



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AQUICULTURA

Parâmetros genéticos para peso e altura de ostras do Pacífico  
(*Crassostrea gigas*)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Aquicultura do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Aquicultura.

Orientador: Claudio Manoel Rodrigues de Melo.

Khauê Silva Vieira

Florianópolis/SC  
2013

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,  
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Vieira, Khauê Silva

Parâmetros genéticos para peso e altura de Ostras do  
Pacífico (*Crassostrea gigas*) / Khauê Silva Vieira ;  
orientador, Claudio Manoel Rodrigues de Melo -  
Florianópolis, SC, 2013.  
40 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa  
Catarina, Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-  
Graduação em Aquicultura.

Inclui referências

1. Aquicultura. 2. Melhoramento genético. 3. Ostras. 4.  
Parâmetros genéticos. I. Melo, Claudio Manoel Rodrigues de  
. II. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de  
Pós-Graduação em Aquicultura. III. Título.

**Parâmetros genéticos para peso e altura de Ostras do Pacífico  
(*Crassostrea gigas*)**

Por

KHAUÊ SILVA VIEIRA

Esta dissertação foi julgada adequada para a obtenção do título de

**MESTRE EM AQUICULTURA**

e aprovada em sua forma final pelo Programa de  
Pós-Graduação em Aqüicultura.

---

Prof. Alex Pires de Oliveira Nuñez, Dr.  
Coordenador do Curso

Banca Examinadora:

---

Dr. Cláudio Manoel Rodrigues de Melo – *Orientador*

---

Dra. Alexandra Inês dos Santos

---

Dr. André Luís Ferreira Lima

---

Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira



Dedico este trabalho  
aos meus pais e à minha  
namorada Ana Claudia!



## **AGRADECIMENTOS**

À Deus pela vida, oportunidade de estudos e saúde.

Aos meus pais pelo incentivo, cuidados, ensinamentos, compreensão, amizade verdadeira e todo o amor oferecido.

À minha namorada, Ana Claudia, pelos momentos de descontração, amor e felicidade.

Ao professor Claudio, pelos anos de atenção e dedicação prestada, pelo apoio e conhecimentos cedidos.

Ao grupo de melhoramento genético do Laboratório de Moluscos Marinhos, Aline Thomasi, Alexandra Inês dos Santos, Dário Areias, Angela e Jefferson Legat, por momentos imprescindíveis de aprendizado, confraternizações e alguns estresses seguidos de boas risadas.

Aos funcionários do Laboratório de Moluscos Marinhos, indispensáveis à realização deste trabalho, sempre prontos para ajudar.

A todos os estagiários que ajudaram de alguma forma para que este trabalho fosse realizado.

Aos amigos de curso Patrick, Bruno, Gabriel e todos os outros pelos momentos inesquecíveis e trocas de ideias.

Aos amigos e família pelos momentos de descontração e amizade.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa concedida.





## RESUMO

Foram estimados parâmetros genéticos para ostras *Crassostrea gigas*, com o objetivo de contribuir para o entendimento a respeito destes parâmetros, possibilitando um futuro programa de melhoramento genético baseado na seleção familiar. A característica avaliada foi o crescimento das ostras em diferentes fases de cultivo. As ostras foram reproduzidas e cultivadas no Laboratório de Moluscos Marinhos da UFSC. Vinte quatro famílias de meio-irmãos foram avaliadas em duas biometrias através do peso e altura dos animais. No teste de desempenho em campo, que teve duração de seis meses, cada família foi dividida em três diferentes lanternas, formando o que chamamos de efeito de ambiente permanente (EP). Utilizou-se o programa REMLF90 para obtenção dos componentes de variância. Foram geradas correlações de Spearman entre os valores genéticos (VG) dos indivíduos nas duas biometrias e correlação de Pearson e Spearman entre os VG médios das famílias para as duas biometrias. O peso médio final foi de 43 g e altura de 7 cm. A herdabilidade ( $h^2$ ) para peso manteve-se estável nas duas biometrias apresentando valores de 0,39 e 0,40. Contudo, este parâmetro variou quanto à altura, sendo que na primeira biometria estimou a  $h^2$  de 0,83 e na segunda de 0,19. As correlações genéticas entre peso e altura foram de 0,93 em ambas as biometrias. Na biometria 1, a correlação de Spearman entre os indivíduos foi de 0,94, na biometria 2 esse valor foi 0,97. O valor de  $h^2$  para altura na biometria 1 ficou acima do esperado e pode ser explicado pelos baixos valores de efeito de ambiente permanente apresentados na biometria 1, que aumentam na biometria 2, demonstrando que foi possível ajustar para este efeito de ambiente melhorando a estimativa da variância genética aditiva. Esta metodologia permitiu a obtenção dos parâmetros genéticos com êxito, contudo, um maior número de repetições, com famílias com réplicas desde as etapas iniciais de cultivo poderia melhorar a acurácia dos valores.

Palavras-chave: Melhoramento genético, *Crassostrea gigas*, Componentes de variâncias, herdabilidade.



## ABSTRACT

It was estimate the genetic parameters for oyster *Crassostrea gigas*, in order to contribute to the understanding of these parameters enabling a future breeding program based on family selection. The trait evaluated was the growth of cultch less oysters produced at the Marine Molluscs hatchery for six months period. Twenty-four half-sib families were evaluated in two samplings using shell height and weight under field performance. These families were divided into three replicates, forming an environmental permanent effect (EP). Variance components were obtained using the program REMLF90. Spearman correlations were generated between individuals in both samplings and Pearson and Spearman correlation for average Breeding Values (BV) of the families. The final average for weight was 43 g and shell height of 7 cm. The heritability ( $h^2$ ) for weight remained stable in both measurements with values of 0.39 and 0.40. However, this parameter is variable for height, being found in the first sampling  $h^2$  0.83 and 0.19 in the second. Genetic correlations were 0.93 in both measurements. In sampling 1, the Spearman correlation between individuals obtained was 0.94; in Sampling 2 this value was 0.97. The value of the  $h^2$  height for Sampling 1 was well above the expected and may be explained by the low values of (EP) shown in Sampling 1, which increases sampling 2. Demonstrating that this effect could be removed from the environment for better estimate of the genetic variance additive. This methodology allowed us to obtain genetic parameters successfully, however, a greater number of repetitions, with families having replicates since the initial steps of culture densities could help in the accuracy of the values.

Key-words: selective breeding, *Crassostrea gigas*, components of variance, heritability.



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estatística descritiva para peso e altura nas biometrias 1 e 2 ..30

Tabela 2 - Estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), variância de ambiente permanente ( $\sigma^2_c$ ), variância residual ( $\sigma^2_e$ ), variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ ), herdabilidades ( $h^2$ ), efeitos de ambiente permanente ( $c^2$ ) e correlações genéticas ( $r$ ). ..... 30

Tabela 3 - Correlações de Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal) usando os valores genéticos das famílias..... 31



## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO</b> .....	17
<b>ARTIGO CIENTÍFICO</b> .....	20
<b>RESUMO</b> .....	21
<b>ABSTRACT</b> .....	22
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	23
<b>MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	23
<b>DESOVA</b> .....	24
<b>LARVICULTURA</b> .....	25
<b>ASSENTAMENTO</b> .....	26
<b>TESTE DE DESEMPENHO EM CAMPO</b> .....	26
<b>DADOS AVALIADOS</b> .....	27
<b>ANÁLISES DOS DADOS E ESTIMAÇÃO DOS     PARÂMETROS GENÉTICOS</b> .....	27
<b>RESULTADOS</b> .....	29
<b>ANÁLISE DESCRITIVA</b> .....	29
<b>COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS     GENÉTICOS</b> .....	30
<b>DISCUSSÃO</b> .....	31
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	34
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS DA INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	37





## INTRODUÇÃO

Dada a tendência global no crescimento do consumo de frutos do mar (FAO, 2008), o cultivo de ostras pode ser uma forma sustentável de produção de alimento e alternativa para gerar renda e emprego. Deste modo, mesmo se tratando da produção de um alimento de alto valor de mercado, a ostreicultura tem grande potencial para contribuir com o desenvolvimento socioeconômico de regiões costeiras em países em desenvolvimento como o Brasil.

A ostra do Pacífico (*Crassostrea gigas*, THUNBERG, 1793) tem a maior produção global entre todas as espécies aquícolas (FAO, 2010), e tem sido cultivada, em Santa Catarina, desde 1987 quando houve a introdução desta espécie no Estado (MELO *et al.*, 2010).

Esta espécie possui grande potencial de crescimento e ampla tolerância às condições ambientais, tornando-a ideal para o cultivo em muitas regiões do mundo (FAO, 2010). É uma espécie estuarina e tolerante a salinidades desde 10 a mais de 35, tendo seu intervalo ótimo entre 20 e 25 e sobrevive a temperaturas de - 1,8 a 35°C (FAO, 2010).

A ostra *C. gigas* não encontra, no sul do Brasil, condições ideais para a sobrevivência de suas larvas em ambiente natural dada a época de sua reprodução no ambiente, impossibilitando a captação de sementes ou indivíduos adultos em grandes quantidades (MELO *et al.*, 2010). Desta maneira, para manter a produção regular da espécie no sul do Brasil, existe a necessidade de reproduzi-las em laboratório (hatcheries).

As “hatcheries”, em sua grande maioria, visam à manutenção do cultivo e a melhoria de suas populações (RICO-VILLA, 2008). Contudo, um dos grandes problemas observados nas “hatcheries” é a reprodução sem o devido controle de acasalamentos, o que pode levar ao aumentando da endogamia e causar danos à produção (EVANS, 2004).

Uma forma de controlar a endogamia é por meio da produção de famílias via acasalamentos planejados. Neste contexto, Viecili *et al.* (2007), utilizaram, com sucesso, um sistema de larvicultura contínuo em pequeno volume e grande número de tanques, o que facilita o controle na produção de famílias. Tal fato viabiliza o emprego de tecnologias de reprodução seletiva, a exemplo das que já têm sido utilizadas para o melhoramento de ostras em outros países (TORO; NEWKIRK, 1991; LANGDON *et al.*, 2003; DÉGREMONT *et al.*, 2007; KVINGEDAL *et al.*, 2010).

O melhoramento genético de espécies aquáticas tem levado a ganhos genéticos, por geração, entre 10 e 21% (Gjedrem, 2000). Em

moluscos, ganhos similares também são esperados (NEWKIRK, 1980; SHERIDAN, 1997; QINGHENG *et al.*, 2011), com já observado para ostras *C. gigas* (LANGDON *et al.*, 2003). Gjedrem *et al.* (2012), afirmaram que as altas herdabilidades em caracteres de alto valor econômico em animais aquáticos, combinados com alta fecundidade, intensidade de seleção e curto intervalo de gerações podem explicar o elevado ganho genético nos programas de melhoramento em aquicultura. Tais resultados ainda podem ser explicados pela elevada variabilidade genética encontrada em espécies aquáticas (IBARRA *et al.*, 1999; GJEDREM, 2000; POWELL *et al.*, 2008) quando comparada às encontradas em animais domésticos terrestres (GJEDREM, 2005).

Estimativas de herdabilidade para características de crescimento vêm sendo amplamente obtidas em aquicultura para diversas espécies, entre elas: Salmões (*Salmo salar*) (POWELL *et al.*, 2008), Tilápias (*Oreochromis niloticus*) (SANTOS *et al.*, 2011), Ostras perliíferas (*Pinctada fucata martensii*) (WADA, 1986), Vieiras (*Patinopecten yessoensis*) (LIANG *et al.*, 2009), moluscos de areia (*Mercenaria mercenária*) (RAWSON; HILBISH, 1990), entre outros.

Em ostras do Pacífico, programas de seleção de famílias iniciados em países como Estados Unidos (EVANS; LANGDON, 2006), e França (DÉGREMONT *et al.*, 2007), obtiveram valores de herdabilidade reportados na literatura para características de crescimento em idades de seis e 18 meses variando entre 0,003 e 0,33. Neste contexto, Dégremont *et al.* (2007) obtiveram  $h^2$  média para crescimento de sementes de *C. gigas* de 0,11.

O estudo de Lannan (1972) reportou estimativa de herdabilidade de 0,37 para crescimento de *C. gigas* adultas. Valor de herdabilidade semelhante ( $0,31 \pm 0,08$ ) foi reportado para peso corporal à despesca nos Estados Unidos (EVANS; LANGDON, 2006) e para características de crescimento de ostras *C. gigas* em diferentes locais da Ásia: China ( $0,334 \pm 0,028$ ), Japão ( $0,402 \pm 0,024$ ) e Coréia do Sul ( $0,149 \pm 0,027$ ) (LI *et al.*, 2011). Langdon *et al.* (2003) também reportaram valores de herdabilidades variando de média (0,22) a alta (0,77) para crescimento em diferentes populações de *C. gigas* nos EUA.

Da mesma forma, valores de herdabilidades altos ( $0,59 \pm 0,19$ ), para pigmentação da concha em *C. gigas*, foram encontrados (EVANS *et al.*, 2009).

Em ostras perliíferas, *Pinctada máxima*, Jerry *et al.* (2012) estimaram herdabilidades variando de baixa (0,06 para forma da concha) a média (0,13 para altura; 0,15 para peso e cor da concha). Valores de  $0,19 \pm 0,07$  foram descritos para peso vivo de *Ostrea edulis*

(TORO; NEWKIRK, 1990) e de  $0,43 \pm 0,18$  para altura da concha em *Ostrea chilensis* (TORO *et al.*, 1995).

Outro parâmetro genético de grande importância em programas de melhoramento genético é a correlação entre caracteres. O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância sendo que quando a seleção é realizada para uma característica em particular, pode-se entender como este caractere influenciará os demais (BURTON, 1987).

Então, se duas características apresentam correlação genética favorável, é possível a obtenção de ganhos procedendo à seleção para apenas uma delas. Este é um fator que diminui os gastos do programa de melhoramento e pode trazer resultados mais rápidos. Contudo, em situações de correlação genética desfavorável, deve-se optar por métodos de seleção que minimizem este problema. Podem-se citar os níveis independentes de seleção, onde os animais com desempenho intermediário para as características consideradas serão selecionados.

No entanto, os poucos trabalhos que reportam correlações genéticas entre características morfométricas em moluscos, apresentam resultados positivos e altos. Ibarra *et al.* (1999) encontraram valores positivos, próximos a 1, entre peso e altura de vieiras *Argopecten ventricosus*. O mesmo ocorreu com o molusco de areia *Meretrix meretrix* cujos valores altos e positivos (acima de 0,95) entre as características de peso corporal, altura e profundidade da concha (WANG; CHAI; LIU, 2011). Em ostras perlíferas encontrou-se alta correlação genética entre peso e altura (0,99) (JERRY *et al.*, 2012).

Diversos fatores como nível de endogamia da população, amostra e coleta de dados, ambiente, métodos de estimação, entre outros; podem influenciar nas estimativas de herdabilidades (BORÉM, 1998) implicando no fato que os parâmetros genéticos encontrados são aplicáveis apenas na população e no ambiente onde eles foram obtidos (PONZONI *et al.*, 2005).

No entanto, no Brasil ainda não há estudos a respeito do controle genético para características de interesse econômico em ostras. Neste sentido, o presente trabalho visa estimar parâmetros genéticos para ostras cultivadas em Santa Catarina.

## ARTIGO CIENTÍFICO

Parâmetros genéticos para famílias de ostras do Pacífico (*Crassostrea gigas*) no sul do Brasil.

Khauê Silva Vieira<sup>1,2</sup>, Alexandra Inês Santos<sup>1</sup>, Aline Thomasi<sup>1,2</sup>,  
Claudio M. R. Melo<sup>1</sup>.

1 - Laboratório de Moluscos Marinhos, Universidade Federal de Santa Catarina, Beco dos Coroas, 305, 88.061-600, Florianópolis - SC;  
E-mail de contato: claudio.melo@ufsc.br

2 - Programa de Pós-Graduação em Aquicultura, CCA, UFSC,  
Florianópolis, SC, Brasil.

Autor responsável: Claudio Manoel Rodrigues de Melo

Endereço: Universidade Federal de Santa Catarina, Departamento de Aquicultura, Rodovia Ademar Gonzaga, 1346, Itacorubi, CEP: 88034-001, Florianópolis, SC, Brasil. Fone: 55 – 48 – 33343441.

## RESUMO

Foram estimados parâmetros genéticos para ostras *Crassostrea gigas*, com o objetivo de contribuir para o entendimento a respeito destes parâmetros, possibilitando um futuro programa de melhoramento genético baseado na seleção familiar. A característica avaliada foi o crescimento das ostras em diferentes fases de cultivo. As ostras foram reproduzidas e cultivadas no Laboratório de Moluscos Marinhos da UFSC. Vinte quatro famílias de meio-irmãos foram avaliadas em duas biometrias através do peso e altura dos animais. No teste de desempenho em campo, que teve duração de seis meses, cada família foi dividida em três diferentes lanternas, formando o que chamamos de efeito de ambiente permanente (EP). Utilizou-se o programa REMLF90 para obtenção dos componentes de variância. Foram geradas correlações de Spearman entre os valores genéticos (VG) dos indivíduos nas duas biometrias e correlação de Pearson e Spearman entre os VG médios das famílias para as duas biometrias. O peso médio final foi de 43 g e altura de 7 cm. A herdabilidade ( $h^2$ ) para peso manteve-se estável nas duas biometrias apresentando valores de 0,39 e 0,40. Contudo, este parâmetro variou quanto à altura, sendo que na primeira biometria estimou a  $h^2$  de 0,83 e na segunda de 0,19. As correlações genéticas entre peso e altura foram de 0,93 em ambas as biometrias. Na biometria 1, a correlação de Spearman entre os indivíduos foi de 0,94, na biometria 2 esse valor foi 0,97. O valor de  $h^2$  para altura na biometria 1 ficou acima do esperado e pode ser explicado pelos baixos valores de efeito de ambiente permanente apresentados na biometria 1, que aumentam na biometria 2, demonstrando que foi possível ajustar para este efeito de ambiente melhorando a estimativa da variância genética aditiva. Esta metodologia permitiu a obtenção dos parâmetros genéticos com êxito, contudo, um maior número de repetições, com famílias com réplicas desde as etapas iniciais de cultivo poderia melhorar a acurácia dos valores.

Palavras-chave: Melhoramento genético, *Crassostrea gigas*, Componentes de variâncias, herdabilidade.

## ABSTRACT

It was estimate the genetic parameters for oyster *Crassostrea gigas*, in order to contribute to the understanding of these parameters enabling a future breeding program based on family selection. The trait evaluated was the growth of cultch less oysters produced at the Marine Molluscs hatchery for six months period. Twenty-four half-sib families were evaluated in two samplings using shell height and weight under field performance. These families were divided into three replicates, forming an environmental permanent effect (EP). Variance components were obtained using the program REMLF90. Spearman correlations were generated between individuals in both samplings and Pearson and Spearman correlation for average Breeding Values (BV) of the families. The final average for weight was 43 g and shell height of 7 cm. The heritability ( $h^2$ ) for weight remained stable in both measurements with values of 0.39 and 0.40. However, this parameter is variable for height, being found in the first sampling  $h^2$  0.83 and 0.19 in the second. Genetic correlations were 0.93 in both measurements. In sampling 1, the Spearman correlation between individuals obtained was 0.94; in Sampling 2 this value was 0.97. The value of the  $h^2$  height for Sampling 1 was well above the expected and may be explained by the low values of (EP) shown in Sampling 1, which increases sampling 2. Demonstrating that this effect could be removed from the environment for better estimate of the genetic variance additive. This methodology allowed us to obtain genetic parameters successfully, however, a greater number of repetitions, with families having replicates since the initial steps of culture densities could help in the accuracy of the values.

Key-words: selective breeding, *Crassostrea gigas*, components of variance, heritability.

## INTRODUÇÃO

A ostra do Pacífico, *Crassostrea gigas* (THUNBERG, 1793), tem a maior produção global entre todas as espécies aquícolas (FAO, 2010). Esta espécie possui grande potencial de crescimento e ampla tolerância às condições ambientais (FAO, 2010), o que a torna ideal para o cultivo em muitas regiões do mundo, inclusive no sul do Brasil. Por outro lado, grande variabilidade de crescimento (BOUDRY *et al.*, 2003) e elevadas taxas de mortalidade (DÉGREMONT *et al.*, 2007) ainda são encontradas nas populações cultivadas e assim, do ponto de vista do melhoramento genético, são características potenciais para serem consideradas em um programa de reprodução seletiva.

A elevada variabilidade genética encontrada em espécies aquáticas (IBARRA *et al.*, 1999; GJEDREM, 2000; POWELL *et al.*, 2008), é essencial para a obtenção de ganho genético e tem sido responsável por bons resultados encontrados em programas de reprodução seletiva em aquicultura. Em moluscos, ganhos genéticos por geração têm alcançado entre 10 a 21% (NEWKIRK, 1980; SHERIDAN, 1997; LANGDON *et al.*, 2003; QINGHENG *et al.*, 2011).

Os programas de seleção são tradicionalmente baseados no mérito genético dos animais, usando métodos de genética quantitativa e estatística; e desta forma, além de possibilitar um rápido e permanente progresso genético na população (TORO; NEWKIRK, 1991), podem também auxiliar na minimização da endogamia (BOUDRY *et al.*, 2004) que, principalmente em populações pequenas e fechadas, pode ser perigosa, devido à alta fecundidade, em especial em espécies aquáticas.

A efetividade da seleção, porém, depende da estimativa de parâmetros genéticos acurados e experimentos bem delineados são indispensáveis para o estudo prévio das características em questão, mesmo que sejam características já estudadas em outro momento e/ou em outras condições (SANTOS, 2011). Dentre os parâmetros que devem auxiliar nos programas de melhoramento, destacam-se as variâncias genéticas aditivas e não aditivas, correlações e herdabilidades (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Em ostras do Pacífico, programas de seleção de famílias iniciados em países como Estados Unidos (EVANS; LANGDON, 2006), e França (DÉGREMONT *et al.*, 2007), obtiveram valores de herdabilidade reportados na literatura para características de crescimento em idades de seis e 18 meses variando entre 0,003 e 0,33. Valores estes que são considerados baixos a moderados. Neste caso, quando os dados são medidos nos candidatos à seleção e informações de pedigree completo

estão disponíveis, é possível proceder a seleção combinando essas informações, aumentando a acurácia das estimativas dos valores genéticos e, conseqüentemente, atingindo uma melhor resposta em relação à seleção massal.

A correlação também possuiu papel fundamental no planejamento e execução de um programa, quando considerando os objetivos de seleção. Esse parâmetro é imprescindível, por exemplo, quando se deseja obter ganho genético para determinada característica (ex.: difícil de ser medida), selecionando para outra, que seja geneticamente correlacionada.

Este trabalho teve como objetivo contribuir para o conhecimento acerca do controle genético do crescimento de ostras, estimando parâmetros genéticos e fenotípicos para a altura e peso em diferentes fases do cultivo e, desta forma, fornecendo também informações essenciais para o programa de melhoramento genético que está se iniciando no sul do Brasil, baseado na seleção familiar de ostras.

## **MATERIAIS E MÉTODOS**

### **DESOVA**

Os reprodutores utilizados para produzir as famílias avaliadas são provenientes do Laboratório de Moluscos Marinhos da Universidade Federal de Santa Catarina (LMM - UFSC) e foram retirados do mar para a desova em novembro de 2011, momento em que se encontram aptos à reprodução sem a necessidade de maturação de gametas.

As desovas foram feitas através do método de sacrifício (“strip”). Foram abertos 144 animais com o auxílio de facas, identificados quanto ao sexo e tiveram a qualidade de seus gametas avaliada através do microscópio. Os mesmos foram separados em diferentes recipientes e mantidos a seco até a raspagem dos gametas para evitar a degradação dos mesmos. Os gametas foram removidos raspando levemente a gônada, com o auxílio de um bisturi, e liberados no próprio recipiente. Após a obtenção dos gametas, o material foi separado usando peneiras com telas de 70 $\mu$ m (para reter impurezas) e 18 $\mu$ m (para reter gametas). Os gametas obtidos foram acondicionados em recipientes de 5 litros e diluídos ao volume de 4 litros. As fêmeas foram raspadas primeiramente para que os ovócitos hidratassem por aproximadamente uma hora. Os machos foram raspados minutos antes ao seu uso para garantir melhor mobilidade dos espermatozoides.



A contagem dos ovócitos de cada fêmea foi feita utilizando câmaras de Sedgwick-Rafter. Para a amostragem retirou-se 500  $\mu\text{L}$  do recipiente que continha os ovócitos e acondicionou em provetas com 5 mL de água, destas, retirou-se novamente 500  $\mu\text{L}$  para a contagem nas câmaras. Foram realizadas três amostras por fêmea. Durante a contagem foi verificado se não havia presença de células em desenvolvimento embrionário, fato que indicaria fertilização (mistura de gametas masculinos com femininos) antecipada.

Os acasalamentos foram hierárquicos, acasalando um macho com duas fêmeas. A fertilização foi realizada em baldes de 5 litros, onde se encontrava as soluções de ovócitos. Realizou-se o procedimento (fertilização) por três vezes, adicionando aproximadamente 30 ml de solução de esperma a cada 15 minutos. Utilizou-se a proporção de sete espermatozoides/ovócitos. Ao total, foram produzidas 33 famílias de irmãos completos e/ou meio-irmãos.

Após a desova, cada família foi mantida em recipientes de 20 litros, sendo que os ovócitos fertilizados permaneceram neste ambiente sobre fraca aeração e sem o fornecimento de alimento por 24 horas. A densidade de estocagem de gametas para esta etapa de 200 ovócitos.mL<sup>-1</sup>, ou seja 4 milhões de ovócitos fertilizados por família.

## LARVICULTURA

Após a desova, cada família foi mantida em ambiente controlado, durante todo o período larval (21 dias). Utilizou-se 33 tanques de formato cilindro-cônico de 5 litros em um sistema contínuo, baseados em Helm e Bourne (2004), mantendo as famílias separadas em uma densidade de cultivo de 150 larvas.mL<sup>-1</sup>. A alimentação nesta etapa foi baseada na mistura de microalgas diatomáceas e flageladas como: *Chaetoceros mulleri*, *Chaetoceros calcitran*, *Pavlova luteri* e *Isochrysis galbana*.

O sistema teve o suporte de dois tanques de 5.000 litros, contendo uma mistura de água do mar, água “doce” e microalgas. Este conteúdo foi bombeado constantemente à larvicultura com um fluxo de entrada nos tanques de cultivo de 100 mL.min.<sup>-1</sup>. A temperatura manteve-se entre 23 e 27°C e a salinidade foi mantida em 27.

O manejo das famílias foi realizado a cada 72 horas. O mesmo consistiu no peneiramento das larvas para possíveis descartes de indivíduos mortos, controle do crescimento e lavagem dos tanques. Para verificar a velocidade de crescimento das larvas as mesmas foram

observadas sob microscópio, bem como procedeu à adição de peneiras com malhas maiores a cada manejo.

No nono dia de cultivo foi feita uma amostragem para determinar a densidade em cada tanque. Ao final da larvicultura, as larvas pedivéliger (em metamorfose) que ficaram retidas nas peneiras de malha de 230  $\mu\text{m}$  foram amostradas e quantificadas. Seis famílias apresentaram quantidades muito pequenas de larvas ( $n < 50$ ) e foram descartadas. Logo após, foi realizada a transferência das larvas para o setor de assentamento.

## **ASSENTAMENTO**

No assentamento, cada família foi mantida separada, em recipientes de volume útil de 20 litros e com fundo de tela (200  $\mu\text{m}$ ). Pó de conchas de ostras e tiras de garrafa de politereftalato de etileno (PET) foram depositadas em cada um dos tanques servindo como substrato para a fixação das pré-sementes.

Estas unidades experimentais (UE) foram acondicionadas em um tanque de aproximadamente 4.000 litros. Um segundo tanque, com menor volume, dava suporte para circulação de água e microalgas. A troca de água, adição de microalgas, e limpeza das telas das unidades experimentais foram realizadas diariamente.

As sementes foram quantificadas e medidas no 20º e 40º dia de assentamento. As famílias que estavam com sua densidade de estocagem acima do ideal, foram separadas em duas UE para que o crescimento não fosse afetado, no vigésimo dia, e reunidas novamente ao final desta etapa. Após atingirem 2 mm (aproximadamente 40 dias), as famílias foram transferidas para o sistema de cultivo em ambiente marinho. Ao final do período de assentamento havia 27 famílias.

## **TESTE DE DESEMPENHO EM CAMPO**

O teste de desempenho foi realizado na praia da ponta do Sambaqui (Latitude: 27°29'18''S – Longitude: 48°32'18''O). As sementes chegaram ao cultivo em janeiro de 2012 e lá foram mantidas até a biometria final em junho de 2012.

Inicialmente, as sementes foram alocadas em lanternas berçários. Neste período, os berçários foram lavados, semanalmente, com jato de água sob pressão. Foram utilizados sete berçários com quatro andares cada, para estocar as 27 famílias. A densidade de estocagem no primeiro mês foi de aproximadamente 2.000 ostras/família/andar.

Após 45 dias no cultivo, foi realizada uma biometria inicial de 70 animais.família<sup>-1</sup>, quando a densidade foi ajustada subdividindo as famílias em 18 berçários e criando 3 repetições por família. No entanto, três famílias tiveram número pequeno de animais (n < 50) e foram excluídas, o que resultou em 24 famílias.

Nesta fase intermediária, foram mantidas cerca de 200 ostras por andar (volume de 2 litros), sendo que este número foi reduzido, aleatoriamente, a cada mês, de acordo com o crescimento dos animais e mantendo-se um volume padrão para todas as famílias.

O manejo das lanternas neste período ocorreu a cada três semanas, consistindo na lavagem e visualização das condições físicas da lanterna.

## DADOS AVALIADOS

Foram realizadas duas biometrias de todos os animais, tomando medidas de altura (cm) da concha e peso vivo total (g) para posterior obtenção dos parâmetros genéticos. A primeira destas (biometria 1) foi realizada na fase intermediária de cultivo, quando os animais estavam há 115 dias em campo. A segunda biometria (biometria 2) aconteceu após 180 dias de cultivo em campo, fase de despesca das ostras. Adicionalmente foi tomada, diariamente, a temperatura e da água.

## ANÁLISES DOS DADOS E ESTIMAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Uma análise exploratória dos dados foi realizada, juntamente com uma estatística descritiva e avaliação dos efeitos fixos a serem incluídos no modelo de análise. Para tanto foi utilizado o programa SAS por meio do procedimento MIXED (SAS Institute Inc., 2005).

Os componentes de variância do peso corporal e altura, tomado nas duas biometrias, foram estimadas usando o modelo animal linear bicaráter, que pode ser representado da seguinte forma matricial:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} G_1 & 0 \\ 0 & G_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} C_1 & 0 \\ 0 & C_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \end{bmatrix}$$

Em que:

Y é o vetor de observações do peso corporal (g) e altura (cm);

$Z$ ,  $G$  e  $C$  são matrizes de incidência dos efeitos fixos (covariável de peso e altura iniciais); efeitos genéticos diretos de animal e de ambiente permanente (efeito combinado de família + lanterna), respectivamente;

$\beta$  é o vetor de efeitos fixos;

$a$ ,  $c$  e  $\varepsilon$  são, respectivamente, os vetores de efeitos aleatórios genéticos diretos, de ambiente permanente e de resíduos.

A distribuição conjunta de  $y$ ,  $a$ ,  $c$  e  $\varepsilon$  foi assumida como sendo normal multivariada, como segue:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2C & R \\ GZ_1' & G & \phi & \phi \\ CZ_2' & \phi & C & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

Em que:

$$V = Z_1GZ_1' + Z_2CZ_2' + R,$$

$$G = G_0 \otimes A,$$

Em que:

$A$  é a matriz de parentesco;

$\otimes$  é o produto de Kronecker;

$G_0$  é a matriz de (co)variâncias genéticas, dada a seguir:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} \\ \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}$$

$$C = I_m \otimes C_0$$

Em que:

$I_m$  é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos inteiros;

$C_0$  é a matriz de (co)variâncias do efeito de ambiente permanente, dada a seguir:

$$C_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{c_1}^2 & \sigma_{c_1c_2} \\ \sigma_{c_1c_2} & \sigma_{c_2}^2 \end{bmatrix}$$

$$R = R_0 \otimes I$$

Em que:

$I_n$  é a matriz identidade, de ordem  $n$ , igual ao número de animais;

$R_0$  é a matriz de (co)variâncias residuais, dada a seguir:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

O programa utilizado para a análise é baseado na metodologia máxima verossimilhança restrita (REML), e denominado REMLF90 (MISZTAL, 1999). Os componentes de variância inicialmente obtidos no SAS foram usados para iniciar as análises no REML.

Foram estimados valores de correlação de Spearman para os valores genéticos dos indivíduos em cada biometria. Também foi calculadas as correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos médios das famílias.

## RESULTADOS

### ANÁLISE DESCRITIVA

Resultados da estatística descritiva podem ser visualizados na Tabela 1. As análises envolveram dados de 24 famílias de irmãos completos e/ou meio-irmãos, com informações das duas biometrias realizadas. No entanto, o número de animais testados a partir da segunda biometria foi inferior, devido a descartes realizados para ajustar a densidade de estocagem e mortalidades ocorridas. O peso médio à despesca foi de 43,26 g, com uma altura média de 7 cm. Os dados apresentaram distribuição normal.

Tabela 1 – Número total de animais (N), número máximo (N Máx.) e mínimo (N Mín.) de animais nas famílias produzidas, média (DP), mínimo (mín.) e máximo (máx.) para peso e altura das 24 famílias nas biometrias 1 e 2

Biometrias	Parâmetros	N	N Mín.	N Máx.	Média (DP)	Mín.	Máx.
1	Peso (g)	3696	111	231	23,39 (12,00)	1,29	76,62
	Altura (cm)	3696	111	231	5,23 (1,35)	1,6	8,1
2	Peso(g)	2849	69	173	43,26 (14,73)	4,3	103,93
	Altura (cm)	2849	69	173	7,01 (1,07)	2,8	10,8

## COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

As variâncias genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas, além das herdabilidades e correlações estimadas para peso e altura tomadas nas biometrias 1 e 2 são apresentadas na Tabela 2.

O modelo ajustado que resultou no maior valor de log. de verossimilhança incluiu peso e altura iniciais como covariáveis e efeito genético aditivo e de ambiente permanente como efeitos aleatórios. O peso e a altura iniciais utilizadas como covariável foram obtidas a partir da biometria realizada na fase inicial de cultivo, quanto as ostras estavam há um mês e meio em cultivo no mar.

A herdabilidade para peso foi semelhante nas duas biometrias com valores de 0,39 e 0,40. Contudo, este parâmetro mudou para a altura, sendo de 0,83 e 0,19, respectivamente, para a primeira e segunda biometria.

Tabela 2 - Estimativas de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), variância de ambiente permanente ( $\sigma_c^2$ ), variância residual ( $\sigma_e^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ ), herdabilidades ( $h^2$ ), efeitos de ambiente permanente ( $c^2$ ) e correlações genéticas ( $r$ ).

	Biometria 1		Biometria 2	
	Peso	Altura	Peso	Altura
$\sigma_a^2$	68,07	2,56	217,60	1,71
$\sigma_c^2$	5,00	0,11	236,40	7,33
$\sigma_e^2$	102,6	0,42	91,79	0,18
$\sigma_p^2$	175,67	3,09	545,79	9,22
$h^2$	0,39	0,83	0,40	0,19
$c^2$	0,03	0,03	0,43	0,79
$r$	0,93		0,93	

A correlação genética entre peso e altura foi alta (0,93) nas duas biometrias. Na biometria 1, a correlação de Spearman, baseada na classificação dos valores genéticos, foi de 0,94, levemente superior a correlação genética. Na biometria 2 esse valor foi 0,97.

As correlações de Pearson e Spearman, calculadas usando os valores genéticos das famílias, podem ser visualizadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Correlações de Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal) para os valores genéticos das famílias.

Biometria		1		2	
		Peso	Altura	Peso	Altura
1	Peso	-	0,81	0,66	0,75
	Altura	0,77	-	0,41	0,57
2	Peso	0,76	0,54	-	0,98
	Altura	0,81	0,66	0,97	-

## DISCUSSÃO

As análises estatísticas inicial, realizadas no SAS, demonstraram que os efeitos de lanterna, tanque e andar da lanterna não foram significativos, e por isso, não foram incluídos no modelo de análise.

Como aplicação prática dos resultados de crescimento obtidos, foi possível perceber que a média final da altura das famílias (7,01 cm) alcançou o valor esperado (entre 6 a 8 cm) para o tempo de cultivo aplicado. O peso alcançado (43,26 g), não é o critério mais utilizado pelo mercado, podendo apresentar grandes variações de acordo com o tempo e o local de cultivo. Poli (2004), afirmou que o peso médio da ostra *C. gigas* cultivada no mar, no Brasil, por oito meses é de 55 g, no entanto, Evans & Langdon (2006) relataram que o peso médio de 47 g somente foi atingido após 317 dias de cultivo na costa dos Estados Unidos.

Quanto aos componentes de variância, os valores de variância genética aditiva mostraram que grande parte da variação fenotípica das ostras é resultado desta variância, parâmetro de suma importância para o ganho genético. Ela é a principal medida da causa de semelhança entre parentes e, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da reposição da população à seleção (FALCONER, 1987).

Quanto aos valores de herdabilidade, podemos considerar que os resultados (biometria 1: 0,39 e 0,83; biometria 2: 0,40 e 0,19) estão próximos a grande parte dos valores reportados na literatura. Lannan (1972) realizou o primeiro estudo estimando parâmetros genéticos em ostras *C. gigas* e encontrou a herdabilidade para peso vivo total de 0,33. Para peso corporal à despesca de *C. gigas* constatou-se  $h^2$  de  $0,31 \pm 0,08$  (EVANS; LANGDON, 2006). Mais recentemente, foram encontradas estimativas para características de crescimento em diferentes locais da Ásia ( $h^2 = 0,334 \pm 0,028$ ;  $0,402 \pm 0,024$  e  $0,149 \pm 0,027$ ) por Li *et al.* (2011).

Toro *et al.* (1995), ainda reportou altos valores de herdabilidade para altura da concha em outra espécie de ostras, *Ostrea chilensis*, chegando a  $0,43 \pm 0,18$ .

Inesperadamente, foi obtido um alto valor de  $h^2$  para altura na biometria 1, mas que sofreu um forte decréscimo na segunda biometria. Este resultado pode ser explicado, em parte, pelo efeito mais expressivo de densidade de cultivo nesta fase inicial. Neste período, entre o início do teste de desempenho em campo e a fase intermediária, o crescimento das ostras é acelerado. Assim, uma pequena diferença de volume entre as repetições pode resultar em uma grande diferença de densidade após um curto período de tempo de crescimento e, portanto, resultar em grande diferença para o crescimento dos animais.

Um dos fatores que podem afetar o crescimento das ostras cultivadas em distintas densidades pode ser a disponibilidade de alimento por indivíduo (HONKOOP; BAYNE, 2002). Outro fator seria o contato físico entre os indivíduos e, quando isto ocorre, a ingestão de microalgas pode ser inibida (TAYLOR *et al.*, 1997).

A ausência de repetições, nos 60 dias de cultivo em laboratório (larvicultura e assentamento) e nos 45 dias iniciais de crescimento no mar, devido ao espaço físico disponível no laboratório e ao número limitado de sementes obtido em algumas famílias (uma densidade muito baixa de cultivo de sementes em campo pode levar a altas taxas de mortalidade), tornou-se um complicador para o ajuste dos modelos estatísticos. Assim, o ajuste do efeito de densidade para o peso e altura aos 115 dias de cultivo em campo (biometria 1) foi prejudicado, o que deve ter levado a um confundimento com o efeito genético de família. Desta forma, a estimativa de herdabilidade para a altura na biometria 1 acabou sendo inflada.

Os baixos valores do componente de ambiente permanente apresentados na biometria 1, também refletem muito bem isso. Estes valores, na biometria 2, aumentaram significativamente, demonstrando



que a sua inclusão foi capaz de melhorar o ajuste modelo e fornecer estimativas mais acuradas da variância genética aditiva e, conseqüentemente, também das herdabilidades. Sendo assim, um maior número de famílias tendo réplicas desde as etapas iniciais de cultivo poderia levar a estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos.

Taylor *et al.* (1997) perceberam que as diferenças encontradas em crescimento e altura em comparação ao eixo do comprimento indicam que a densidade não só afeta a taxa de crescimento geral dos indivíduos, mas também a forma que crescem. No presente trabalho, foi observada grande variabilidade de altura entre as ostras na biometria 1, resultante das diferenças de densidade entre as famílias. Por outro lado, o peso das ostras não foi influenciado da mesma maneira pela densidade.

Os resultados das correlações de Pearson e Spearman entre as médias dos valores genéticos das famílias indicam que a medida de peso na biometria 1 pode ser usada como critério de seleção para o peso à despesca (indicado pela correlação de Pearson), porém, deve haver perda de ganho na seleção (demonstrado pela correlação de Spearman). Segundo Boudry *et al.* (2003), uma possibilidade para a progresso na produção de ostras e maior precisão de estimativas de parâmetros genéticos, seria identificar os melhores indivíduos em crescimento o mais cedo possível. Seleções antecipadas poderiam melhorar significativamente a eficiência e a velocidade de programas de melhoramento.

A correlação genética mostra que o uso da altura à despesca como critério de seleção para peso à despesca parece ser uma alternativa para otimizar o tempo e os gastos com o programa. Desta forma, é possível medir apenas a altura das ostras para obter ganho genético no peso dos animais, evitando problemas habituais no momento da pesagem como a presença de incrustações.

Quando considerado o interesse em obter ganho genético para peso à despesca, praticando a seleção em uma idade mais precoce, a altura na biometria 1 não demonstrou ser uma escolha adequada para critério de seleção, pois resultou em correlações de Spearman e Pearson mais baixas com o peso à despesca.

As correlações (Spearman e Pearson), entre os valores genéticos médios das famílias, mais altas entre o peso na biometria 1 e as medidas finais, teoricamente, podem indicar que mais genes que determinam o peso no início da fase de desenvolvimento, em comparação aos que determinam a altura nesta fase, influenciam também no desenvolvimento no final do cultivo das ostras.

As estimativas de parâmetros genéticos apresentadas no presente trabalho são as primeiras em moluscos no Brasil e demonstram um grande potencial para o avanço das metodologias e tecnologia de reprodução de ostras do Pacífico no sul do Brasil com base em um programa de melhoramento genético, bem como a melhoria dos estoques de ostras cultivados. Porém, futuras pesquisas ainda serão necessárias considerando um maior número de famílias e gerações de ostras.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOUDRY, P. *et al.* Individual growth variation and its relationship with survival in juvenile Pacific oysters, *Crassostrea gigas* (Thunberg). **Aquaculture International**, v. 11, p. 429–448, 2003.

BOUDRY, P. Genetic Variability and Selective Breeding for Traits of Aquacultural Interest in the Pacific Oyster (*Crassostrea gigas*). **Bulletin of the Aquaculture Association of Canada**. p. 12 - 18, 2004.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

DÉGREMONT, L. *et al.* Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth. **Aquaculture**. v. 262, p. 41 – 53. 2007.

EVANS, S.; LANGDON, C. Direct and indirect responses to selection on individual body weight in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). **Aquaculture**. p 546 – 555. 2006.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Primeira edição, Viçosa, Imprensa Universitária UFV, 1987.

FAO (Org.). **Programa de información de especies acuáticas**. Roma, Itália. 2010. Disponível em:  
<<http://www.fao.org/fishery/culturedspecies>>. Acesso em: 01 nov. 2011.

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

HELM, M.; BOURNE, N. **Hatchery culture of bivalves**. Roma: FAO, 2004.

HONKOOOP, P.J.C., BAYNE, B.L. Stocking density and growth of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) and the Sydney rock oyster (*Saccostrea glomerata*) in Port Stephens, Australia. **Aquaculture**, 213, 171 – 186. 2002.

IBARRA, A.M. *et al.* Realized heritabilities and genetic correlation after dual selection for total weight and shell width in catarina scallop (*Argopecten ventricosus*). **Aquaculture** v.175, p. 227-241, 1999.

LANGDON, C. *et al.* Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. **Aquaculture**. v. 220, p. 227–244, 2003.

LANNAN, J.E. Estimating heritability for predicting response to selection for the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. **Proc. Nat. Shellfish Assoc.** 62, 62-66, 1972.

LI, Q. *et al.* Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. **Fisheries Science**, China, v. 77, n. 4, p.643-648, 2011.

MISZTAL, I. **REMLF90: Manual**.

<http://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90/docs/remlf90.pdf>. acesso em: 07 de jul. 2012.

NEWKIRK, G.F. Review of the genetics and the potential for selective breeding of commercially important bivalves. **Aquaculture** v. 19, p. 209–228, 1980.

POWELL, J. *et al.* Genetic parameters of production traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Aquaculture**, v.274, p. 225-231, 2008.

QINGHENG, W. *et al.* Realized heritability and genetic gains of three generation for superior growth in the pearl oyster *Pinctada martensii*. **Acta Ecologica Sinica**, China, v. 31, p.108-111, 2011.

SANTOS *et al.* Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. **Pesq. Agropec. bras.** v.46, p. 33 – 43, Brasília, 2011

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT® user's guide, version 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, 2005

SHERIDAN, A.K. Genetic improvement of oyster production - a critique. **Aquaculture** v. 153, 165 – 179, 1997.

TAYLOR, J.J., ROSE, R.A., SOUTHGATE, P.C. Effects of stocking density on the growth and survival of early juvenile silver-lip pearl oysters, *Pinctada maxima* (Jameson) in suspended nursery culture. **Aquaculture** 153, 41– 49. 1997.

TORO, J.E. *et al.* Selection response and heritability estimates for growth in the Chilean oyster *Ostrea chilensis* (Philippi, 1845). **J. Shell. Res.**, 14: 87-92. 1995.

TORO, J.E.; NEWKIRK, G. Response to artificial selection and realized heritability estimate for shell height in the Chilean oyster *Ostrea chilensis*. **Aquatic Living Resources.** v.4, p. 101 – 108. 1991.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS DA INTRODUÇÃO GERAL

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2 ed. Viçosa: Editora UFFV, 1998. 453 p.

BURTON, J.W. Quantitative genetics: results relevant to soybean breeding. In: WILCOX, J.R. (Ed) **Soybeans: improvement, production and uses**. 2 ed. Madison: ASA, 1987. P 211 – 247.

DÉGREMONT, L. *et al.* Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth. **Aquaculture**. v. 262, p. 41 – 53. 2007.

EVANS, F. *et al.* The effects of inbreeding on performance traits of adult Pacific oysters (*Crassostrea gigas*). **Aquaculture**, EUA, v.230, p.89-98, 2004.

EVANS, S. *et al.* Heritability of shell pigmentation in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. **Aquaculture**, EUA, v. 286, p.211-216, 2009.

EVANS, S.; LANGDON, C. Direct and indirect responses to selection on individual body weight in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*). **Aquaculture**. p 546 – 555. 2006.

FAO (Org.). **Programa de información de especies acuáticas**. Roma, Itália. 2010. Disponível em: <<http://www.fao.org/fishery/culturedspecies>>. Acesso em: 01 nov. 2011.

FAO. **Producción mundial de acuicultura por grupos de especies**. 2008. Disponível em: <<ftp://ftp.fao.org/fi/STAT/summary/b-1.pdf>>. Acesso em: 01 out. 2011

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

GJEDREM, T. **Selection and breeding programs in aquaculture**. Springer, Dordrecht - Netherlands, 2005.

- GJEDREM, T.; ROBINSON, N.; RYE, M. The importance of selective breeding in aquaculture to meet future demands for animal protein: A review. **Aquaculture**, Noruega, v. 353, n. 350, p.117-129, 2012.
- IBARRA, A.M. *et al.* Realized heritabilities and genetic correlation after dual selection for total weight and shell width in catarina scallop (*Argopecten ventricosus*). **Aquaculture** v.175, p. 227-241, 1999.
- JERRY, D. R. *et al.* Donor-oyster derived heritability estimates and the effect of genotype  $\times$  environment interaction on the production of pearl quality traits in the silver-lip pearl oyster, *Pinctada maxima*. **Aquaculture**, Austrália, v. 341, p.66-71, 2012.
- KVINGEDAL, R. *et al.* Population and family growth response to different rearing location, heritability estimates and genotype  $\times$  environment interaction in the silver-lip pearl oyster (*Pinctada maxima*). **Aquaculture** v.304, p. 1 – 6, 2010.
- LANGDON, C. *et al.* Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. **Aquaculture**. v. 220, p. 227–244, 2003.
- LANNAN, J.E. Estimating heritability for predicting response to selection for the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. **Proc. Nat. Shellfish Assoc.** 62, 62-66, 1972.
- LI, Q. *et al.* Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. **Fisheries Science**, China, v. 77, n. 4, p.643-648, 2011.
- LIANG J.; ZHANG G.; ZHENG H. Divergent selection and realized heritability for growth in the Japanese scallop *Patinopecten yessoensis* Jay. **Aquaculture Research**. v. 41, p. 1315-1321. 2009.
- MELO, C. M. R. *et al.* *Crassostrea gigas* in natural oyster banks in southern Brazil. **Biological Invasions**. v. 12, n. 3, p. 441–449, 2010.
- NEWKIRK, G.F. Review of the genetics and the potential for selective breeding of commercially important bivalves. **Aquaculture** v. 19, p. 209–228, 1980.

POLI, C. R. Cultivo de Ostras do Pacífico (*Crassostrea gigas*, 1852). In: POLI, C. R. **Aquicultura Experiencias Brasileiras**. Florianópolis: Multitarefa, 2004. Cap. 10, p. 251-266.

PONZONI, R.W. *et al.* Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, v.247, p. 203-210, 2005.

POWELL, J. *et al.* Genetic parameters of production traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Aquaculture**, v.274, p. 225-231, 2008.

QINGHENG, W. *et al.* Realized heritability and genetic gains of three generation for superior growth in the pearl oyster *Pinctada martensii*. **Acta Ecologica Sinica**, China, v. 31, p.108-111, 2011.

RAWSON P.D.; HILBISH T.J. Heritability of juvenile growth for the hard clam *Mercenaria mercenaria*. **Marine Biology**. v.105, p. 429-436. 1990.

RICO-VILLA, B. *et al.* A flow-through rearing system for ecophysiological studies of Pacific oyster *Crassostrea gigas* larvae. **Aquaculture**, France, v. 282, p.54-60, 2008.

SANTOS *et al.* Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. **Pesq. Agropec. bras.** v.46, p. 33 – 43, Brasília, 2011.

SHERIDAN, A.K. Genetic improvement of oyster production - a critique. **Aquaculture** v. 153, 165 – 179, 1997.

TORO, J.E. *et al.* Selection response and heritability estimates for growth in the Chilean oyster *Ostrea chilensis* (Philippi, 1845). **J. Shell. Res.**, 14: 87-92. 1995.

TORO, J.E.; NEWKIRK, G.F. Divergent selection for growth-rate in the European oyster *Ostrea edulis* - Response to selection and estimation of genetic parameters. **Mar. Ecol. -frog. Ser.**, 62: 219-227, 1990.

TORO, J.; NEWKIRK, G. Response to artificial selection and realized heritability estimate for shell height in the Chilean oyster *Ostrea chilensis*. **Aquatic Living Resources**. v.4, p. 101 – 108. 1991.

VIECILI, R.V. *et al.* 2007. Frequência de Manejo em Larvicultura de Pequeno Volume com Fluxo Contínuo. In: XIX Semana Nacional de Oceanografia, 2007, Rio Grande - RS. **Anais...** Rio Grande – RS: XIX Semana Nacional de Oceanografia.

WADA, K.T. Genetic selection for shell traits in the Japanese pearl oyster, *Pinctada fucata martensii*. **Aquaculture**. v.57, p.171-176. 1986.

WANG, H.; CHAI, X.; LIU, B. Estimation of genetic parameters for growth traits in cultured clam *Meretrix meretrix* (Bivalvia: Veneridae) using the bayesian method based on Gibbs sampling. **Aquaculture Research**, China, v. 42 p.240-247, 2011.