimentar (Thodesen et al., 1999); um aumento da taxa de volume de negócios, resultando em diminuição dos custos de produção; redução da necessidade de

manutenção e maior retenção de energia e proteína, o que diminui o custo com alimentação; redução da mortalidade devido ao menor tempo de produção; e correlação genética favorável com a resistência a doenças, levando a um aumento da taxa de sobrevivência (Olesen et al., 2013). Por estes motivos, a melhoria na taxa de crescimento normalmente é o foco inicial dos programas de melhoramento genético na piscicultura (Gjedrem; Baranski, 2009).

Estudos comparando as propriedades genéticas e ambientais entre o Salmão selvagem e o domesticado mostraram que as características relacionadas com aptidão, tais como sobrevivência, crescimento, habilidade competitiva, percepção ao risco, comportamento migratório e desempenho reprodutivo são diferentes entre os indivíduos das duas populações (Fleming et al., 1996).

Outro exemplo de programa de melhoramento genético com Salmão do Atlântico é o Programa de Desenvolvimento de Reprodutores de Salmão do Atlântico, (*Atlantic Salmon Broodstock Development Program* - ASBDP), uma parceria entre pesquisadores e produtores, em Saint Andrew's, New Brunswick, no Canadá, cujo objetivo foi desenvolver uma variedade de Salmão geneticamente melhorada para a piscicultura comercial, associando taxa de crescimento rápido, boa qualidade de carcaça e baixa ocorrência de maturidade sexual precoce. Este programa teve início em 1998, como uma continuação do Programa de Pesquisa em Genética do Salmão (*Salmon Genetic Research Program* - SGRP) e as populações base foram formadas por quatro variedades SGRP diferentes (Quinton et al., 2005; Hilsdorf; Orfão, 2011).

Programas de melhoramento da Carpa Comum (*Cyprinus carpio*)

A Carpa Comum (*Cyprinus carpio*) é uma espécie natural da Ásia Central, mas atualmente, vem sendo produzida em quase todo o mundo, sendo provavelmente o mais antigo peixe domesticado (Hulata, 1995; Balon, 1995). Como resultado da seleção em longo prazo, natural ou artificial, as populações de Carpa Comum adquiriram uma grande diversidade genética. Sendo assim, existem plantéis com diferenças genéticas para características de interesse econômico como, diferenças nos padrões de coloração, formato do corpo (morfologia), taxa de crescimento, além de outras características quan-

titativas, em países como Vietnã, China e Indonésia (Thien; Trong, 1995; Li; Wang, 2001; Dong; Yuan, 2002; Hilsdorf; Orfão, 2011).

O programa de melhoramento genético da Carpa Comum na Hungria iniciou na década de 1960, no Instituto de Pesquisa de Pesca, Aquicultura e Irrigação (*Research Institute for Fisheries, Aquaculture and Irrigation* - HAKI), em Szarvas, onde foram coletadas quinze variedades húngaras de melhor desempenho de fazendas da região e quinze estrangeiras, que representaram assim o banco de genes vivo do instituto e a base do futuro programa de melhoramento genético (Bakos et al., 2006).

O objetivo deste programa era melhorar características quantitativas e qualitativas, que direta ou indiretamente influenciavam a produtividade da carpa, tais como viabilidade, taxa de crescimento, conversão alimentar, rendimento de carcaça e teor de gordura. A seleção individual foi utilizada para selecionar os peixes candidatos neste programa de melhoramento, observando a origem da população, o desempenho e as características externas típicas das variedades. Porém, a seleção não acontecia somente para uma característica específica, foi desenvolvido um índice de seleção, e, para cada característica avaliada era atribuída uma nota dentro de um sistema de avaliação (Bakos et al., 2006).

Durante os primeiros 40 anos deste programa de melhoramento, foram realizadas mais de 150 combinações de cruzamentos. Os principais resultados obtidos a partir deste programa na Hungria foram: a criação de um banco de genes vivo da Carpa Comum; o desenvolvimento de três híbridos adequados para a produção comercial (Szarvasi 215, Szarvasi P31 e Szarvasi P34) e a criação do Programa Nacional de Melhoramento Genético para as Carpas (Bakos et al., 2006).

Na China, um programa de melhoramento genético com a Carpa Comum foi iniciado em 1985. Três estoques de Carpa formaram a população base: a carpa branca vietnamita, a carpa escalada húngara e a carpa amarela da Indonésia. A partir destes três estoques foram formadas três linhagens distintas, cada uma contendo diferentes proporções dos estoques fundadores (Ninh et al., 2011).

Nas quatro primeiras gerações do programa, foi realizada a seleção individual dos animais, quando foram estimadas para a taxa de crescimento herdabilidades de 0,29, 0,20 e 0,05 nas gerações 1, 2 e 4, respectivamente. Após cinco gerações (1985-1991), a taxa de crescimento dos peixes selecionados havia aumentado em 33% em relação à população base e houve uma diminuição na resposta à seleção por causa da contribuição descontrolada de cada família em cada geração (Thien, 1993). Devido a essa diminuição, a partir da quinta geração a seleção para a característica peso corporal passou a ser feita na família, possibilitando, assim, o controle das informações de pedigree por métodos de marcação física e genética.

Devido às restrições de instalações físicas, o número de famílias envolvidas no programa foi muito pequeno para sustentar o ganho genético em longo prazo (Ninh et al., 2011; Ninh et al., 2013). Embora a seleção fosse principalmente para o peso na despesca, aumentos correlacionados no comprimento do corpo, altura e largura também foram alcançados (Ninh et al., 2013).

O uso da heterose em programas de melhoramento genético é uma maneira eficiente de melhorar a qualidade do pescado e aumentar a produção e, desde 1970, vem sendo utilizada pelos pesquisadores chineses para melhorar a Carpa Comum. As características que se buscam melhorar com o uso da heterose são a taxa de sobrevivência, o crescimento e a tolerância às doenças. Consequentemente, diferentes híbridos já foram produzidos com sucesso, como a carpa Feng, carpa Heyuan, carpa Yue, carpa Triple-hybrid e a carpa Lotus (Dong; Yuan, 2002).

Programas de melhoramento da Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

A Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) é uma espécie originária das regiões tropicais e subtropicais da África (Eknath et al., 1998; Charo-Karisa et al., 2005), possui um tempo de geração relativamente curto, de aproximadamente seis meses, é uma espécie resistente a doenças, ao superpovoamento e a baixos níveis de oxigênio dissolvido. Além disso, alimenta-se dos substratos da cadeia trófica, aceita uma diversidade ampla de alimentos e demonstra um retorno positivo à fertilização dos viveiros. Com relação às características da carne, possui um excelente rendimento de filé, com carne saborosa, baixo

teor de gordura e ausência de espinhos intramusculares em forma de “Y” (mioceptos) (Santos, 2006).

O principal programa de melhoramento genético com Tilápia do Nilo descrito na literatura teve início em abril de 1988 e foi executado nas Filipinas pelo ICLARM (*International Center for Living Aquatic Resources Management*), atual *WorldFish Center*, que contou com a cooperação do National Freshwater Fisheries Technology Research Center e do Bureau of Fisheries and Aquatic Resources (BFAR/NFFTRC), além do Freshwater Aquaculture Center, Central Luzon State University (FAC/CLSU) e o Institute of Aquaculture Research (AKVAFORSK) (Eknath et al., 1993; Bentsen et al., 1998). O projeto foi nomeado como “Genetic Improvement of Farmed Tilapias” (GIFT) e contou com o financiamento do *Asian Development Bank* (ADB) e do *United Nations Development Program/Division for Global and Interregional Programs* (UNDP/DGIP).

O programa GIFT envolveu quatro linhagens africanas selvagens de tilápias coletadas em 1988-1989 do Egito, Gana, Quênia e Senegal, e quatro linhagens domésticas asiáticas introduzidas nas Filipinas entre os anos de 1979-1984 (Israel, Singapura, Tailândia e Taiwan) (Eknath et al., 1993; Bentsen et al., 1998). Desta forma, a população base foi formada por animais puros e pela progênie oriunda de 64 cruzamentos dialélicos (Hilsdorf; Orfão, 2011; Gjedrem, 2012).

A seleção para a característica taxa de crescimento foi o foco inicial deste programa de melhoramento, devido ao desempenho de crescimento da Tilápia do Nilo nas pisciculturas ter sido considerado ruim. A resposta no aumento da taxa de crescimento, após as primeiras cinco gerações de seleção, foi de 12 a 17% por geração (Eknath et al., 1998; Gupta; Acosta, 2004). O método de seleção utilizado no projeto GIFT foi uma seleção combinada entre e dentro da família (Gupta; Acosta, 2004). Houve trabalhos nos quais os objetivos de seleção para Tilápia do Nilo foram o rendimento de filé (Rutten et al., 2004; Rutten et al., 2005; Gjerde et al., 2012), a coloração externa do macho (Rajae et al., 2010) e a tolerância ao frio (Charo-Karisa et al., 2005).

O projeto GIFT foi adequadamente realizado e alcançou dois objetivos principais: (1) a adaptação e o desenvolvimento de uma tecnologia de melhoramento genético que pode ser efetivamente usada em animais aquáticos; e (2)

a criação de uma variedade melhorada (GIFT), de produtividade superior e altamente interessante para os piscicultores (Ponzoni et al., 2010).

No Brasil, o primeiro programa de melhoramento genético com tilápia do Nilo começou com a importação da linhagem GIFT, em março de 2005, através de um convênio entre a Universidade Estadual de Maringá (UEM, no estado do Paraná) e a *WorldFish Center*, sendo estas tilápias representantes de 30 famílias (600 alevinos) vindas da Malásia. Com esta importação, o Brasil se tornou o primeiro país da América Latina a adquirir tilápias provenientes de programas de melhoramento genético (Massago, 2007; Lupchinski Júnior et al., 2008; Santos, 2009; Ponzoni et al., 2010).

Neste programa, o objetivo de seleção é aumentar a taxa de crescimento obtida a partir da medida do ganho médio diário. No entanto, outras características estão sendo coletadas para melhorar o número de informações dos peixes, como, medidas corporais (largura, largura caudal, altura, altura caudal, comprimento de cabeça, padrão e total) e mortalidade à idade comercial (Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010; Oliveira et al., 2012).

Após quatro anos de acasalamentos (2009), o programa de melhoramento de tilápias da UEM já demonstrava importantes resultados nas características “ganho em peso diário” e “peso vivo”, foi observado um aumento dos valores genéticos, com taxas anuais de mudanças de 0,053 g/dia e 13,66 g/ período de cultivo, respectivamente (Oliveira et al., 2012). Com estes valores, os ganhos genéticos anuais aumentaram aproximadamente 4% para ambas as características.

A tilápia do Nilo é uma espécie de grande importância para a piscicultura de água doce no Brasil, participando do programa de avaliação genética do projeto “Melhoramento de espécies aquícolas no Brasil”, da Rede Aquabrazil – Bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aquicultura no Brasil, que teve como objetivo a promoção do melhoramento genético de organismos aquáticos e a distribuição de animais geneticamente superiores para os produtores (Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010).

A disseminação e a comercialização de reprodutores para alevinocultores permitiu a formação de núcleos satélites em diferentes regiões do Brasil: Recife (PE), Santana do Acaranguá e Santa Fé do Sul (SP), Sorriso (MT)

e Camboriú (SC), além de diferentes países, como Cuba e Uruguai. Os núcleos satélites são constituídos por oito a quinze famílias, e contam com 100 representantes de cada família, na mesma proporção de machos e fêmeas, provenientes do Núcleo Seleção do programa de melhoramento genético de Tilápias do Nilo em Maringá (PR) (Oliveira et al., 2010; Resende et al., 2010; Oliveira et al., 2012). No ano de 2010, 58% dos alevinocultores do estado do Paraná utilizavam a linhagem GIFT, destes mais de 80% estavam satisfeitos com o material genético disponibilizado (Oliveira et al., 2012).

Programas de melhoramento de peixes nativos no Brasil

A produção de peixes nativos vem se intensificando consideravelmente no cenário da piscicultura nacional (Boscolo et al., 2011). Porém, apesar do Brasil possuir uma fauna piscícola riquíssima, com espécies apresentando capacidade para a produção de proteína animal de ótima qualidade, como tambaqui e cachara, um número reduzido de espécies nativas tem sido explorado comercialmente (Godinho, 2007). Corroborando com essa informação, o recente levantamento estatístico realizado pelo IBGE durante o ano de 2016 (Figura 2), mostrou que a produção de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), um peixe exótico africano, foi maior em relação às demais espécies, tanto exóticas quanto nativas. Sua produção representou cerca de 47,1% do total produzido.

Por outro lado, o tambaqui (*Colossoma macropomum*), espécie nativa, ocupou a segunda posição no ranking nacional, com uma produção média em relação ao total produzido, de 28,1% no ano de 2015 e de 27,0% em 2016. Híbridos de tambaqui, pacu e pirapitinga ocuparam a terceira posição. Os surubins (espécies puras de cachara, pintado, e seus diferentes híbridos, todos pertencentes ao gênero *Pseudoplatystoma*, ocuparam a quinta posição). A quarta posição foi ocupada pela Carpa (*Cyprinus carpio*), espécie exótica.

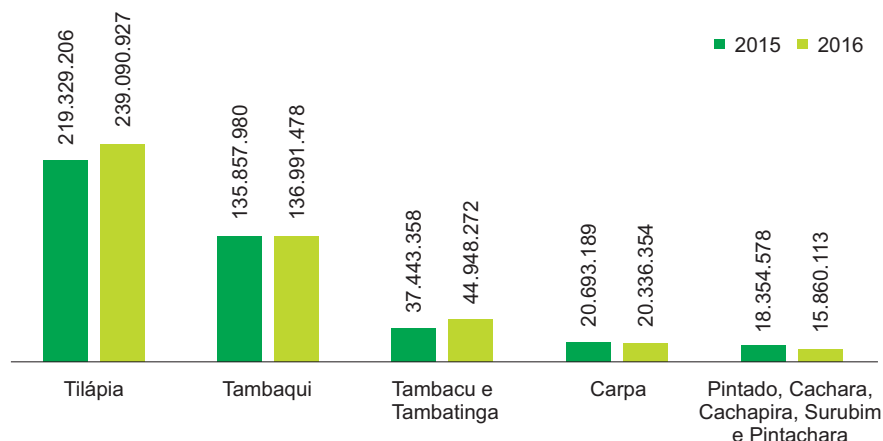


Figura 2. Espécies de peixes produzidas no Brasil nos anos de 2015 e 2016, em toneladas (Fonte: Adaptado de IBGE 2015; 2016).

O projeto “Bases Tecnológicas para o Desenvolvimento Sustentável da Aquicultura no Brasil – Aquabrazil” foi executado entre 2007-2011, com o intuito de promover um salto tecnológico da aquicultura brasileira, capaz de diminuir a deficiência da produção atual e dentro de um aspecto de cadeia produtiva que abrangesse desde o produtor até o consumidor. Para isso, o projeto foi delineado em formato de rede e reuniu 16 unidades da Embrapa, 26 universidades e instituições de pesquisa, oito empresas privadas, três empresas estaduais e dezenas de pessoas entre pesquisadores, professores, alunos e demais colaboradores (Resende, 2009; Rocha et al., 2013).

Este projeto organizou dois programas de melhoramento genético de espécies nativas: para o tambaqui (*Colossoma macropomum*) e para a cachara (*Pseudoplatystoma reticulatum*) nas regiões Norte e Centro-Oeste do País (Oliveira et al., 2012). A seleção inicial dos animais ocorreu em função dos valores genéticos aditivos para a taxa de crescimento, medida a partir do ganho médio diário e peso à despesca (Oliveira et al., 2010; Oliveira et al., 2012; Resende et al., 2010;).

O tambaqui é um peixe originário da bacia Amazônica, sendo considerado o segundo maior peixe escamado (após o pirarucu - *Arapaima gigas*) (Goulding; Carvalho, 1992). Na região Norte do Brasil é economicamente importante, devido ao seu tamanho e carne de sabor agradável, o que o torna altamente popular. Além dos rios Amazonas, o tambaqui também é difundido nos prin-

cipais rios da bacia do Orinoco na Venezuela (Santos et al., 2007). O núcleo de seleção foi composto inicialmente por 64 famílias de animais provenientes de quatro estados (Mato Grosso, Rondônia, Tocantins e Amazonas). Na estação reprodutiva de 2009-2010 foram organizadas 45 famílias, e foi possível estimar os parâmetros genéticos de 198 animais (cerca de 10 famílias), para características de interesse econômico, peso e comprimento corporal (Mello et al., 2016). A seleção foi realizada dentro da família, utilizando os animais de maiores valores genéticos, e obteve-se um ganho genético superior a 6% (valor genético médio dos animais foi de 0,31 g/dia). Na estação reprodutiva de 2011-2012, foram realizados acasalamentos de animais selecionados a partir de seus valores genéticos aditivos para a característica ganho de peso diário. Consequentemente, os alevinos provenientes desses acasalamentos eram filhos de animais geneticamente avaliados e superiores para taxa de crescimento (Resende et al., 2010; Oliveira et al., 2012).

A cachara é um peixe originário dos rios Paraná e Amazonas (Crepaldi et al., 2006), possui características econômicas e zootécnicas desejáveis como: alta taxa de crescimento e boa conversão alimentar, além de apresentar uma carne de excelente qualidade, com coloração clara, sabor suave e presença de poucos espinhos (Inoue et al., 2009). No início do programa de melhoramento, foram formadas cerca de 70 famílias provenientes de parceiros de dois estados (Mato Grosso do Sul e Mato Grosso). A geração parental foi constituída por peixes tanto de pisciculturas da região Centro-Oeste quanto de populações selvagens. O núcleo de seleção do melhoramento de cacharas localizava-se no Mato Grosso, com cerca de 40 famílias da primeira geração, e com avaliação da segunda geração referente ao cultivo de 2013-2014. No núcleo satélite, ainda no cultivo de 2013-2014, foram formadas aproximadamente 17 famílias, que foram avaliadas com base em seus dados biométricos de ganho de peso (Oliveira et al., 2012; Albuquerque, 2014). Os programas foram encerrados, porém novas atividades continuam sendo realizadas em relação ao estabelecimento de programas de melhoramento para espécies nativas, em especial, para o tambaqui.

Portanto, o uso do melhoramento genético na piscicultura tem sido menor em relação aos animais terrestres, mas há uma ampla capacidade de expansão, devido à crescente demanda mundial por alimentos, bem como a ampliação da criação de peixes no Brasil devido ao território existente. Assim sendo,

demonstra-se a necessidade de implantação ou continuidade dos programas pré-estabelecidos de melhoramento genético em espécies nativas (Ribeiro; Legat, 2008).

Impactos gerados pelos programas de melhoramento genético

Diversas mudanças têm sido observadas comparando espécies selvagens a espécies que sofreram algum tipo de seleção provenientes de programas de melhoramento genético. O salmão selvagem capturados do rio Namsen consumiu 20% mais energia e proteína por kg de peso corporal e apresentou menor retenção de proteína e energia, 19%, quando comparado aos descendentes da quinta geração do Salmão do Atlântico selecionados para crescimento na Noruega (Thodesen et al., 1999). Indicando que os peixes selecionados para a taxa de crescimento tiveram um melhor aproveitamento dos recursos alimentares em comparação com animais não selecionados.

O principal programa de melhoramento genético com Tilápia do Nilo, Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) selecionou a taxa de crescimento como foco inicial deste programa de melhoramento. A resposta no aumento da taxa de crescimento, após as primeiras cinco gerações de seleção, foi de 12 a 17% por geração (Eknath et al., 1998; Gupta; Acosta, 2004). Nguyen (2015) também apresentou recentes ganhos genéticos do peso corporal em linhagens melhoradas de tilapia (GIFT) sobre 10 gerações de seleção na Malásia (Figura 3). Nas Figuras 4 e 5, é possível verificar a superioridade da linhagem melhorada comparado a uma linhagem nativa do Sri Lanka e no Egito, respectivamente (Lind, 2015).

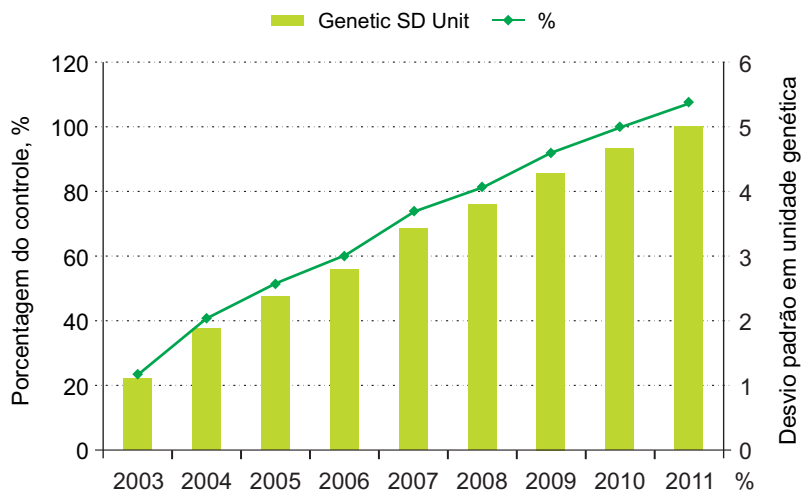


Figura 3. Tendência genética do peso corporal em linhagens melhoradas de tilápia (GIFT) sobre 10 gerações de seleção na Malásia (Hamzah et al., 2014). Desvio padrão em unidade genética= estimativa do valor genético em medida atual/ σ_a em que σ_a é a raiz quadrada da variância genética aditiva (Nguyen, 2015).

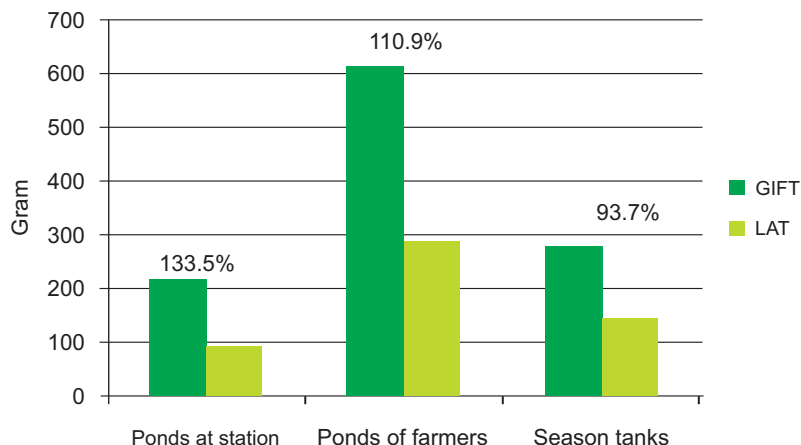


Figura 4. Comparação de desempenho da tilápia proveniente de programa de melhoramento genético (GIFT) com uma variedade de tilápia local do Sri Lanka em três ambientes de cultivos (Lind, 2015).



Figura 5. Peso corporal de uma tilápia proveniente de programa de melhoramento genético (GIFT) e uma variedade de tilápia local do Egito (Lind, 2015).

Mapeamento de QLTS e seleção genômica na aquicultura

Um dos grandes desafios da aquicultura mundial é aumentar sua competitividade sobre as outras cadeias animais considerando que apenas 10% da sua produção são oriundos de programas de melhoramento genético (Olesen et al., 2013). A aquicultura mundial é claramente constituída de muitas espécies em fase iniciais de desenvolvimento de tecnologias basais de produção sendo os programas de melhoramento genético a maior promessa a fim de permitir saltos de competitividade a longo prazo (FAO, 2016). Nesse sentido, tecnologias inovadoras que permitam acelerar o processo de ganho genético nessas espécies tem grande potencial de aceitação na indústria aquícola (Chavanne et al., 2016). Investigar e compreender o genoma das espécies aquícolas oferece grandes oportunidades de entender os mecanismos fisiológicos e a base genética da variação de características fenotípicas complexas, relacionadas à produtividade, e suas interações com o ambiente (Abdelrahman et al., 2017; Yue; Wang, 2017).

Com os avanços das tecnologias genômicas (e.g sequenciamento genético de nova geração) as relações fenótipo-genótipo podem ser efetivamente

mapeadas no genoma das espécies aquícolas e utilizadas em programas de melhoramento genético (Liu, 2006; Ashton et al., 2017). A descoberta e o mapeamento de QTLs em espécies aquícolas têm sido com frequência apontada como uma tendência para impulsionar a aquicultura de espécies em fases iniciais de desenvolvimento (Martínez, 2016; Abdelrahman et al., 2017; Ashton et al., 2017; Robledo et al., 2017; Yue; Wang, 2017). Por essa abordagem, dezenas de famílias de peixes são fenotipicamente avaliadas e ao mesmo tempo os indivíduos são genotipados utilizando milhares de marcadores moleculares polimórficos, uniformemente distribuídos no seu genoma. Desse modo, o objetivo é explorar a informação da ligação dos marcadores genéticos ou do desequilíbrio de ligação com os fenótipos avaliados para identificar fortes associações entre o genótipo e o fenótipo. Sendo assim, é possível assistir o programa de melhoramento utilizando a informação dos QTLs nas famílias de peixes candidatas à seleção.

Atualmente os estudos de mapeamento de ligação de QTLs em espécies aquícolas foram realizados em cerca de 49 espécies, totalizando a caracterização de 3627 QTLs de características de interesse na produção aquícola (Ashton et al., 2017). Um caso de sucesso importante e que se destacou na aquicultura foi a utilização do mapa de QTL na indústria do salmão do Atlântico para seleção da resistência ao IPN – Necrose Pancreática Infeciosa (Houston et al., 2008; Moen et al., 2009). Um QTL de grande efeito foi localizado no grupo de ligação do cromossomo 21 do salmão, segregando em 10 de 20 famílias analisadas, respondendo por 29% da variação da resistência ao IPN (Moen et al., 2009). Para a implantação da seleção assistida por marcador (MAS) na indústria, um posterior ensaio de desafio em alevinos de salmão para o IPN revelou que o grupo teste sem o QTL IPN-resistente produziu 50% de mortalidade em 35 dias de experimento enquanto que o grupo com QTL IPN-resistente alcançou 100% de sobrevivência (Moen et al., 2015). Esse QTL foi propagado na salmonicultura europeia e reduziu em 75% os focos da doença e tem garantido atualmente uma economia de 24 milhões de libras/ano no Reino Unido (Houston et al., 2008; Moen et al., 2009).

Outros avanços importantes do uso de mapeamento de QTLs têm acontecido na indústria aquícola da Espanha. Os principais peixes produzidos na Espanha são o linguado (*Scophthalmus maximus*), seguido do robalo (*Dicentrarchus labrax*) e da dourada (*Sparus aurata*). A principal demanda

dos programas de melhoramento do linguado foi à incorporação de ferramentas biotecnológicas de controle da produção sexo-específica, pois as fêmeas exibem substancial vantagem no desempenho zootécnico sobre os machos. Foram realizados estudos de mapeamento de QTL e a detecção de regiões de grande efeito no LG05 (Bouza et al., 2007, 2008) e no LG21 (Wanget al., 2015) para determinação do sexo no linguado o que tem permitido compreender a base genética e os mecanismos de determinação sexual nessa espécie (Taboada et al., 2014). Na indústria, essa metodologia está sendo incorporada para produção de populações monosexo de fêmeas em projetos industriais regulados por patente (nº da patente: 2354343; (Bouza Fernández et al., 2011; Rodríguez-Ramilo et al., 2013)). Ao mesmo tempo dessas descobertas, os QTLs estão sendo incorporados em programas de melhoramento do *S. maximus* e *S. aurata* para o aumento da velocidade de crescimento (Sánchez-Molano et al., 2011; Martínez et al., 2014; Loukovitis et al., 2016) e para resistência ao protozoário ciliado, *Philasterides dicentrarchi* (Rodríguez-Ramilo et al., 2013).

A indústria de beneficiamento da dourada na Espanha levantou um importante demanda o que estava conferindo a um gargalo na obtenção de filés processados: a alta frequência de deformidades genéticas no complexo vertebral na fase de abate o que inviabiliza a padronização e integridade de filés. Nesta ocasião, os esforços se concentraram para estimar a herdabilidade das deformidades morfológicas dessa espécie e investigar a viabilidade da implantação desse parâmetro fenotípico em um programa de melhoramento genético (Navarro et al., 2007; Astorga et al., 2007). Em consequência desses estudos, os QTLs para deformidade genética na dourada europeia têm sido identificados nos grupos de ligação LG13 explicando aproximadamente 11% da variação fenotípica (Negrín-Báez et al., 2015). Sendo assim, a viabilidade de implantação desse QTL na indústria ainda se encontra em fase de avaliação.

Outros exemplos importantes são a detecção e incorporação de QTLs resistentes ao linfocisto no linguado asiático, *Paralichthys olivaceus* (Fuji et al., 2007; OZAKI et al., 2010) e resistentes à necrose neural no robalo asiático (barramundi), *Lates calcarifer* (Fuji et al., 2007; Ozaki et al., 2010; Liu et al., 2016). Atualmente, a empresa norueguesa Aquagen comercializa dezenas de QTLs de salmonídeos em germoplasma qualificado, livres de síndrome

cardiomiopática, uma série de doenças infecciosas e melhor pigmentação de filé (Aquagen, 2014, 2015a, 2015b).

Apesar da crescente aplicação dos mapas de QTL na aquicultura, a seleção assistida por marcador apresenta uma desvantagem uma vez que em muitos casos os QTLs detectados explicam uma proporção limitada da variação genética nas famílias avaliadas (Gjedrem; Baranski, 2009). Além disso, os QTLs devem estar necessariamente em fase de ligação com os marcadores genéticos em cada família submetida à seleção, restringindo sua aplicação comercial (Meuwissen et al., 2001), uma alternativa proposta pelos autores para superar essa desvantagem é a aplicação da seleção genômica. A seleção genômica é uma forma de seleção assistida por marcador cobrindo todo o genoma do indivíduo de modo que todos os QTLs estão em desequilíbrio de ligação com pelo menos um marcador. Explorando a informação do desequilíbrio de ligação em nível populacional, a seleção genômica emprega a utilização de dezenas de milhares de marcadores genéticos (SNPs) para realizar a predição de valores genéticos-genômicos (GEVBs) de candidatos à seleção, o que permite capturar todos os QTLs de grande e de pequeno efeito (Goddard; Hayes, 2007). Uma das grandes vantagens da seleção genômica é que os candidatos à seleção não precisam necessariamente ter informação fenotípica e possibilita o emprego de seleção de fenótipos de baixa herdabilidade, de difícil mensuração e com manifestação tardia. Entretanto, a implementação da seleção genômica precede a utilização de pelos menos três tipos de populações animais (Goddard; Hayes, 2007). Primeiramente, é necessário estimar efeitos de cada segmento cromossômico sobre a variação fenotípica em uma população de referência. Ou seja, são necessários uma população com variabilidade fenotípica avaliada e que os mesmos animais sejam genotipados com painéis densos de marcadores genéticos (SNPs) que expliquem a variação genética existente. Em seguida, populações menores e independentes da população de referência devem ser utilizadas para testar as equações de predição de valores genéticos genômicos (GEBVs) utilizando a mesma base de marcadores SNPs e os diferentes caracteres fenotípicos avaliados. O objetivo é verificar a acurácia da equação de predição, ou seja, se há correspondência entre os fenótipos observados na população de validação com o valor genético predito, a partir dos efeitos dos segmentos cromossômicos estimados na população de referência. Por último, todo o esforço é compensado na avaliação de uma nova população de seleção – um

grupo menor de animais jovens e apenas os SNPs candidatos à seleção, sem a informação fenotípica.

A seleção genômica comercial na aquicultura ainda está na sua infância. Entretanto vários estudos têm revelado sua viabilidade de implementação em espécies aquícolas de maior valor agregado (Tsai et al., 2016; Correa et al., 2017). Em truta, seleção genômica está em fase de implantação para resistência a bactérias que se manifestam em baixas temperaturas (Vallejo et al., 2016). Predições de valores genômicos foram também obtidas para resistência à bactéria (*Pasteurellosis*) em dourada do mediterrâneo, *Sparus aurata*, (Palaikostas et al., 2016). Entretanto, o maior avanço da seleção genômica em espécies aquícolas tem sido demonstrada em salmão do atlântico para seleção de desempenho e resistência ao piolho, *Lepeophtheirus salmonis* (Yáñez et al., 2014; Tsai et al., 2016; Correa et al., 2017).

Atualmente a desvantagem da seleção genômica na aquicultura é o custo de implantação em escala comercial (Sonesson; Meuwissen, 2009; Taylor, 2014), embora a empresa Aquagen já empregue a comercialização de duas gerações de seleção genômica em salmão do atlântico com ganhos genéticos de 21,5% (Aquagen, 2015b). Por outro lado, estudos de simulação em espécies aquícolas baseados em seleção genômica têm revelado que os ganhos genéticos na seleção de múltiplas características podem duplicar em relação à seleção genética tradicional (Ødegård et al., 2009) refletindo em alta acurácia e reduzidas taxas de endogamia (Sonesson; Meuwissen, 2009). Sem dúvida combinar as tecnologias de mapeamento de QTL, seleção genômica e seleção baseada nos indivíduos e famílias permitirá a indústria aquícola obter ganhos genéticos bem maiores do que utilizando metodologias isoladas.

Aplicações das tecnologias de mapeamento de QTLs e seleção genômica na aquicultura

A utilização de seleção assistida por marcadores genéticos (MAS) e seleção genômica (GS) em programas de melhoramento certamente será crucial para o desenvolvimento da aquicultura de espécies com domesticação recente. Como constatado em vasta literatura científica, muitas empresas de melhoramento genético e instituições de P&D vêm demonstrando os ganhos genéticos adicionais da aplicação dessas novas tecnologias integradas com

programas de melhoramento genético convencionais. Será possível com as tecnologias de MAS e GS acelerar os ganhos genéticos uma vez, que nessa circunstância, os valores genéticos dos animais são preditos com alta acurácia bem antes dos fenótipos se manifestarem.

No Brasil, onde a aquicultura de espécies nativas ainda se encontra em fase de consolidação, o emprego dessas ferramentas é uma grande oportunidade em tornar o setor aquícola nacional mais competitivo mundialmente. Algumas pesquisas visando o mapeamento genético de características de interesse zootécnico precisam ser desenvolvidas em populações de referência de espécies aquícolas nativas para então estabelecer as estratégias de seleção baseadas no genoma dos animais. No caso do tambaqui, principal espécie nativa brasileira candidata ao melhoramento genético, será fundamental o avanço no conhecimento da base genética da variação da resistência ao acantocéfalo e infecções bacterianas bem como o estudo da variação genética da presença do espinho em Y intramuscular.

A utilização de híbridos na piscicultura

Os híbridos têm grande representatividade na produção de peixes no Brasil (IBGE, 2015; 2016). O termo “híbrido” ou “hibridização” consiste no cruzamento entre indivíduos ou grupos geneticamente distintos. Existem três tipos de híbridos: intraespecíficos (cruzamento entre animais dentro de uma mesma espécie, mas de variedades diferentes), interespecíficos (cruzamentos entre indivíduos de espécies diferentes, mas do mesmo gênero) e intergenéticos (cruzamento entres espécies de gêneros diferentes), sendo esta descendência fértil ou não (Bartley et al., 2001; Fernandes; Giannecchini, 2010; Hilsdorf et al., 2014).

Essa estratégia de cultivo é utilizada por aquicultores com o objetivo de produzir animais com características desejáveis para aumento no desempenho, como por exemplo, maior taxa de crescimento, diminuição da exigência nutricional, aumento da resistência a doenças, melhoria na qualidade da carne, comportamento menos agressivo, melhoria na tolerância ambiental para obtenção de indivíduos com maior aptidão ao manejo produtivo, ou seja, com o objetivo de tornar os peixes mais lucrativos (Toledo Filho; Toledo, 1998; Bartley et al., 2001).

O vigor híbrido ou heterose é o fenômeno no qual os indivíduos híbridos expressam melhor desempenho em comparação às espécies parentais (Bartley et al., 2001; Helfman et al., 2009; Hilsdorf; ORFÃO, 2011). A hibridação natural acontece com maior frequência nos peixes em relação a outros grupos de vertebrados, isto porque, os peixes possuem fertilização externa, há competição pelo território de desova, há um desequilíbrio na relação entre machos e fêmeas de suas espécies parentais, abundância de espécies e sobrevivência em lugares com recursos limitados (Scribner; Page; Bartron, 2001). A hibridação interespecífica ocorre, em média, em 10% das espécies animais (Mallet, 2005) originando, frequentemente, um híbrido inábil num conceito reprodutivo, ecológico, bioquímico, fisiológico ou comportamental (Helfman et al., 2009).

A hibridação em peixes pela interferência do homem tem registros desde o século 19, com trabalhos de viabilidade do híbrido de salmonídeos (Salmão do Atlântico – *Salmo salar* x Truta Marrom – *Salmo trutta*), ciprinídeos (Carpa capim – *Ctenopharyngodon idella* x Carpa Cabeça Grande – *Aristichthys nobilis*) e Tilápia (Day, 1882, apud Alves et al., 2014; Chevassus, 1979; Bartley et al., 2001).

Híbridos interespecíficos de peixes nativos

No Brasil, os programas de melhoramento genético de espécies nativas envolviam a produção de híbridos, com o propósito de produzir progênies com desempenho médio superior à média dos pais, sendo que as respostas da hibridação são mais visíveis quanto mais distintos forem os grupos genéticos utilizados (Lopez-Fanjul; Toro, 1990, apud Resende et al., 2010; Hilsdorf et al., 2014).

Dessa forma, a técnica de hibridação em peixes de água doce tornou-se uma atividade comum na piscicultura brasileira, tendo seu início nos anos 70 com o cruzamento entre linhagens e espécies de tilápias, realizado no DNOCS (Departamento de Obras Contra a Seca). Na década de 1980, no Centro de Pesquisa de Peixes Continentais (CEPTA) em Pirassununga – SP e no Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista (CAUNESP) em Jaboticabal – SP, iniciou-se a criação do “tambacu”, híbrido interespecífico produzido em escala comercial, agregando características da fêmea de

tambaqui e do macho de pacu e, também, a formação de “paqui” obtido com machos de tambaqui e fêmeas de pacu (Bernardino et al., 1986, apud Alves et al., 2014; Hilsdorf et al., 2014).

A partir de 1982, o DNOCS começou a produzir o “tambatinga”, híbrido pela fecundação de ovócitos de tambaqui e sêmen de pirapitinga e vice-versa (Pinheiro et al., 1991). A Tabela 1 destaca os principais híbridos amplamente utilizados na piscicultura brasileira.

Os “peixes redondos”, assim chamados por causa do formato corporal (tambaqui, pacu e pirapitinga) são onívoros com comportamento frugívoro, possuem alta rusticidade e boas taxas de crescimento e conversão alimentar. A criação de híbridos com essas três espécies é utilizada por muitos piscicultores, na tentativa de gerar peixes com características favoráveis à produção (Moro et al., 2013).

Os híbridos formados a partir das espécies tambaqui e pacu são: o “tambacu”, híbrido mais produzido no Brasil, este apresenta uma combinação de resistência a baixas temperaturas e rusticidade (característica do pacu) e maiores taxas de crescimento e sobrevivência (característica do tambaqui) (Senhorini et al., 1988; Moro et al., 2013; Alves et al., 2014). E o “paqui” que possui um maior potencial de crescimento em relação aos seus progenitores (Senhorini et al., 1988).

Tabela 1. Híbridos interespecíficos produzidos no Brasil a partir de peixes nativos de água doce.

Híbrido ¹	Parental fêmea x Parental macho
Tambacu	Tambaqui x Pacu (<i>Colossoma macropomum</i>) x (<i>Piaractus mesopotamicus</i>)
Paqui	Pacu x Tambaqui (<i>Piaractus mesopotamicus</i>) x (<i>Colossoma macropomum</i>)
Tambatinga	Tambaqui x Pirapitinga (<i>Colossoma macropomum</i>) x (<i>Piaractus brachypomus</i>)
Patinga	Pacu x Pirapitinga (<i>Piaractus mesopotamicus</i>) x (<i>Piaractus brachypomus</i>)
Cachapinta ou Ponto e Vírgula	Cachara x Pintado (<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>) x (<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>)
Pintachara ou Ponto e Vírgula	Pintado x Cachara (<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>) x (<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>)
Cachapira	Cachara x Pirarara (<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>) x (<i>Phractocephalus hemiliopterus</i>)
Jundiara ou Pintado-da-Amazônia	Cachara x Jundiá da Amazônia (<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>) x (<i>Leiarius marmoratus</i>)
Pintadiá	Pintado x Jundiá da Amazônia (<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>) x (<i>Leiarius marmoratus</i>)

¹A nomenclatura do híbrido é a junção do nome popular das duas espécies parentais, sendo mais comum apresentar a fêmea antes do macho.

O híbrido “tambatinga” também é considerado importante e vem conquistando os consumidores, representando a maior produção na região Norte e Centro-Oeste do país. Apresenta rápido crescimento e maior eficiência na filtração de plâncton, devido seus rastros branquiais serem mais desenvolvidos, características herdadas do seu parental tambaqui. Em relação ao seu parental pirapitinga, herdou a maior deposição muscular no lombo, podendo apresentar dois ciclos produtivos durante um ano, devido ao maior crescimento (Silva-Acuña; Guevara, 2002; Moro et al., 2013; Alves et al., 2014). Outro híbrido formado utilizando a pirapitinga é o “patinga”, que agrega as características zootécnicas do pacu e da pirapitinga, anteriormente mencionadas (Moro et al., 2013).

Os peixes do gênero *Pseudoplatystoma* (cacharas e pintado), popularmente conhecidos como surubins ou bagres, conforme já mencionado anteriormente, são piscívoros, apresentam carne de ótima qualidade, com baixa taxa de

gordura e inexistência de espinhos intramusculares, além de grande crescimento e eficiência alimentar, características que demonstram sua capacidade para a produção comercial (Carvalho et al., 2008; Moro et al., 2013).

Os híbridos formados a partir dessas espécies são a “cachapinta” e o “pintachara”, usualmente chamados de “ponto e vírgula”, obtidos pelo cruzamento bidirecional entre os parentais, apresentam características como crescimento superior e maior rusticidade, particularmente na fase de alevinagem (Moro et al., 2013). Porém, estes animais demonstram algumas desvantagens de cultivo em relação ao manejo alimentar e larvicultura, devido, principalmente, ao alto canibalismo, por serem espécies carnívoras (Alves et al., 2014).

Uma possibilidade para tentar minimizar estes problemas é o cruzamento intergêneros com outros Siluriformes de hábitos alimentares menos carnívoros ou onívoros. Nesse sentido, tem sido utilizado o cruzamento entre o Jundiá da Amazônia e a Pirarara, formando os híbridos “jundiara” ou “Pintado-da-Amazônia” e “cachapira” (Cachara x Pirarara). Estes híbridos apresentam características zootécnicas desejáveis, como rápido crescimento, cabeça pequena, carne saborosa, baixo teor de proteínas na ração (o que a torna mais barata), maior facilidade de arraçoamento, além da redução dos problemas com canibalismo (Hilsdorf; Orfão, 2011; Moro et al., 2013; Alves et al., 2014).

Outro exemplo de híbrido é o “pintadiá”, formado através do cruzamento de fêmeas de Pintado e machos de Jundiá. Estes híbridos apresentam as características dos seus parentais e vêm sendo produzidos nas estações de larvicultura (Alves et al., 2014).

Impactos da produção de híbridos

Em um programa de melhoramento genético, o uso de indivíduos híbridos como reprodutores poderá ocasionar:

- a) Diminuição do sucesso reprodutivo (Sousa-Santos; Collares-Pereira; Almada, 2007);
- b) Perda das características morfológicas por um dos parentais, em alguns casos cerca de dez gerações são suficientes (Freyhof et al., 2005);

- c) Contaminação de estoque puro de reprodutores, devido à formação de estoques “pseudo” puros para fins de repovoamento e produção (Mia et al., 2005; Carvalho et al., 2008);
- d) Redução do vigor híbrido para as características de interesse, como taxa de crescimento, resistência a doenças, entre outras (Senanan et al., 2004);
- e) Possibilidade de extinção local da população nativa decorrente de escape acidental dos híbridos para a natureza (Allendorf et al., 2001).

A hibridação de peixes pode resultar em indivíduos completamente estéreis ou com boa capacidade reprodutora em ambos os sexos, apresentando gônadas com maturação sexual natural (Chevassus, 1983, apud Alves et al., 2014).

Quando o híbrido é estéril, o risco genético à fauna local proveniente de um possível escape e consequente cruzamento é menor, e sua taxa de crescimento pode ser melhorada, já que ele não gastará sua energia com a reprodução (Bartley et al., 2001; Epifanio; Nielsen, 2001). No entanto, ele será capaz de disputar alimento e habitat com os outros animais e, mesmo que sendo estéril, ele ainda poderá competir com os demais machos pela reprodução (Silva et al., 2009). Nessa situação, a fêmea pura nativa põe os ovos e o macho híbrido estéril deposita o sêmen inviável, a fertilização não acontece fazendo com que a fêmea gaste energia reprodutiva. Como consequência, as gerações posteriores terão redução em seu tamanho (Alves et al., 2014).

O híbrido fértil, por sua vez, causa um grande impacto na redução da população pura, possibilitando a incorporação de genes de uma espécie em outra (fenômeno chamado introgressão), o que pode reduzir as características de desempenho ou a aptidão reprodutiva da espécie pura, levando à depressão endogâmica que resultará em redução do tamanho populacional e, consequentemente, à extinção local da espécie pura (Silva et al., 2009; Alves et al., 2014).

Quando o escape de híbridos ocorrer na área denominada “centro de origem” da espécie, local onde estaria reunida a maior variedade genética populacional e onde efetivamente a espécie teve origem, a perda é considerada irreversível (levando-se em consideração o enfoque evolutivo e de conser-

vação), com consequências visíveis na produção, porque esta é uma região de concentração de variedades para seleção de características de interesse zootécnicos, como por exemplo, resistência a doenças (Alves et al., 2014).

Nas pisciculturas, as consequências da “propagação” de híbridos são semelhantes ao que acontece na natureza, porém com o complicador de que o impacto é diretamente na produção. Devido à ausência de controle dos plantéis, os híbridos acabam sendo utilizados equivocadamente como reprodutores. Isso ocorre porque os animais não são devidamente identificados precocemente e nem quando adultos (com *chips* ou *tags* eletrônicos), o que pode levar à criação de um plantel de reprodutores puros e híbridos (Alves et al., 2014).

A identificação e monitoramento de híbridos tanto na natureza quanto nas pisciculturas não são fáceis de ser realizada, já que as diferenças morfológicas entre as espécies parentais e seus híbridos são discretas, particularmente, em híbridos de segunda geração ou retrocruzados com os parentais. Apesar disso, o uso da morfologia externa ainda é o principal método pelos piscicultores utilizado para a diferenciação entre peixes híbridos e puros, porém, essa metodologia não garante que um indivíduo seja de primeira geração (F1), de segunda geração retrocruzada com os parentais (F2) ou até mesmo de primeira geração entre os próprios híbridos (Alves et al., 2014).

Portanto, apesar do vigor híbrido trazer vantagens produtivas, os criadores devem conscientizar-se de que há riscos causados pela hibridização e, consequentemente, introgressão em populações naturais e em pisciculturas.

Considerações finais

Existe a necessidade de uma melhor organização da cadeia produtiva de peixes, bem como o desenvolvimento do melhoramento genético de espécies nativas, para garantir o atendimento aos consumidores, já que a produção de peixes nativos no Brasil é baseada, quase que totalmente, em espécies que não passaram por melhoramento genético.

O melhoramento genético tem início com a domesticação dos animais, processo que estimula os peixes a se tornarem mais aptos ao ambiente de pro-

dução, suportando melhor o estresse e adquirindo melhor desempenho. A domesticação tornou possível selecionar os peixes com características desejáveis pelos produtores e consumidores, podendo ser características reprodutivas, de crescimento, de carcaça, entre outras.

Os objetivos na utilização de espécies melhoradas são o ganho na taxa de crescimento, possibilitando maiores pesos de carcaça, a redução no tempo de cultivo e a maior sobrevivência por unidade de área. A obtenção e utilização destes animais melhorados só são possíveis a partir do desenvolvimento de programas de melhoramento genético em condições específicas de produção, ou seja, devem-se conhecer todos os fatores que compõem um programa desde a escolha da espécie e o sistema de acasalamento que será utilizado, passando pelos objetivos e critérios de seleção, até a definição do método de avaliação genética e, principalmente, como será feita a disseminação dos estoques melhorados.

Os piscicultores no Brasil tendem a utilizar o método de hibridação interespecífica para obter animais com características de desempenho desejáveis. Este método consiste no cruzamento entre indivíduos de espécies diferentes com o objetivo de obter um híbrido com as características de ambas as espécies. A hibridação possui a vantagem de produzir um indivíduo com boas características de desempenho, porém possui algumas desvantagens como, diminuição do sucesso reprodutivo, perda das características morfológicas de um dos parentais, contaminação de estoque puro de reprodutores, redução do vigor híbrido para as características de interesse e possibilidade de extinção local da população nativa.

Os resultados do melhoramento genético em peixes podem ser observados em um menor espaço de tempo, já que o intervalo entre gerações tende a ser mais curto em comparação com os animais terrestres, como, bovinos, ovinos e suínos. Porém, a aplicação do melhoramento pode não ser igual para todas as espécies de peixes, o que demanda um tempo para que os estudos obtenham resultados satisfatórios.

O melhoramento genético de peixes no Brasil encontra-se em fase inicial, ou seja, as pesquisas com espécies nativas, como tambaqui e cachara, estão começando a serem implantadas, com parceria entre empresas públicas e privadas. No mundo, já existem diversos programas de melhoramento conso-

lidados com diferentes espécies aquícolas, como, salmão do Atlântico, carpa comum e tilápia do Nilo, o que demonstra o avanço dos demais países em relação ao Brasil.

Há muito que se fazer para que o setor da piscicultura brasileira cresça através da incorporação de indivíduos geneticamente melhorados. Empresas públicas como a Embrapa Pesca e Aquicultura, em parceria com instituições de ensino e empresas privadas vêm trabalhando para que esse desenvolvimento ocorra nos próximos anos, através de programas de estruturação da cadeia com ênfase em espécies nativas, que são um diferencial em relação à produção de pescado no mercado internacional, além de um recurso genético de grande importância para a conservação de características de adaptação às condições ambientais específicas do país.

Referências

Abdelrahman, H.; Elhady, M.; Alcivar-Warren, A.; Allen, S.; Al-Tobasei, R.; Bao, L.; Beck, B.; Blackburn, H.; Bosworth, B.; Buchanan, J.; Chappell, J.; Daniels, W.; Dong, S.; Dunham, R.; Durland, E.; Elasad, A.; Gomez-Ciarri, M.; Gosh, K.; Guo, X.; Hackett, P.; Hanson, T.; Hedgecock, D.; Howard, T.; Holland, L.; Jackson, M.; Jin, Y.; Khalil, K.; Kocher, T.; Leeds, T.; Li, N.; Lindsey, L.; Liu, S.; Liu, Z.; Marin, K.; Novriadi, R.; Odin, R.; Palti, Y.; Peatman, E.; Proestou, D.; Qin, G.; Reading, B.; Rexroad, C.; Roberts, S.; Salem, M.; Severin, A.; Shi, H.; Shoemaker, C.; Stiles, S.; Tan, S.; Tang, K. F. J.; Thongda, W.; Tiersch, T.; Tomasso, J.; Prabowo, W. T.; Vallejo, R.; Steen, H. V. D.; Vo, K.; Waidbieser, G.; Wang, H.; Wnag, X.; Xiang, J.; Yang, Y.; Yant, R.; Yuan, Z.; Zeng, Q.; Zhou, T. Aquaculture genomics, genetics and breeding in the United States: current status, challenges, and priorities for future research. **BMC Genomics**, v. 18, n. 1, p. 191, 2017.

Albuquerque, D. M. **Variabilidade genética de *Pseudoplatystoma reticulatum* do programa de melhoramento genético**. 2014. 52 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Allendorf, F. W.; Leary, R. F.; Spruell, P.; Wenburg, J. K. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. **TRENDS in Ecology & Evolution**, v. 16, n. 11, p. 613–622, 2001.

Alves, L. A.; Varela, E. S.; Moro, G. V.; Kirschnik, L. N. G. **Riscos genéticos da produção de híbridos de peixes nativos**. Palmas: Embrapa Pesca e Aquicultura, 2014. 60 p. (EMBRAPA Pesca e Aquicultura. Documentos, 03).

AQUAGEN. CMS Protection against CMS – Better heart health. p. 7462, 2014. Disponível em: <<https://aquagen.no/en/products/salmon-eggs/product-documentation/resistance-against-cms/>>. Acesso em: 24 abr. 2018.

AQUAGEN. Strong and even fillet colour. p. 7462, 2015a. Disponível em: < <https://aquagen.no/en/products/salmon-eggs/product-documentation/reliable-and-even-fillet-colour/>>. Acesso em: 24 abr. 2018.

AQUAGEN. Sterile salmon. p. 7462, 2015b. Disponível em: < <https://aquagen.no/en/products/salmon-eggs/product-documentation/sterile-salmon/>>. Acesso em: 24 abr. 2018.

Ashton, D. T.; Ritchie, P. A.; Wellenreuther, M. Fifteen years of quantitative trait loci studies in fish: challenges and future directions. **Molecular Ecology**, v. 26, p. 1465-1476, 2017.

Astorga N. N.; Zamorano, M. J.; Toro M. A.; García-Cortés, L. A.; Montero, D.; Izquierdo, M. S.; Afonso, J. M. Body deformities in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.): An estimation of heritability. **Aquaculture**, v. 1, p. 241-242, 2007.

Bakos, J.; Varadi, L.; Gorda, S.; Jeney, Z. Lessons from the breeding program on common carp in Hungary. IN: Ponzoni, R. W.; acosta, B. O.; Ponniah, A. G. **Development of aquatic animal genetic improvement an dissemination programs**. Malaysia. Worldfish Center, 2006. p. 27-33.

Balon, E. K. Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. **Aquaculture**, v. 129, p. 3-48, 1995.

Bartley, D. M.; Rana, K.; Immink, A. J. The use of inter-specific hybrids in aquaculture and fisheries. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v. 10, p. 325-337, 2001.

Bentsen, H. B.; Eknath, A. E.; Palada-de Vera, M. S.; Danting, J. C.; Bolivar, H. L.; Reyes, R. A.; Dionisio, E. E.; Longalong, F. M.; Circa, A. V.; Tayamen, M. M.; Gjerde, B. Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, v. 160, p. 145-173, 1998.

Bernardino, G.; Mendonça, J. O. J.; Ribeiro, L. P.; Alcântara, R. C. G.; Ferrati, V. A.; Fijan, N. Primeira reprodução do tambacu, um híbrido do gênero Colossoma. In: Síntese dos trabalhos realizados com espécies do gênero Colossoma. Pirassununga: CEPTA, 1986. p.11-12.

Boscolo, W. R.; Signor, A.; Freitas, J. M. A.; Bittencourt, F.; Feiden, A. Nutrição de peixes nativos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 145-154, 2011.

Bouza, C.; Hermida, M.; Pardo, B. G.; Fernández, C.; Fortes, G. G.; Castro, J.; Sánchez, L.; Presa, P.; Pérez, M.; Sanjuán, A.; De Carlos, A.; Álvarez-Dios, J. A.; Ezcurra, S.; Cal, R. M.; Piferrer, F.; Martínez, P. A microsatellite genetic map of the turbot (*Scophthalmus maximus*). **Genetics**, v. 177, n. 4, p. 2457-2467, 2007.

Bouza, C.; Hermida, M.; Millán, A.; Vilas, R.; Vera, M.; Fernández, C.; Calaza, M.; Pardo, B. G.; Martínez, P. Characterization of EST-derived microsatellites for gene mapping and evolutionary genomics in turbot. **Animal Genetics**, v. 39, n. 6, p. 666-670, 2008.

Bouza Fernández, C.; Gómez Pardo, B.; Martínez Portela, P.; Toto Ibáñez, M. A.; Fernández Martín, J.; Viñas Díaz, A. M.; Vera Rodríguez, M.; Hermida Prieto, M.; Fernández López, C.; Sánchez Piñón, L. **Método de identificación precoz del sexo en especies del género *Scophthalmus***. Int. Cl. A01K61/00. Int. Cl. C12Q1/68. EP2354343. 24 abr. 2009, 13 mar. 2011, 10 out. 2011, 21 out. 2011.

Carvalho, D. C.; Seerig, A.; Melo, D. C.; Sousa, A. B.; Pimenta, D.; Oliveira, D. A. A. Identificação molecular de peixes: o caso do Surubim (*Pseudoplatystoma* spp.). **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 32, n. 4, p. 215-219, out/dez 2008.

- Charo-Karisa, H.; Rezk, M. A.; Bovenhuis, H.; Komen, H. Heritability of cold tolerance in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*, juveniles. **Aquaculture**, v. 249, p. 115-123, 2005.
- Chavanne, H.; Janssen, K.; Hofherr, J.; Contini, F.; Haffray, P.; Consortium, A.; Komen, H.; Nielsen, E. E.; Bargelloni, L. A comprehensive survey on selective breeding programs and seed market in the European aquaculture fish industry. **Aquaculture International**, v. 24, n. 5, p. 1287-1307, 2016.
- Chevassus, B. Hybridization in salmonids: results and perspectives. **Aquaculture**, v. 17, n. 2, p. 113-128, 1979.
- Chevassus, B. The characteristics and possible fate of the supply of male and female genetic, v. 33, p. 245-262, 1983.
- Correa, K.; Banger, R.; Figueroa, R.; Lhorente, J. P.; Yáñez, J. M. The use of genomic information increases the accuracy of breeding value predictions for sea louse (*Caligus rogercresseyi*) resistance in Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Genetics Selection Evolution**, v. 49, p. 15, 2017.
- Crepaldi, D. V.; Faria, P. M. C.; Teixeira, E. A.; Ribeiro, L. P.; Costa, A. A. P.; Melo, D. C.; Cintra, A. P. R.; Prado, S. A.; Costa, F. A. A.; Drumond, M. L.; Lopes, V. E.; Moraes, V. E. O surubim na aquicultura do Brasil. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 30, n. 3-4, p. 150-158, 2006.
- Day, F. On Hybrids between Salmon and Trout. Proceedings of the Zoological Society of London, v. 50, n. 4, p. 751-753, 1882.
- Diamond, J. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. **Nature**, v. 418, 2002.
- Dong, Z. J.; Yuan, X. H. The utilizations of heterosis in common carp in China. **Aquaculture Asia**, v. 7, n. 2, p. 14-15, 2002.
- Ekhnath, A. E.; Tayamen, M. M.; Palada-De Vera, A. S.; Danting, J. C.; Reyes, R. A.; Dionisio, E. E.; Capili, J. B.; Bolivar, H. L.; Abella, T. A.; Circa, A. V.; Bentsen, H. B.; Gjerde, B.; Gjedrem, T.; Pullin, R. S. V. Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. **Aquaculture**, v. 111, p. 171-188, 1993.
- Ekhnath, A. E.; Dey, M. M.; Rye, M.; Gjerde, B.; Abella, T. A.; Sevilleja, R.; Tayamen, M. M.; Reyes, R. A.; Bentsen, H. B. Selective breeding of Nile tilapia for Asia. In: World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 6, v. 27, p. 89-96, 1998.
- Eler, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: Seleção**. 2ª Edição. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, 2017. 177 p.
- Epifanio, J.; Nielsen, J. The role of hybridization in the distribution, conservation and management of aquatic species. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v. 10, p. 245-251, 2001.
- FAO. El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2016. Contribución a la seguridad alimentaria y la nutrición para todos. Roma. 224 p. 2016.

Fernandes, J. B. K.; Giannecchini, L. G. Produção de híbridos na piscicultura: tecnologias como a indução hormonal e reprodução artificial, tornam a produção de peixes híbridos uma prática relativamente simples. **Jornal Dia de Campo**, 2010. Disponível em: <<http://www.diadecampo.com.br/zpublisher/materias/Newsletter.asp?id=21564&secao=Colunas%20e%20Artigos>>. Acesso em: 06 nov 2016.

Fleming, I. A.; Jonsson, B.; Gross, M. R.; Lamberg, A.. An experimental study of the reproductive behavior and success of farmed and wild Atlantic salmon. **Journal of Applied Ecology**, v. 33, p. 893-905, 1996.

Freitas, R. T. F.; Hilsdorf, A. W. S.; Lago, A. A.; Moreira, H. L. M. Conceitos de melhoramento genético ao alcance de todos. **Panorama da Aquicultura**, v. 23, n. 138, p. 24-29, jul/ago 2013.

Freyhof, J.; Lieckfeldt, D.; Pitra, C.; Ludwig, A. Molecules and morphology: evidence for introgression of mitochondrial DNA in Dalmatian cyprinids. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 37, n. 2, p. 347-354, nov 2005.

Fuji, K.; Hasegawa, O.; Honda, K.; Kumasaka, K.; Sakamoto, T.; Okamoto, N. Marker-assisted breeding of a lymphocystis disease-resistant Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). **Aquaculture**, v. 272, n. 1-4, p. 291-295, nov 2007.

Gjedrem, T. Genetic improvement of cold-water fish species. **Aquaculture Research**, v. 30, p. 25-33, 2000.

Gjedrem, T.; Thodesen, J. Selection. In: GJEDREM, T., editor. **Selection and breeding programs in aquaculture**. Dordrecht: Springer; 2005. p. 89-111.

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

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

Gjerde, B.; Mengistu, S. B.; Ødegård, J.; Johansen, H.; Altamirano, D. S. Quantitative genetics of body weight, fillet weight and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, v. 342-343, p. 117-124, 2012.

Goddard, M. E.; Hayes, B. J. Genomic selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 6, p. 323-330, dez 2007.

Godinho, H. P. Estratégias reprodutivas de peixes aplicadas à aqüicultura: bases para o desenvolvimento de tecnologias de produção. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 31, n. 31, p. 251-360, 2007.

Goulding, M.; Carvalho, M. L. Life history and management of the tambaqui (*Colossoma macropomum*, Characidae): an important Amazonian food fish. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 1, n. 2, p. 107-133, 1992.

Gupta, M. V.; Acosta, B. O. From drawing board to dining table: The success story of the GIFT project. **NAGA, WorldFish Center Quarterly**, v. 27, n. 3-4, p. 4-14, 2004.

Hamzah, A.; Nguyen, N. H.; Mekki, W.; Khaw, H. L.; Yee, H. Y.; Bakar, A.; Ponzoni, R. W.; Azizah, S. Genetic parameters and correlated responses in female reproductive traits in the GIFT strain. **Aquaculture Research**, v. 47, n. 5, p. 1488-1498, 2014.

Helfman, G. S.; Collette, B. B.; Facey, D. E.; Bowen, B. W. Individuals, populations and assemblages. In: Helfman, G. S.; Collette, B. B.; Facey, D. E.; Bowen, B. W. **The diversity of fishes: biology, evolution, and ecology**. 2ª edição. Ed. Wiley-Blackwell, p. 525-550, 2009.

Hilsdorf, A. W.; Orfão, L. H. Aspectos gerais do melhoramento genético em peixes no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 317-324, 2011.

Hilsdorf, A. W. S.; Moreira, H. L. M.; Freitas, R. T. F. Desmitificando a genética. **Panorama da Aquicultura**, v. 23, n. 137, p. 24-27, mai/jun 2013a.

Hilsdorf, A. W. S.; Perazza, C. A.; Moreira, H. L. M.; Freitas, R. T. F. Como fazer melhoramento genético em sua piscicultura: as bases para o melhoramento genético por seleção individual em médias propriedades. **Panorama da Aquicultura**, v. 23, n. 140, p. 36-45, nov/dez 2013b.

Hilsdorf, A. W. S.; Dias, M. A. D.; Moreira, H. L. M.; Freitas, R. T. F. Hibridização em peixe: vantagens e riscos. **Panorama da Aquicultura**, v. 24, n. 141, p. 30-35, jan/fev 2014.

Hilsdorf, A. W. S.; Moreira, H. L. M.; Freitas, R. T. F. Desafios do melhoramento genético de organismos aquáticos. **Panorama da Aquicultura**, v. 25, n. 147, p. 36-43, jan/fev 2015.

Holtmark, M.; SONESSON, A. K.; GJERDE, B.; KLEMETSDAL, G. Number of contributing subpopulations and mating design in the base population when establishing a selective breeding program for fish. **Aquaculture**, v. 258, p. 241-249, 2006.

Houston, R. D.; Haley, C. S.; Hamilton, A.; Guy, D. R.; Tinch, A. E.; Taggart, J. B.; McAndrew, B. J.; Bishop, S. C. Major quantitative trait loci affect resistance to infectious pancreatic necrosis in Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Genetics**, v. 178, n. 2, p. 1109-1115, fev 2008.

Hulata, G. A review of genetic improvement of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) and other cyprinids by crossbreeding, hybridization and selection. **Aquaculture**, n. 129, p. 143-155, 1995.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 43, p. 1-49, 2015.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 44, p. 1-51, 2016.

Inoue, L. A. K. A.; Hisano, H.; Ishikawa, M. M.; Rotta, M. A.; Senhorini, J. A. **Princípios básicos para a produção de alevinos de surubins (Pintado e Cachara)**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2009. 26 p. (EMBRAPA Agropecuária Oeste, Documentos, 99. EMBRAPA Amazônia Ocidental, Documentos, 68. EMBRAPA Pantanal, Documentos, 100).

Kubitza, F. Aquicultura no Brasil: principais espécies, áreas de cultivo, rações, fatores limitantes e desafios. **Panorama da Aquicultura**, v. 25, n. 150, p. 10-23, jul/ago 2015.

Li, S.; Wang, C. H. Genetic diversity and selective breeding of red common carps in China. **NAGA, the WorldFish Center Quarterly**, v. 24, p. 56-61, 2001.

Lind, C. E. The role of strain development and improvement in tilapia aquaculture. **The WorldFish Center Quarterly**. MALAYSIA, p. 1-34, abr 2015.

Liu, Z. J. Fish genomics and analytical genetic technologies, with examples of their potential applications in management of fish genetic resources. In: Bartley, D. M.; Harvey, B. J.; Pullin, R. S. V. **Workshop on status and trends in aquatic genetic resources: A basis for international policy**. Victoria, British Columbia, Canadá, 2006. p. 145–179.

Liu, P.; Wang, L.; Wong, S. M.; Yue, G. H. Fine mapping QTL for resistance to VNN disease using a high-density linkage map in Asian seabass. **Scientific Reports**, v. 6, P.1-11. 2016.

Lopez-Fanjul, C.; Toro, M. A. **Mejora Genética de peces y moluscos**. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa, 1990. 107p.

Loukovitis, D.; Chatziplis, D.; Batargias, C. Age-dependent QTL affecting body weight in gilthead seabream (*Sparus aurata* L.). **Mediterranean Marine Science**, v. 17, n. 3, p. 666–669, set 2016.

Lupchinski Júnior, E.; Vargas, L.; Povh, J. A.; Ribeiro, R. P.; Mangolin, C. A.; Barrero, M. L. Avaliação da variabilidade das gerações G0 e F1 da linhagem GIFT de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por RAPD. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 30, n. 2, p. 233–240, 2008.

Lush, J. L. **Animal breeding plans**. A book of the Iowa State College Press, Ames, IA, 1943. 443p.

Mallet, J. Hybridization as an invasion of the genome. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 20, n. 5, p. 229–237, 2005.

Martínez, P.; Viñas, A. M.; Sánchez, L.; Díaz, N.; Ribas, L.; Piferrer, F. Genetic architecture of sex determination in fish: Applications to sex ratio control in aquaculture. **Frontiers in Genetics**, v. 5, p. 1–13, 2014.

Martínez, P. Genomics advances for boosting aquaculture breeding programs in Spain. **Aquaculture**, n. 464, p. 117–120, 2016.

Massago, H. **Desempenho de alevinos de quatro linhagens da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) e análise da variabilidade genética pelos marcadores RAPD**. 2007. 40 f. Dissertação (Mestrado em Aquicultura) – Universidade Estadual Paulista, Centro de Aquicultura, São Paulo.

Mello, F.; Oliveira, C. A. L.; Streit Jr, D.; Resende, E. K.; Oliveira, S. N.; Fornari, D. C.; Barreto, R. V.; Povh, J. A.; Ribeiro, R. P. Estimation of genetic parameters for body weight and morphometric traits to tambaqui *Colossoma macropomum*. **Journal of Fisheries Sciences**, v. 10, n. 2, p. 96–100, 2016.

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.

Mia, M. Y.; Taggart, J. B.; Gilmour, A. E.; Gheyas, A. A.; Das, T. K.; Kohinoor, A. H. M.; Rahman, M. A.; Sattar, M. A.; Hussain, M. G.; Mazid, M. A.; Penman, D. J.; McAndrew, B. J. Detection of hybridization between Chinese carp species (*Hypophthalmichthys molitrix* and *Aristichthys nobilis*) in hatchery broodstock in Bangladesh, using DNA microsatellite loci. **Aquaculture**, v. 247, p. 267–273, 2005.

Moen, T.; Baranski, M.; Sonesson, A.K.; Kjøglum, S. Confirmation and fine-mapping of a major QTL for resistance to infectious pancreatic necrosis in Atlantic salmon (*Salmo salar*): population-level associations between markers and trait. **BMC Genomics**, v. 10, p. 1-14, 2009.

Moreira, H. L. M.; Hilsdorf, A. W. S.; Gutierrez, H. J. P.; Freitas, R. T. F. Seleção genética de caracteres qualitativos e quantitativos. **Panorama da Aquicultura**, v. 23, n. 139, p. 46-53, set/out 2013.

Moro, G. V.; Rezende, F. P.; Alves, A. L.; Hashimoto, D. T.; Varela, E. S.; Torati, L. S. Espécies de peixe para piscicultura. In: Rodrigues, A. P. O.; Lima, A. F.; Alves, A. L.; Luiz, D. B.; Hashimoto, D. T.; Varela, E. S.; Rezende, F. P.; Matos, F. T.; Bergamin, G. T.; Moro, G. V.; Lima, L. K. F.; Lundstedt, L. M.; Torati, L. S.; Kirschnik, L. N. G.; Iwashita, M. K. P.; Chicrala, P. C. M. S.; Maciel, P. O. **Piscicultura de água doce: multiplicando conhecimentos**. 1ª Edição. Brasília, DF: Ed. Embrapa, 2013. p. 29-70.

Navarro, A. A.; Navarro, N.; Zamorano, M. J.; Pérez-Cabal, M. A.; González, O.; Aguilera, C.; Ginés, R.; Afonso, J. M. Preliminary estimates of heritabilities for body traits in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.). **Aquaculture**, v. 272, p. S294–S295, 2007.

Negrín-Báez, D.; Navarro, A.; Afonso, J. M.; Ginés, R.; Zamorano, M. J. Detection of QTL associated with three skeletal deformities in gilthead seabream (*Sparus aurata* L.): Lordosis, vertebral fusion and jaw abnormality. **Aquaculture**, v. 448, p. 123–127, 2015.

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

Ninh, N. H.; Ponzone, R. W.; Nguyen, N. H.; Woolliams, J. A.; Taggart, J. B.; McAndrew, B. J.; Penman, D. J. A comparison of communal and separate rearing of families in selective breeding of common carp (*Cyprinus carpio*): Estimation of genetic parameters. **Aquaculture**, v. 322-323, p. 39-46, 2011.

Ninh, N. H.; Ponzone, R. W.; Nguyen, N. H.; Woolliams, J. A.; Taggart, J. B.; McAndrew, B. J.; Penman, D. J. A comparison of communal and separate rearing of families in selective breeding of common carp (*Cyprinus carpio*): Responses to selection. **Aquaculture**, v. 408-409, p. 152-159, 2013.

Olesen, I.; Gjedrem, T.; Bentsen, H. B.; Gjerde, B.; Rye, M. Breeding programs for sustainable aquaculture. **Journal of Applied Aquaculture**, v. 13, n. 3-4, p. 179-204, 2013.

Oliveira, C. A. L.; Resende, K. E.; Legat, A. P.; Ribeiro, R. P. *Melhoramento genético de peixes no Brasil: Situação atual e perspectivas*. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 20., 2010. Palmas – TO. **Resumos...** Palmas: XX Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2010. p. 237-249.

Oliveira, C. A. L.; Ribeiro, R. P.; Streit Jr, D. P.; Povh, J. A.; Resende, E. K. Melhoramento genético de peixes. Uma realidade para a piscicultura brasileira. **Panorama da Aquicultura**, v. 22, n. 139, p. 38-47, 2012.

Ødegård, J.; Yazdi, M. H.; Sonesson, A. K.; Meuwissen, T. H. E. Incorporating desirable genetic characteristics from an inferior into a superior population using genomic selection. **Genetics**, v. 181, n. 2, p. 737–745, 2009.

- Ozaki, A.; Okamoto, H.; Yamada, T.; Matuyama, T.; Sakai, T.; Fuji, K.; Sakamoto, T.; Okamoto, N.; Yoshida, K.; Hatori, K.; Araki, K.; Okauchi, M. Linkage analysis of resistance to *Streptococcus iniae* infection in Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). **Aquaculture**, v. 308, p. S62–S67, 2010.
- Palaikostas, C.; Ferarreso, S.; Franch, R.; Houston, R. D.; Bargelloni, L. Genomic prediction of resistance to pasteurellosis in gilthead sea bream (*Sparus aurata*) using 2b-RAD sequencing. **G3: Genes|Genomes|Genetics (Bethesda)**, v. 6, n. 11, p. 3693-3700, 2016.
- Pinheiro, M. H. P.; Silva, J. W. B.; Nobre, M. I. S.; Pinheiro, F. A. Cultivo do híbrido tambaqui, *Colossoma macropomum* CUVIER, 1818, com a pirapitinga, *C. brachypomum* CUVIER, 1818, na densidade de 5.000 peixes/ha. **Ciências Agronômicas**, v. 22, p. 77–87, 1991.
- Ponzoni, R. W. Genetic improvement and effective dissemination: Keys to prosperous and sustainable aquaculture industries. IN: Ponzoni, R. W.; Acosta, B. O.; Ponniah, A. G. **Development of aquatic animal genetic improvement and dissemination programs**. Malaysia. Worldfish Center, p. 1-6, 2006.
- Ponzoni, R. W.; Khaw, H. L.; Yee, H. Y. *GIFT: the story since leaving ICLARM (now known as the WorldFish Center) – socioeconomic, access and benefit sharing and Dissemination aspects*. Malaysia. WorldFish Center, 2010. 47 p.
- Price, E. O. Behavioural aspects of animal domestication. **Quarterly Review of Biology**, 59: 1-32, 1984.
- Price, E. O. Behavioral development in animals undergoing domestication. **Applied Animal Behaviour Science**, v. 65, p. 245-271, 1999.
- Price, E. O. Why study domestication? In: PRICE, E. O. **Animal domestication and behavior**. CABI Publishing. 2002. 297 p.
- Quinton, C. D.; McMillan, I.; Glebe, B. D. Development of an Atlantic salmon (*Salmo salar*) genetic improvement program: Genetic parameters of harvest body weight and carcass quality traits estimated with animal models. **Aquaculture**, v. 247, p. 211-217, 2005.
- Rajaei, A. H.; Huntingford, F. A.; Ranson, K. J.; McAndrew, B. J.; Penman, D. J. The effect of male colouration on reproductive success in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, v. 308, p. 119-123, 2010.
- Resende, E. K. Pesquisa em rede em aquicultura: bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aquicultura no Brasil. Aquabrazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 52-57, 2009.
- Resende, E. K.; Oliveira, C. A. L.; Legat, A. P.; Ribeiro, R. P. Melhoramento animal no Brasil: uma visão crítica espécies aquáticas. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, SBMA, 8. **Anais...** Maringá, PR, 2010 .
- Ribeiro, R. P.; Legat, A. P. **Delineamento de programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2008. 25 p. (EMBRAPA Meio-Norte. Documentos, 184).
- Robledo, D.; Palaikostas, C.; Bargelloni, L.; Martínez, P.; Houston, R. Applications of genotyping by sequencing in aquaculture breeding and genetics. **Reviews in Aquaculture**, v. 0, p. 1–13, 2017.

Rocha, C. M. C.; Resende, E. K.; Routledge, E. A. B.; Lundstedt, L. M. Avanços na pesquisa e no desenvolvimento da aquicultura brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 8, p. 4-6, 2013.

Rodríguez-Ramilo, S. T.; Fernández, J.; Toro, M. A.; Bouza, C.; Hermida, M.; Fernández, C.; Pardo, B. G.; Cabaleiro, S.; Martínez, P. Uncovering QTL for resistance and survival time to *Philasterides dicentrarchi* in turbot (*Scophthalmus maximus*). **Animal Genetics**, v. 44, n. 2, p. 149–157, 2013.

Rutten M. J.; Bovenhuis, H.; Komen, H. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). **Aquaculture**, v. 231, p. 113-122, 2004.

Rutten, M. J.; Bovenhuis, H.; Komen, H. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). **Aquaculture**, v. 246, p. 125-132, 2005.

Ruzzante, D. E. Domestication effects on aggressive and schooling behavior in fish. **Aquaculture**, v. 120, p. 1-24, 1994.

Sánchez-Molano, E.; Cerna, A.; Toro, M. A.; Bouza, C.; Hermida, M.; Pardo, B. G.; Cabaleiro, S.; Fernández, J.; Martínez, P. Detection of growth-related QTL in turbot (*Scophthalmus maximus*). **BMC Genomics**, v. 12, n. 1, p. 473, 2011.

Santos, V. B. A disponibilidade de diferentes linhagens de Tilápias. **Pesquisa & Tecnologia, APTA Regional**, v. 3, n. 1, p. 1-4, 2006.

Santos, M. C. F.; Ruffino, M. L.; Farias, I. P. High levels of genetic variability and panmixia of the tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1816) in the main channel of the Amazon river. **Journal of Fish Biology**, v. 71, p. 33-44, 2007.

Santos, A. I. **Interação genótipo-ambiente e estimativas de parâmetros genéticos em tilápias**. 2009. 97 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

Scribner, K. T.; Page, K. S.; Bartron, M. L. Hybridization in freshwater fishes: a review of case studies and cytonuclear methods of biological inference. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v.10, p.293–323, 2001.

Senanan, W.; Kapuscinski, A. R.; Na-Nakorn, U.; Miller, L. M. Genetic impacts of hybrid catfish farming (*Clarias macrocephalus* X *C. gariepinus*) on native catfish populations in central Thailand. **Aquaculture**, v. 235, p. 167–184, 2004.

Senhorini, J. A.; Figueiredo, G. M.; Fontes, N. A.; Carolsfeld, J. Larvicultura e alevinagem do pacu, *Piaractus mesopotamicus* (Holmberg, 1887), tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818) e seus respectivos híbridos. **Boletim Técnico do CEPTA**, 1988. 12 p.

Silva-Acuña, A.; Guevara, M. Evaluation of two commercial diets on growth of the hibryd *Colossoma macropomum* x *Piaractus brachypomus*. **Zootecnia Tropical**, v. 20, n. 4, p. 449–459, 2002.

Silva, S. S.; Nguyen, T. T. T.; Turchini, G. M.; Amatasighe, U. S.; Abery, N. W. Alien species in aquaculture and biodiversity: a paradox in food production. **A Journal of the Human Environment**, v. 38, n. 1, p. 24–28, 2009.

Sonesson, A. K.; Meuwissen, T. H. E. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 37, 2009.

- Sousa-Santos, C.; Collares-Pereira, M. J.; Almada, V. Reading the history of a hybrid fish complex from its molecular record. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 45, p. 981–996, 2007.
- Streit Júnior, D. P.; Povh, J. A.; Fornari, D. C.; Galo, J. M.; Guerreiro, L. R. J.; Oliveira, D.; Digmayer, M.; Godoy, L. C. **Recomendações técnicas para a reprodução do tambaqui**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2012. 30 p. (EMBRAPA Meio-Norte. Documentos, 212).
- Taboada, X.; Hermida, M.; Pardo, B. G.; Vera, M.; Piferrer, F.; Viñas, A.; Bouza, C.; Martínez, P. Fine Mapping and Evolution of the Major Sex Determining Region in Turbot (*Scophthalmus maximus*). **G3: Genes|Genomes|Genetics (Bethesda)**, v. 4, n. 10, p. 1871–1880, 2014.
- Taylor, J. F. Implementation and accuracy of genomic selection. **Aquaculture**, v. 420–421, p. S8–S14, jan/2014.
- Teletchea, F.; Fontaine, P. Levels of domestication in fish: implications for the sustainable future of aquaculture. **Fish and Fisheries**, v. 15, p. 181–195, 2014.
- Thien, T. M. A review of the fish breeding research and practices in Vietnam. In: Main, K. L., Reynolds, E. **Selective Breeding of Fishes in Asia and the United States**. The Ocean Institute, Honolulu, p. 190–197, 1993.
- Thien, T.M.; Trong, T.D. Genetic resources of common carp in Vietnam. **Aquaculture**, v. 129, p. 216 (abstract), 1995.
- Thodesen, J.; Grisdale-Helland, B.; Helland, S. J.; Gjerde, B. Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Aquaculture**, v. 180, p. 237–246, 1999.
- Thodesen, J.; Gjedrem, T. Breeding programs on Atlantic salmon in Norway – Lessons learned. IN: Ponzoni, R. W.; Acosta, B. O.; Ponniah, A. G. **Development of aquatic animal genetic improvement and dissemination programs**. Malaysia. Worldfish Center, p. 22–26, 2006.
- Toledo Filho, S.; Toledo, L. A. Programas genéticos de seleção, hibridação e endocruzamento aplicados à piscicultura. **Cadernos de Ictiogenética**, 1998.
- Tsai, H. Y.; Hamilton, A.; Tinch, A. E.; Guy, D. R.; Bron, J. E.; Taggart, J. B.; Gharbi, K.; Stear, M.; Matika, O.; Pong-Wong, R.; Bishop, S. C.; Houston, R. D. Genomic prediction of host resistance to sea lice in farmed Atlantic salmon populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, p. 47, 2016.
- Vallejo, R. L.; Leeds, T. D.; Fragomeni, B. O.; Gao, G.; Hernandez, A. G.; Misztal, I.; Welch, T. J.; Wiens, G. D.; Palti, Y. Evaluation of genome-enabled selection for bacterial cold water disease resistance using progeny performance data in rainbow trout: Insights on genotyping methods and genomic prediction models. **Frontiers in Genetics**, v. 7, n. 96, p. 1–13, 2016.
- Wang, W.; Hu, Y.; Ma, Y.; Xu, L.; Guan, J.; Kong, J. High-density genetic linkage mapping in turbot (*Scophthalmus maximus* L.) based on SNP markers and major sex- and growth-related regions detection. **Plos One**, v. 10, n. 3, p. 1–16, 2015.
- Yáñez, J. M.; Houston, R. D.; Newman, S. Genetics and genomics of disease resistance in salmonid species. **Frontiers in Genetics**, v. 5, n. 415, p. 1–13, 2014.

Yue, G.H., Wang, L. Current status of genome sequencing and its applications in aquaculture. **Aquaculture**, v. 468, p. 337–347, 2017.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO

GOVERNO
FEDERAL