



IVAN BEZERRA ALLAMAN

**DESENVOLVIMENTO PONDERAL,
MORFOMÉTRICO, ALOMÉTRICO E DA
DEPOSIÇÃO DE COMPONENTES QUÍMICOS
CORPORAIS EM LINHAGENS DE TILÁPIA
*Oreochromis sp.***

LAVRAS - MG

2011

IVAN BEZERRA ALLAMAN

**DESENVOLVIMENTO PONDERAL, MORFOMÉTRICO,
ALOMÉTRICO E DA DEPOSIÇÃO DE COMPONENTES QUÍMICOS
CORPORAIS EM LINHAGENS DE TILÁPIA *Oreochromis sp.***

Tese apresentada à Universidade Federal
de Lavras, como parte das exigências do
Programa de Pós-graduação em Zootecnia,
área de concentração em Produção Animal,
para a obtenção do título de Doutor.

Ficha Catalográfica preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA

Orientador

Dr. Rilke Tadeu F. de Freitas

LAVRAS - MG

2011

DESENVOLVIMENTO PONDERAL, MORFOMÉTRICO, ALOMÉTRICO E DA DEPOSIÇÃO DE COMPONENTES QUÍMICOS CORPORAIS EM LINHAGENS DE TILÁPIA *Oreochromis sp.*

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de Doutor.

Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca da UFLA

Allaman, Ivan Bezerra.

Desenvolvimento ponderal, morfométrico, alométrico e da deposição de componentes químicos corporais em linhagens de tilápia *Oreochromis sp.* / Ivan Bezerra Allaman. – Lavras : UFLA, 2011.

133 p. : il.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: Rilke Tadeu Fonseca de Freitas.

Bibliografia.

1. Peixes. 2. Crescimento. 3. Taxa de crescimento. 4. Modelos não-lineares. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 639.3758

IVAN BEZERRA ALLAMAN

**DESENVOLVIMENTO PONDERAL, MORFOMÉTRICO,
ALOMÉTRICO E DA DEPOSIÇÃO DE COMPONENTES QUÍMICOS
CORPORAIS EM LINHAGENS DE TILÁPIA *Oreochromis sp.***

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 14 de Abril de 2011

Dr. João Domingos Scalon	UFLA
Dra. Priscila Vieira e Rosa	UFLA
Dra. Maria Emília S. Gomes Pimenta	UFLA
Dr. Thiago Archângelo Freato	EPAMIG


Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas
Orientador

**LAVRAS - MG
2011**

A Deus, por me conceber o direito a vida e por zelar por ela.

Ao meu pai biológico, Odelino Allaman (in memoriam) por todo o carinho no curto período em que passastes comigo.

Ao meu pai de criação, Valdemir Correa de Resende (in memoriam) por toda dedicação, amor, carinho, educação e ética,

Ao meu filho, Pedro Henrique Lacerda Allaman, que um dia possas compreender minha ausência e que tudo que faço é pensando em um dia dar-lhe o melhor.

A minha avó, Maria Magnólia Bezerra da Silva, exemplo de vida.

A minha irmã, Lizandra Bezerra Allaman, exemplo de perseverança.

A Isabel Fernanda da Silva Caleare, amor da minha vida, pela paciência, dedicação, amor e carinho.

E a minha mãe, Marilú Bezerra da Silva, por todos os sonos perdidos, cada segundo dedicado a minha educação e todas as dificuldades que enfrentastes para fazer de seus filhos pessoas de bem.

À senhora, mãe, fica minha eterna gratidão e admiração, e dizer que tudo que enfrentastes não foi em vão.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, pela ótima formação.

À Universidade Federal de Lavras e aos Departamentos de Zootecnia e Ciências Exatas, pela oportunidade concebida e pela formação de pesquisador.

Ao Prof. Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas, pela orientação, amizade e paciência durante este período de curso e pelo exemplo de profissional.

Ao Prof. Dr. Alfredo Sampaio Carrijo, pela amizade e por todos os ensinamentos. Enfim, nada que eu diga expressará minha eterna gratidão.

Aos eternos amigos de república Virgílio, Edson, Giovanni, Carlos Rogério, André e Burti, por todos os momentos bons, pela amizade sincera e pela paciência durante nossa convivência.

Ao amigo Ulisses Nascimento de Souza, pela amizade, paciência, convívio e por estender à mão no momento que mais precisei.

Aos eternos amigos Fábio Correa e sua esposa Raquel, pela amizade sincera e por toda convivência ótima que tivemos durante o doutorado.

Aos amigos Rafael V. Reis Neto, Aline A. Lago, Adriano C. Costa, Walmes M. Zevianni, Manoel V.S. Veloso, Abigail Bracarense, Luciana Bracarense e ao Carlos Cicinato pelo convívio e por todos os momentos bons que passamos.

Ao Eleci, da piscicultura e ao Carlos, da Pós-graduação por toda atenção e ajuda ao longo do doutorado.

Ao grupo de discussão R_br, referente ao software R, por toda a colaboração e compromisso com o software livre.

A minha família, pela união e exemplo de honestidade.

A meus sogros Lourdes e Nelson, pelo carinho e por ter confiado a sua filha a mim.



Ao CNPq, pelo apoio financeiro.

E a todos aqueles que, de forma direta ou indireta, contribuíram para meu êxito pessoal e profissional.

“Não basta nascer, crescer, desenvolver e morrer, o propósito de viver é bem maior do que isso!!”

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE

1	INTRODUÇÃO	15
2	REFERENCIAL TEÓRICO	16
	REFERÊNCIAS	28

SEGUNDA PARTE - ARTIGOS

	ARTIGO 1: Crescimento ponderal e morfométrico de diferentes linhagens de tilápias <i>Oreochromis niloticus</i>	34
--	---	----

1	INTRODUÇÃO	37
2	MATERIAL E MÉTODOS	38
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4	CONCLUSÃO	55
	REFERÊNCIAS	55
	ANEXOS	59

	ARTIGO 2: Crescimento alométrico de quatro linhagens de tilápia <i>Oreochromis sp.</i>	77
--	---	----

1	INTRODUÇÃO	79
2	MATERIAL E MÉTODOS	81
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	83
4	CONCLUSÃO	89
	REFERÊNCIAS	89
	ANEXOS	91

	ARTIGO 3: Deposição dos componentes químicos corporais na carcaça de linhagens de tilápias (<i>Oreochromis sp.</i>)	98
--	--	----

1	INTRODUÇÃO	101
2	MATERIAL E MÉTODOS	103
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	109
4	CONCLUSÃO	123
	REFERÊNCIAS	123
	ANEXOS	128

RESUMO

Os objetivos no trabalho foram fornecer à comunidade científica informações inéditas acerca do desenvolvimento ponderal, morfométrico, alométrico e da deposição química de componentes corporais de diferentes linhagens de tilápias de destaque na piscicultura brasileira. O experimento foi conduzido na Estação de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, MG, por um período que compreendeu as estações de outono, inverno e primavera. Foram utilizados 500 alevinos machos revertidos sexualmente de quatro linhagens: Tailandesa (Chitralada), Comercial, Vermelha e UFLA. Utilizaram-se os modelos Brody, logístico, Gompertz, von Bertalanffy e exponencial para os estudos de crescimento e deposição. Para o estudo alométrico, utilizou-se o modelo de Huxley. No estudo do desenvolvimento ponderal e morfométrico, o modelo exponencial foi o único que convergiu e se ajustou adequadamente à variável peso corporal e a todas variáveis morfométricas para todas as linhagens, com exceção da medida L2, na qual o melhor modelo foi o von Bertalanffy. A linhagem UFLA foi a que apresentou menor valor ($P < 0,05$) para o parâmetro “*a*” (peso médio inicial estimado), 8,71 g e o maior ($P < 0,05$) para o parâmetro “*k*” (taxa de crescimento específico), 0,0127, quando comparada às demais linhagens avaliadas. No entanto, o maior “*k*” da linhagem UFLA não foi suficiente para superar o peso final observado da linhagem Comercial (603,1 g), que foi superior ($P < 0,05$) a todas as outras linhagens. Quanto ao crescimento morfométrico, houve diferenças significativas ($P < 0,01$) para os parâmetros “*a*” e “*k*” entre todas as linhagens avaliadas, com exceção da L2, na qual não houve diferenças significativas quanto aos parâmetros “*A*”, “*B*” e “*k*”. Em relação ao crescimento alométrico, o estudo das vísceras, nadadeiras, carcaça, cabeça, filé e resíduos foi feito em conjunto para todas as linhagens avaliadas, uma vez que não houve diferenças ($P > 0,05$) entre os parâmetros da equação de Huxley das linhagens avaliadas. No entanto, houve diferenças ($P < 0,05$) entre os parâmetros do modelo de Huxley para as linhagens Vermelha, UFLA, Tailandesa e Comercial com relação à variável pele, sendo necessária uma equação para o estudo alométrico das linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial e outra equação para o estudo alométrico da linhagem Vermelha. O crescimento alométrico de carcaça, filé e resíduos foi tardio ($b > 1$). As vísceras e as nadadeiras tiveram desenvolvimento precoce ($b < 1$) em relação ao corpo. A cabeça apresentou um mesmo padrão de crescimento alométrico do corpo ($b = 1$). Em relação à pele, o coeficiente alométrico estimado em conjunto para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial não diferiu de 1 ($b = 1$). Para a linhagem Vermelha, a pele cresceu proporcionalmente mais rápido em relação ao corpo ($b > 1$). No tocante ao estudo da deposição química de componentes corporais, houve ajuste apenas do modelo

exponencial para a água, tendo as linhagens UFLA e Comercial sido as que depositaram numa velocidade mais rápida ($P < 0,05$) em relação às demais linhagens. Quanto à proteína, a linhagem vermelha foi a que obteve peso máximo ou assintótico menor e foi mais precoce (202 dias), quanto à deposição máxima em relação às outras linhagens (337 dias). Não houve diferença ($P > 0,05$) dos parâmetros do modelo logístico entre as linhagens Vermelha, UFLA e Comercial para extrato etéreo. Estas linhagens tiveram deposição máxima de extrato etéreo (0,23 g) aos 310 dias de idade. Em relação à deposição de cinzas, a linhagem Comercial teve maior deposição máxima (0,10 g) e aos 337 dias de idade, sendo mais tardia em relação às outras linhagens, que obtiveram deposição máxima de 0,033 g, aos 254 dias de idade. Portanto, conclui-se que as linhagens genéticas avaliadas diferem quanto ao desenvolvimento ponderal, morfométrico, alométrico e quanto à deposição química corporal ao longo do desenvolvimento.

Palavras-chave: Aquicultura. Peixe. Modelos não-lineares. Crescimento.

ABSTRACT

The objective was to provide new information to the scientific community about the weight development, morphometric, allometric and body chemical deposition of tilapia from different strains. The experiment was carried out at the Federal University of Lavras fish station for a period that included the autumn, winter and spring. 500 all male fingerlings of four tilapia strains were used: Thai (Chitralada), Commercial, Red and UFLA. Brody, logistic, Gompertz, von Bertalanffy and exponential model were used for growth and deposition studies. For the allometric the Huxley model was used. In the study of morphometric and weight development, only the exponential model converged, properly adjusting the weight and morphometric measurements for all strains, except as L2, in which the best model was the von Bertalanffy. The UFLA strain had the lowest value ($P < 0.05$) for the “ a ” (initial estimate weight), 8.71 g, and the higher ($P < 0.05$) for the parameter “ k ” (specific growth rate), 0.0127 when compared to other evaluated strains. However, the highest specific growth rate of UFLA strain was not enough to overcome the final weight observed for Commercial strain (603.1 g) which was higher ($P < 0.05$) to all other strains. Regarding the morphometric growth, significant differences ($P < 0.01$) were observed for the parameters “ a ” and “ k ” of all tested strains, with the exception of L2. In respect to the allometric growth, the study of the viscera, fins, carcass, head, fillet and waste was made along for all the strains evaluated, since there were no differences ($P > 0.05$) between the strains Huxley equation parameters. However, there were significant differences ($P < 0.05$) between the model Huxley parameters for the strains Red, UFLA, Thai and Commercial with respect to variable skin, requiring an allometric equation for the study of the Thai, UFLA and Commercial strains and other allometric equation for the study of the Red strain. The allometric growth of the carcass, fillet and filleting remnants was late ($b > 1$). The viscera and fins had an early development ($b < 1$) in relation to the body. The head showed the same standard of allometric growth of the body ($b = 1$). On the skin, the allometric coefficient estimated along to the strains Thai, UFLA Commercial did not vary from 1 ($b = 1$). For the Red strain, the skin grew proportionally faster in relation to body ($b > 1$). Regarding the study of body chemical components deposition, only the exponential model fit for water, and the Commercial and UFLA strains deposited at a faster speed ($P < 0.05$) compared with other strains. For protein, the red line has been obtained earlier asymptotic weight (202 days) compared with other strains (337 days). No significant differences ($P > 0.05$) of the logistic model parameters among Red, UFLA and Commercial strains was observed for lipids. These strains showed a maximum deposition of lipids (0.23 g) to 310 days old. Regarding ashes deposi-

tion, the Commercial strain had a higher maximum deposition (0.10 g) at the 337 days, and later for the other strains, that had maximum deposition (0.033g) to 254 days old. Thus, the genetic strains evaluated differ in the weight development, morphometric, allometric, and body chemical deposition along the growth.

Keywords: Aquaculture. Fish. Nonlinear models. Growth.

1 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento animal vem se tornando um dos principais assuntos de estudos, nos últimos anos, por parte de pesquisadores. Algumas informações para tentarmos entender o fenômeno “crescimento” já existem na literatura. Por exemplo, se sabe que, na maioria dos animais, os eucariontes, o primeiro tecido a se desenvolver é o tecido nervoso, seguido dos tecidos ósseo, muscular e adiposo. Sabe-se também que os constituintes químicos corporais em maior proporção são água, proteína, gordura e minerais. Outra informação importante acerca do crescimento, mas que ainda é escassa no que diz respeito a peixes, é o estudo da alometria, no qual se objetiva entender como as partes de um corpo cresce em relação ao todo.

Na atualidade, com os avanços da informática e com a possibilidade de aplicar técnicas estatísticas que manualmente eram impossíveis, estamos interessados em conhecer outros aspectos do crescimento, como, por exemplo, em que idade uma espécie alcança o peso à maturidade, em qual idade ocorre a deposição máxima de um determinado componente químico e qual a deposição diária de um componente químico, entre outros aspectos.

A compreensão de como os animais crescem e depositam os nutrientes ao longo da vida é essencial para a elaboração de técnicas de produção mais eficientes, a fim de satisfazer todo o elo da cadeia produtiva (produtor, indústria e consumidor).

A tilápia é a segunda espécie mais produzida no mundo e, provavelmente, será a fonte de proteína mais barata a ser distribuída à população, devido ao ótimo custo-benefício de sua produção, comparada à de outras espécies aquícolas.

No Brasil, como as linhagens Tailandesa e uma proveniente do programa

Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT) são as mais produzidas, e como as linhagens Vermelha e UFLA são produtos em potencial para a produção, é interessante que existam trabalhos a fim de estudá-las e compará-las quanto ao crescimento, mesmo porque informações sobre o crescimento tanto para tilápias quanto para peixes, de modo geral, são escassas na literatura.

Nesse sentido, o presente estudo foi realizado com os objetivos de avaliar quatro linhagens de tilápias quanto ao desenvolvimento ponderal, morfométrico e alométrico e estudar a deposição química corporal ao longo do desenvolvimento.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Linhagens Avaliadas

O nome tilápia deriva da palavra africana *bushman* que significa “peixe” (TREWAVAS, 1982).

Tilápias são peixes de água doce pertencentes à família Cichlidae, nativas da África e introduzidas em muitas regiões tropicais, subtropicais e as regiões temperadas do mundo, durante a segunda metade do século XX (PILLAY, 1990).

A tilápia-do-nilo (*Oreochromis niloticus*) foi oficialmente introduzida no Brasil, em 1971, pela Departamento Nacional de Obras Contra as Secas (DNOCS), visando à produção de alevinos para o peixamento dos reservatórios públicos da região nordeste e para fomento do cultivo (KUBITZA, 2003).

Há duas décadas foi introduzida no Brasil a linhagem Tailandesa (descendente da tilápia-do-nilo), que foi levada do Egito ao Japão e melhorada no palácio real de Chitralada, na Tailândia (SANTOS et al., 2007).

Outra linhagem de grande destaque no Brasil é comercial e derivada da Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT), produto do mais longo programa

de melhoramento de tilápias que foi executado nas Filipinas, desde o final dos anos 1980 até o final da década de 1990, num consórcio das Nações Unidas, do Banco de Desenvolvimento Asiático e diversas instituições de ensino e pesquisa do sudoeste asiático (ZIMMERMANN, 1999).

As tilápias-vermelhas originais eram mutantes genéticos. As primeiras foram produzidas em Taiwan, no final da década de 1960, do cruzamento entre uma fêmea mutante laranja-prata-vermelho de tilápia-de-moçambique e um macho normal de tilápia-do-nilo, tendo sido chamadas de tilápia-vermelha-taiwanesa. Outra linhagem de tilápia-vermelha foi desenvolvido na Flórida, na década de 1970, pelo cruzamento de uma fêmea com coloração normal de tilápia-de-zanzibar com uma tilápia-de-moçambique-vermelho-ouro. Uma terceira linhagem de tilápia-vermelha foi desenvolvido em Israel, a partir de uma tilápia-do-nilo-rosa-mutante cruzada com a tilápia-azul-selvagem. Todas as três linhagens originais foram cruzados com outras tilápias-vermelhas de origem não conhecida ou com espécies *Oreochromis* selvagens. Conseqüentemente, a maioria das tilápias vermelhas nas Américas é mosaico (mistura) de origem incerta (POPMA; MASSER, 1999).

A linhagem UFLA é proveniente do plantel do Setor de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG, mantida sob acasalamento ao acaso e sem seleção desde o início da década de 1970 e formada a partir de tilápias-nilóticas de diferentes origens (principalmente da linhagem Bouaké) (FREATO, 2009). Após 40 anos de isolamento, cultivo, reprodução e disseminação daquela população de tilápias-nilóticas, obteve-se o surgimento desta linhagem chamada de UFLA.

2.2 Modelos de crescimento

Atualmente, diversos trabalhos têm sido realizados avaliando o crescimento de diferentes espécies, raças, sexo e indivíduos, entre outros, utilizando funções não-lineares que descrevam o comportamento dos dados ao longo de um determinado período de avaliação. A utilização da maioria dessas funções é importante, pois elas sintetizam informações de todo o período de vida dos animais, ou seja, um conjunto de informações em série de peso por idade, em um pequeno conjunto de parâmetros interpretáveis biologicamente, facilitando, assim, o entendimento do fenômeno (OLIVEIRA; LÔBO; PEREIRA, 2000).

Os modelos não-lineares podem ser utilizados para descrever o crescimento do animal ao longo do tempo, possibilitando avaliar os fatores genéticos e de ambiente que influenciam a forma da curva de crescimento e, desse modo, alterá-la por meio de seleção, ou seja, identificando animais com maior velocidade de crescimento, sem alterar o peso adulto, em vez de selecionar animais cada vez maiores (SARMENTO et al., 2006).

Entre as várias aplicações dos modelos de crescimento na produção animal, destacam-se: a) resumir, em três ou quatro parâmetros, as características de crescimento da população, pois alguns parâmetros dos modelos não-lineares utilizados possuem interpretabilidade biológica; b) avaliar o perfil de respostas de tratamentos ao longo tempo; c) estudar as interações de respostas das subpopulações ou tratamentos com o tempo; d) identificar em uma população os animais mais pesados em idades mais jovens; essas informações podem ser obtidas investigando-se o relacionamento entre o parâmetro k das curvas de crescimento, que expressam a taxa de declínio na taxa de crescimento relativa, e o peso limite do animal ou peso assintótico (DAVIDIAN, 1996; DRAPER; SMITH, 1980; SANDLAND; MCGILCHRIST, 1979) e e) obter a variância entre e dentro de indivíduos de grande in-

interesse nas avaliações genéticas (MANSOUR; JENSEN; JOHNSON, 1991). As aplicações de a) a d) são de interesse geral nos estudos de curvas de crescimento (FREITAS, 2005).

Dentre os modelos mais utilizados para o ajuste de dados de crescimento, destacam-se o logístico (NELDER, 1961), o Gompertz (GOMPERTZ, 1825), o Brody (BRODY, 1945) e o Von Bertalanffy (BERTALANFFY, 1957). No caso de peixes, como a maioria das espécies não alcança o peso à maturidade dentro do período determinado pelos projetos de pesquisa (um ano, por exemplo), o modelo exponencial (MALTHUS, 1798) é uma boa alternativa para avaliar os grupos quanto à velocidade de crescimento.

Vale ressaltar que, nos estudos de crescimento, pode ocorrer heterogeneidade de variância, pois, na medida em que ocorre aumento da idade, a variância dos pesos corporais também aumenta (GUEDES et al., 2004). Em casos como estes, há a necessidade de se utilizar o método dos quadrados mínimos ponderados pelo inverso da variância para a estimação dos parâmetros ou ajustar os modelos sob o enfoque de modelos lineares generalizados utilizando a família de distribuições Gamma.

Santos et al. (2007) estudaram o crescimento morfométrico das linhagens Chitralada e Comercial em função do peso, concluindo que os modelos de Gompertz e von Bertalanffy foram os que melhor se ajustaram aos dados.

Em estudo em que os pesquisadores avaliaram o crescimento do peso em função da idade de duas linhagens de tilápia (Tailandesa e Comercial), os autores concluíram que o modelo exponencial é uma boa alternativa para se avaliar o crescimento de peixes em um curto período de tempo, cuja intenção deve estar focada na comparação entre as espécies ou linhagens e não como um modelo generalizado de crescimento (SANTOS et al., 2008).

Gomiero et al. (2009) avaliaram o crescimento morfométrico de piracanjubas (*Brycon Orbignianus*) e concluíram que os modelos Brody e von Bertalanffy foram os que melhor descreveram o crescimento morfométrico dos peixes.

2.3 Método da Área Abaixo da Curva

O método da área abaixo da curva (AAC) é uma técnica vastamente utilizada na fitopatologia para avaliar o índice de severidade de determinada doença ao longo de um determinado tempo de genótipos e localidades, entre outras fontes de variação.

Os pesquisadores que propuseram esta técnica foram Shaner e Finney (1977), ao avaliarem o efeito da adubação nitrogenada sobre a expressão da resistência em trigo. A área abaixo da curva é calculada da seguinte forma:

$$\sum_{i=1}^n [(Y_{i+1} + Y_i)/2][X_{i+1} - X_i]$$

em que,

Y_i = é o crescimento da variável dependente da *i*-ésima observação;

X_i = é o tempo (dias, anos, etc.) da *i*-ésima observação;

n = é o número total de observações.

Esta metodologia utiliza todos os dados disponíveis e não obscurece a variação na taxa de crescimento. Além disso, pequenas diferenças no crescimento no início do tempo tem pouco efeito sobre AAC.

Nos estudos de crescimento animal, geralmente, o interesse é avaliar a idade e a velocidade com que o animal alcança a maturidade de uma determinada variável. A AAC permite avaliar o crescimento como um todo de diferentes grupos em avaliação. Suponhamos um experimento no qual se avaliou o crescimento de duas espécies ao longo de um determinado tempo e que foi possível ajustar aos

dados um modelo de crescimento com assíntota. Neste experimento, as espécies seriam comparadas quanto ao peso à maturidade e à velocidade de crescimento. Não seria interesse também em avaliar o crescimento das duas espécies como um todo? Sim, e a técnica da AAC é capaz de fazer esta avaliação.

Outro aspecto interessante da AAC é a possibilidade de particionar as curvas de crescimento, como, por exemplo, uma curva avaliada ao logo de um ano, em estações do ano (primavera, verão, outono, inverno), ou em períodos de seca e água, e avaliá-las como fonte de variação.

A AAC é uma variável que é avaliada comumente com a metodologia da análise de variância. É importante ressaltar que, ao utilizar esta variável, é necessária a verificação dos pressupostos da ANOVA, pois a maioria dos trabalhos que utilizam a AAC aponta falta de normalidade da mesma (CHAVES; MARTINELLI; FEDERIZZI, 2004; CORRÊA, 2007; SALGADO; CAMPOS, 2003).

2.4 Desenvolvimento Ponderal

O desenvolvimento de um animal é definido como sendo a expressão de um fluxo irreversível de eventos biológicos ao longo tempo, em que os processos são claramente ordenados, estruturados e funcionais, possibilitando a expressão progressiva de um ser altamente estruturado (GARCIA; FERNANDEZ, 2001).

O crescimento é um fenômeno biológico complexo que ainda não está completamente elucidado, em que a ação dos hormônios e de fatores externos, principalmente a nutrição, permite que os indivíduos manifestem, em magnitude variável, a sua herança genética de crescimento (ALVES, 2003).

Segundo Owens, Dubeski e Hanson (1993), o aumento da massa tecidual ocorre por multiplicação celular (hiperplasia) e por aumento celular (hipertrofia). Em animais saudáveis, deve-se considerar o crescimento como um aumento na

massa dos tecidos estruturais e órgãos, acompanhado por uma mudança na forma ou na composição, resultante do crescimento diferencial das partes que compõem o corpo do indivíduo (SANTOS et al., 2007).

Ao longo do desenvolvimento embrionário, todos os tecidos crescem por hiperplasia, no entanto, as células especializadas dos mamíferos, quando maduras, a exemplo dos tecidos nervoso, muscular e ósseo, perdem a sua capacidade de multiplicação e crescem somente por hipertrofia ou incorporação de células satélites (ALLEN; MERKEL; YOUNG, 1979).

O aumento do peso de um animal reflete o seu crescimento e é uma função básica da alimentação que o animal recebe, das condições climáticas em que se encontra, de seu estado sanitário e das características inerentes à sua genética, além de biótipo, raça, sexo, peso, idade e estado corporal (MAZZINI, 2001). A representação gráfica do peso, ou massa corporal, em relação à idade resulta na curva de crescimento (GOTTSCHALL, 1999).

2.5 Desenvolvimento Morfométrico

A morfometria é o estudo da forma e sua relação com o tamanho, sendo estudada por diversos pesquisadores, como taxonomistas, ecólogos e geneticistas com interesses diferenciados (PERES-NETO, 1995) e assim o é para os pesquisadores da área zootécnica, cujo interesse é avaliar que formato do corpo está relacionado com um melhor rendimento de carne.

A compreensão dos processos envolvidos no crescimento, como mudanças no tamanho, forma e composição corporal dos animais domésticos, é fundamental para todos os aspectos da produção animal (GOMIERO, 2005).

A forma do corpo é de grande importância na escolha dos equipamentos para pesca, estocagem (caixas, prateleiras), processamento na indústria (decapita-

ção, evisceração, resfriamento) e no rendimento da carne, quando pré-processada na forma de corpo limpo, em postas ou filés (CONTRERAS-GUZMÁN, 1994).

Gomiero et al. (2009) avaliaram o crescimento morfométrico de piracanjubas (*Brycon Orbignianus*) e concluíram que esta espécie apresenta maiores taxas de crescimento em comprimento de cabeça e largura do que em comprimento padrão e altura, atingindo o comprimento de cabeça e largura máxima em peso corporal menor do que o comprimento padrão e altura.

Santos et al. (2007) estudaram diferentes modelos para o crescimento morfométrico das linhagens de tilápia Chitralada e Comercial. Os autores encontraram, para a linhagem Chitralada, um valor assintótico ou máximo de 8,36 cm para o comprimento da cabeça, utilizando o modelo de Brody e um valor máximo de 7,87 cm para a mesma característica, utilizando o modelo Logístico.

2.6 Desenvolvimento Alométrico

Uma das consequências do crescimento é, sem dúvida, a alteração das proporções lineares em relação à área e ao volume (PERES-NETO, 1995).

Galileo foi o primeiro a observar a importância das alterações proporcionais diferenciadas em organismos vivos (THOMPSON, 1917). As estas alterações nas proporções de um organismo ao longo do crescimento denominou-se alometria (PERES-NETO, 1995).

O estudo alométrico do crescimento permite estimar o padrão de desenvolvimento dos cortes de importância econômica nos animais (FURUSHO-GARCIA et al., 2006).

O conhecimento das modificações que ocorrem durante o período de crescimento são importantes, uma vez que o valor dado ao animal com aptidão para carne depende das mudanças que se produzem nesse período (SANTOS et al.,

2001)

Segundo Weatherley e Gill (1987), o estudo alométrico tem valor considerável para os pesquisadores em piscicultura que estão preocupados com ótimas estratégias de cultivo ou produção de peixes. A função poder, definida como $Y = aX^b$, que o pesquisador Huxley (1932) utilizou com fins alométricos, permite realizar uma descrição quantitativa adequada do crescimento de regiões e tecidos em relação a outros e ao organismo como um todo, descrevendo uma relação curvilínea entre o crescimento da maioria dos tecidos (SANTOS, 1999).

2.6.1 Modelo alométrico: Há a necessidade de linearização?

Inúmeros trabalhos (artigos, teses, dissertações, etc.) que trabalham com alometria, principalmente na área zootécnica, estão estimando o coeficiente de alometria por meio do modelo linearizado da função poder (que erroneamente chamam de modelo/equação de Huxley), com a justificativa de que esta função tenha um erro multiplicativo. Esclarecendo, uma função é uma lei segundo a qual para cada elemento x em um conjunto D faz corresponder exatamente um elemento $f(x)$ em um conjunto Y . Essa definição pode ser encontrada em qualquer livro do ensino básico. Percebam que nenhuma referência é feita acerca do “erro”, o que já é esperado, uma vez que o “erro” é uma “suposição” estatística e não matemática. Portanto, nenhuma função matemática é composta por um “erro”. Quando estamos interessados em fazer inferências para uma população por meio de uma função matemática, aí sim, neste caso, adicionamos um “erro”, que é atribuído a uma variação ao acaso àquela função, cujo “erro” é “suposto” ser aditivo, por uma série de conveniências teóricas que não será abordada aqui, por não ser objeto deste estudo. Logo, qualquer função, seja ela linear ou não-linear, é representada da seguinte maneira:

$$y = f(x; \theta) + \varepsilon$$

Que, no nosso caso, pode ser escrita como

$$y = ax^b + \varepsilon$$

É importante esclarecer que pode acontecer de os “erros” serem multiplicativos pela própria natureza dos dados e cuja constatação é possível por meio de uma análise de resíduos, mas que, de antemão, ou a priori, este erro é suposto ser aditivo.

Nos dias atuais, com os avanços da informática e a disponibilidade de softwares para análises estatísticas, segundo Seber e Wild (1989), os quais podem ser consultados para maiores detalhes do que foi discutido, há três principais razões que motivam a transformação: em primeiro lugar, para alcançar linearidade; em segundo, para obter os erros que são aproximadamente normalmente distribuídos e, em terceiro lugar, para conseguir uma variância constante. O objetivo principal da linearidade é a facilidade de estimação dos parâmetros que, há três décadas, se justificava, uma vez que os cálculos eram feitos manualmente. O problema da variância dos erros não-constantes pode ser abordado por meio da ponderação. Logo, encontrar uma transformação de linearização não é um fator preponderante.

2.7 Deposição química de componentes corporais

O crescimento animal é caracterizado pela hiperplasia (aumento no número de células) e pela hipertrofia (aumento no diâmetro das células), que podem ser afetadas por vários fatores, tais como espécies, condições ambientais, tamanho do peixe, nível de proteína da dieta e taxa de alimentação (OGATA; SHEARER,

2000). O crescimento hipertrófico varia com a taxa de crescimento somático nas diferentes fases da vida, ocasionada, principalmente, pela deposição de água, proteína, gordura e minerais, que alteram o tamanho das células e, conseqüentemente, o tamanho dos animais.

Os órgãos ou tecidos apresentam diferentes taxas e velocidades de crescimento e maturação, influenciados pelo nível nutricional, ocorrendo, por ordem prioritária, o crescimento dos tecidos nervoso, ósseo, muscular e adiposo. O aumento do peso de um animal reflete o seu crescimento e ocorre por retenção de água, proteína, gordura e minerais, em quantidades variáveis. É uma função básica da alimentação que o animal recebe, das condições climáticas em que se encontra, de seu estado sanitário e das características inerentes à sua genética, biótipo, raça, sexo, peso, idade e estado corporal (GOTTSCHELL, 1999).

Segundo Berg e Butterfield (1976), há um paralelismo entre os modelos de crescimento dos componentes químicos, como água, proteína, gordura e cinzas, e dos fisicamente separados, como músculo, gordura e ossos; aproximadamente 50% da água e proteína corporais estão no músculo e a gordura, nos depósitos de gordura. Além disso, o crescimento muscular se revela pelo aumento da água e de proteína do corpo. Os tecidos musculares contêm certas quantidades de gordura, assim como proteína, água e cinzas, e o tecido adiposo não está composto exclusivamente por gordura, ocorrendo a presença também de proteína e água (SANTOS et al., 2008).

Nos animais, a deposição de proteína está relacionada diretamente com o crescimento e, em peixes, este nutriente é de suma importância, uma vez que as utilizam mais eficientemente como fonte de energia, quando comparada aos glicídios e lipídios, e por representar cerca de 65%-70% do peso corporal na matéria seca.

Alguns estudos com peixes comparando o crescimento ponderal entre linhagens (HERBING; BOUTILIER, 1996; SANTOS et al., 2008; SVASAND et al., 1996) foram realizados, mostrando que as curvas de crescimento são distintas entre as linhagens. Deste modo, é provável que os diferentes constituintes corporais também apresentem diferentes curvas de crescimento. No entanto, não foram encontrados, na literatura consultada, estudos que demonstrassem a forma de crescimento destes constituintes químicos para diferentes linhagens de tilápia.

Em aves de corte, Marcato et al. (2009) demonstraram que machos das linhagens Ross e Cob apresentaram diferentes taxas de crescimento ponderal, o que, provavelmente, foi resultado das diferentes taxas de deposições de proteína e gordura observadas neste estudo para estas linhagens. Neme et al. (2006) trabalhando com aves de postura, também encontraram diferenças entre linhagens quanto às taxas de deposição de água, proteína, gordura e cinzas.

O estudo da deposição dos tecidos corporais em função da idade ao longo do crescimento dos animais é de extrema importância para o entendimento de como os animais crescem e depositam seus tecidos, possibilitando a elaboração de programas nutricionais mais adequados (NEME et al., 2006).

REFERÊNCIAS

- ALLEN, R. E.; MERKEL, R. A.; YOUNG, R. B. Cellular aspects of muscle growth: myogenic cell proliferation. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.49, n.2, p.115–118, 1979.
- ALVES, D. D. Crescimento compensatório em bovinos de corte. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinária**, v.98, n.546, p.61–67, 2003.
- BERG, R. T.; BUTTERFIELD, R. M. **New concepts of cattle growth**. Sydney: Sydney University, 1976. 240 p.
- BERTALANFFY, L. V. Quantitative laws in metabolism and growth. **The Quartely Review of Biology**, New York, v.32, p.217–230, 1957.
- BRODY, S. **Bioenergetics and growth: with special reference to the efficiency complex of domestic animals**. New York: Hafner, 1945. 1023 p.
- CHAVES, M. S.; MARTINELLI, J. A.; FEDERIZZI, L. C. Resistência Quantitativa à Ferrugem da folha em genótipos de Aveia Branca: I – Caracterização da reação em condições de campo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.9, n.1, p.39–46, mar. 2004.
- CONTRERAS-GUZMÁN, E. **Bioquímica de pescados e derivados**. Jaboticabal: FUNEP, 1994. 409 p.
- CORRÊA, F. **Metodologia de avaliação e seleção de genótipos de tomate (*Solanum sp.*), resistentes a requeima, causada por *Phitophthora infestans* (Mont.) de Bary**. 2007. 55 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2007.
- DAVIDIAN, M.; D.M., G. **Nonlinear models for repeated measurement data**. London: Chapman & Hall, 1996. 359 p.

DRAPER, N.; SMITH, H. **Applied regression analysis.** New York: Wiley, 1980 709 p.

FREATO, T. **Interação entre linhagem e plano nutricional em diferentes sistemas de cultivo de tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*).** 2009. 136 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

FREITAS, A. D. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.34, n.3, p.786–795, maio/jun. 2005.

FURUSHO-GARCIA, I. F. et al. Estudo alométrico dos cortes de cordeiros Santa Inês puros e cruzas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.4, p.1416–1422, jul./ago. 2006.

GARCIA, S.; FERNANDEZ, C. **Embriologia.** 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2001. 416 p.

GOMIERO, J. S. G. **Curvas de crescimento morfométrico e alométrico de piracanjuba (*Brycon orbignyanus*).** 2005. 45 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.

GOMIERO, J. S. G. et al. Curvas de crescimento morfométrico de piracanjuba (*Brycon orbignyanus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.33, n.3, p.882–889, maio/jun. 2009.

GOMPERTZ, B. On the nature of the function expressive of the law of human mortality. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, London, v.36, p.513–585, 1825.

GOTTSCHALL, C. S. Impacto nutricional na produção de carne-curva de crescimento. In: LOBATO, J. F. P.; BARCELLOS, J. O. J.; KESSLER, A. M., (Ed.). **Produção de bovinos de corte**, Porto Alegre: EDIPUCRS, 1999. p. 169-192.

GUEDES, M. H. P. et al. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das Raças Santa Inês e Bergamácia considerando heterogeneidade de variâncias. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.28, n.2, p.383–390, mar/abr. 2004.

HERBING, L. H. von; BOUTILIER, R. G. Activity and metabolism of larval Atlantic cod (*Gadus morhua*) from Scotian Shelf and Newfoundland source populations. **Marine Biology**, Berlin, v.124, n.4, p.607–617, Feb. 1996.

HUXLEY, J. **Problems of relative growth**. London: Methuen, 1932. 276 p.

KUBITZA, F. A evolução da tilapicultura no Brasil: produção e mercados. **Panorama da Aquicultura**, Rio de Janeiro, v. 76, n.76, p.25–35, mar./abr. 2003.

MALTHUS, T. **An essay on the principle of population**. London: J. Johnson, 1798. 126 p.

MANSOUR, H.; JENSEN, E.; JOHNSON, L. Analysis of covariance structure of repeated measurements in holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.74, n.8, p.2757–2766, Aug. 1991.

MARCATO, S. M. et al. Crescimento e deposição de nutrientes nas penas, músculo, ossos e pele de frangos de corte de duas linhagens comerciais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.33, n.4, p.1159–1168, jul./ago. 2009.

MAZZINI, A. R. A. **Análise da curva de crescimento de machos Hereford considerando heterogeneidade de variâncias e autocorrelação dos erros**. 2001. 94 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **Biometrics**, Washington, v.17, p.89–94, 1961.

Tabela 1 Peso médio (desvio padrão) de cada linhagem em cada idade.

Idade (dias)	Linhagens		Idade (dias)	Linhagens	
	UFLA	Vermelha		Comercial	Tailandesa
85	22,45(4,69)	32,61(8,92)	86	35,45(9,13)	30,09(9,19)
104	28,59(6,15)	41,21(10,68)	109	58,70(15,92)	49,70(14,95)
127	51,65(14,64)	70,75(28,14)	132	106,55(22,25)	66,65(28,20)
150	98,75(14,88)	105,50(32,01)	158	103,40(31,35)	64,05(15,33)
176	92,15(25,28)	88,80(46,60)	184	124,05(28,87)	74,25(37,55)
202	106,60(27,08)	121,80(50,35)	220	209,60(66,59)	162,05(49,47)
238	159,90(43,36)	144,55(78,76)	254	323,45(54,04)	211,10(85,97)
272	248,75(78,38)	232,95(82,59)	276	378,60(54,01)	296,65(74,95)
294	375,50(40,34)	271,55(79,31)	310	560,00(92,05)	349,20(123,79)
328	486,75(104,54)	462,15(118,20)	337	624,70(111,70)	440,10(111,43)

Durante o período experimental, os níveis de oxigênio dissolvido (OD) e a temperatura da água dos tanques de cultivo foram monitorados diariamente (no início da manhã e no final da tarde).

As medidas métricas avaliadas foram: comprimento padrão (CP), comprimento da cabeça (CC), altura da cabeça (AC), altura medida à frente do 1º raio da nadadeira dorsal (A1), altura medida à frente do 1º raio da nadadeira anal (A2), altura medida na menor circunferência do pedúnculo (A3), distância da extremidade do opérculo até o 1º raio da nadadeira anal (D1), do 1º raio da nadadeira anal até a menor circunferência do pedúnculo (D2), largura do corpo medida à frente do 1º raio da nadadeira dorsal (L1), largura do corpo medida à frente do 1º raio da nadadeira anal (L2) e largura do corpo medida à frente da circunferência anterior do pedúnculo (L3).

O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, considerando cada peixe como unidade experimental. No entanto, como poderia haver suspeita

culina (tratada com 17α -metiltestosterona) foram cultivados separadamente em 4 tanques de alvenaria com 56 m^3 e alimentados duas vezes ao dia, com uma ração comercial com os níveis nutricionais de acordo com a fase de vida dos peixes (42%, 32% e 28% de proteína para as fases de alevinagem, 10–100 g; crescimento, 100 – 300 g e terminação, 300 – 600 g, respectivamente). A quantidade diária foi fornecida de acordo com a biomassa dos tanques, variando de 7% na primeira semana a 4% na última. As densidades de estocagem inicial e final (desconsiderando a mortalidade observada no período) foram, respectivamente, de 8,92 e 5,36 peixes m^{-3} .

Mensalmente, foram retiradas amostras aleatórias de 20 peixes de cada linhagem que, após jejum de 48 horas, foram abatidos por meio da secção da medula seguida de sangria das brânquias e pesados com auxílio de balança semianalítica graduada em gramas (g). É importante ressaltar que as amostras não foram devolvidas pois foram utilizadas para outros estudos. O peso médio e o desvio padrão em cada idade para cada linhagem estão descritos na Tabela 1.

indústria, e no rendimento da carne, quando pré-processada na forma de corpo limpo, postas ou filés.

Diversos são os modelos descritos na literatura para descrever tanto o crescimento animal quanto vegetal. Dentre eles, os modelos exponencial (MALTHUS, 1798), logístico (NELDER, 1961), Gompertz (GOMPertz, 1825), Brody (BRODY, 1945) e von Bertalanffy (BERTALANFFY, 1957) são os mais utilizados.

Ainda que as linhagens de tilápia produzidas no Brasil tenham nichos comerciais distintos, o padrão de crescimento diferenciado torna as comparações inevitáveis, fazendo com que alguns trabalhos tenham surgido nesse sentido. Vários são os trabalhos nos quais se estudou a relação das características de carcaça com medidas morfométricas do peixe, mas pouco foram os que avaliaram o crescimento ponderal e das formas do corpo ao longo do desenvolvimento do animal.

Neste sentido, objetivou-se avaliar o crescimento ponderal e morfométrico de linhagens de tilápias por meio de modelos não-lineares e com o auxílio da técnica da área abaixo da curva de crescimento.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Estação de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG, por um período que compreendeu as estações de outono, inverno e primavera.

Foram avaliadas, neste trabalho, as linhagens de tilápia Chitralada (Tailandesa); uma linhagem comercial geneticamente melhorada (Comercial); uma linhagem de tilápia-vermelha (Vermelha) e uma linhagem de tilápia-nilótica mantida no setor de piscicultura da UFLA desde 1970.

Inicialmente, 500 alevinos provenientes de uma população monosexo mas-

1 INTRODUÇÃO

Rusticidade, resistências a doenças, qualidade da carne e, principalmente, o rápido crescimento são características que colocam a tilápia como uma das espécies de peixe mais cultivadas no mundo. O crescimento da tilapicultura, juntamente com a contínua intensificação dos sistemas de cultivo, resulta na busca constante por linhagens mais adaptadas e de desempenho superior.

Atualmente, no Brasil, o cultivo de três linhagens de tilápia é notório em todo o território brasileiro, cada qual com peculiaridades que permitem ter o seu próprio mercado consumidor. A linhagem tailandesa foi uma das primeiras introduzidas no Brasil, se destacando pela rusticidade e pelo bom desempenho; a linhagem geneticaly improved farmed tilapia (GIFT), desenvolvida nas Filipinas e atualmente melhorada pela Universidade Estadual de Maringá, se destaca pelo alto desempenho e a linhagem vermelha, produzida por algumas empresas, se destaca por ser mais atrativo aos olhos do consumidor, por possuir pele com coloração clara.

Estudos como o do desenvolvimento ponderal são importantes para os pesquisadores, pois podem gerar mais conhecimento sobre eficiência de produção (FITZHUGH JUNIOR, 1976), contribuindo, assim, para aumentar o lucro dos produtores.

O estudo morfométrico em animais e plantas não é recente e o interesse em pesquisar as formas, particularmente em peixes, é importante devido ao fato de algumas medidas morfométricas terem relação com o peso da carcaça e do filé, como destacaram Gonçalves et al. (2001) e Santos (2004).

Segundo Contreras-Guzmán (1994), o estudo da forma do corpo é imprescindível na escolha de equipamentos para pesca, estocagem, processamento na

Abstract: Morphometric and weight growth of different strains of tilapia *Oreochromis niloticus*

The study aim was to evaluate the morphometric and weight growth of strains of tilapia (Thai, Red, UFLA and Commercial) by means of nonlinear models. Initially, 500 all male fingerlings of each strain, with 85 (Red and UFLA) and 86 (Thai and Commercial) days old, were stocked separately in raceways with $56m^3$. Monthly 20 fish of each strain were randomly sampled, weighed and measured. Five non-linear models (Brody, von Bertalanffy, Gompertz, logistic and exponential) were tested, choosing one that best fit to the data. The exponential model had the best fit to weight and morphometric data, with the exception of L2 in which the best fitted model was the von Bertalanffy. The convergence of the exponential model to data is indicative that the cultivation period studied was not enough for the strains reaching maturity weight. The line UFLA presented the lowest value ($P < 0.05$) for the parameter “ a ” (initial weight estimate), 8.71 g, and the highest ($P < 0.05$) for the parameter k (specific growth rate), 0.0127 when compared to other evaluated strains. However, the highest k of UFLA strain was not enough to overcome the final weight observed for the Commercial strain (603.1 g) which was higher ($P < 0.05$) to all other strains. Regarding the morphometric measurements, the strain UFLA also had the highest k ($P < 0.05$) for the variables CP, CC, AC, A1, A2, A3 and D2, and k similar to Commercial and Thai strains for the variables D1 and L3 respectively. It is concluded that the strains differ in the weight and morphometric growth.

Keywords: Aquaculture. Non-linear models. Growth rate relative. Growth rate absolute.

Crescimento ponderal e morfométrico de diferentes linhagens de tilápias

Oreochromis niloticus

Resumo

Objetivou-se avaliar o crescimento ponderal e morfométrico de linhagens de tilápia (Tailandesa, Vermelha, UFLA e Comercial) por meio de modelos não-lineares. Inicialmente, 500 alevinos monossexo masculino de cada linhagem, com 85 (Vermelha e UFLA) e 86 (Tailandesa e Comercial) dias de idade, foram estocados isoladamente, em tanques de alvenaria com 56 m³. Mensalmente, 20 peixes de cada linhagem foram aleatoriamente amostrados, pesados e medidos. Testaram-se cinco modelos não-lineares (Brody, von Bertalanffy, Gompertz, Logístico e exponencial), escolhendo-se aquele que melhor se ajustou aos dados. O modelo exponencial foi o único que convergiu e se ajustou adequadamente aos dados de peso e medidas métricas, com exceção de L2, no qual o melhor modelo ajustado foi o von Bertalanffy. A linhagem UFLA foi a que apresentou menor valor ($P < 0,05$) para o parâmetro “a” (peso médio inicial estimado) 8,71 g e o maior ($P < 0,05$) para o parâmetro “k” (taxa de crescimento específico), “0,0127”, quando comparada às demais linhagens avaliadas. No entanto, o maior valor de “k” da linhagem UFLA não foi suficiente para superar o peso final observado para da linhagem Comercial (603,1 g), que foi superior ($P < 0,05$) a todas as outras linhagens. Em relação às medidas morfométricas, a linhagem UFLA também obteve o maior “k” ($P < 0,05$) para as variáveis CP, CC, AC, A1, A2, A3 e D2, e valores de “k” semelhante aos das linhagens Comercial e Tailandesa, para as variáveis D1 e L3, respectivamente. Conclui-se que as linhagens diferem quanto ao crescimento ponderal e morfométrico.

Palavras-chave: Aquicultura. Modelos não-lineares. Taxa de crescimento relativo. Taxa de crescimento absoluto.

**ARTIGO 1: Crescimento ponderal e morfométrico de diferentes linhagens
de tilápias *Oreochromis niloticus***

TREWAVAS, E. Tilapias: taxonomy and speciation. In: INTERNATIONAL CENTER FOR LIVING AQUATIC RESOURCES MANAGEMENT, 7., 1982, Manila. **Proceedings...**Manila: ICLARM, 1982. p.3-13.

WEATHERLEY, A.; GILL, H. **The biology of fish growth**. London: Academic, 1987. 443 p.

ZIMMERMANN, S. Um moderno instrumental genético no melhoramento e na rastreabilidade de tilápias nilóticas. **Panorama da Aquicultura**, Rio de Janeiro, v.13, n.76, p.69-71, 1999.

SANTOS, C. L. **Estudo do desempenho, das características da carcaça e do crescimento alométrico de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia.** 1999. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

SANTOS, C. L. D. et al. Crescimento alométrico dos tecidos ósseo, muscular e adiposo na carcaça de cordeiros Santa Inês e Bergamácia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.30, n.2, p.493–498, mar./abr. 2001.

SANTOS, V. B. et al. Avaliação de curvas de crescimento morfométrico de linhagens de tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.5, p.1486–1492, set./out. 2007.

_____. Exponential growth model of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) strains considering heteroscedastic variance. **Aquaculture**, Amsterdam, v.274, n.1, p.96–100, Jan. 2008.

SARMENTO, J. L. R. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.2, p.435–442, mar./abr. 2006.

SEBER, G. A. F.; WILD, C. J. **Nonlinear Regression**. New York: J. Wiley, 1989. 752 p.

SHANER, G.; FINNEY, R. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing in knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v.70, p.1183–1186, 1977.

SVASAND, T. et al. Differences in growth performance between Arcto-Norwegian and Norwegian coastal cod reared under identical conditions. **Jornal of Fish Biology**, London, v.49, n.1, p.108–119, July 1996.

THOMPSON, D. W. **On Growth and Form**. London:Cambridge University, 1917. 820 p.

NEME, R. et al. Curvas de crescimento e de deposição dos componentes corporais em aves de postura de diferentes linhagens. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.3, p.1091–1100, maio/jun. 2006.

OGATA, H.; SHEARER, K. Influence of dietary fat and adiposity on feed intake of juvenile red sea bream *Pargus major*. **Aquaculture**, Amsterdam, v.189, n. 3/4, p.237–249, Oct. 2000.

OLIVEIRA, H.; LÔBO, R.; PEREIRA, C. Comparison of nonlinear models to describe the growth of female Guzera. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1843–1851, set. 2000.

OWENS, F. N.; DUBESKI, P.; HANSON, C. F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.71, n. 11, p.3138–3150, Nov. 1993.

PEREZ-NETO, P. R. Introdução a análises morfométricas. In: PERES-NETO, P. R. et al. (Ed.). **Tópicos em tratamento de dados Biológicos**. Rio de Janeiro: Oecologia Brasiliensis, 1995. v.2, p.57–89.

PILLAY, T. **Aquaculture principles and practices**. Oxford: Blackwell Science, 1990. 575 p.

POPMA, T.; MASSER, M. Tilapia: life history and biology. **Southern Regional Aquaculture Center**, Stoneville, n.283, p.4–6, 1999.

SALGADO, S. M. L.; CAMPOS, V. P. Ecloração e mortalidade de meloidogyne exigua em extratos e em produtos naturais. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.28, n.2, p.166–170, mar./abr. 2003.

SANDLAND, R. L.; MCGILCHRIST, C. A. Stochastic growth curve analysis. **Biometrics**, Washington, v.35, n.1, p.255–271, 1979.

de covariância entre as unidades experimentais ($\text{Cov}(\varepsilon_{ij}, \varepsilon_{i'j'}) \neq 0$), foi utilizada a estatística de Durbin-Watson para certificar-se de que a covariância foi zero.

A estimação dos parâmetros de crescimento das linhagens foi realizada por meio de análises de regressão não-linear do peso e medidas métricas em função da idade, testando os modelos de crescimento de Brody, Gompertz, von Bertalanffy, logístico e exponencial (Tabela 2). As funções foram avaliadas e escolhidas por meio do coeficiente de determinação (R^2) e do quadrado médio do erro (QME), fixando $\alpha = 0,01$.

O ajuste dos modelos para a variável peso corporal foi realizado por meio do método dos quadrados mínimos ponderados pelo inverso da variância de diferentes idades em diferentes linhagens, uma vez que as mesmas aumentaram com o aumento da idade (Figura 1). No caso das medidas métricas não foi necessário o uso da ponderação no ajuste dos modelos, uma vez que as variâncias não aumentaram com o aumento da idade.

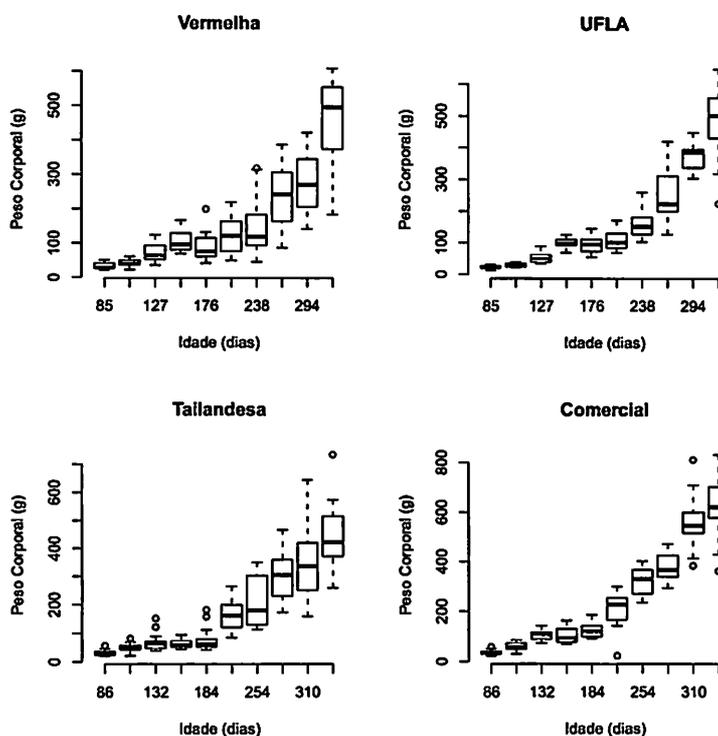


Figura 1 Box-plot do peso corporal em função da idade das linhagens Vermelha, UFLA, Tailandesa e Comercial.

Utilizou-se a função “nls” do pacote “stats” para o ajuste dos modelos não-lineares. Com esta função, utilizou-se o argumento “weights”, para que a função fizesse o ajuste por meio dos quadrados mínimos ponderados pelo inverso da variância. O algoritmo utilizado pela função “nls” foi o “Gauss-Newton”, que é o algoritmo padrão (*default*).

Tabela 2 Modelos não lineares normalmente utilizadas para descrever o crescimento animal e para determinar a taxa de crescimento (TCA).

Modelo	Equação	TCA (g/dia)
Exponencial*	$y = ae^{\frac{t}{k}}$	-
Brody	$y = A(1 - Be^{-kt})$	$ABke^{-kt}$
Von Bertalanffy	$y = A(1 - Be^{-kt})^3$	$3ABke^{-kt}(1 - Be^{-kt})^2$
Gompertz	$y = Ae^{-Be^{-kt}}$	$ABke^{-kt}e^{-Be^{-kt}}$
Logística	$y = A(1 + Be^{-kt})^{-1}$	$ABke^{-kt}(1 + Be^{-kt})^{-2}$

* O parâmetro “a” no modelo exponencial representa o ponto que intercepta o eixo “y”

Os parâmetros “A” e “k” dos modelos apresentados na Tabela 2 tem importantes interpretações biológicas. O parâmetro “A” representa o peso assintótico superior ou o peso adulto do animal e o parâmetro “k” representa a taxa de maturidade, ou seja, é a relação entre a taxa de crescimento relativo e o peso adulto do animal. Quanto maior o valor de “k”, mais precoce é o animal.

Utilizando-se como exemplo a linhagem Vermelha e a equação do modelo logístico da Tabela 2, os dados da Tabela 1 e a Figura 1, será ilustrado o raciocínio do cálculo para encontrar os valores iniciais dos parâmetros para ser utilizado na função “nls” para o processo de convergência dos modelos. Os dados da Tabela 2 mostram que, aos 328 dias de idade, o peso corporal da linhagem Vermelha foi, em média de 462,15 g e de acordo com a Figura 1, não parece estar perto de uma assíntota. A fim de não extrapolar muito os dados, será definido um valor inicial de “A” de 550 g. É conveniente que, na idade inicial de 85 dias, o valor de “t” seja igual a zero. Logo, adotando-se “A = 550”, “t = 0” e “y = 32,61” da Tabela 1, o

cálculo do valor de “ B ” foi:

$$\begin{aligned} 32,61 &= \frac{550}{1 + B \cdot e^{-k \cdot 0}} \\ 32,61 &= \frac{550}{1 + B \cdot 1} \\ B &= 15,87 \end{aligned}$$

Para a idade de 104 dias, tem-se “ $t = 1$ ”, “ $A = 550$ ”, “ $B = 15,87$ ”, “ $y = 41,21$ ” e “ k ” igual a:

$$\begin{aligned} 42,21 &= \frac{550}{1 + 15,87 \cdot e^{-k \cdot 1}} \\ 42,21 &= \frac{550}{1 + 15,87 \cdot e^{-k}} \\ e^{-k} &= 0,758 \\ \ln e^{-k} &= \ln 0,758 \\ k &= 0,277 \end{aligned}$$

Portanto, os chutes iniciais dos parâmetros para o modelo logístico e para a linhagem Vermelha foram: “ $A = 550$ ”, “ $B = 15,874$ ” e “ $k = 0,277$ ”. Foi utilizado o mesmo raciocínio do exemplo acima para calcular os valores iniciais dos parâmetros de todos os modelos estudados para todas as medidas métricas e para todas as linhagens.

Utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (TRV) para verificação da igualdade dos parâmetros entre os diferentes modelos, conforme sugerido por Regazzi e Silva (2004), para determinar se uma única curva seria adequada para descrever o crescimento ponderal e morfométrico, independente da linhagem.

Avaliou-se o crescimento acumulado em cada estação do ano por meio da técnica da área abaixo da curva (AAC). As estações do ano avaliadas foram outono, inverno e primavera que compreenderam as idades de 85 a 150, 150 a 238 e 238 a 328 dias, respectivamente. A variável AAC foi determinada, conforme Shaner e Finney (1977), como

$$\sum_{i=1}^n [(Y_{i+1} + Y_i)/2][X_{i+1} - X_i]$$

em que,

Y_i = é o peso ou medida métrica da *i-ésima* observação;

X_i = é a idade (dias) da *i-ésima* observação;

n = é o número total de observações.

Uma vez que houve heterogeneidade de variâncias, detectado pela função “leveneTest” do pacote “car” e que nenhuma transformação conseguiu contornar este problema inviabilizando, deste modo, a análise de variância, optou-se pela análise de deviance (ANODEV) com o auxílio da função “glm” do pacote “stats” em um esquema fatorial 4×3 (Linhagens \times Estação do ano), de acordo com a seguinte parte sistemática do modelo:

$$y_{ijk} = \mu + L_i + E_j + (LE)_{ij}$$

em que,

y_{ijk} = o valor da área referente a linhagem *i* na estação *j* na repetição *k*;

μ = a média geral;

L_i = o efeito da linhagem *i*, com $i = 1, 2, 3, 4$;

E_j = o efeito da estação do ano *j*, com $j = 1, 2, 3$;

$(LE)_{ij}$ = o efeito da interação entre os fatores *L* e *E*;

Utilizou-se a distribuição Gama para modelar os dados, cuja função de ligação foi a inversa. O teste de comparação de médias da variável AAC foi realizada por meio da função “glht” do pacote “multcomp”. Para maiores detalhes sobre a teoria de comparações múltiplas para modelos lineares generalizados, consultar Hothorn, Bretz e Westfall (2008).

Os dados de peso médio inicial e final das linhagens foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste de agrupamento de Scott Knott do pacote “ScottKnott” fixando $\alpha = 0,05$.

Todas as análises foram feitas por meio do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O modelo von Bertalanffy ($QME_{Tailandesa} = 6,48, R^2 = 83,74$; $QME_{UFLA} = 5,26, R^2 = 85,67$; $QME_{Comercial} = 7,38, R^2 = 85,94$) foi o único, dentre os modelos sigmóides, que convergiu e se ajustou adequadamente, comparado ao modelo exponencial ($QME_{Tailandesa} = 7,19, R^2 = 81,87$; $QME_{UFLA} = 6,44, R^2 = 82,37$; $QME_{Comercial} = 8,57, R^2 = 82,92$) à medida métrica L2 (Figura 2) e somente para as linhagens UFLA, Tailandesa e Comercial, não havendo convergência dos modelos Brody, logístico e Gompertz para as demais medidas métricas e para peso corporal. O modelo exponencial foi o único que se ajustou adequadamente aos dados para todas as linhagens avaliadas (Figura 3). Devido ao grande número de medidas métricas, escolheu-se plotar CP por agrupar todo o peso do peixe, e as medidas A1 e D1 por representar grande parte do músculo dentre as medidas A e D, respectivamente.

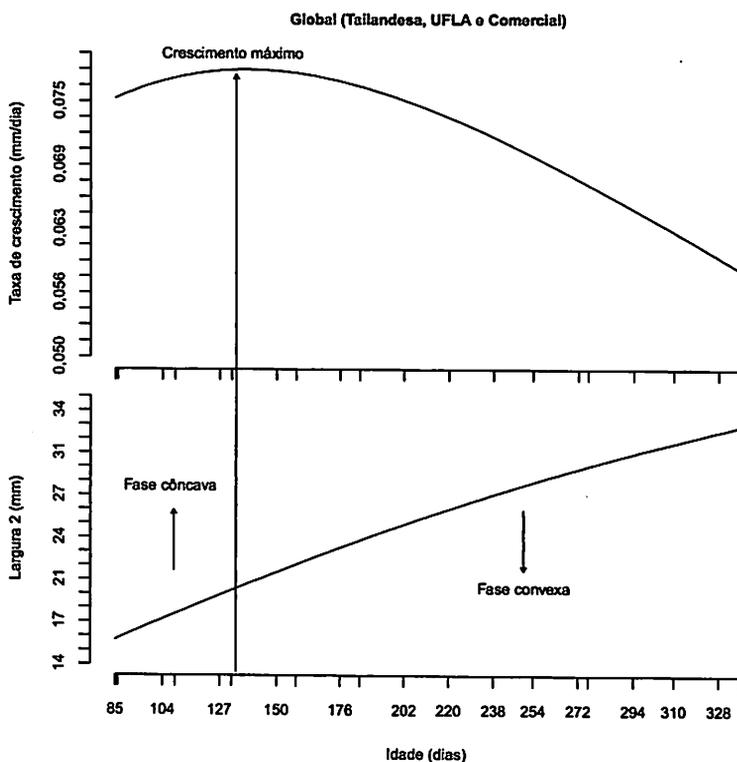


Figura 2 Taxas e curvas de crescimento estimados pelo modelo von Bertalanffy da medida L2, para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial ao longo do desenvolvimento.

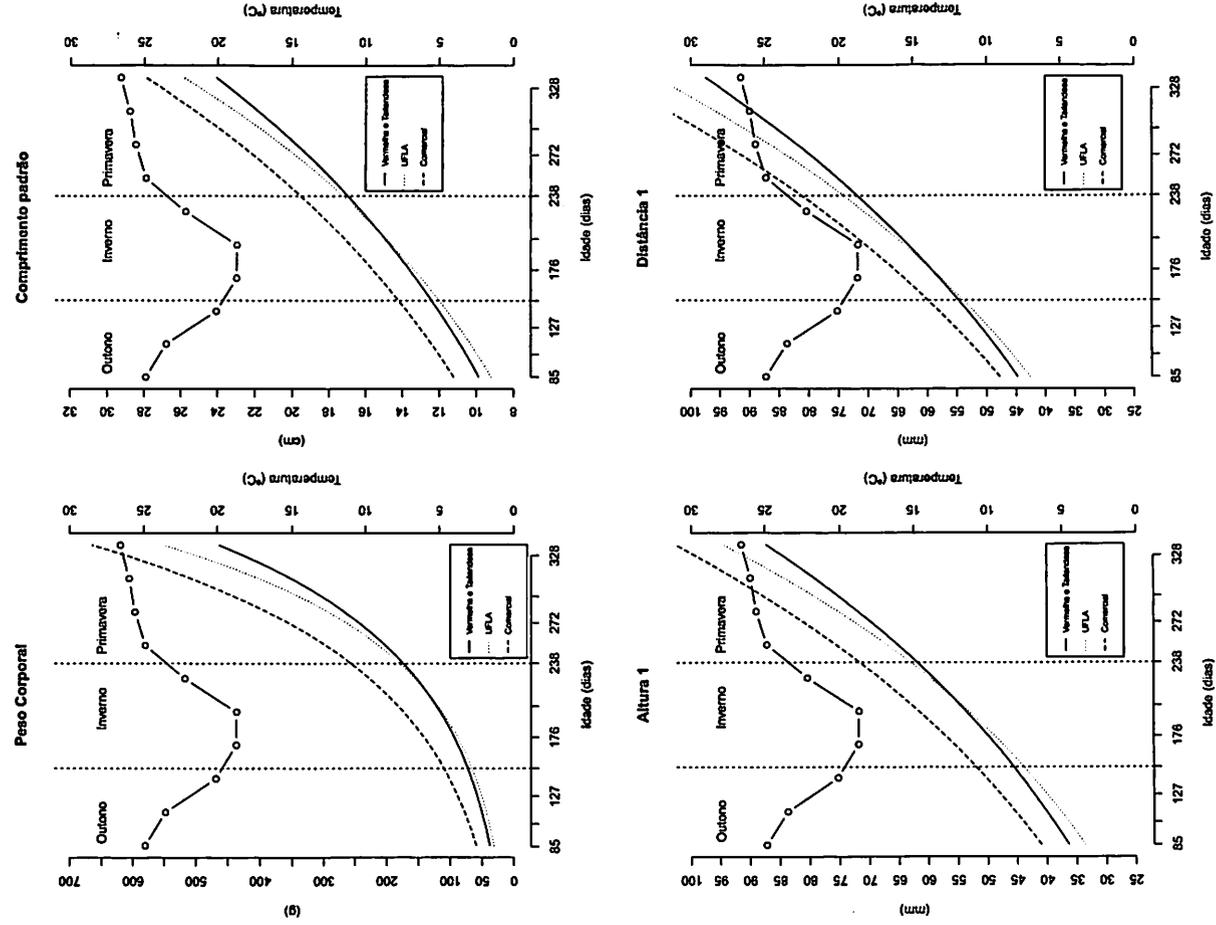


Figura 3 Peso, Comprimento Padrão (CP), Altura 1 (A1) e Distância 1 (D1) em função da idade (dias), ajustados pelo modelo exponencial das linhagens de tilápia Vermelha, UFPA, Comercial e Tailandesa.

Santos et al. (2008), avaliando o crescimento de duas linhagens de tilápia até 160 dias de idade, apontam o modelo exponencial como uma ferramenta eficiente quando utilizado para curtos períodos de avaliação, principalmente para estimar os parâmetros “ a ” (peso inicial estimado) e “ k ” (taxa de crescimento específico).

Santos et al. (2007) utilizaram o peso corporal, em vez da idade, para avaliar o crescimento das medidas morfométricas das linhagens Comercial e Tailandesa, obtendo como melhores modelos as funções de Gompertz e von Bertalanffy.

Gomiero et al. (2009) também utilizaram o peso corporal para avaliar o crescimento morfométrico de piracanjubas *Brycon orbignyanus* e encontraram como melhor modelo, as funções de Brody e von Bertalanffy.

Os resultados revelaram que as linhagens apresentaram comportamento semelhante de crescimento para peso corporal e para as medidas métricas.

Para área abaixo da curva, a linhagem Comercial foi a que obteve maior crescimento ($P < 0,05$) em todas as estações do ano, para peso corporal e para todas as medidas métricas, com exceção de AC, D1 e L1 em que a linhagem Comercial foi semelhante a linhagem UFLA na primavera (Tabela 3). As linhagens UFLA, Tailandesa e Comercial cresceram 19% mais do que a linhagem Vermelha, do outono para o inverno, no que se refere ao crescimento em peso. No entanto, o crescimento em peso do inverno para a primavera, da linhagem UFLA foi maior em 24% do que as linhagens Tailandesa e Comercial, e 16% do que a linhagem Vermelha.

Ao final do experimento, a linhagem Comercial obteve maior peso médio ($P < 0,05$) do que as outras linhagens estudadas (Tabela 4). O peso médio inicial da linhagem UFLA foi menor ($P < 0,05$), comparada as demais linhagens, porém, o peso médio final foi semelhante ($P > 0,05$) ao das linhagens Vermelha e

Tabela 3 Médias da área abaixo da curva de peso corporal, comprimento padrão (CP), comprimento da cabeça (CC), altura da cabeça (AC), altura 1 (A1), altura 2 (A2), altura 3 (A3), distância 1 (D1), distância 2 (D2), largura 1 (L1), largura 2 (L2) e largura 3 (L3) das linhagens Vermelha (Verm), Tailandesa (Tai), UFLA e Comercial (Com), em cada estação do ano (outono, primavera e inverno).

Medidas	Estações do Ano											
	Outono				Inverno				Primavera			
	Linhagens *											
	Verm	Tai	UFLA	Com	Verm	Tai	UFLA	Com	Verm	Tai	UFLA	Com
Peso	3966 b	3948 b	3137 c	5714a	10058c	12395b	9862 c	18024a	24440c	27220b	28472b	39672a
CP	737 c	837 b	686 d	927 a	1239 c	1460b	1284c	1679a	1724c	1804 bc	1872b	2032a
CC	2255 c	2609 b	2106 d	2911 a	3731 c	4438 b	3799 c	5096 a	5091 c	5427 b	5606 b	6126 a
AC	2313 c	2565 b	2138 d	2800 a	3832 c	4574 b	4002 c	5193 a	5260 b	5366 b	5864 a	6077 a
A1	2781 c	3003 b	2523 d	3398 a	4573 c	5281 b	4621 c	6176 a	6337 c	6458 c	6903 b	7452 a
A2	2635 b	2725 b	2322 c	3164 a	4544 c	5036 b	4496 c	6066 a	6399 b	6199 b	6648 b	7382 a
A3	985 c	1066 b	908 d	1215a	1664 c	1932 b	1705 c	2278 a	2347 c	2373 c	2551 b	2776 a
D1	3355 c	3650 b	3159 c	3964 a	5534 c	6142 b	5679 c	7084 a	7378 bc	7189 c	7818 ab	8301 a
D2	1442 c	1670 b	1274 d	1897 a	2646 c	3081 b	2656 c	3552 a	3494 c	3772 b	3798 b	4183 a
L1	1392 b	1449 b	1280 c	1676 a	2371 c	2569 b	2376 c	3039 a	3091 bc	2930 c	3171 ab	3358 a
L2	772 c	872 b	730 c	1010a	1507 c	1605 b	1516 bc	1923 a	2113 b	1973 c	2076 bc	2283 a
L3	336 b	339 b	285 c	385 a	568 c	622 b	549 c	686 a	785 b	766 b	773 b	863 a

* Médias seguidas de letras diferentes na linha, diferem significativamente $P < 0,01$ pelo teste Z.

Tailandesa.

Dan e Little (2000) observaram maior ($P < 0,05$) ganho de peso médio para a linhagem de tilápia conhecido como GIFT (melhorada geneticamente) quando cultivadas em gaiolas, em comparação com linhagens Tailandesa e Vietnamita, durante um período de 184 dias.

Tabela 4 Idade inicial e final, e peso médio inicial e final das linhagens Vermelha, UFLA, Comercial e Tailandesa, com seus respectivos coeficientes de variação (CV).

Linhagens	Inicial			Final		
	Idade (dias)	Peso (g) *	CV (%)	Idade (dias)	Peso (g) *	CV (%)
Vermelha	85	32,6 a	27,4	328	462,2 b	25,6
UFLA	85	22,5 b	20,9	328	486,8 b	21,5
Comercial	86	35,5 a	25,7	337	603,1 a	18,5
Tailandesa	86	30,1 a	30,5	337	409,8 b	27,2

* Médias seguidas por letras minúsculas na mesma coluna diferem significativamente ($P < 0,05$) pelo teste Scott Knott.

Os resultados de um estudo comparativo entre duas linhagens de salmão do Atlântico, um de um programa de seleção genética para crescimento e outro do meio natural, revelaram a superioridade ($P < 0,05$) da linhagem selecionada para ganho de peso, composição corporal e eficiência alimentar, indicando a eficiência do melhoramento genético dessa espécie (WOLTERS et al., 2009). Por outro lado, em um estudo de cruzamentos dialélicos entre variedades de carpa comum, a hibridação de variedades melhoradas com linhagens cultivadas na área experimental foi uma boa alternativa para a obtenção de peixes com boa resistência a doenças e de crescimento, demonstrando a importância da adaptação das espécies à piscicultura

(NIELSEN et al., 2010).

Houve diferenças ($P < 0,05$) entre as linhagens quanto aos parâmetros “ a ” e “ k ” para peso corporal e para todas as medidas métricas, com exceção de L1, para o qual não houve diferenças ($P > 0,05$) entre as linhagens (Tabela 5). A linhagem UFLA apresentou maior taxa de crescimento específico ($P < 0,01$) para peso corporal e para todas as medidas métricas, com exceção de D1 e L3, em que foi semelhante à linhagem Comercial e Tailandesa, respectivamente. A linhagem Vermelha obteve a menor taxa de crescimento específico para peso corporal, juntamente com a linhagem Tailandesa, sendo esta semelhante à linhagem Comercial. Estes resultados foram semelhantes para as medidas métricas AC e A1. As taxas de crescimento específica de CP, CC, A2, A3 e D2, para as linhagens Vermelha, Tailandesa e Comercial, foram semelhantes e inferiores às da linhagem UFLA. Para as medidas AC e A1, a taxa de crescimento específica foi maior para a linhagem UFLA, sendo a linhagem Comercial semelhante à da linhagem Tailandesa e superior à da linhagem Vermelha que, por sua vez, foi semelhante à da linhagem Tailandesa. Em relação a L2, não houve diferenças ($P > 0,05$) entre as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial quanto aos parâmetros “ A ”, “ B ” e “ k ” (Tabela 6).

O fato de a linhagem UFLA não estar sob seleção genética e de ser cultivada no local do experimento durante muitos anos sugere que a melhor taxa de crescimento específica desta se deve à sua maior adaptação às condições locais de ambiente.

Beniga e Circa (1997) compararam o crescimento de três linhagens puras de tilápia-do-nylo (*Oreochromis niloticus*) com uma linhagem local em tanques-rede nas Filipinas, observando que as três linhagens puras tiveram melhor taxa de crescimento, mas menores taxas de sobrevivência do que a linhagem local. Apesar da sua menor taxa de sobrevivência, os resultados da análise econômica revelaram

Tabela 5 Teste de igualdade dos parâmetros do modelo exponencial para as linhagens Vermelha (Verm), Tailandesa (Tai), UFLA e Comercial (Com), para as variáveis peso corporal, comprimento padrão (CP), comprimento da cabeça (CC), altura da cabeça (AC), altura 1 (A1), altura 2 (A2), altura 3 (A3), distância 1 (D1), distância 2 (D2), largura 1 (L1) e largura 3 (L3).

Variáveis	Estimadores								R^{2II}			
	\hat{a}'				\hat{k}'				Verm	Tai	UFLA	Com
	Verm	Tai	UFLA	Com	Verm	Tai	UFLA	Com				
Peso	14,94 ab	12,99 b	8,71 c	17,28 a	0,0102 c	0,0107 bc	0,0127 a	0,0111 b	0,99	0,99	0,99	0,99
CP	7,31 b	7,37 b	6,49 c	8,27 a	0,0034 b	0,0036 b	0,0041 a	0,0036 b	0,82	0,87	0,92	0,93
CC	23,21 b	23,25 b	19,96 c	26,44 a	0,0032 b	0,0034 b	0,0040 a	0,0034 b	0,77	0,86	0,92	0,92
AC	23,50 ab	23,44 b	20,20 c	25,24 a	0,0032 c	0,0034 bc	0,0041 a	0,0036 b	0,77	0,85	0,90	0,91
A1	27,95 ab	26,46 b	23,71 c	30,08 a	0,0033 c	0,0036 bc	0,0041 a	0,0036 b	0,76	0,85	0,91	0,90
A2	25,53 ab	23,46 bc	21,76 c	27,28 a	0,0037 b	0,0039 b	0,0043 a	0,0039 b	0,78	0,83	0,90	0,91
A3	9,58 b	9,21 b	8,40 c	10,70 a	0,0036 b	0,0038 b	0,0043 a	0,0038 b	0,79	0,85	0,90	0,89
D1	35,27 ab	33,55 bc	31,36 c	35,60 a	0,0030 c	0,0032 bc	0,0036 a	0,0035 ab	0,73	0,78	0,87	0,91
D2	15,09 b	14,93 b	12,15 c	17,33 a	0,0034 b	0,0037 b	0,0044 a	0,0035 b	0,80	0,76	0,82	0,83
L1	15,10 ab	13,74 c	13,97 bc	15,88 a	0,0029 a	0,0032 a	0,0032 a	0,0032 a	0,75	0,79	0,83	0,86
L3	3,49 a	3,02 b	2,84 b	3,48 a	0,0032 c	0,0037 ab	0,0039 a	0,0036 b	0,80	0,86	0,87	0,85

^I Estimativas com letras distintas na mesma linha, diferem ($P < 0,05$) pelo teste da razão de verossimilhança.

^{II} Coeficiente de determinação.

Tabela 6 Teste de igualdade dos parâmetros do modelo von Bertalanffy para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial para a variável largura 2.

Linhagens	Estimadores			R ² ^{II}
	\hat{A}^{NS}	\hat{B}^{NS}	\hat{k}^{NS}	
Tailandesa	50,10	0,575	0,0032	0,84
UFLA	36,08	0,579	0,0051	0,86
Comercial	48,73	0,562	0,0039	0,86

^{NS} Não significativo pelo teste da razão de verossimilhança

^{II} Coeficiente de determinação.

ganhos de produtividade e financeiro com as linhagens puras.

Santos et al. (2008), comparando as taxas de crescimento da linhagem Tailandesa e da mesma linhagem Comercial estudada neste trabalho, porém cultivadas em tanques-rede e até o peso de 200 g, encontraram diferença significativa entre as linhagens, sendo a Comercial (0,025) superior à Tailandesa (0,017). Osure e Phelps (2006) observaram que o cultivo e a melhoria das linhagens locais foram mais vantajosos, em relação à sobrevivência e ao crescimento inicial, que a introdução de linhagens importadas de outras regiões.

Das onze medidas morfométricas avaliadas, nove apresentaram padrão de crescimento semelhante aos das linhagens Vermelha e Tailandesa. Provavelmente, este fato se deve a um parentesco genético entre as linhagens, já que a linhagem vermelha é um híbrido proveniente do cruzamento de tilápias-nilóticas com outras espécies de tilápias (*Oreochromis mossambicus* ou *Oreochromis aureus*) (EL-SAYED, 2006). Outro resultado interessante deste estudo foi o fato de a linhagem UFLA ter apresentado um padrão de crescimento distinto das demais linhagens, também em nove das onze medidas morfométricas. Os 31 anos de isolamento geo-

gráfico propiciaram à linhagem UFLA uma característica morfométrica particular e inerente a ela, o que a torna única e distinta das demais linhagens de tilápia.

Os parâmetros do modelo exponencial obtidos neste trabalho sugerem que o desempenho inicial dos alevinos é fator importante para a obtenção de maiores pesos ao final do período de cultivo, pois a maior taxa de crescimento da linhagem UFLA, que apresentou o menor peso inicial observado e estimado, não foi suficiente para alcançar o peso final da linhagem Comercial, que apresentou o maior peso inicial, tanto observado quanto estimado. Por outro lado, a baixa taxa de crescimento da linhagem Vermelha foi determinante para que a mesma não conseguisse manter a diferença de peso apresentada no início do período de cultivo, com relação à linhagem UFLA.

Neste trabalho demonstrou-se que a linhagem UFLA pode ser uma boa opção para cultivo em regiões cujas condições climáticas se assemelham às da região sul de Minas Gerais. A linhagem Comercial apresentou ótimos resultados devido aos vários anos de melhoramento genético. Convém ressaltar que, embora a linhagem UFLA apresentasse ótimos resultados, esta ainda não faz parte de nenhum programa de melhoramento genético, mas já há projetos com o objetivo de incluí-la em programa de melhoramento.

4 CONCLUSÃO

As linhagens de tilápia estudadas diferem quanto a velocidade de crescimento do peso corporal e das medidas morfométricas. A área abaixo da curva é uma técnica que pode ser utilizada como complemento em estudos de crescimento, pois permite avaliar o crescimento como um todo dos grupos em estudo.

REFERÊNCIAS

BENIGA, Z.; CIRCA, A. Growth performance evaluation of genetically improved Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) in floating cages in Lake Sebu, South Cotabato, Philippines. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON TILAPIA IN AQUACULTURE, 4., 1997, Chicago. **Proceedings...**Chicago: Tilapia Aquaculture, 1997. p.116-128.

BERTALANFFY, L. V. Quantitative laws in metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, New York, v.32, p.217-230, 1957.

BRODY, S. **Bioenergetics and growth**: with special reference to the efficiency complex of domestic animals. New York: Hafner, 1945. 1023 p.

CONTRERAS-GUZMÁN, E. **Bioquímica de pescados e derivados**. Jaboticabal: FUNEP, 1994. 409 p.

DAN, N.; LITTLE, D. The culture performance of monosex and mixed-sex new-season and overwintered fry in the three strains of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in northern Vietnam. **Aquaculture**, Amsterdam, v.184, n. 3/4, p.221-231, Apr. 2000.

EL-SAYED, A. **Tilapia Culture**. London:CABI, 2006. 277 p.

FITZHUGH JUNIOR, H. Analysis of growth curves and strategies for altering their shapes. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.42, p.1036-1051, 1976.

GOMIERO, J. S. G. et al. Curvas de crescimento morfométrico de piracanjuba (*Brycon orbignyanus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.33, n.3, p.882-889, maio/jun. 2009.

GOMPERTZ, B. On the nature of the function expressive of the law of human mortality. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, London, v.36, p.513-585, 1825.

GONÇALVES, T. M.; ALMEIDA, A. J. L.; OLIVEIRA, H. N. Avaliação de características de carcaças de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. *Anais...Piracicaba:SBZ*, 2001. p.1450–1451.

HOTHORN, T.; BRETZ, F.; WESTFALL, P. Simultaneous Inference in General Parametric Models. *Biometrical Journal*, Berlin, v.50, n.3, p.346–363, 2008.

MALTHUS, T. *An essay on the principle of population*. London: J. Johnson, 1798. 126 p.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. *Biometrics*, Washington, v.17, p.89–94, 1961.

NIELSEN, H. et al. Genetic analysis of common carp (*Cyprinus carpio*) strains. I: Genetic parameters and heterosis for growth traits and survival. *Aquaculture*, Amsterdam, v.304, n. 1/4, p.14–21, June 2010.

OSURE, G.; PHELPS, R. Evaluation of reproductive performance and early growth of four strains of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*, L) with different histories of domestication. *Aquaculture*, Amsterdam, v.253, n. 1/4, p.485–494, Mar. 2006.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. *R: a Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 10 nov. 2010.

REGAZZI, A.; SILVA, C. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear: I. dados no delineamento inteiramente casualizado. *Revista de Matemática e Estatística*, Marília, v.22, n.3, p.33–35, 2004.

SANTOS, V. B. *Crescimento morfométrico e alométrico de linhagens de Tilápia (*Oreochromis niloticus*)*. 2004. 86 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

SANTOS, V. B. et al. Avaliação de curvas de crescimento morfométrico de linhagens de tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.5, p.1486–1492, set./out. 2007.

_____. Exponential growth model of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) strains considering heteroscedastic variance. **Aquaculture**, Amsterdam, v.274, n.1, p.96–100, Jan. 2008.

SHANER, G.; FINNEY, R. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing in knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v.70, p.1183–1186, 1977.

WOLTERS, W. et al. Growth parameters of wild and selected strains of Atlantic salmon, *Salmo salar*, on two experimental diets. **Aquaculture**, Amsterdam, v.297, n. 1/4, p.136–140, Dec. 2009.

ANEXOS

ANEXO A Ajuste aos dados dos modelos de crescimento para cada linhagem individualmente.

```

##### Modelo Exponencial #####
library(nlrwr)# Biblioteca necessária para uso da função "confint2" e
da função exponencial.
mod.exp <- function(da){
  lapply(names(da)[-c(1:2)],
  function(i){
    form <- as.formula(paste(i,"~ SExp(IDADE,y0,b)")
    m0 <- nls(form, data=da)
    m0
  })
}
# Função para o cálculo do coeficiente de determinação
R2 <- function(modelo){
  da <- eval(modelo$data)
  resp.name <- all.vars(summary(modelo)$formula)[1]
  names(da)[which(names(da)==resp.name)] <- "y"
  sqe <- deviance(modelo)
  sqn <- deviance(lm(y ~ 1, da))
  (1-(sqe/sqn))*100
}
# Função para do quadrado médio do erro
QME.exp <- function(modelo){
  qme <- deviance(modelo)/summary(modelo)$df[2:2]
}

##### Linhagem Vermelha #####
Ver.dados <- subset(base, LIN == "Verm")
Ver.dados$LIN <- factor(Ver.dados$LIN)
da <- Ver.dados
lapply(mod.exp(Ver.dados), summary)
lapply(mod.exp(Ver.dados), confint2)
do.call(c, lapply(mod.exp(da), R2))
lapply(mod.exp(Ver.dados),QME.exp)

#Avaliando homocedasticidade e normalidade
res.exp.ver <- lapply(mod.exp(Ver.dados),resid)
esti.exp.ver<- lapply(mod.exp(Ver.dados),fitted)

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  plot(res.exp.ver[[i]] ~ esti.exp.ver[[i]] , ylab=titulos[i],
  xlab="Estimado")
}

```

```

}

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  qqnorm(res.exp.ver[[i]], main=titulos[i])
}

#####      Linhagem Tailandesa      #####
Tai.dados <- subset(base, LIN == "Tai")
Tai.dados$LIN <- factor(Tai.dados$LIN)
rm(da)
da <- Tai.dados
lapply(mod.exp(Tai.dados), summary)
lapply(mod.exp(Tai.dados), confint2)
do.call(c, lapply(mod.exp(da), R2))
lapply(mod.exp(Tai.dados), QME.exp)

#Avaliando homocedasticidade e normalidade
res.exp.tai <- lapply(mod.exp(Tai.dados), resid)
esti.exp.tai<- lapply(mod.exp(Tai.dados), fitted)

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  plot(res.exp.tai[[i]] ~ esti.exp.tai[[i]] , ylab=titulos[i],
       xlab="Estimado")
}

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  qqnorm(res.exp.tai[[i]], main=titulos[i])
}

#####      Linhagem UFLA      #####
UFLA.dados <- subset(base, LIN == "UFLA")
UFLA.dados$LIN <- factor(UFLA.dados$LIN)
summary(UFLA.dados)
rm(da)
da <- UFLA.dados
lapply(mod.exp(UFLA.dados), summary)
lapply(mod.exp(UFLA.dados), confint2)
do.call(c, lapply(mod.exp(da), R2))
lapply(mod.exp(UFLA.dados), QME.exp)

#Avaliando homocedasticidade e normalidade
res.exp.uf <- lapply(mod.exp(UFLA.dados), resid)
esti.exp.uf<- lapply(mod.exp(UFLA.dados), fitted)

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  plot(res.exp.uf[[i]] ~ esti.exp.uf[[i]] , ylab=titulos[i],
       xlab="Estimado")
}

```

```

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  qqnorm(res.exp.uf[[i]], main=titulos[i])
}

#####      Linhagem Comercial      #####
Com.dados <- subset(base, LIN == "Com")
Com.dados$LIN <- factor(Com.dados$LIN)
summary(Com.dados)
rm(da)
da <- Com.dados
lapply(mod.exp(Com.dados), summary)
lapply(mod.exp(Com.dados), confint2)
do.call(c, lapply(mod.exp(da), R2))
lapply(mod.exp(Com.dados), QME.exp)

#Avaliando homocedasticidade e normalidade
res.exp.co <- lapply(mod.exp(Com.dados), resid)
esti.exp.co <- lapply(mod.exp(Com.dados), fitted)

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  plot(res.exp.co[[i]] ~ esti.exp.co[[i]] , ylab=titulos[i],
        xlab="Estimado")
}

par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  qqnorm(res.exp.co[[i]], main=titulos[i])
}

#####      Modelo Logístico      #####
library(minpack.lm)# Biblioteca necessária para os ajustes não-lineares
de uma maneira mais eficiente do que a função "nls".
mod.logis <- function(da){
  SSlogist <- function(parL,xx) parL$A/(1 + parL$B * exp(- parL$k * xx))
  residLogi <- function(p,observed,xx) observed - SSlogist(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  n0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residLogi, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(n0$hessian)))=="try-error") NULL else n0
}

R2.logis <- function(da){
  SSlogist <- function(parL,xx) parL$A/(1 + parL$B * exp(- parL$k * xx))
  residLogi <- function(p,observed,xx) observed - SSlogist(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  m0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residLogi, observed=var[,i],
              xx= da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))

```

```

        if(class(try(solve(m0$hessian)))=="try-error") NULL else m0
sqe      <- deviance(m0)
sqn      <- deviance(lm(var[,i] ~ 1, da))
        (1-(sqe/sqn))*100
}

QME.logis <- function(da){
  SSlogist <- function(parL,xx) parL$A/(1 + parL$B * exp(- parL$k * xx))
  residLogi <- function(p,observed,xx) observed - SSlogist(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var      <- da[,-c(1:2)]
  m0       <- nls.lm(par=parStart, fn=residLogi, observed=var[,i],
                    xx= da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(m0$hessian)))=="try-error") NULL else
  deviance(m0)/summary(m0)$df[2:2]
}

#####      Linhagem Vermelha      #####
mod.lo.ver <- list()
for(i in colnames(Ver.dados[,-c(1:2)])){
  mod.lo.ver[[i]] <- mod.logis(Ver.dados)
}
lapply(mod.lo.ver, summary)
lapply(mod.lo.ver, confint2)

R2.logis.ver <- list()
for(i in colnames(Ver.dados[,-c(1:2)])){
  R2.logis.ver[[i]] <- R2.logis(Ver.dados)
}

QME.logis.ver <- list()
for(i in colnames(Ver.dados[,-c(1:2)])){
  QME.logis.ver[[i]] <- QME.logis(Ver.dados)
}

#####      Linhagem Tailandesa      #####
var.tai <- Tai.dados[,-c(1:2)]
par(mfrow=c(ncol(var.tai)/3,3))
for(i in 1:ncol(var.tai)){
  plot(var.tai[,i]~ Tai.dados$IDADE, main=titulos[i])
}

mod.lo.tai <- list()
for(i in colnames(Tai.dados[,-c(1:2)])){
  mod.lo.tai[[i]] <- mod.logis(Tai.dados)
}
lapply(mod.lo.tai, summary)
lapply(mod.lo.tai, confint2)

coef.det.tai <- list()
for(i in colnames(Tai.dados[,-c(1:2)])){
  coef.det.tai[[i]] <- R2.logis(Tai.dados)
}

```

```

}

qme.tai <- list()
for(i in colnames(Tai.dados[, -c(1:2)])){
  qme.tai[[i]] <- QME.logis(Tai.dados)
}

##### Linhagem UFLA #####
var.uf <- UFLA.dados[, -c(1:2)]
par(mfrow=c(ncol(var.uf)/3,3))
for(i in 1:ncol(var.uf)){
  plot(var.uf[,i]~ UFLA.dados$IDADE, main=titulos[i])
}

mod.lo.uf <- list()
for(i in colnames(UFLA.dados[, -c(1:2)])){
  mod.lo.uf[[i]] <- mod.logis(UFLA.dados)
}
lapply(mod.lo.uf, summary)
lapply(mod.lo.uf, confint2)

coef.det.uf <- list()
for(i in colnames(UFLA.dados[, -c(1:2)])){
  coef.det.uf[[i]] <- R2.logis(UFLA.dados)
}

qme.l.uf <- list()
for(i in colnames(Ver.dados[, -c(1:2)])){
  qme.l.uf[[i]] <- QME.logis(UFLA.dados)
}

##### Linhagem Comercial #####
var.com <- Com.dados[, -c(1:2)]
par(mfrow=c(ncol(var.com)/3,3))
for(i in 1:ncol(var.com)){
  plot(var.com[,i]~ Com.dados$IDADE, main=titulos[i])
}

mod.lo.com <- list()
for(i in colnames(Com.dados[, -c(1:2)])){
  mod.lo.com[[i]] <- mod.logis(Com.dados)
}
lapply(mod.lo.com, summary)
lapply(mod.lo.com, confint2)

coef.det.com <- list()
for(i in colnames(Com.dados[, -c(1:2)])){
  coef.det.com[[i]] <- R2.logis(Com.dados)
}

qme.l.com <- list()
for(i in colnames(Com.dados[, -c(1:2)])){

```

```

qme.l.com[[i]] <- QME.logis(Com.dados)
}

#+++++++ Modelo von Bertalanffy ++++++#
mod.von <- function(da){
  SSVon <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))^3
  residvon <- function(p,observed,xx) observed - SSVon(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  v0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residvon, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(v0$hessian)))=="try-error") NULL else v0
}

R2.v <- function(da){
  SSVon <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))^3
  residvon <- function(p,observed,xx) observed - SSVon(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  v0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residvon, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(v0$hessian)))=="try-error") NULL else v0
  sqe <- deviance(v0)
  sqn <- deviance(lm(var[,i] ~ 1, da))
  (1-(sqe/sqn))*100
}

QME.v <- function(da){
  SSVon <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))^3
  residvon <- function(p,observed,xx) observed - SSVon(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  v0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residvon, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(v0$hessian)))=="try-error") NULL else
  deviance(v0)/summary(v0)$df[2:2]
}

#OBS: As análises são similares ao modelo logístico

#+++++++ Modelo Brody ++++++#
mod.br <- function(da){
  SSbr <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))
  residbr <- function(p,observed,xx) observed - SSbr(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  n0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residbr, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(n0$hessian)))=="try-error") NULL else n0
}

R2.br <- function(da){
  SSbr <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))

```

```

residbr <- function(p,observed,xx) observed - SSbr(p,xx)
parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
var <- da[,-c(1:2)]
n0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residbr, observed=var[,i],
            xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
if(class(try(solve(n0$hessian)))=="try-error") NULL else n0
sqe <- deviance(n0)
sqn <- deviance(lm(var[,i] ~ 1, da))
(1-(sqe/sqn))*100
}

QME.br <- function(da){
  SSbr <- function(parL,xx) parL$A*(1-parL$B*exp(-parL$k*xx))
  residbr <- function(p,observed,xx) observed - SSbr(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  n0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residbr, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(n0$hessian)))=="try-error") NULL else
  deviance(n0)/summary(n0)$df[2:2]
}

#OBS: As análises são similares ao modelo logístico

#++++++ Modelo Gompertz ++++++#
mod.go <- function(da){
  SSgo <- function(parL,xx) parL$A*exp(-parL$B*exp(-parL$k*xx))
  residgo <- function(p,observed,xx) observed - SSgo(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  l0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residgo, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(l0$hessian)))=="try-error") NULL else l0
}

R2.go <- function(da){
  SSgo <- function(parL,xx) parL$A*exp(-parL$B*exp(-parL$k*xx))
  residgo <- function(p,observed,xx) observed - SSgo(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
  l0 <- nls.lm(par=parStart, fn=residgo, observed=var[,i],
              xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
  if(class(try(solve(l0$hessian)))=="try-error") NULL else l0
  sqe <- deviance(l0)
  sqn <- deviance(lm(var[,i] ~ 1, da))
  (1-(sqe/sqn))*100
}

QME.go <- function(da){
  SSgo <- function(parL,xx) parL$A*exp(-parL$B*exp(-parL$k*xx))
  residgo <- function(p,observed,xx) observed - SSgo(p,xx)
  parStart <- list(A=1,B=1, k=0.01)
  var <- da[,-c(1:2)]
}

```

```

l0      <- nls.lm(par=parStart, fn=residgo, observed=var[,i],
               xx=da$IDADE, control = nls.lm.control(nprint=1, maxiter=500))
if(class(try(solve(l0$hessian)))=="try-error") NULL else
  deviance(l0)/summary(l0)$df[2:2]
}

```

ANEXO B Testes de parâmetros sob o enfoque de modelos encaixados.

```

### Teste para os parâmetros do modelo exponencial para as seguintes
### variáveis: CP, CC, AC, A1, A2, A3, D1, D2, L1, L3
#           Verificando se o modelo exponencial           #
#           pode ser utilizado para todos as linhagens     #
mod.geral <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral[[i]] <- nls(variaveis[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
                       data = base,
                       start=list(A = c(9,9,9,9), k = c(100,100,100,100)),
                       trace = TRUE)
}

mod.A.exp <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp[[i]] <- nls(variaveis[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
                       data = base,
                       start=list(A = 9, k = c(100,100,100,100)),
                       trace = TRUE)
}

ANOVA <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA[[i]] <- anova(mod.geral[[i]],mod.A.exp[[i]])
}
ANOVA ##Todos os parâmetros diferiram significativamente.

mod.k.exp <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp[[i]] <- nls(variaveis[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
                       data = base,
                       start=list(A = c(9,9,9,9), k = 100),
                       trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp[[i]] <- anova(mod.geral[[i]],mod.k.exp[[i]])
}
ANOVA.k.exp ##Apenas a medida L1 não diferiu entre as linhagens.

```

#CONCLUSÃO: Pode-se concluir que é necessário utilizar um modelo
#diferente para cada linhagem.

#Testando dois a dois para verificar quais são as linhagens que
#diferem uma das outras quanto aos parâmetros#

Vermelha vs Tailandesa

```
VerxTai <- subset(base,LIN %in% c("Verm","Tai"))
VerxTai$LIN <- factor(VerxTai$LIN)
summary(VerxTai)
```

```
var.vertai <- VerxTai[,-c(1:2)]
mod.geral.vertai <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.vertai[[i]] <- nls(var.vertai[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxTai,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}
```

```
mod.A.exp.vertai <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.vertai[[i]] <- nls(var.vertai[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxTai,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}
```

```
ANOVA.exp.vertai <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.vertai[[i]] <- anova(mod.geral.vertai[[i]],mod.A.exp.vertai[[i]])
}
```

ANOVA.exp.vertai ##Apenas L1 e L3 diferiram significativamente.

```
mod.k.exp.vertai <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.vertai[[i]] <- nls(var.vertai[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
    data = VerxTai,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}
```

```
ANOVA.k.exp.vertai <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.vertai[[i]] <- anova(mod.geral.vertai[[i]],mod.k.exp.vertai[[i]])
}
```

ANOVA.k.exp.vertai##Apenas L3 diferiu significativamente.

Vermelha vs UFLA

```
VerxUF <- subset(base,LIN %in% c("Verm","UFLA"))
VerxUF$LIN <- factor(VerxUF$LIN)
summary(VerxUF)
```

```

var.veruf <- VerxUF[,-c(1:2)]
mod.geral.veruf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.veruf[[i]] <- nls(var.veruf[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxUF,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

mod.A.exp.veruf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.veruf[[i]] <- nls(var.veruf[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxUF,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.exp.veruf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.veruf[[i]] <- anova(mod.geral.veruf[[i]],mod.A.exp.veruf[[i]])
}
ANOVA.exp.veruf ##Apenas L1 não diferiu significativamente.

mod.k.exp.veruf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.veruf[[i]] <- nls(var.veruf[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
    data = VerxUF,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp.veruf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.veruf[[i]] <- anova(mod.geral.veruf[[i]],mod.k.exp.veruf[[i]])
}
ANOVA.k.exp.veruf##Apenas L1 não diferiu significativamente.

# Vermelha vs Comercial
VerxCom <- subset(base,LIN %in% c("Verm","Com"))
VerxCom$LIN <- factor(VerxCom$LIN)
summary(VerxCom)

var.vercom <- VerxCom[,-c(1:2)]
mod.geral.vercom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.vercom[[i]] <- nls(var.vercom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxCom,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

```

```

mod.A.exp.vercom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.vercom[[i]] <- nls(var.vercom[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = VerxCom,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.exp.vercom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.vercom[[i]] <- anova(mod.geral.vercom[[i]],mod.A.exp.vercom[[i]])
}
ANOVA.exp.vercom ##Apenas AC, A1, A2, D1, L1 e L3 não
# diferiram significativamente.

mod.k.exp.vercom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.vercom[[i]] <- nls(var.vercom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
    data = VerxCom,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp.vercom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.vercom[[i]] <- anova(mod.geral.vercom[[i]],mod.k.exp.vercom[[i]])
}
ANOVA.k.exp.vercom##Apenas AC, A1, D1 e L3 diferiram significativamente.

# Tailandesa vs UFLA
TaixUF <- subset(base,LIN %in% c("Tai","UFLA"))
TaixUF$LIN <- factor(TaixUF$LIN)
summary(TaixUF)

var.taiuf <- TaixUF[,-c(1:2)]
mod.geral.taiuf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.taiuf[[i]] <- nls(var.taiuf[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = TaixUF,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

mod.A.exp.taiuf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.taiuf[[i]] <- nls(var.taiuf[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = TaixUF,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.exp.taiuf <- list()

```

```

for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.taiuf[[i]] <- anova(mod.geral.taiuf[[i]],mod.A.exp.taiuf[[i]])
}
ANOVA.exp.taiuf ##Apenas AC, A1, A2, D1, L1 e L3 não
# diferiram significativamente.

mod.k.exp.taiuf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.taiuf[[i]] <- nls(var.taiuf[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
    data = TaixUF,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp.taiuf <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.taiuf[[i]] <- anova(mod.geral.taiuf[[i]],mod.k.exp.taiuf[[i]])
}
ANOVA.k.exp.taiuf##Apenas AC, A1, D1 e L3 diferiram significativamente.

# Tailandesa vs Comercial
TaixCom <- subset(base,LIN %in% c("Tai","Com"))
TaixCom$LIN <- factor(TaixCom$LIN)
summary(TaixCom)

var.taicom <- TaixCom[,-c(1:2)]
mod.geral.taicom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.taicom[[i]] <- nls(var.taicom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = TaixCom,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

mod.A.exp.taicom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.taicom[[i]] <- nls(var.taicom[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = TaixCom,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.exp.taicom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.taicom[[i]] <- anova(mod.geral.taicom[[i]],mod.A.exp.taicom[[i]])
}
ANOVA.exp.taicom ##Apenas AC, A1, A2, D1, L1 e L3 não
# diferiram significativamente.

mod.k.exp.taicom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.taicom[[i]] <- nls(var.taicom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),

```

```

    data = TaixCom,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp.taicom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.taicom[[i]] <- anova(mod.geral.taicom[[i]],mod.k.exp.taicom[[i]])
}
ANOVA.k.exp.taicom##Apenas AC, A1, D1 e L3 diferiram significativamente.

# UFLA vs Comercial
UFxCom <- subset(base,LIN %in% c("UFLA","Com"))
UFxCom$LIN <- factor(UFxCom$LIN)
summary(UFxCom)

var.ufcom <- UFxCom[,-c(1:2)]
mod.geral.ufcom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.geral.ufcom[[i]] <- nls(var.ufcom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = UFxCom,
    start=list(A = c(9,9), k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

mod.A.exp.ufcom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.A.exp.ufcom[[i]] <- nls(var.ufcom[,i] ~ A*exp(IDADE/k[LIN]),
    data = UFxCom,
    start=list(A = 9, k = c(100,100)),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.exp.ufcom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.exp.ufcom[[i]] <- anova(mod.geral.ufcom[[i]],mod.A.exp.ufcom[[i]])
}
ANOVA.exp.ufcom ##Apenas AC, A1, A2, D1, L1 e L3 não
# diferiram significativamente.

mod.k.exp.ufcom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  mod.k.exp.ufcom[[i]] <- nls(var.ufcom[,i] ~ A[LIN]*exp(IDADE/k),
    data = UFxCom,
    start=list(A = c(9,9), k = 100),
    trace = TRUE)
}

ANOVA.k.exp.ufcom <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  ANOVA.k.exp.ufcom[[i]] <- anova(mod.geral.ufcom[[i]],mod.k.exp.ufcom[[i]])
}

```

```
ANOVA.k.exp.ufcom##Apenas AC, A1, D1 e L3 diferiram significativamente.
#CONCLUSÃO: É necessário um modelo diferente para cada linhagem.
### Teste para os parâmetros do modelo von Bertalanffy para a variável L2.
TAIXUFXCOM <- subset(base, LIN!="Verm")
TAIXUFXCOM$LIN <- factor(TAIXUFXCOM$LIN)

mod.geral.l2 <- nls(L2 ~ A[LIN]*(1-B[LIN]*exp(-k[LIN]*IDADE))^3,
  data = TAIXUFXCOM,
  start=list(A = c(40,40,40), B=c(0.5,0.5,0.5), k = c(0.001,0.001,0.001)),
  trace = TRUE)

mod.A.l2 <- nls(L2 ~ A*(1-B[LIN]*exp(-k[LIN]*IDADE))^3,
  data = TAIXUFXCOM,
  start=list(A = 40, B=c(0.5,0.5,0.5), k = c(0.001,0.001,0.001)),
  trace = TRUE)
anova(mod.geral.l2,mod.A.l2)##Não diferiram significativamente

mod.B.l2 <- nls(L2 ~ A[LIN]*(1-B*exp(-k[LIN]*IDADE))^3,
  data = TAIXUFXCOM,
  start=list(A = c(40,40,40), B=0.5, k = c(0.001,0.001,0.001)),
  trace = TRUE)
anova(mod.geral.l2,mod.B.l2)##Não diferiram significativamente

mod.k.l2 <- nls(L2 ~ A[LIN]*(1-B[LIN]*exp(-k*IDADE))^3,
  data = TAIXUFXCOM,
  start=list(A = c(40,40,40), B=c(0.5,0.5,0.5), k = 0.001),
  trace = TRUE)
anova(mod.geral.l2,mod.k.l2)##Não diferiram significativamente

modelo.global.l2 <- nls(L2 ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE))^3,
  data = TAIXUFXCOM,
  start=list(A = 40, B=0.5, k = 0.001),
  trace = TRUE)
summary(modelo.global.l2)
```

ANEXO C Cálculo da taxa de crescimento absoluto para a variável L2.

```
##### Global (Tailandesa, UFLA e Comercial) #####
options(OutDec=",")#Resultados com vírgulas ao invés de pontos
L2geral <- sortedXyData("IDADE","L2",TAIXUFXCOM)
Idade.tuc <- L2geral$x

vonbert <- expression(A*(1-B*exp(-k*x))^3)
D(vonbert,"x") #Encontrando a derivada de 1ª ordem.

TCA.tucl2 <- coef(modelo.global.l2)[1] * (3 * (coef(modelo.global.l2)[2] *
```

```

(exp(-coef(modelo.global.l2)[3] * Idade.tuc) * coef(modelo.global.l2)[3]) *
(1 - coef(modelo.global.l2)[2] * exp(-coef(modelo.global.l2)[3] *
  Idade.tuc))^2))

pdf("L2geral.pdf")
op <- par(mar = c(4,4,2,0))
par(fig=c(0,1,0.4,1))
plot(Idade.tuc,TCA.tuc,l2, xlab="", ylab="Taxa de crescimento (mm/dia)",
  main="Global (Tailandesa, UFLA e Comercial)", cex.main=0.8,cex.lab=0.8,
  axes=F,type="n", ylim=c(0.05,0.08))
axis(1,Idade.tuc,cex.axis=0.8,labels=FALSE)
axis(2,at=seq(0.05,0.08,l=20),labels=format(seq(0.05,0.08,l=20),digits=2),
  cex.axis=0.8)
text(132,0.08,"Crescimento máximo",cex=0.8)
curve(coef(modelo.global.l2)[1] * (3 * (coef(modelo.global.l2)[2] *
  exp(-coef(modelo.global.l2)[3] * x) * coef(modelo.global.l2)[3]) *
  (1 - coef(modelo.global.l2)[2] * exp(-coef(modelo.global.l2)[3] * x))^2)),
  from=Idade.tuc[1], to=Idade.tuc[20],lty=1,add=TRUE)
par(fig=c(0,1,0,0.55),new=T)
plot(L2geral, axes=FALSE, xlab = "Idade (dias)", ylab="Largura 2 (mm)",
  cex.lab=0.8, ylim=c(14,35),type="n")
axis(1,Idade.tuc, cex.axis=0.8)
axis(2,at=seq(14,35,l=20),labels=format(seq(14,35,l=20),digits=2),cex.axis=0.8)
text(107,28,"Fase côncava",cex=0.8)
text(250,20,"Fase convexa",cex=0.8)
curve(coef(modelo.global.l2)[1]*(1-coef(modelo.global.l2)[2]*
  exp(-coef(modelo.global.l2)[3]*x))^2,lty=1,from=Idade.tuc[1],
  to = Idade.tuc[20], add=TRUE)
par(new=T, mfrow=c(1,1))
plot(1:30, 1:30, ty="n", xlab="",ylab="", axes=F)
arrows(6.6,0, 6.6, 29.5, length=0.05)
arrows(3.7,5,3.7,8, length=0.05)
arrows(20,8,20,5, length=0.05)
par(op)
dev.off()

```

ANEXO D Cálculo da área abaixo da curva.

```

## Bibliotecas necessárias para análises ##
library(nortest)
library(car)
library(MASS)

##### ANOVA #####
modanova <- lapply(names(dadosAU[-c(1:2)]),
  function(i){
    form <- as.formula(paste(i,"~ LIN*ES"))
    m0 <- lm(form, data=dadosAU)

```

```

        anova(m0)
    }
)
modanova

#Testando normalidade
normali <- lapply(names(dadosAU[-c(1:2)]),
    function(i){
        form <- as.formula(paste(i,"~ LIN*ES"))
        m0 <- lm(form, data=dadosAU)
        lillie.test(m0$res)
    }
)
normali

#Testando homocedasticidade
homoc <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
    homoc[[i]] <- leveneTest(dadosAU[-c(1:2)][[i]] ~ LIN*ES, data=dadosAU)
}
homoc ## Heterocadástico todas as medidas.

# Utilizando a transformação boxcox
boxxcoxx <- list()
par(mfrow=c(4,3))
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
    boxxcoxx[[i]] <- boxcox(dadosAU[-c(1:2)][[i]] ~ LIN*ES, data=dadosAU,
        plotit=TRUE)
}#0 zero está incluído no intervalo de confiança do perfil de verossimilhança,
#o que indica que a transformação logarítmica é suficiente.

#Transformando#
modanovlog <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
    modanovlog[[i]] <- lm(log(dadosAU[-c(1:2)][[i]]) ~ LIN*ES, data=dadosAU)
}
lapply(modanovlog,anova)

#Testando normalidade
nomalilog <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
    nomalilog[[i]] <- lillie.test(modanovlog[[i]]$res)
}
nomalilog ##OK

#Testando homocedasticidade
homoclog <- list()
homoclog1 <- list()
homoclog2 <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
    homoclog[[i]] <- leveneTest((dadosAU[-c(1:2)][[i]]) ~ LIN*ES, data=dadosAU)
    homoclog1[[i]]<- leveneTest((dadosAU[-c(1:2)][[i]]) ~ LIN, data=dadosAU)
}

```

```

  homoclog2[[i]]<- leveneTest((dadosAU[-c(1:2)] [[i]]) ~ ES, data=dadosAU)
}
homoclog ## heterocedástico
homoclog1 ## homocedástico
homoclog2 ## heterocedástico

## As transformações não homogeneizaram as variâncias, portanto,
#será utilizado o enfoque de modelos lineares generalizados.
## Testando a interação
mod.geral <- list()
mod.reduzido <- list()
for(i in 1:ncol(vari)){
  mod.geral[[i]] <- glm(dadosAU[-c(1:2)] [[i]] ~ LIN + ES + LIN:ES,
                        family=Gamma(inverse),data=dadosAU)
  mod.red[[i]] <- glm(dadosAU[-c(1:2)] [[i]] ~ LIN + ES,
                     family=Gamma(inverse),data=dadosAU)
}

anodev <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
  anodev[[i]] <- anova(mod.geral[[i]],mod.red[[i]],test="F")
}
anodev##Interação é significativa no modelo

## Desdobrando a interação de LIN dentro de ES.
X.Lin <- model.matrix(~ ES + LIN %in% ES, data=dadosAU)
X.Lin
LinOut <- X.Lin[,c(4,7,10)]
LinInv <- X.Lin[,c(5,8,11)]
LinPri <- X.Lin[,c(6,9,12)]

mod.inter <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
  mod.inter[[i]] <- glm(dadosAU[-c(1:2)] [[i]] ~ ES + LinOut + LinInv + LinPri,
                      family=Gamma(inverse),data=dadosAU)
}

anodevint <- list()
for(i in 1:ncol(dadosAU[-c(1:2)])){
  anodevint[[i]] <- anova(mod.inter[[i]],test="F")
}
anodevint

#Houve diferenças significativas entre todas as LIN dentro das Estações.
#Coparação de médias.

contr <- outer(levels(dadosAU$LIN), levels(dadosAU$LIN) , function(x, y)
  paste(x, y, sep="-"))
contr <- contr[upper.tri(contr)]
contrr <- do.call(rbind, strsplit(contr, "-"))

##          Contrastes de LIN em cada ES          ##

```

```

library(contrast)
library(multcomp)

g0 <- glm(ACP~ LIN*ES, family=Gamma(inverse), data=dadosAU)

# Contrastes de LIN em cada ES
c.X <- lapply(levels(dadosAU$ES),
  function(b){
    sapply(1:nrow(contrr),
      function(c){
        c.contr <- contrast(g0, type="average" ,
          list(LIN=contrr[c,1], ES=b),
          list(LIN=contrr[c,2], ES=b))

        c.contr$X
      }
    )
  }
)

# Correção dos p-valores para evitar inflação do erro tipo I
mc.contr <- lapply(names(dadosAU)[-c(1:2)],
  function(a){
    g0 <- glm(as.formula(paste(a,"~ LIN*ES")),
      family=Gamma(inverse), data=dadosAU)
    lapply(c.X,
      function(X){
        summary(glht(g0, linfct=t(X)))
      }
    )
  }
)

#Médias
Out <- subset(dadosAU, ES=="Outono")
Out$ES <- factor(Out$ES)
Inv <- subset(dadosAU, ES=="Inverno")
Inv$ES <- factor(Inv$ES)
Pri <- subset(dadosAU, ES=="Prima")
Pri$ES <- factor(Pri$ES)

medias.out <- apply(Out[,-c(1:2)], 2, function(x) tapply(x,Out$LIN,mean))
medias.inv <- apply(Inv[,-c(1:2)], 2, function(x) tapply(x,Inv$LIN,mean))
medias.pri <- apply(Pri[,-c(1:2)], 2, function(x) tapply(x,Pri$LIN,mean))

```

ARTIGO 2: Crescimento alométrico de quatro linhagens de tilápia
Oreochromis sp.

Crescimento alométrico de quatro linhagens de tilápia *Oreochromis sp.*

Resumo

O trabalho foi conduzido com o objetivo de avaliar a influência de diferentes linhagens de tilápia sobre o crescimento alométrico do peso das vísceras e nadadeiras, carcaça, cabeça, filé, pele e resíduos em relação ao peso corporal. Foram utilizados 500 alevinos das linhagens Tailandesa, Comercial, Vermelha e UFLA. A cada trinta dias, de um total de vinte peixes, selecionaram-se cinco exemplares de cada linhagem para pesagem das partes corporais. Utilizou-se o modelo de Huxley para o estudo alométrico. O estudo alométrico das vísceras e nadadeiras, carcaça, cabeça, filé e resíduos foi feito em conjunto para todas as linhagens avaliadas. Já para o crescimento alométrico da pele, foi necessário um estudo para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial e outro estudo para a linhagem Vermelha. O crescimento alométrico da carcaça, filé e resíduos foi heterogônico positivo ($b > 1$). As vísceras e as nadadeiras tiveram menor intensidade de desenvolvimento em relação ao corpo ($b < 1$). A cabeça apresentou um mesmo padrão de crescimento alométrico do corpo ($b = 1$). Em relação à pele, o coeficiente alométrico estimado em conjunto para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial não diferiu de 1 ($b = 1$). Para a linhagem Vermelha, a pele cresceu proporcionalmente mais rápido em relação ao corpo ($b > 1$). Conclui-se que as linhagens Vermelha, Tailandesa, UFLA e Comercial apresentam um mesmo padrão de crescimento alométrico das vísceras e nadadeiras, carcaça, filé, cabeça e resíduo, divergindo apenas quanto ao crescimento alométrico da pele, para o qual a linhagem Vermelha apresenta crescimento divergente das demais linhagens.

Palavras-chave: Peixe. Huxley. Modelo alométrico.

Abstract: Allometric growth of four strains of tilapia *Oreochromis sp.*

The study was carried out to evaluate the different tilapia strains influence on the growth of weight of the fins and viscera, carcass, head, fillet, skin and waste in relation to body weight. 500 all male fingerlings of Thai, Comercial, Red and UFLA strain were used. Monthly, for a total of 20 fish was selected five around the average weight for slaughter. The Huxley's model was used for allometric study. The allometric study of the viscera and fins, carcass, head, fillet and waste was done together for all the strains tested. The allometric growth of the skin, needed a study for the Thai, and Comercial UFLA strains and another study for the Red strain. The allometric growth of the carcass, fillet and waste was positive heterogonic ($b > 1$). The viscera and fins had a lower development intensity in relation to body ($b < 1$). The head showed the same allometric growth standard of body ($b = 1$). Regarding the skin, together estimated allometric coefficient for the Thai, and Comercial UFLA strains not different from 1 ($b = 1$). For the Red line, the skin grew proportionally faster in relation to body ($b > 1$). The Red, Thai, and Comercial UFLA strains have the same allometric growth standard of the viscera and fins, carcass, fillet, and residual head, diverging only on the allometric growth of the skin, where the red line shows an increase divergent from other strains.

Keywords: Fish. Huxley. Allometric model.

1 INTRODUÇÃO

A tilápia é uma das espécies de peixe mais produzidas e distribuídas geograficamente no mundo e o Brasil tem ótimas condições climáticas para a sua

criação. A linhagem Tailandesa, ou Chitralada, foi uma das primeiras introduzidas no Brasil, se destacando pela rusticidade e pelo bom desempenho; a linhagem Comercial da extinta empresa Genomar é produto do programa Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT), desenvolvida nas Filipinas e se destaca pelo alto desempenho; e a linhagem vermelha, produzida por algumas empresas, se destaca por ser mais atrativa aos olhos do consumidor, por possuir pele com coloração clara. Uma quarta linhagem, ainda pouco difundida no Brasil, mas criada desde a década 1980, a partir da linhagem Tailandesa, é a linhagem UFLA, que é distribuída na região sul de Minas Gerais e, segundo os produtores, apresenta bom desempenho.

Como destacaram Santos et al. (2006), as linhagens de tilápias possuem padrões de crescimento diferenciados, podendo ser estudados alometricamente, levando em consideração a relação do peso do animal com outras partes do organismo, não sendo necessário considerar o tempo que o animal precisa para alcançar um determinado peso. Segundo Furusho-Garcia et al. (2006), o estudo alométrico do crescimento permite estimar o padrão de desenvolvimento dos cortes de importância econômica nos animais.

A alometria, ao explicar parte das diferenças quantitativas entre os animais, pode ser um parâmetro eficaz no estudo da carcaça e de seus componentes (SANTOS, 1999). Em peixes, particularmente, o estudo alométrico tem valor considerável para os pesquisadores em piscicultura que estão preocupados com ótimas estratégias de cultivo, ou produção (WEATHERLEY; GILL, 1987).

Neste sentido, como não há trabalhos que avaliem estas quatro linhagens de importância econômica para o Brasil, este estudo foi realizado com o objetivo de avaliar o crescimento alométrico das vísceras e nadadeiras, carcaça, cabeça, filé, pele e do resíduo em relação ao peso corporal das linhagens Vermelha, Tailandesa, UFLA e Comercial.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Estação de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG, por um período que compreendeu as estações de outono, inverno e primavera.

Foram avaliadas neste trabalho as seguintes linhagens de tilápia: Chitralada (Tailandesa), uma linhagem comercial geneticamente melhorada (Comercial), uma linhagem de tilápia-vermelha (Vermelha) e uma linhagem de tilápia-nilótica mantida no setor de piscicultura da Universidade Federal de Lavras desde 1970.

Inicialmente, 500 alevinos provenientes de uma população monosexo masculina (tratada com 17α -metiltestosterona) foram cultivados separadamente em 4 tanques de alvenaria com 56 m^3 e alimentados duas vezes ao dia, com uma ração comercial com os níveis nutricionais de acordo com a fase de vida dos peixes (42%, 32% e 28% de proteína para as fases de alevinagem, 10 – 100 g; crescimento, 100 – 300 g e terminação, 300 – 600 g, respectivamente). A quantidade diária foi fornecida de acordo com a biomassa dos tanques, variando de 7%, na primeira semana a 4%, na última. A densidade de estocagem inicial e final (desconsiderando a mortalidade observada no período) foi, respectivamente, de 8,92 e 5,36 peixes m^{-3} .

O teor de oxigênio e a temperatura da água foram medidos por meio de um oxímetro digital portátil e o pH, com o auxílio de um kit técnico comercial, sendo estes monitorados diariamente no início da manhã (8h:00min) e à tarde (14h:00min).

Coletaram-se, a cada 30 dias, 5 exemplares de cada linhagem dos 202 até 337 dias de idade, os quais, após um período de jejum de 24 horas, foram abatidos por meio da secção da medula, seguida de sangria das brânquias, pesados

e dissecados, sendo computados, em gramas, as seguintes partes dos peixes para o estudo alométrico: vísceras e nadadeiras (PVN), carcaça (PCAR), cabeça (PC), pele (PP), filé (PF) e resíduo (PR)(Tabela 1).

Tabela 1 Peso médio (desvio padrão) do peso das vísceras e nadadeiras (PVN), peso da carcaça (PCAR), peso da cabeça (PC), peso da pele (PP), peso do filé (PF) e peso dos resíduos (PR) das linhagens Vermelha, UFLA, Tailandesa e Comercial.

Peso das partes	Linhagens				
	Corporais	Vermelha	UFLA	Tailandesa	Comercial
PVN		71,32 (29,86)	77,96 (41,57)	92,56 (33,22)	106,92(38,81)
PCAR		175,88 (98,76)	175,24 (111,53)	201,88 (81,04)	268,08 (112,80)
PC		53,68 (26,97)	61,80 (32,88)	74,60 (35,61)	89,72 (38,66)
PP		18,24 (12,63)	18,40 (11,21)	23,48 (9,97)	30,24 (11,86)
PF		118,88 (64,82)	117,72 (75,05)	131,88 (51,59)	177,84 (75,47)
PR		38,96 (22,25)	40,52 (26,39)	47,36 (21,41)	60,36 (27,39)

Para o estudo do crescimento alométrico, utilizou-se o modelo exponencial $y = ax^b$ proposto por Huxley (1932), em que

y = é o peso de cada parte do peixe;

x = é o peso corporal do peixe;

a = é o coeficiente linear ou intercepto do modelo;

b = é o coeficiente alométrico

Para realização de inferências a cerca do parâmetro “ b ”, considerou-se um erro aditivo, com distribuição normal e identicamente distribuído. Utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (TRV) para verificação da igualdade dos parâmetros entre os diferentes modelos, conforme sugerido por Regazzi e Silva (2004),

para determinar se um único modelo seria adequado para descrever o crescimento alométrico, independente da linhagem. Foi construído um intervalo de confiança (IC) assintótico para o coeficiente alométrico por meio da função “confit2” do pacote “nlwr” do software R. Caso o intervalo de confiança contivesse o valor 1, considerou-se crescimento isogônico, caso contrário, considerou-se crescimento heterogônico negativo ($-\infty < IC < 1$), e heterogônico positivo ($1 < IC < +\infty$).

Utilizou-se o software R para a análise dos dados (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Não houve diferenças ($P > 0,05$) dos modelos entre as linhagens estudadas para as variáveis PVN, PCAR, PC, PF e PR (Tabela 2), permitindo-se utilizar um único modelo para o estudo alométrico das quatro linhagens (Tabela 3). Estes resultados diferem do encontrado por Santos et al. (2006), pois encontraram diferenças entre as linhagens Chitralada e Supreme quanto ao crescimento alométrico da carcaça, pele, filé e resíduos. No entanto, não foi possível utilizar um único modelo para o estudo alométrico da variável PP, sendo necessário ajustar aos dados um modelo para estudar a alometria das linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial e outro modelo para estudar a alometria da linhagem Vermelha (Tabela 4).

O crescimento alométrico da carcaça (PCAR), filé (PF) e resíduos (PR) foi heterogônico positivo, ou seja, estas partes cresceram proporcionalmente mais rápido do que o corpo ($b > 1$) (Figura 1). Já as vísceras e nadadeiras (PVN) tiveram uma menor intensidade de desenvolvimento em relação ao corpo ($b < 1$). A cabeça (PC) apresentou um mesmo padrão de crescimento alométrico do corpo ($b = 1$). Em relação à pele (PP), o coeficiente alométrico estimado em conjunto

Tabela 2 Teste de igualdade de parâmetros aplicado ao modelo de Huxley referentes as variáveis peso vísceras e nadadeiras (PVN), peso carcaça (PCAR), peso cabeça (PC), peso filé (PF), peso resíduo (PR) e peso pele (PP).

Hipóteses (H_0)	GL	PVN		PCAR		PC		PP		PF		PR	
		F calc	Val-P	F calc	Val-P								
$a_1 = a_2 = a_3 = a_4 = a$	3	0,2722	0,8453	1,0749	0,3637	1,9596	0,1255	3,7807	0,0131	1,3848	0,2524	0,0353	0,991
$a_1 = a_2$	1	-	-	-	-	-	-	5,944	0,0187	-	-	-	-
$a_1 = a_3$	1	-	-	-	-	-	-	9,348	0,0037	-	-	-	-
$a_1 = a_4$	1	-	-	-	-	-	-	9,614	0,0033	-	-	-	-
$a_2 = a_3$	1	-	-	-	-	-	-	0,110	0,7416	-	-	-	-
$a_2 = a_4$	1	-	-	-	-	-	-	0,491	0,4870	-	-	-	-
$a_3 = a_4$	1	-	-	-	-	-	-	0,199	0,6578	-	-	-	-
$b_1 = b_2 = b_3 = b_4 = b$	3	0,3159	0,8138	1,2503	0,2962	2,1315	0,1016	3,8871	0,0115	1,5273	0,2127	0,0272	0,994
$b_1 = b_2$	1	-	-	-	-	-	-	6,1234	0,0171	-	-	-	-
$b_1 = b_3$	1	-	-	-	-	-	-	10,332	0,0024	-	-	-	-
$b_1 = b_4$	1	-	-	-	-	-	-	9,7897	0,0030	-	-	-	-
$b_2 = b_3$	1	-	-	-	-	-	-	0,1819	0,6717	-	-	-	-
$b_2 = b_4$	1	-	-	-	-	-	-	0,4441	0,5085	-	-	-	-
$b_3 = b_4$	1	-	-	-	-	-	-	0,0964	0,7576	-	-	-	-

F calc = Valor da estatística F calculado; Val-P = valor da probabilidade; Os subscritos 1, 2, 3, e 4 das hipóteses (H_0) são referentes as linhagens Vermelha, Tailandesa, UFLA e Comercial respectivamente.

para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial não diferiu estatisticamente de 1 ($b= 1$), valor que caracterizou como crescimento isogônico deste tecido para estas linhagens. Para a linhagem Vermelha, a pele cresceu proporcionalmente mais rápido em relação ao corpo ($b> 1$) (Figura 2).

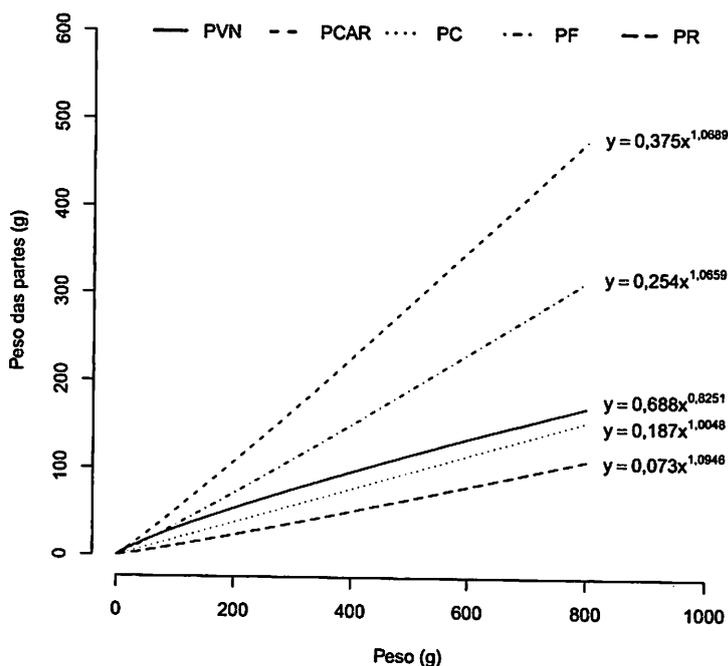


Figura 1 Crescimento alométrico das vísceras e nadadeiras (PVN), carcaça (PCAR), cabeça (PC), filé (PF) e do resíduo (PR) em relação ao peso corporal indiferentemente das linhagens Vermelha, Tailandesa, UFLA e Comercial.

Santos et al. (2006) encontraram crescimento heterogônico negativo da carcaça para linhagem Chitralada e isogônico para linhagem Comercial, ocorrendo o oposto para o filé, sendo de crescimento tardio para a Comercial e isogônico para a Chitralada. Para o resíduo, o crescimento alométrico foi heterogônico negativo

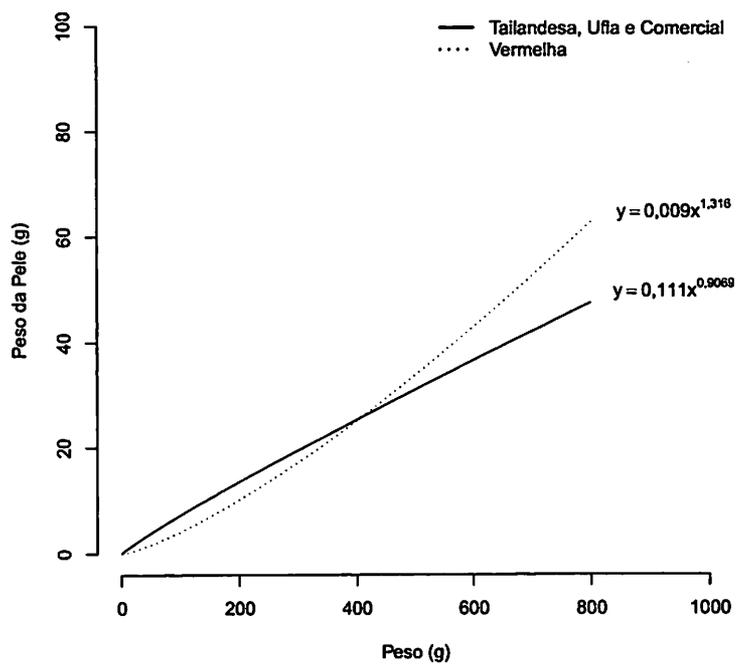


Figura 2 Crescimento alométrico da pele (PP) em relação ao peso corporal das linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial (Em conjunto) e da linhagem vermelha.

Tabela 3 Intervalos de confiança e coeficiente de determinação para o coeficiente alométrico estimado a partir de um único modelo para todas as linhagens para as variáveis peso vísceras e nadadeiras, peso carcaça, peso cabeça, peso filé e peso resíduo.

Variáveis	Coeficiente alométrico (b)		R ²
	Limite inferior	Limite superior	
Peso Vísceras e Nadadeiras	0,7608196	0,8893990	0,90
Peso Carcaça	1,0361859	1,1016371	0,98
Peso Cabeça	0,9219039	1,0876602	0,89
Peso Filé	1,0308322	1,1009726	0,98
Peso Resíduo	1,0340727	1,1552080	0,95

para a Chitralada e isogônico para Comercial. Já o crescimento da cabeça e das vísceras foi semelhante entre as linhagens, sendo heterogônico positivo e negativo, respectivamente.

Comparando-se o crescimento alométrico da cabeça, referente ao experimento de Santos et al. (2006) e deste experimento, constata-se que os resultados são diferentes. Naquele experimento, o crescimento foi heterogônico positivo e, neste experimento, foi isogônico. Provavelmente, os peixes daquele experimento tiveram maior necessidade de alimento e aporte de oxigênio para garantir o ganho de peso e a manutenção do metabolismo do que os peixes avaliados neste experimento. Isto pode ser explicado pela densidade inicial utilizada nos experimentos. No experimento de Santos et al. (2006) foi utilizado uma densidade inicial de 25 peixes por m^2 , e nesta ocasião foi utilizado 12,5 peixes por m^2 , ou seja, a metade da densidade utilizada naquele experimento.

Em carpa espelho (*Cyprinus carpio var. specularis*) Geri et al. (1995)

Tabela 4 Intervalos de confiança e coeficiente de determinação para o coeficiente alométrico estimado a partir de uma equação para as linhagens Tailandesa (Tai), UFLA e Comercial (Com), e outra equação para a linhagem Vermelha para peso da pele.

Variável	Coeficiente alométrico (b)			
	Tai, UFLA e Com		Vermelha	
	Limite inferior	Limite superior	Limite inferior	Limite superior
Peso Pele	0,77744	1,0364	1,15070	1,4819
	R ²			
Peso Pele	0,79		0,94	

encontraram crescimento isométrico para nadadeiras e crescimento heterogônico positivo para vísceras, filé e pele. Para resíduos, o crescimento foi heterogônico negativo.

O crescimento alométrico da pele da carpa foi semelhante ao da linhagem vermelha (crescimento tardio) e diferente das linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial (crescimento isogônico). Estes resultados também foram diferentes do encontrado por Santos et al. (2006), que relataram crescimento tardio para linhagem Chitralada e isogônico para linhagem Comercial. Estas divergências não tem explicação biológica e deve ser resultado, simplesmente, da destreza dos fileteadores ao retirarem a pele. Talvez este tecido não seja ideal para o estudo alométrico e deveria ser descartado em estudo futuros de alometria.

4 CONCLUSÃO

As linhagens Vermelha, Tailandesa, UFLA e Comercial apresentam um mesmo padrão de crescimento alométrico das vísceras e nadadeiras, carcaça, filé, cabeça e resíduo, divergindo apenas quanto ao crescimento alométrico da pele, para o qual a linhagem vermelha apresenta maior desenvolvimento, comparada às demais linhagens.

REFERÊNCIAS

- FURUSHO-GARCIA, I. F. et al. Estudo alométrico dos cortes de cordeiros Santa Inês puros e cruzas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.35, n.4, p.1416–1422, jul./ago. 2006.
- GERI, G. et al. Morphological characteristics and chemical composition of muscle in the mirror carp (*Cyprinus carpio* var. *specularis*) as influenced by body weight. **Aquaculture**, Amsterdam, v.129, n. 1/4, p.323–327, Jan. 1995.
- HUXLEY, J. **Problems of relative growth**. London: Methuen, 1932. 276 p.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 10 nov. 2010.
- REGAZZI, A.; SILVA, C. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear: I. dados no delineamento inteiramente casualizado. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v.22, n.3, p.33–35, 2004.
- SANTOS, C. L. **Estudo do desempenho, das características da carcaça e do crescimento alométrico de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia**. 1999. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.
- SANTOS, V. B. et al. Crescimento relativo e coeficientes alométricos de componentes do corpo de linhagens de tilápias-do-nilo (*Oreochromis niloticus*). **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v.7, n.4, p.357–364, 2006.
- WEATHERLEY, A.; GILL, H. **The biology of fish growth**. London: Academic, 1987. 443 p.

ANEXOS

ANEXO A Verificando se pode ser utilizado um mesmo modelo alométrico para todas as linhagens.

```

vari <- dados[,-c(1:2)]#Selecionando apenas as variáveis da base

#Modelo global
mod.glo <- list()
for(i in 1:ncol(vari)){
  mod.glo[[i]] <- nls(vari[,i] ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
    data=dados,
    start=list(a=c(0.1,0.1,0.1,0.1),b=c(1,1,1,1)),
    trace=F)
}
lapply(mod.glo,summary)

# Testando o parâmetro "a"
mod.a <- list()#modelo com restrição no parâmetro "a".
for(i in 1:ncol(vari)){
  mod.a[[i]] <- nls(vari[,i] ~ a*PESO^b[LIN],
    data=dados,
    start=list(a=0.1,b=c(1,1,1,1)),
    trace=F)
}

ANO.a <- list()#teste da razão de verossimilhança.
for(i in 1:ncol(vari)){
  ANO.a[[i]] <- anova(mod.a[[i]],mod.glo[[i]])
}
ANO.a#Apenas a variável PP diferiu entre as linhagens (5%).

#Testando o parâmetro "b" ou coeficiente alométrico
mod.b <- list()#modelo com restrição no parâmetro "b".
for(i in 1:ncol(vari)){
  mod.b[[i]] <- nls(vari[,i] ~ a[LIN]*PESO^b,
    data=dados,
    start=list(a=c(0.1,0.1,0.1,0.1),b=1),
    trace=F)
}

ANO.b <- list()
for(i in 1:ncol(vari)){
  ANO.b[[i]] <- anova(mod.b[[i]],mod.glo[[i]])
}
ANO.b# Apenas a variável PP diferiu entre as linhagens (5%).

#CONCLUSÃO: Apenas para a variável PP haverá necessidade de se fazer um

```

#estudo separado para as linhagens.

ANEXO B Verificando quais linhagens diferem quanto a variável PP.

```
##++++ Verificando quais linhagens são diferentes quanto a variável PP +++++##
#Comparação entre as linhagens Vermelha e Tailandesa
VerXTai <- subset(dados,LIN %in% c("ver","tai"))
VerXTai$LIN <- factor(VerXTai$LIN)

mod.verxtaig <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=VerXTai,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)#modelo global

mod.verxtaia <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=VerXTai,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)#modelo com restrição no parâmetro "a"
anova(mod.verxtaia,mod.verxtaig)#teste da razão de verossimilhança

mod.verxtaib <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=VerXTai,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.verxtaib,mod.verxtaig)#Diferentes (5%)

#Comparação entre as linhagens Vermelha e UFLA
VerXufla <- subset(dados,LIN %in% c("ver","ufla"))
VerXufla$LIN <- factor(VerXufla$LIN)
VerXufla$LIN

mod.verxuflag <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=VerXufla,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)

mod.verxuflaa <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=VerXufla,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)
anova(mod.verxuflaa,mod.verxuflag)#Diferentes (5%)

mod.verxuflab <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=VerXufla,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.verxuflab,mod.verxuflag)#Diferentes (5%)

#Comparação entre as linhagens Vermelha e Comercial
VerXcom <- subset(dados,LIN %in% c("ver","sup"))
```

```

VerXcom$LIN <- factor(VerXcom$LIN)
VerXcom$LIN

mod.verxcomg <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=VerXcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)

mod.verxcoma <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=VerXcom,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)
anova(mod.verxcoma,mod.verxcomg)#Diferentes (5%)

mod.verxcomb <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=VerXcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.verxcomb,mod.verxcomg)#Diferentes (5%)

#Comparação entre as linhagens Tailandesa e UFLA
Taixufla <- subset(dados,LIN %in% c("tai","ufla"))
Taixufla$LIN <- factor(Taixufla$LIN)
Taixufla$LIN

mod.taixuflag <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=Taixufla,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)

mod.taixuflaa <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=Taixufla,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)
anova(mod.taixuflaa,mod.taixuflag)#Não Diferem (5%)

mod.taixuflab <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=Taixufla,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.taixuflab,mod.taixuflag)#Não Diferem (5%)

#Comparação entre as linhagens Tailandesa e Comercial
Taixcom <- subset(dados,LIN %in% c("tai","sup"))
Taixcom$LIN <- factor(Taixcom$LIN)
Taixcom$LIN

mod.taixcomg <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=Taixcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)

```

```

mod.taixcoma <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=Taixcom,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)
anova(mod.taixcoma,mod.taixcomg)#Não Diferem (5%)

mod.taixcomb <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=Taixcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.taixcomb,mod.taixcomg)#Não Diferem (5%)

#Comparação entre as linhagens UFLA e Comercial
uflaxcom <- subset(dados,LIN %in% c("ufla","sup"))
uflaxcom$LIN <- factor(uflaxcom$LIN)
uflaxcom$LIN

mod.uflaxcomg <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b[LIN],
  data=uflaxcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=c(1,1)),
  trace=F)

mod.uflaxcoma <- nls(PP ~ a*PESO^b[LIN],
  data=uflaxcom,
  start=list(a=0.1,b=c(1,1)),
  trace=F)
anova(mod.uflaxcoma,mod.uflaxcomg)#Não Diferem (5%)

mod.uflaxcomb <- nls(PP ~ a[LIN]*PESO^b,
  data=uflaxcom,
  start=list(a=c(0.1,0.1),b=1),
  trace=F)
anova(mod.uflaxcomb,mod.uflaxcomg)#Não Diferem (5%)

#CONCLUSÃO: Será necessário um estudo alométrico separado para a linhagem
#vermelha.

```

ANEXO C Estudo alométrico da variável PP.

```

## Estudo alométrico para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial
TaixUFLAxCom <- subset(dados, LIN %in% c("tai","ufla","sup"))
TaixUFLAxCom$LIN <- factor(TaixUFLAxCom$LIN)
summary(TaixUFLAxCom)

mod.ufc <- nls(PP ~ a*PESO^b,
  data=TaixUFLAxCom,
  start=list(a=0.3,b=1),
  trace=F)

plot(mod.ufc)#ok
qqnorm(mod.ufc)#ok

```

```

summary(mod.ufc)
confint2(mod.ufc)
R2 <- (1-(deviance(mod.ufc)/deviance(lm(PP ~ 1, data=TaixUFLACom)))*100

## Estudo alométrico para a linhagem vermelha para a variável PP
Verm <- subset(dados, LIN %in% c("ver"))
Verm$LIN <- factor(Verm$LIN)

mod.ver <- nls(PP ~ a*PES0^b,
              data=Verm,
              start=list(a=0.3,b=0.5),
              trace=F)
plot(mod.ver)#ok
qqnorm(mod.ver)#ok
summary(mod.ver)
confint2(mod.ver)
R2v <- (1-(deviance(mod.ver)/deviance(lm(PP ~ 1, data=Verm)))*100

#Gráficos em conjunto para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial
pdf("pjunto.pdf")
plot(PP ~ PES0, data=TaixUFLACom, xlab="Peso (g)", ylab= "Peso da Pele (g)",
     axes=F, xlim=c(0,1000),ylim=c(0,100), type="n")
axis(1)
axis(2)
curve(0.11085*x^0.9069, 0,800,add=TRUE)
text(940,50,expression(y==0.111*x^0.9069))
curve(0.009475*x^1.316339, 0,800,add=TRUE,lty=3)
text(940,65,expression(y==0.009*x^1.316))
legend(par('usr')[2], par('usr')[4], xjust=1,bty="n",
       c('Tailandesa, UFLA e Comercial', 'Vermelha'),
       lwd=2, lty=c(1,3))
dev.off()

#Gráfico para a linhagem Vermelha
pdf("veralo.pdf")
plot(PP ~ PES0, data=Verm, xlab="Peso (g)", ylab= "Peso da Pele (g)",
     axes=F, xlim=c(0,1000),ylim=c(0,100))
axis(1)
axis(2)
curve(0.009475*x^1.316339, add=TRUE)
text(600,80,expression(y==0.009*x^1.316))
text(600,75,expression(R^2==93.72))
text(690,75,"%")
text(600,70,"crescimento heterogônico positivo")
title("Linhagem Vermelha")
dev.off()

```

ANEXO D Estudo alométrico para as demais variáveis considerando todas as linhagens em conjunto.

```

R2 <- function(modelo){
  da <- eval(modelo$data)
  resp.name <- all.vars(summary(modelo)$formula)[1]
  names(da)[which(names(da)==resp.name)] <- "y"
  sqe <- deviance(modelo)
  sqn <- deviance(lm(y ~ 1, da))
  (1-(sqe/sqn))*100
}

mod.glo <- lapply(names(dados[-c(1:2,6)]),
  function(i){
    form <- as.formula(paste(i,"~ a*PES0^b"))
    m0 <- nls(form,
      data=dados,
      start=list(a=0.3,b=1),
      trace=F)

    m0
  }
)
lapply(mod.glo,summary)
lapply(mod.glo,confint2)

mod.r2 <- function(da){
  lapply(names(dados[-c(1:2,6)]),
  function(i){
    form <- as.formula(paste(i,"~ a*PES0^b"))
    m0 <- nls(form,
      data=dados,
      start=list(a=0.3,b=1),
      trace=F)

    m0
  }
)
}
do.call(c, lapply(mod.r2(dados), R2))

#Avaliando homocedasticidade e normalidade
variaveis <- dados[-c(1:2,6)]
titulos <- names(variaveis)

modelo.teste <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  modelo.teste[[i]] <- nls(variaveis[,i] ~ a*PES0^b,
    data=dados,
    start=list(a=0.3,b=1),
    trace=F)
}

residuos <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  residuos[[i]] <- resid(modelo.teste[[i]])
}

```

```

}

estimado <- list()
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  estimado[[i]] <- fitted(modelo.teste[[i]])
}

par(mfrow=c(3,2))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  plot(residuos[[i]] ~ estimado[[i]] , ylab=titulos[i],
  xlab="Peso corporal (g)")
}

par(mfrow=c(3,2))
for(i in 1:ncol(variaveis)){
  qqnorm(residuos[[i]], main=titulos[i])
}

## Gráficos
pdf("fig1.pdf")
plot(PVN ~ PESO, data=dad, xlab="Peso (g)", ylab= "Peso das partes (g)",
  axes=F,xlim=c(0,1000),ylim=c(0,600), type="n")
axis(1)
axis(2)
curve(0.6883*x^0.8251, 0,800,add=TRUE, lty=1)
text(930,180,expression(y==0.688*x^0.8251))
curve(0.3746*x^1.0689, 0,800,add=TRUE, lty=2)
text(930,480,expression(y==0.375*x^1.0689))
curve(0.1874*x^1.0048, 0,800, add=TRUE, lty=3)
text(930,150,expression(y==0.187*x^1.0048))
curve(0.2535*x^1.0659, 0,800,add=TRUE, lty=4)
text(930,320,expression(y==0.254*x^1.0659))
curve(0.07321*x^1.09464, 0,800,add=TRUE,lty=5)
text(930,110,expression(y==0.073*x^1.0946))
legend(par('usr')[2], par('usr')[4], xjust=1,bty="n", horiz=TRUE,
c('PVN', 'PCAR', 'PC', 'PF', 'PR'),
lwd=2, lty=c(1,2,3,4,5))
dev.off()

```

**ARTIGO 3: Deposição dos componentes químicos corporais na carcaça de
linhagens de tilápias(*Oreochromis sp*)**

Deposição dos componentes químicos corporais na carcaça de linhagens de tilápias (*Oreochromis sp*)

Resumo

O trabalho foi conduzido com o objetivo de avaliar a influência de diferentes linhagens de tilápia sobre a deposição de componentes químicos na carcaça. Foram utilizados 500 alevinos das linhagens Tailandesa, Comercial, Vermelha e UFLA. A cada 30 dias, de um total de 20 peixes selecionaram-se 4 exemplares para análise laboratorial. Os componentes corporais analisados foram: água, proteína, extrato etéreo e cinzas. Para a determinação das curvas de deposição química corporal em função da idade foram ajustados os modelos exponencial, Brody, logístico, Gompertz e von Bertalanffy. Houve ajuste apenas do modelo exponencial para a água, tendo as linhagens UFLA e Comercial sido as que depositaram numa velocidade mais rápida ($P < 0,05$) em relação às demais linhagens. Quanto à proteína, a linhagem Vermelha foi a que teve peso à maturidade menor e foi mais precoce (202 dias) quanto à deposição máxima em relação às outras linhagens (337 dias). Não houve diferença ($P > 0,05$) dos parâmetros do modelo logístico entre as linhagens Vermelha, UFLA e Comercial para extrato etéreo. Estas linhagens tiveram deposição máxima de extrato etéreo (0,23 g) aos 310 dias de idade. Em relação à deposição de cinzas, a linhagem Comercial teve maior deposição máxima (0,10 g) e aos 337 dias de idade, sendo mais tardia em relação às outras linhagens que obtiveram deposição máxima de 0,033 g, aos 254 dias de idade. Portanto, conclui-se que as linhagens genéticas avaliadas diferem quanto às curvas de deposição química de água, proteína, extrato etéreo e cinzas.

Palavras-chave: Composição corporal. Modelos não-lineares. Peixe. Crescimento.

Abstract: Deposition of chemical components bodily in the carcass of tilapia strains *Oreochromis sp.*

The study was carried out to evaluate the influence of different tilapia strains on the chemical components deposition. 500 all male fingerlings of Thai, Commercial, and Red UFLA strains were used. Monthly, four for a total of 20 fish was selected for laboratory analysis. The body parts were analyzed: water, protein, ether extract and ash. For determining the deposition curves body chemistry components by age were adjusted exponential, Brody, logistic, Gompertz and Von Bertalanffy models. The accumulation of nutrient deposition was evaluated in each season (fall, winter and spring) by the technique of the area under curve (AUC). Only the exponential model fit for water, and the Commercial and UFLA strains deposited at a faster speed ($P < 0.05$) compared with other strains. For protein, red strain had a lower maturity weight and was earlier (202 days) as the maximum deposition for the other strains (337 days). No significant differences ($P > 0.05$) of the logistic model between strains Red UFLA and Commercial for ether extract. These lines presented a maximum ether extract deposition (0.23 g) at 310 days old. Regarding the ash deposition, Commercial strain had a higher maximum deposition (0.10 g) at the 337 days, and later for the other strains, that had maximum deposition (0.033g) to 254 days old. Thus, the genetic evaluated strains differ in chemical deposition curves of water, protein, ether extract and ash.

Keywords: Body components. Nonlinear models. Fish. Growth

1 INTRODUÇÃO

O crescimento animal é caracterizado pela hiperplasia (aumento no número de células) e pela hipertrofia (aumento no diâmetro das células), que podem ser afetados por vários fatores, tais como espécies, condições ambientais, tamanho do peixe, nível de proteína da dieta e taxa de alimentação (OGATA; SHEARER, 2000). O crescimento hipertrófico varia com a taxa de crescimento somático nas diferentes fases da vida, ocasionada, principalmente, pela deposição de água, proteína, gordura e minerais, os quais alteram o tamanho das células e, consequentemente, o tamanho dos animais. Em larvas de dourada, Rowleron et al. (1995) constataram que, após o início da alimentação exógena, os peixes triplicaram o tamanho o que, muito provavelmente, foi consequência do início da deposição de proteína e de gordura nas células.

Nos animais, a deposição de proteína está relacionada diretamente com o crescimento e, em peixes, este nutriente é de suma importância uma vez que eles o utilizam mais eficientemente como fonte de energia, quando comparado aos glicídios e lipídios, e por representar cerca de 65%-70% do peso corporal na matéria seca.

No Brasil, atualmente, algumas linhagens de tilápia têm sido comercializadas e difundidas como linhagens geneticamente melhoradas, com maior taxa de crescimento. Dentre estas linhagens, destacam-se a Chitralada, ou Tailandesa, desenvolvida no Japão, melhorada na Tailândia e importada para o Brasil em 1996 (ZIMMERMANN, 1999); uma Comercial que é derivada do programa *Genetically Improved Farmed Tilapia* (GIFT), desenvolvida nas Filipinas e a Vermelha, que é um híbrido de diferentes composições genéticas e que é comercializadas como Saint Peter, Vermelha da Flórida e Jamaica, entre outras.

Diversos são os modelos descritos na literatura para descrever tanto o crescimento animal quanto vegetal. Dentre eles, os modelos exponencial (MALTHUS, 1798), logístico (NELDER, 1961), Gompertz (GOMPertz, 1825), Brody (BRODY, 1945) e von Bertalanffy (BERTALANFFY, 1957) são os mais utilizados.

Alguns estudos com peixes comparando o crescimento ponderal entre linhagens (HERBING; BOUTILIER, 1996; SANTOS et al., 2008; SVASAND et al., 1996) foram realizados, mostrando que as curvas de crescimento são distintas entre as linhagens. Deste modo, é provável que os diferentes constituintes corporais também apresentem diferentes curvas de crescimento. No entanto, não houve na literatura consultada estudos que demonstrassem a forma de crescimento destes constituintes químicos para diferentes linhagens de tilápia.

Em aves de corte, Marcato et al. (2009) demonstraram que machos das linhagens Ross e Cob apresentaram diferentes taxas de crescimento ponderal, o que, provavelmente foi resultado das diferentes taxas de deposições de proteína e gordura observadas neste estudo para estas linhagens. Neme et al. (2006) trabalhando com aves de postura, também encontraram diferenças entre linhagens quanto as taxas de deposição de água, proteína, gordura e cinzas.

Assim sendo, o estudo da deposição dos tecidos corporais em função da idade ao longo do crescimento dos animais é de extrema importância para o entendimento de como os animais crescem e depositam seus tecidos, possibilitando a elaboração de programas nutricionais mais adequados (NEME et al., 2006).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a influência de linhagens genéticas sobre as deposições de água, proteína, extrato etéreo e cinzas na carcaça de tilápias-do-nilo.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Estação de Piscicultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG, por um período que compreendeu as estações de outono, inverno e primavera.

Foram avaliadas, neste trabalho, as linhagens de tilápia: Chitralada (Tailandesa), uma linhagem comercial geneticamente melhorada (Comercial), uma linhagem de tilápia-vermelha (Vermelha) e uma linhagem de tilápia-nilótica mantida no setor de piscicultura da Universidade Federal de Lavras desde 1970 (UFLA).

Inicialmente, 500 alevinos provenientes de uma população monosexo masculina (tratada com 17α -metiltestosterona) foram cultivados separadamente em 4 tanques de alvenaria com 56 m^3 e alimentados duas vezes ao dia, com uma ração comercial com os níveis nutricionais de acordo com a fase de vida dos peixes (42%, 32% e 28% de proteína para as fases de alevinagem, 10 – 100 g; crescimento, 100 – 300 g e terminação, 300 – 600 g, respectivamente). A quantidade diária foi fornecida de acordo com a biomassa dos tanques, variando de 7% na primeira semana a 4% na última. A densidade de estocagem inicial e final (desconsiderando a mortalidade observada no período) foi de, respectivamente de 8,92 e 5,36 peixes m^{-3} .

O teor de oxigênio e a temperatura da água foram medidos por meio de um oxímetro digital portátil e o pH, com o auxílio de um kit técnico comercial, sendo estes monitorados diariamente no início da manhã (8h:00min) e à tarde (14h:00min).

A cada 30 dias, foram coletados 20 peixes de cada linhagem. Após um período de jejum de 48 horas, os peixes foram abatidos por meio da secção da medula seguida de sangria das brânquias, selecionando-se quatro exemplares, os

quais foram eviscerados, suas escamas retiradas, inteiramente moídos em multi-processador e, então, encaminhados para análise laboratorial de acordo com a ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURE CHEMISTRY - AOAC (1998). Os componentes corporais analisados foram: água, proteína, extrato etéreo e cinzas. Os componentes químicos, em percentagens, foram transformados em gramas, para o ajuste das regressões.

Para a determinação das curvas de deposição química corporal em função da idade, foram ajustados os modelos exponencial, Brody, logístico, Gompertz e von Bertalanffy (Tabela 1). As funções foram avaliadas e escolhidas por meio do coeficiente de determinação (R^2) e do quadrado médio do erro (QME), fixando-se $\alpha = 0,01$. Os intervalos de confiança de cada parâmetro foram obtidos considerando-se um $\alpha = 0,05$.

Tabela 1 Modelos não-lineares normalmente utilizadas para descrever o crescimento animal e para determinar a taxa de crescimento absoluta (TCA).

Modelo	Equação	TCA (g/dia)
Exponencial*	$y = ae^{\frac{t}{k}}$	-
Brody	$y = A(1 - Be^{-kt})$	$ABke^{-kt}$
Von Bertalanffy	$y = A(1 - Be^{-kt})^3$	$3ABke^{-kt}(1 - Be^{-kt})^2$
Gompertz	$y = Ae^{-Be^{-kt}}$	$ABke^{-kt}e^{-Be^{-kt}}$
Logística	$y = A(1 + Be^{-kt})^{-1}$	$ABke^{-kt}(1 + Be^{-kt})^{-2}$

* O parâmetro "a" no modelo exponencial representa o ponto que intercepta o eixo "y"

Utilizou-se a função "nls" do pacote "stats" para o ajuste dos modelos não-lineares. Com esta função, utilizou-se o argumento "weights" para que a função fizesse o ajuste por meio dos quadrados mínimos ponderados pelo inverso da

variância. O algoritmo utilizado pela função “nls” foi o “Gauss-Newton”, que é o algoritmo padrão (*default*).

Os parâmetros “*A*” e “*k*” dos modelos apresentados na Tabela 1 têm importantes interpretações biológicas. O parâmetro “*A*” representa o peso assintótico superior ou o peso adulto do animal e o parâmetro “*k*” representa a taxa de maturidade, ou seja, é a relação entre a taxa de crescimento relativo e o peso adulto do animal. Quanto maior o valor de “*k*”, mais precoce é o animal.

O ajuste dos modelos foi realizado por meio do método dos quadrados mínimos ponderados pelo inverso da variância de diferentes idades em diferentes linhagens, uma vez que as mesmas aumentaram com o aumento da idade (Figura 1).

Utilizando como exemplo a linhagem Vermelha e a variável água, a equação do modelo logístico da Tabela 1 e a Figura 1, será ilustrado o raciocínio do cálculo para encontrar os valores iniciais dos parâmetros, para ser utilizado na função “nls” para o processo de convergência dos modelos. Os dados da Figura 1 mostram que, aos 328 dias de idade o conteúdo de água é de, aproximadamente 410 g e não parece estar perto de uma assíntota. A fim de não extrapolar muito os dados, será definido um valor inicial de “*A*” de 550 g. É conveniente considerar que, na idade inicial de 85 dias, o valor de “*t*” seja igual a zero. Logo, adotando-se “*A* = 550”, “*t* = 0” e “*y* = 22,83”, o cálculo do valor de “*B*” foi:

$$22,83 = \frac{550}{1 + B \cdot e^{-k \cdot 0}}$$

$$22,83 = \frac{550}{1 + B \cdot 1}$$

$$B = 23,09$$

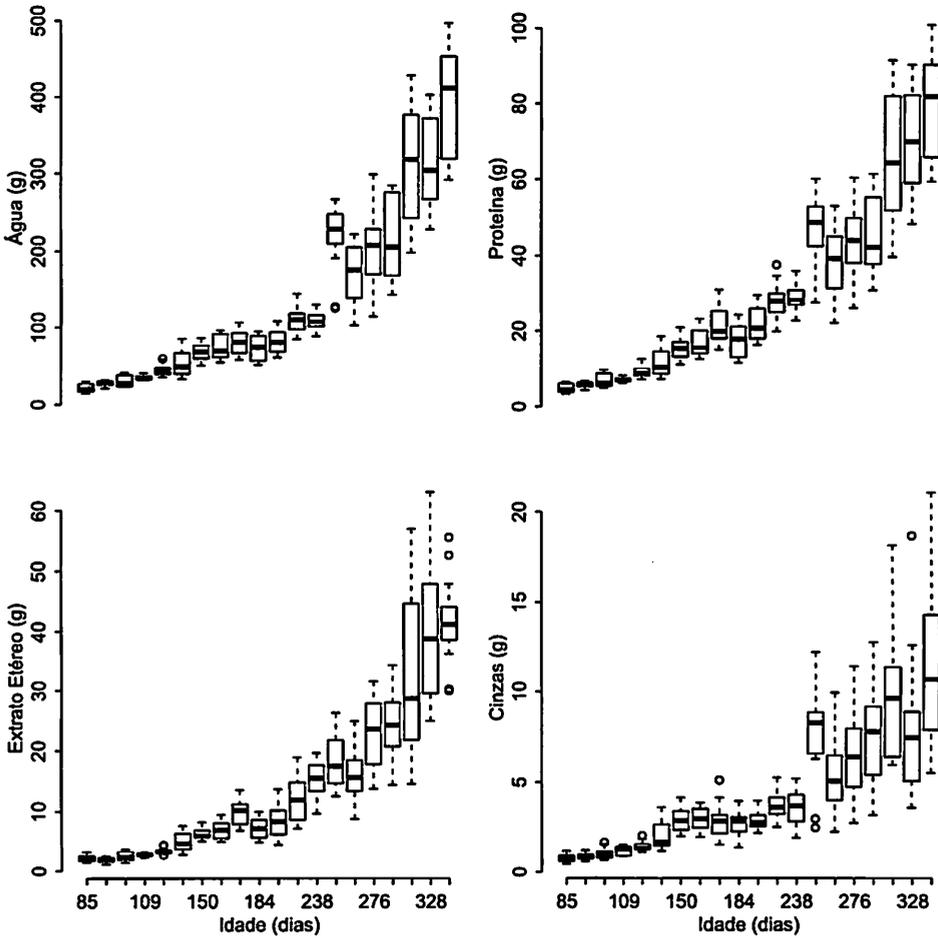


Figura 1 Box-plot dos componentes químicos corporais ao longo do desenvolvimento dos peixes de todas as linhagens em conjunto.

Para a idade de 104 dias, têm-se “ $t = 1$ ”, “ $A = 550$ ”, “ $B = 23,09$ ”, “ $y = 28,85$ ” e “ k ” igual a:

$$28,85 = \frac{550}{1 + 23,09 \cdot e^{-k \cdot 1}}$$

$$28,85 = \frac{550}{1 + 23,09 \cdot e^{-k}}$$

$$e^{-k} = 0,78$$

$$\ln e^{-k} = \ln 0,78$$

$$k = 0,245$$

Portanto, os chutes iniciais dos parâmetros para o modelo logístico e para a linhagem Vermelha e a variável água foram: “ $A = 550$ ”, “ $B = 23,09$ ” e “ $k = 0,245$ ”. Foi utilizado o mesmo raciocínio do exemplo acima para calcular os valores iniciais dos parâmetros de todos os modelos estudados para todas as linhagens e para os demais componentes químicos corporais.

Utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (TRV) para verificação da igualdade dos parâmetros entre os diferentes modelos, conforme sugerido por Regazzi e Silva (2004), para determinar se uma única curva seria adequada para descrever a deposição de cada componente químico, independente da linhagem. Após a definição do melhor modelo, calculou-se, para cada componente químico e linhagem, a taxa de deposição absoluta (TDA) por meio da derivada de primeira ordem do modelo ajustado em relação ao tempo ($\partial Y / \partial t$).

Para avaliar o acúmulo de deposição dos nutrientes em cada estação do ano foi utilizado a técnica da área abaixo da curva (AAC). As estações do ano avaliadas foram outono, inverno e primavera que compreenderam as idades de 85 a 150, 150 a 238 e 238 a 328 dias respectivamente. A variável AAC foi determinada, conforme Shaner e Finney (1977), como

$$\sum_{i=1}^n [(Y_{i+1} + Y_i)/2][X_{i+1} - X_i]$$

em que,

Y_i = é componente químico, em gramas, da *i-ésima* observação;

X_i = é a idade (dias) da *i-ésima* observação;

n = é o número total de observações.

A relação extrato etéreo:proteína (EE:PB) também foi avaliada com o objetivo de verificar se esta se manteve igual entre as linhagens ao longo do período de avaliação.

Tanto a variável AAC quanto a relação EE:PB foram submetidas à análise de variância (ANOVA) em um esquema fatorial 4×3 (Linhagens \times Estação do ano) precedida de teste de comparação de médias, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + L_i + E_j + (LE)_{ij} + e_{(ij)k}$$

em que

y_{ijk} = o valor da parcela referente à linhagem *i* na estação *j* na repetição *k*;

μ = a média geral;

L_i = o efeito da linhagem *i*, com $i = 1, 2, 3, 4$;

E_j = o efeito da estação do ano *j*, com $j = 1, 2, 3$;

$(LE)_{ij}$ = o efeito da interação entre os fatores *L* e *E*;

$e_{(ij)k}$ = o erro experimental associado a todas observações, com distribuição $N(0, \sigma^2)$.

Todas as variáveis foram testadas quanto as pressuposições da ANOVA e, quando violadas, foi utilizada a transformação adequada.

Foi avaliado o crescimento alométrico entre a proteína e o extrato etéreo pela equação $y = ax^b$ que segundo Santos (1999), permite realizar uma descrição quantitativa adequada do crescimento de regiões e tecidos em relação a outros e ao organismo como um todo, descrevendo uma relação curvilínea entre o crescimento da maioria dos tecidos. Verificou-se também, por meio do TRV, a igualdade dos parâmetros entre as equações estimadas para cada linhagem. Foi construído um intervalo de confiança (IC) assintótico para o coeficiente alométrico por meio da função “confit2” do pacote “nlwr” do software R. Quando o intervalo de confiança foi igual a 1, considerou-se crescimento isogônico, caso contrário, considerou-se crescimento heterogônico negativo ($-\infty < IC < 1$), e heterogônico positivo ($1 < IC < +\infty$).

Todas as análises foram realizadas por meio dos pacotes nortest, car, MASS, agricolae, laercio, nlme e nlwr do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A temperatura média da água dos tanques durante o tempo de cultivo variou de 18°C a 27°C, nos meses de junho e dezembro, respectivamente (Figura 2). A menor temperatura da água registrada foi para o tanque onde estava a linhagem Tailandesa no mês de julho (12°C).

A temperatura da água é um dos mais importantes fatores que afetam a fisiologia, o crescimento, a reprodução e o metabolismo da tilápia. A variação registrada neste estudo ocorreu dentro da faixa de desenvolvimento normal para tilápia que está entre 20°C a 35°C (EL-SAYED, 2006). No entanto, o máximo crescimento que é observado quando a temperatura da água se encontra entre 25°C

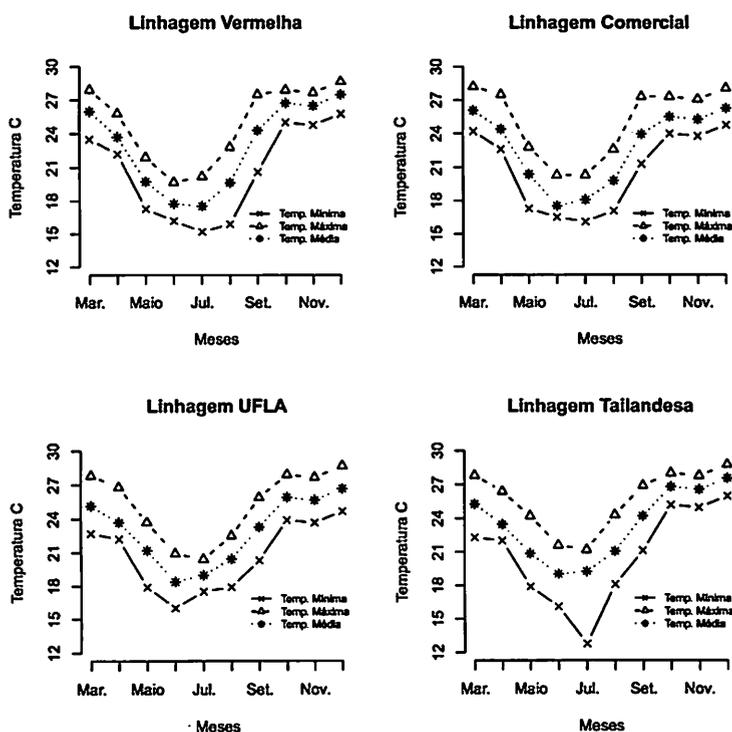


Figura 2 Variação da temperatura da água dos tanques das linhagens ao longo do período de cultivo.

e 30°C (SANTOS, 2004) foi prejudicado neste estudo, uma vez que, somente a partir de outubro, a temperatura média dos tanques atingiu 25°C. Santos (2004) ao avaliar dois tipos de linhagens de tilápias na mesma região do presente estudo, também observou um aumento médio da temperatura da água acima de 25°C, a partir de outubro.

Houve ajuste ou convergência apenas do modelo exponencial para todas as linhagens referente à deposição de água (Tabela 2 e Figura 3). No modelo exponencial, o parâmetro a reflete o peso inicial avaliado nas diferentes linhagens e a linhagem UFLA apresentou menor ($P < 0,01$) estimativa, seguida das linhagens Comercial, Tailandesa e Vermelha. Quanto à velocidade de deposição de água, que

neste caso é igual a $1/\hat{k}$, as linhagens Comercial e UFLA apresentaram valores semelhantes ($P > 0,05$) e maiores ($P < 0,05$) quando comparadas as linhagens Tailandesa e Vermelha, sendo esta última a que apresentou menor valor (Tabela 3).

Tabela 2 Estimativas dos parâmetros (a e k), quadrado médio do erro (QME) e coeficiente de determinação (R^2), do modelo exponencial para variável água.

Linhagens	Parâmetros	Estimativa *	Intervalos de confiança		QME	R ²
			LI	LS		
Vermelha	\hat{a}	14,46	13,083	15,837	1,452	0,99
	\hat{k}	117,08	111,123	123,040		
Tailandesa	\hat{a}	12,36	11,440	13,284	1,921	0,99
	\hat{k}	104,05	99,419	108,674		
UFLA	\hat{a}	7,13	6,675	7,582	5,19	0,99
	\hat{k}	86,52	83,839	89,193		
Comercial	\hat{a}	9,19	8,773	9,605	3,903	0,99
	\hat{k}	84,71	82,660	86,764		

* Significativo ($P < 0,01$).

Quanto ao acúmulo ou intensidade de deposição de água, a linhagem Comercial, independentemente da estação do ano, foi superior ($P < 0,01$) às demais linhagens (Figura 4). Em seguida, a linhagem Tailandesa teve uma deposição de água acumulada maior ($P < 0,01$) que a linhagem Vermelha no inverno e na primavera, sendo semelhante a esta no outono. A linhagem UFLA teve uma deposição de água acumulada semelhante a linhagem Tailandesa e Vermelha na primavera e no inverno, respectivamente, sendo inferior a estas no outono.

O fato de os demais modelos não terem atingido a convergência provavelmente se deve ao fato de os animais não terem atingido o peso corporal máximo. É

Hipótesis (H_0)	GL	Agua		Proteína		Extracto Etéreo		Cinzas	
		F calc	Val-P	F calc	Val-P	F calc	Val-P	F calc	Val-P
$A_1 = A_2 = A_3 = A_4 = A$	3	56,07	< 0,001	3,30	0,021	1,32	0,270	5,01	0,002
$A_1 = A_2$	1	6,16	0,014	12,87	< 0,001	-	-	0,37	0,545
$A_1 = A_3$	1	64,71	< 0,001	9,37	0,003	-	-	2,26	0,135
$A_1 = A_4$	1	37,71	< 0,001	8,61	0,004	-	-	4,83	0,029
$A_2 = A_3$	1	86,68	< 0,001	0,05	0,830	-	-	3,37	0,068
$A_2 = A_4$	1	33,83	< 0,001	0,36	0,552	-	-	5,04	0,026
$A_3 = A_4$	1	44,22	< 0,001	0,12	0,73	-	-	7,21	0,008
$B_1 = B_2 = B_3 = B_4 = B$	3	-	-	4,3	0,005	1,43	0,241	5,74	< 0,001
$B_1 = B_2$	1	-	-	17,39	< 0,001	-	-	2,11	0,148
$B_1 = B_3$	1	-	-	14,04	< 0,001	-	-	2,21	0,139
$B_1 = B_4$	1	-	-	10,48	< 0,001	-	-	6,22	0,014
$B_2 = B_3$	1	-	-	1,16	0,284	-	-	0,09	0,766
$B_2 = B_4$	1	-	-	1,15	0,286	-	-	6,11	0,015
$B_3 = B_4$	1	-	-	0,005	0,943	-	-	6,68	0,011
$k_1 = k_2 = k_3 = k_4 = k$	3	42,89	< 0,001	1,22	0,302	1,68	0,189	1,63	0,183
$k_1 = k_2$	1	19,86	< 0,001	-	-	-	-	-	-
$k_1 = k_3$	1	65,98	< 0,001	-	-	-	-	-	-
$k_1 = k_4$	1	96,04	< 0,001	-	-	-	-	-	-
$k_2 = k_3$	1	38,18	< 0,001	-	-	-	-	-	-
$k_2 = k_4$	1	61,38	< 0,001	-	-	-	-	-	-
$k_3 = k_4$	1	1,15	0,285	-	-	-	-	-	-

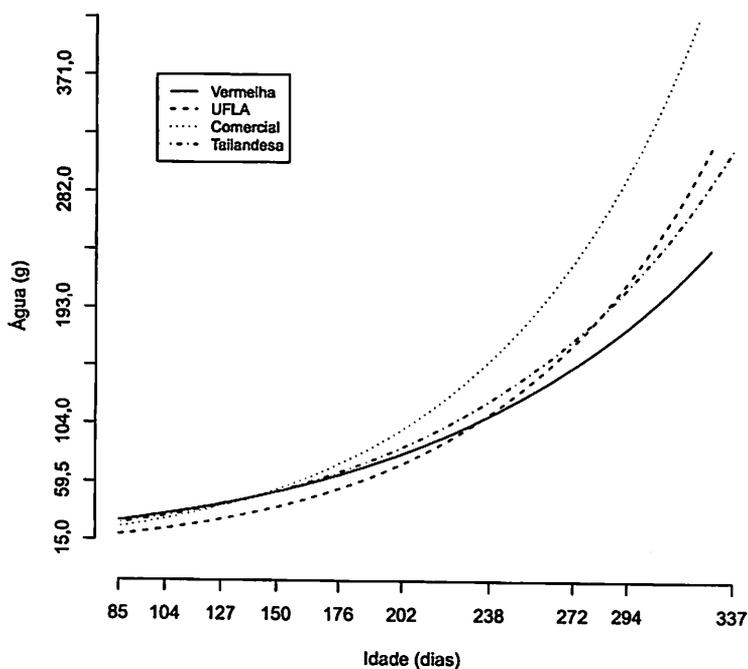


Figura 3 Curvas de deposição da água de diferentes linhagens ao longo do desenvolvimento estimado por meio do modelo exponencial.

provável que a idade a maturidade seja semelhante à idade máxima de deposição de água. Marcato et al. (2009), trabalhando com aves de corte, observaram que a idade à maturidade do peso corporal (em média, 36 dias) é próxima à idade de deposição máxima de água (em média, 34 dias). Em aves de postura, observou-se que a idade a maturidade (55 dias, em média) é próxima à idade em que ocorreu a deposição máxima de água (55 dias, em média) (NEME et al., 2006).

Em relação a deposição de proteína, dentre os modelos avaliados, apenas o modelo exponencial e o logístico ajustaram-se, sendo o logístico o melhor modelo, uma vez que apresentou menor valor de QME e maior valor de R^2 (Tabela 4). A

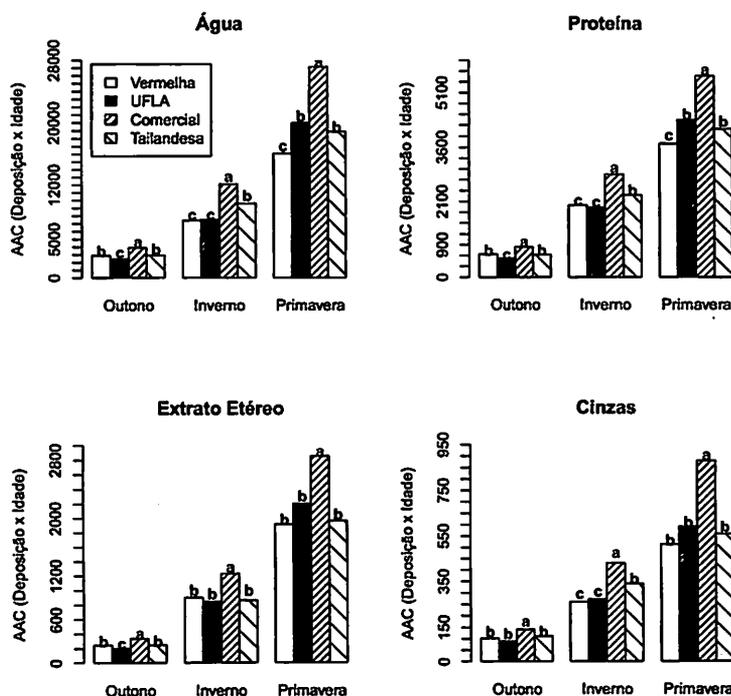


Figura 4 Médias da área abaixo da curva (AAC) de deposição dos componentes químicos de cada linhagem. Médias seguidas pela mesma letra entre linhagem não diferem significativamente ($P < 0,05$) entre si, pelo teste Scott-Knott.

linhagem Vermelha apresentou menor ($P < 0,01$) estimativa do peso assintótico (\hat{A}) ou peso máximo em relação às demais linhagens, as quais não diferiram entre si ($P > 0,05$). A taxa de deposição específica (\hat{k}) foi semelhante ($P > 0,05$) entre todas as linhagens (Tabela 3). Desse modo, ajustou-se um modelo para a linhagem Vermelha e outro modelo comum a todas as outras linhagens.

Na avaliação de deposição de proteína (Figura 4), foi observado que ela foi maior para a linhagem Comercial, independentemente da estação do ano, quando comparada às demais linhagens. Na primavera, as linhagens UFLA e Tailandesa

Modelo	Linhagens	Estimadores	Estimativas *	Intervalos de confiança		QME	R ²
				LI	LS		
PROTEÍNA							
Logístico	Vermelha	\hat{A}	49,369	40,221	58,517		
		\hat{B}	27,549	22,725	32,373	1,309	0,99
		\hat{k}	0,016	0,013	0,018		
	(Tailandesa, UFLA e Comercial)	\hat{A}	231,5	84,019	379,038		
		\hat{B}	131,9	56,763	207,020	4,264	0,99
		\hat{k}	0,013	0,011	0,014		
EXTRATO ETÉREO							
Exponencial	Tailandesa	\hat{A}	0,789	0,721	0,857		
		\hat{k}	87,401	83,852	90,951	1,507	0,98
Logístico	(Vermelha, UFLA e Comercial)	\hat{A}	52,261	16,472	88,051		
		\hat{B}	60,459	30,763	90,154	1,408	0,99
		\hat{k}	0,013	0,011	0,015		
CINZAS							
Logístico	Comercial	\hat{A}	30,816	5,891	55,741		
		\hat{B}	100,130	34,446	165,814	1,587	0,93
		\hat{k}	0,013	0,011	0,015		
	(Vermelha, Tailandesa e UFLA)	\hat{A}	9,379	6,446	12,311		
		\hat{B}	37,05	28,844	45,248	1,76	80,33

apresentaram deposição de proteína semelhante e superior à da linhagem Vermelha. No inverno, as linhagens Vermelha e UFLA apresentaram deposição semelhante e inferior à linhagem Tailandesa. Já no outono, as linhagens Vermelha e Tailandesa obtiveram deposição semelhante e superior à da linhagem UFLA.

A taxa de deposição de proteína das linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial foi 30% maior que a linhagem Vermelha. No entanto, a linhagem Vermelha obteve deposição máxima de proteína mais precoce, ou seja, aos 202 dias de idade, enquanto as demais linhagens, aos 337 dias de idade (Figura 5). A taxa de deposição máxima a esta idade pode ser um indicativo de limitação no crescimento, decorrente de diversos fatores, principalmente da baixa temperatura da água, o que leva a crer que não se trata de uma linhagem tolerante ao frio. Watanabe et al. (1993) constataram que a tilápia-vermelha da Florida, revertida sexualmente atingiu seu melhor desempenho a 27°C. De acordo com os resultados, pode-se inferir que as linhagens apresentam necessidades nutricionais diferentes, o que poderia direcionar o trabalho dos nutricionistas quanto à formulação de dietas para as linhagens em estudo, uma vez que a deposição de proteína é estreitamente controlada pela genética e, portanto, há um limite para a sua deposição diária, independentemente de sua ingestão (NEME et al., 2006).

Quanto ao extrato etéreo, o melhor modelo ajustado também foi o logístico para as linhagens Vermelha, UFLA e Comercial. Ao comparar os parâmetros “A”, “B” e “k” (Tabela 3), constata-se que estas linhagens não apresentaram diferenças ($P > 0,05$), podendo-se ajustar um mesmo modelo para elas (Tabela 4). Para a linhagem Tailandesa, houve ajuste apenas do modelo exponencial, não sendo possível a comparação desta com as demais linhagens.

Avaliando-se o acúmulo de deposição dos componentes químicos corporais (Figura 4), observa-se que a linhagem Comercial foi superior ($P < 0,05$) às

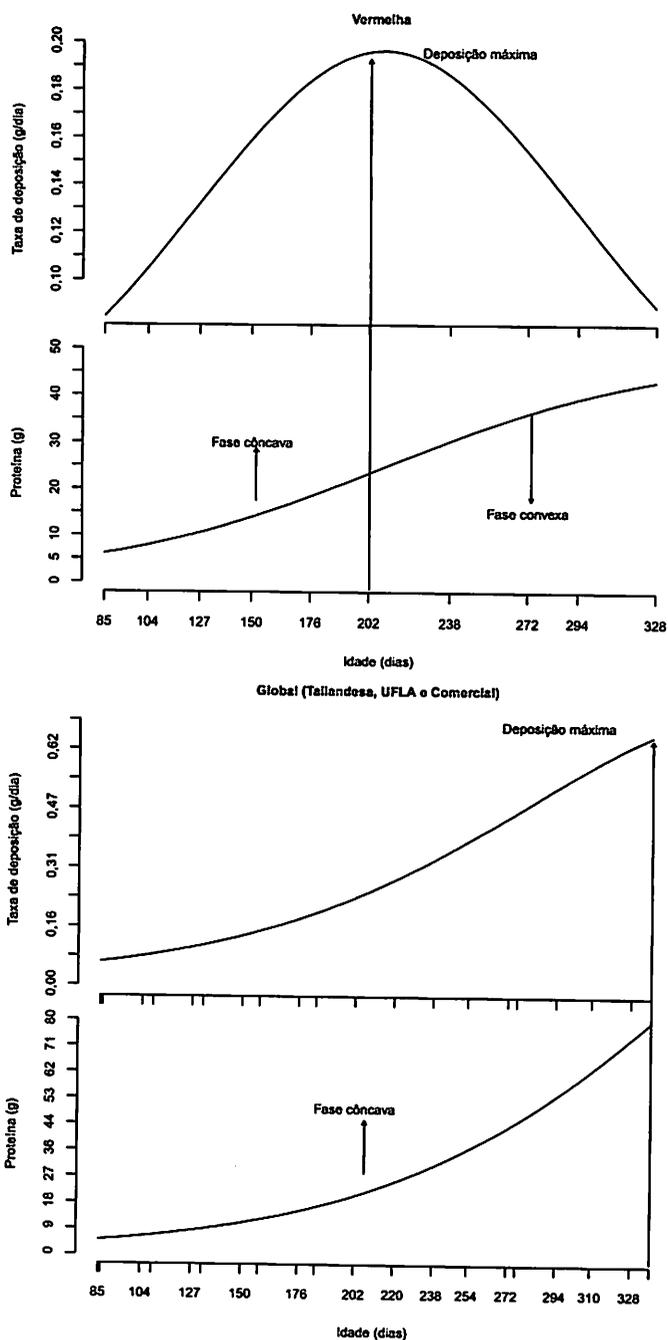


Figura 5 Taxas e curvas de deposição de proteína estimados por meio do modelo logístico com uma equação para a linhagem Vermelha e outra equação para as linhagens Tailandesa, UFLA e Comercial.

demais linhagens, em todas as estações avaliadas. Na primavera e no inverno, as linhagens Vermelha, UFLA e Tailandesa tiveram uma deposição de extrato etéreo semelhante. No outono, assim como ocorreu com a deposição de água e proteína, a linhagem UFLA foi a que teve menor deposição de extrato etéreo. É provável que a maior deposição de extrato etéreo da linhagem Comercial esteja associada à seleção genética que esta foi submetida, pois, como constatou Thonney e Ross (1987), em ratos, a seleção genética para favorecer o desenvolvimento proteico pode resultar numa rápida deposição de gordura.

A taxa de deposição máxima de extrato etéreo das linhagens Vermelha, UFLA e Comercial ocorreu aos 310 dias de idade (0,23g) (Figura 6). Esta deposição máxima ocorreu 27 dias antes da deposição máxima de proteína das linhagens UFLA e Comercial, indicando que a deposição de extrato etéreo nestas linhagens atinge o pico mais precocemente do que a deposição de proteína. No entanto, na linhagem Vermelha ocorreu o oposto, uma vez que a deposição máxima de extrato etéreo ocorreu 108 dias depois da deposição máxima de proteína.

Para o conteúdo de cinzas, o melhor modelo ajustado para todas as linhagens foi o logístico (Tabela 4). A estimativa do peso máximo para a linhagem Comercial foi maior ($P < 0,05$) que as das linhagens Vermelha, UFLA e Tailandesa, com exceção do parâmetro k , que não diferiu ($P > 0,05$) entre as linhagens (Tabela 3).

Observando-se a deposição de cinzas (Figura 4), a linhagem Comercial foi a que obteve maior média, nas três estações do ano. As linhagens Vermelha, UFLA e Tailandesa obtiveram deposição média semelhante ($P > 0,05$) no outono e na primavera, uma vez que, no inverno, as linhagens Vermelha e UFLA obtiveram médias de deposição semelhantes e inferiores à Tailandesa.

As linhagens Vermelha, Tailandesa e UFLA foram mais precoce quanto

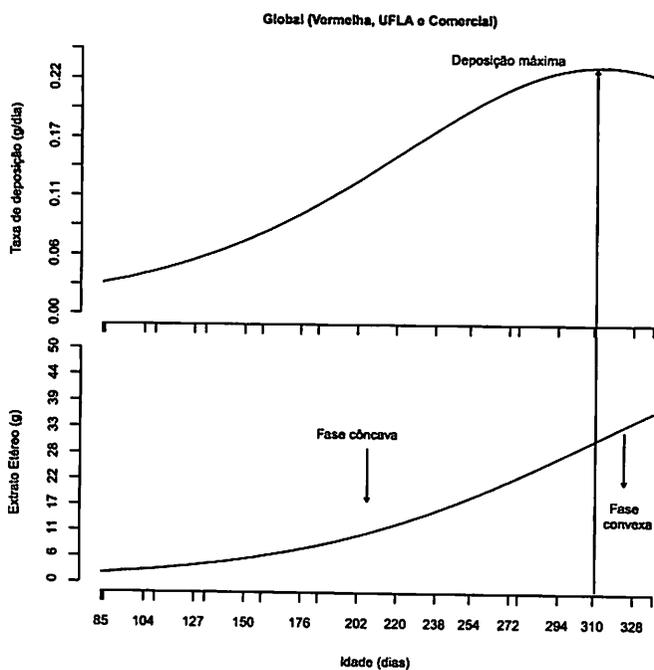


Figura 6 Taxas e curvas de deposição de extrato etéreo estimados por meio do modelo logístico com uma única equação para as linhagens Vermelha, UFLA e Comercial.

à taxa de deposição máxima de cinzas (254 dias) em relação a linhagem Comercial (337 dias) (Figura 7). A linhagem Comercial novamente foi a que obteve maior taxa de deposição máxima, sendo 33% superior às outras linhagens, o que pode ser um indicativo de que esta tem um maior teor de cálcio e fósforo (SILVA; QUEIROZ, 2002).

Partindo da premissa de que a composição da dieta se aproxima da composição corporal e de que a relação gordura:proteína deve ser adequada para que os peixes apresentem boas taxas de crescimento (CHOU & SHIAU, 1996), observa-se uma variação desta relação ao longo do período de cultivo (Figura 8). Ao avaliar analiticamente a relação extrato etéreo:proteína, observou-se que não houve interação entre linhagem e estação do ano ($P > 0,05$) e nem diferença ($P > 0,05$) entre as linhagens. Porém, houve diferença ($P < 0,01$) entre as estações outono, inverno e primavera. As estações outono e inverno obtiveram uma relação extrato etéreo:proteína semelhante ($P > 0,05$) e menor do que a da primavera (Tabela 5).

Tabela 5 Médias da relação extrato etéreo:proteína de cada estação do ano. Médias seguidas pela mesma letra na linha não diferem significativamente ($P < 0,05$) entre si, pelo teste de Tukey.

Linhagens	Estações do ano			Média geral
	Outono	Inverno	Primavera	
Comercial	0,393	0,427	0,494	0,438
Tailandesa	0,369	0,405	0,471	0,415
UFLA	0,385	0,407	0,503	0,432
Vermelha	0,395	0,430	0,519	0,448
Média geral	0,386 b	0,417 b	0,497 a	0,433

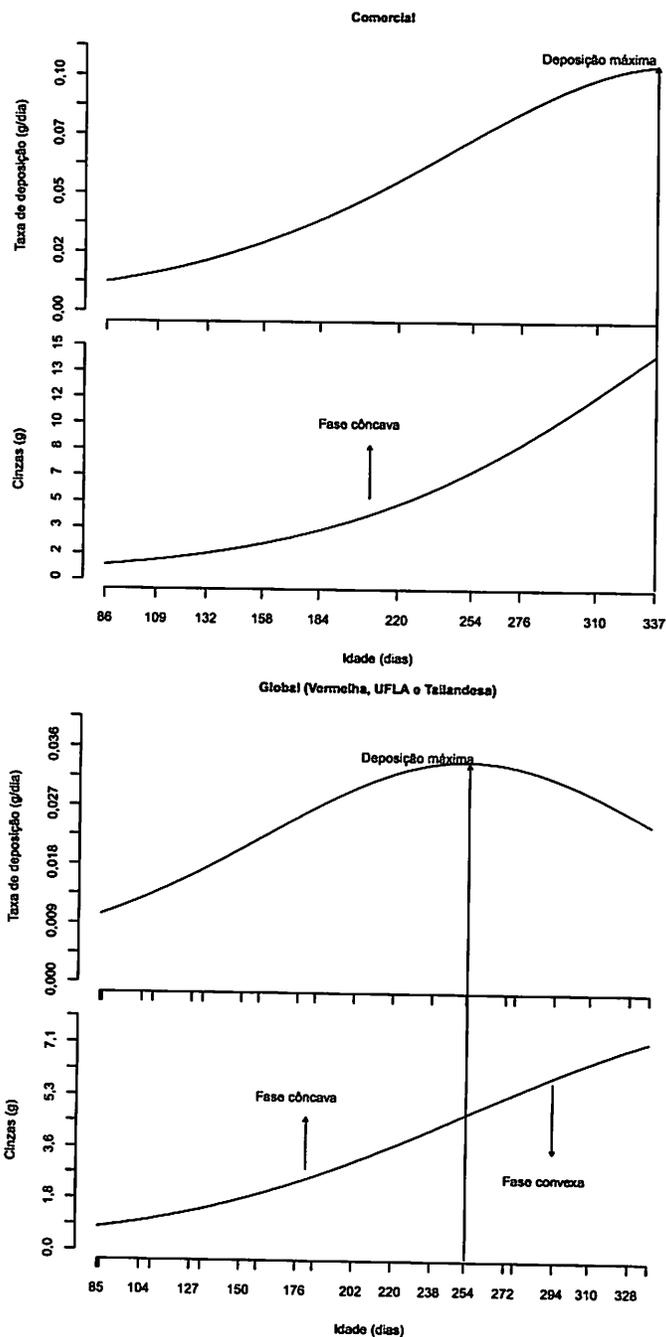


Figura 7 Taxas e curvas de deposição de Cinzas estimados por meio do modelo logístico com uma equação para a linhagem Comercial e outra equação para as linhagens Vermelha, Tailandesa e UFLA.

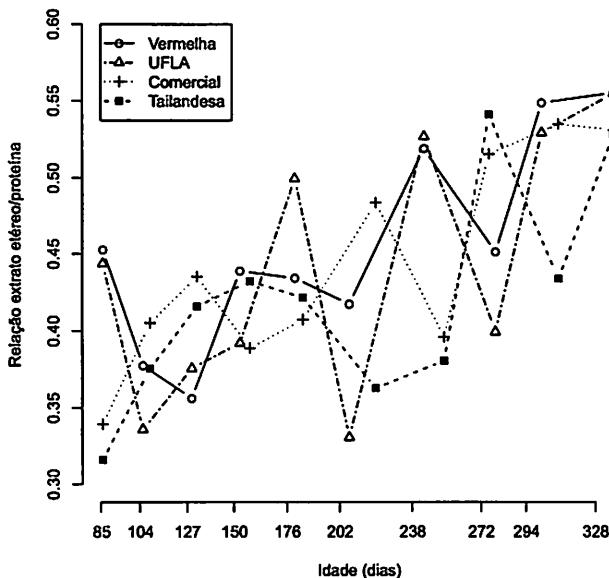


Figura 8 Relação extrato etéreo:proteína de diferentes linhagens ao longo do desenvolvimento.

Segundo Boscolo et al. (2004), Hayashi et al. (2002) e Meurer, Hayashi e Boscolo (2002), a relação energia:proteína e a disponibilidade de nutrientes devem ser adequadas às exigências da espécie para que os peixes apresentem boas taxas de crescimento. Alta relação energia:proteína na dieta resulta na diminuição do consumo voluntário de alimento (PAGE; ANDREWS, 1973), podendo causar deposição excessiva de gordura nos peixes e inibir a utilização de outros nutrientes (CHO, 1990), reduzindo o rendimento de carcaça e o prazo de validade do produto final (SÁ; FRACALOSSO, 2002). Por outro lado, uma baixa relação energia:proteína na dieta leva os peixes a utilizarem grande parte da proteína como energia, onerando, dessa forma, a dieta (LOVELL, 1989) e aumentando excreção de amônia para o meio, produzindo um efluente com maior potencial poluente

(KAUSHIK; OLIVA-TELES, 1986).

No estudo alométrico entre o extrato etéreo e proteína, não houve diferenças ($P > 0,05$) dos modelos entre as linhagens, sendo necessária apenas uma única equação para o estudo alométrico das linhagens. Os resultados revelaram que o extrato etéreo foi depositado em maior proporção em relação a proteína, sendo, deste modo, heterogônico positivo ($b=1,135$; $P < 0,01$; Figura 9).

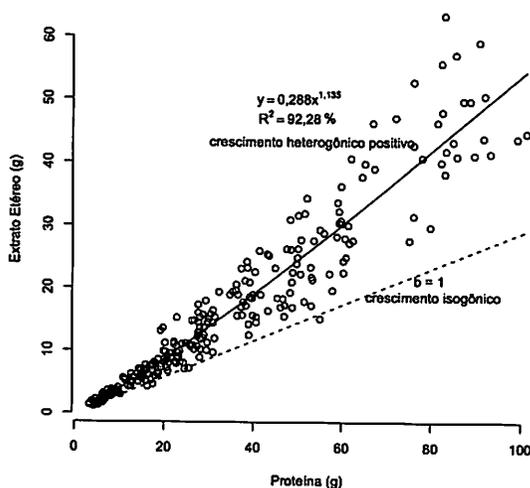


Figura 9 Crescimento alométrico do extrato etéreo em função da proteína em conjunto para as linhagens Vermelha, UFLA, Tailandesa e Comercial.

4 CONCLUSÃO

Conclui-se que houve influência de linhagens genéticas de tilápia-do-nylo sobre a deposição de água, proteína, extrato etéreo e cinzas, ou seja, a deposição dos componentes químicos corporais na carcaça foi diferente entre as linhagens Vermelha, UFLA, Tailandesa e Comercial.

REFERÊNCIAS

AOAC. ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURE CHEMISTRY. **Official methods of analysis of the Association of Official Agriculture Chemistry**. Washington, 1998. 1102 p.

BERTALANFFY, L. V. Quantitative laws in metabolism and growth. **The Quartely Review of Biology**, New York, v.32, p.217–230, 1957.

BOSCOLO, W. et al. Digestibilidade aparente da energia e proteína das farinhas de resíduo da filetagem da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) e da corvina (*Plagioscion squamosissimus*) e farinha integral do camarão canela (*Macrobrachium amazonicum*) para a tilápia do Nilo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.33, n.1, p.8–13, jan./fev. 2004.

BRODY, S. **Bioenergetics and growth**: with special reference to the efficiency complex of domestic animals. New York: Hafner, 1945. 1023 p.

CHO, C. Y. Fish Nutrition, Feeds, and Feeding: With Special Emphasis on Salmonid Aquaculture. **Food Reviews International**, New York, v.26, n.3, p.333–357, May 1990.

CHOU, B.; SHIAU, S. Optimal dietary lipid level for growth of juvenile hibrid tilápia, *Oreochromis niloticus* x *Oreochromis niloticus aureus*. **Aquaculture**, Amsterdam, v.143, n.2, p.185–195, Apr. 1996.

EL-SAYED, A. **Tilapia Culture**. London:CABI, 2006. 277 p.

GOMPERTZ, B. On the nature of the function expressive of the law of human mortality. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, London, v.36, p.513–585, 1825.

HAYASHI, C. et al. Exigência de proteína digestível para larvas de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), durante a reversão sexual. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.31, n.2, p.823–828, mar./abr. 2002.

HERBING, L. H. VON; BOUTILIER, R. G. Activity and metabolism of larval Atlantic cod (*Gadus morhua*) from Scotian Shelf and Newfoundland source populations. *Marine Biology*, Berlin, v.124, n.4, p.607–617, Feb. 1996.

KAUSHIK, S. J.; OLIVA-TELES, A. Effect of digestible energy on nitrogen and energy balance in rainbow trout. *Aquaculture*, Amsterdam, v.50, n. 1/2, p.89–101, Feb. 1986.

LOVELL, T. **Nutrition and feeding of fish**. Boston: Kluwer Academic, 1998. 284 p.

MALTHUS, T. **An essay on the principle of population**. London: J. Johnson, 1798. 126 p.

MARCATO, S. M. et al. Crescimento e deposição de nutrientes nas penas, músculo, ossos e pele de frangos de corte de duas linhagens comerciais. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v.33, n.4, p.1159–1168, jul./ago. 2009.

MEURER, F.; HAYASHI, C.; BOSCOLO, W. R. Lipídeos na alimentação de alevinos revertidos de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus* L.). *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.31, n.2, p.566–573, mar./abr. 2002.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. *Biometrics*, Washington, v.17, p.89–94, 1961.

NEME, R. et al. Curvas de crescimento e de deposição dos componentes corporais em aves de postura de diferentes linhagens. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.35, n.3, p.1091–1100, maio/jun. 2006.

OGATA, H.; SHEARER, K. Influence of dietary fat and adiposity on feed intake of juvenile red sea bream *Pargus major*. *Aquaculture*, Amsterdam, v.189, n. 3/4, p.237–249, Oct. 2000.

PAGE, J. W.; ANDREWS, J. W. Interaction of dietary levels of protein and energy on Channel catfish (*Ictalurus punctatus*). **Journal of Nutrition**, Philadelphia, v.103, p.1339–1346, 1973.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 10 nov. 2010.

REGAZZI, A.; SILVA, C. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear: I. dados no delineamento inteiramente casualizado. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v.22, n.3, p.33–35, 2004.

ROWLERSON, A. et al. Differentiation and growth of muscle in the fish *Sparus aurata* (L): II. Hypcrplastic and hypertrophic growth of lateral muscle from hatching to adult. **Journal of Muscle Research and Cell Motility**, Dordrecht, v.16, n.3, p.223–236, June 1995.

SÁ, M. V. C.; FRACALOSSO, D. M. Exigência Protéica e Relação Energia/Proteína para Alevinos de Piracanjuba (*Brycon orbignyanus*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v.31, n.1, p.1–10, jan./fev. 2002.

SANTOS, C. L. **Estudo do desempenho, das características da carcaça e do crescimento alométrico de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia**. 1999. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

SANTOS, V. B. **Crescimento morfométrico e alométrico de linhagens de Tilápia (*Oreochromis niloticus*)**. 2004. 86 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

_____ Exponential growth model of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) strains considering heteroscedastic variance. **Aquaculture**, Amsterdam, v.274, n.1, p.96–100, Jan. 2008.

SHANER, G.; FINNEY, R. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing in knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v.70, p.1183–1186, 1977.

SILVA, D.; QUEIROZ, A. **Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos**. Viçosa, MG: UFV, 2002. 235 p.

SVASAND, T. et al. Differences in growth performance between Arcto-Norwegian and Norwegian coastal cod reared under identical conditions. **Jornal of Fish Biology**, London, v.49, n.1, p.108–119, July 1996.

THONNEY, M.; ROSS, D. Composition of gain of rats fed low; high protein diets and grown at controlled rates from 80 to 205 grams. **Journal of Nutrition**, Philadelphia, v.117, n. 12, p.2135–2141, Dec. 1987.

WATANABE, W. O. et al. The effects of temperature and salinity on growth and feed utilization of juvenile, sex-reversed male Florida red tilapia cultured in a recirculating system. **Aquaculture**, Amsterdam, v.112, n.4, p.309–320, May 1993.

ZIMMERMANN, S. Um moderno instrumental genético no melhoramento e na rastreabilidade de tilápias nilóticas. **Panorama da Aquicultura**, Rio de Janeiro, v.13, n.76, p.69-71, 1999.

ANEXOS

ANEXO A Criando um vetor de variâncias para a análise ponderada.

```

## Pacotes necessários
library(nlme)
library(nlwr)

#-----Criando um vetor de variâncias -----#
dados.ver <- subset(basel, LIN == "Verm")
dados.ver$LIN <- factor(dados.ver$LIN)

Var.umid.verm <- rep(tapply(dados.ver$UMID,dados.ver$IDADE,var),each=8)
Var.prot.verm <- rep(tapply(dados.ver$PROT,dados.ver$IDADE,var),each=8)
Var.ee.verm <- rep(tapply(dados.ver$EE,dados.ver$IDADE,var),each=8)
Var.cinzas.verm <- rep(tapply(dados.ver$CINZAS,dados.ver$IDADE,var),each=8)

dados.uf <- subset(basel, LIN == "UFLA")
dados.uf$LIN <- factor(dados.uf$LIN)

Var.umid.ufla <- rep(tapply(dados.uf$UMID,dados.uf$IDADE,var),each=8)
Var.prot.ufla <- rep(tapply(dados.uf$PROT,dados.uf$IDADE,var),each=8)
Var.ee.ufla <- rep(tapply(dados.uf$EE,dados.uf$IDADE,var),each=8)
Var.cinzas.ufla <- rep(tapply(dados.uf$CINZAS,dados.uf$IDADE,var),each=8)

dados.com <- subset(basel, LIN == "Com")
dados.com$LIN <- factor(dados.com$LIN)

Var.umid.com <- rep(tapply(dados.com$UMID,dados.com$IDADE,var),each=8)
Var.prot.com <- rep(tapply(dados.com$PROT,dados.com$IDADE,var),each=8)
Var.ee.com <- rep(tapply(dados.com$EE,dados.com$IDADE,var),each=8)
Var.cinzas.com <- rep(tapply(dados.com$CINZAS,dados.com$IDADE,var),each=8)

dados.tai <- subset(basel, LIN == "Tai")
dados.tai$LIN <- factor(dados.tai$LIN)

Var.umid.tai <- rep(tapply(dados.tai$UMID,dados.tai$IDADE,var),each=8)
Var.prot.tai <- rep(tapply(dados.tai$PROT,dados.tai$IDADE,var),each=8)
Var.ee.tai <- rep(tapply(dados.tai$EE,dados.tai$IDADE,var),each=8)
Var.cinzas.tai <- rep(tapply(dados.tai$CINZAS,dados.tai$IDADE,var),each=8)

WEI.umid <- rbind(as.matrix(Var.umid.verm),as.matrix(Var.umid.ufla),
                 as.matrix(Var.umid.com),as.matrix(Var.umid.tai))
WEI.prot <- rbind(as.matrix(Var.prot.verm),as.matrix(Var.prot.ufla),
                 as.matrix(Var.prot.com),as.matrix(Var.prot.tai))
WEI.ee <- rbind(as.matrix(Var.ee.verm),as.matrix(Var.ee.ufla),
                as.matrix(Var.ee.com),as.matrix(Var.ee.tai))
WEI.cinzas <- rbind(as.matrix(Var.cinzas.verm),as.matrix(Var.cinzas.ufla),
                   as.matrix(Var.cinzas.com),as.matrix(Var.cinzas.tai))

```

```
base2 <- data.frame(base1,WEI.umid,WEI.prot,WEI.ee,WEI.cinzas)
```

ANEXO B Ajuste dos modelos.

```
#+++++++VARIÁVEL UMIDADE+++++++#

##### Modelo Exponencial #####
# Linhagem Vermelha #
Ver.dados <- subset(base2, LIN == "Verm")
Ver.dados$LIN <- factor(Ver.dados$LIN)

mod.exp.Vermelha <- nls(UMID ~ SSexp(IDADE,y0,b), data = Ver.dados,
                        weights = 1/WEI.umid)
summary(mod.exp.Vermelha)
confint2(mod.exp.Vermelha)
# Coeficiente de determinação #
SQEverm <- summary(mod.exp.Vermelha)$sigma^2*summary(mod.exp.Vermelha)$df[2:2]
SQTverm <- var(Ver.dados$UMID)*(dim(Ver.dados)[1]-1)
R2verm <- (1-(SQEverm/SQTverm))*100

# Linhagem Tailandesa #
Tai.dados <- subset(base2, LIN == "Tai")
Tai.dados$LIN <- factor(Tai.dados$LIN)

mod.exp.Tailandesa <- nls(UMID ~ SSexp(IDADE,y0,b), data = Tai.dados,
                        weights = 1/WEI.umid)
summary(mod.exp.Vermelha)
confint2(mod.exp.Tailandesa)
# Coeficiente de determinação #
SQEtai <- summary(mod.exp.Tailandesa)$sigma^2*summary(mod.exp.Tailandesa)$df[2:2]
SQTtai <- var(Tai.dados$UMID)*(dim(Tai.dados)[1]-1)
R2tai <- (1-(SQEtai/SQTtai))*100

# Linhagem UFLA #
UFLA.dados <- subset(base2, LIN == "UFLA")
UFLA.dados$LIN <- factor(UFLA.dados$LIN)

mod.exp.UFLA <- nls(UMID ~ SSexp(IDADE,y0,b), data = UFLA.dados,
                   weights = 1/WEI.umid)
summary(mod.exp.UFLA)
confint2(mod.exp.UFLA)
# Coeficiente de determinação #
SQEufla <- summary(mod.exp.UFLA)$sigma^2*summary(mod.exp.UFLA)$df[2:2]
SQTufla <- var(UFLA.dados$UMID)*(dim(UFLA.dados)[1]-1)
R2ufla <- (1-(SQEufla/SQTufla))*100

# Linhagem Comercial #
Com.dados <- subset(base2, LIN == "Com")
Com.dados$LIN <- factor(Com.dados$LIN)
```

```

mod.exp.Com <- nls(UMID ~ S*exp(IDADE,y0,b), data = Com.dados,
  weights = 1/WEI.umid)
summary(mod.exp.Com)
confint2(mod.exp.Com)
# Coeficiente de determinação #
SQECom <- summary(mod.exp.Com)$sigma^2*summary(mod.exp.Com)$df[2:2]
SQTCom <- var(Com.dados$UMID)*(dim(Com.dados)[1]-1)
R2Com <- (1-(SQECom/SQTCom))*100

##### Modelo Logístico #####
# Linhagem Vermelha #
mod.logis.Vermelha <- nls(UMID ~ A/(1+B*exp(-k*IDADE)),
  data = Ver.dados,
  weights = 1/WEI.umid,
  start = list(A=1000, B=400, k=0.02),
  trace=TRUE)
summary(mod.logis.Vermelha)# O parâmetro A é igual a zero estatisticamente (1%

# Linhagem Tailandesa #
mod.logis.Tailandesa <- nls(UMID ~ A/(1+B*exp(-k*IDADE)),
  data = Tai.dados,
  weights = 1/WEI.umid,
  start = list(A=800, B=25, k=0.017),
  control=list(maxiter = 500),
  trace=TRUE)# Não ajustou

# Linhagem UFLA #
mod.logis.UFLA <- nls(UMID ~ A/(1+B*exp(-k*IDADE)),
  data = UFLA.dados,
  weights = 1/WEI.umid,
  start = list(A=800, B=50, k=0.017),
  control=list(maxiter = 500),
  trace=TRUE)# Não ajustou

# Linhagem Comercial #
mod.logis.Com <- nls(UMID ~ A/(1+B*exp(-k*IDADE)),
  data = Com.dados,
  weights = 1/WEI.umid,
  start = list(A=1500, B=200, k=0.01),
  trace=TRUE)
summary(mod.logis.Com)# Os parâmetros A e B são iguais a zero
# estatisticamente (1%)

##### Modelo Von Bertalanfy #####
# Linhagem Vermelha #
mod.von.Vermelha <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE))^3,
  data = Ver.dados,
  start = list(A = 1000, B= 0.953, k = 0.001),
  weights = 1/WEI.umid,
  trace = T)
summary(mod.von.Vermelha)# Parâmetros A e k iguais a zero estatisticamente

```

```
# Linhagem Tailandesa #
mod.von.Tailandesa <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE))^3,
data = Tai.dados,
start = list(A = 1000, B = 0.88, k = 0.003),
weights = 1/WEI.umid,
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
# Linhagem UFLA #
mod.von.UFLA <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE))^3,
data = UFLA.dados,
start = list(A = 1000, B= 0.90, k = 0.003),
weights = 1/WEI.umid,
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
# Linhagem Comercial #
mod.von.Com <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE))^3,
data = Com.dados,
start = list(A = 1200, B= 0.95, k = 0.003),
weights = 1/WEI.umid,
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
##### Modelo de Brody #####
```

```
# Linhagem Vermelha #
mod.br.Vermelha <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE)),
data = Ver.dados,
start = list(A = 1000, B= 1, k = 0.005),
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
# Linhagem Tailandesa #
mod.br.Tailandesa <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE)),
data = Tai.dados,
start = list(A = 1000, B = 1, k = 0.003),
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
# Linhagem UFLA #
mod.br.UFLA <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE)),
data = UFLA.dados,
start = list(A = 1000, B= 1, k = 0.001),
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```
# Linhagem Comercial #
mod.br.Comercial <- nls(UMID ~ A*(1-B*exp(-k*IDADE)),
data = Com.dados,
start = list(A = 1500, B = 1, k = 0.002),
control=list(maxiter = 500),
trace = T)# Não ajustou
```

```

##### Modelo de Gompertz #####
# Linhagem Vermelha #
mod.gom.Vermelha <- nls(UMID ~ A*exp(-B*exp(-k*IDADE)),
data = Ver.dados,
weights = 1/WEI.umid,
start = list(A=1900,B=7,k=0.009),
trace=TRUE)
summary(mod.gom.Vermelha)#0 parâmetros A é igual a zero estatisticamente

# Linhagem Tailandesa #
mod.gom.Tailandesa <- nls(UMID ~ A*exp(-B*exp(-k*IDADE)),
data = Tai.dados,
weights = 1/WEI.umid,
start = list(A=2500,B=7,k=0.008),
control=list(maxiter = 500),
trace=TRUE)# Não ajustou

# Linhagem UFLA #
mod.gom.UFLA <- nls(UMID ~ A*exp(-B*exp(-k*IDADE)),
data = UFLA.dados,
weights = 1/WEI.umid,
start = list(A=3500,B=8,k=0.008),
control=list(maxiter = 500),
trace=TRUE)# Não ajustou

# Linhagem Comercial #
mod.gom.Comercial <- nls(UMID ~ A*exp(-B*exp(-k*IDADE)),
data = Com.dados,
weights = 1/WEI.umid,
start = list(A=7000,B=9,k=0.008),
control=list(maxiter = 500),
trace=TRUE)# Não ajustou

#OBS: Os demais cálculos como testes dos parâmetros, área abaixo da curva
#e outros foram feitos de maneira análogo aos Anexos do artigo 2.

#Gráfico da proteína#
pdf("protgeral.pdf")
op <- par(mar = c(4,4,2,0))
par(fig=c(0,1,0.4,1))
plot(Idade.tuc,TCA.tucpb, xlab="", ylab="Taxa de deposição (g/dia)",
main="Global (Tailandesa, UFLA e Comercial)",
cex.main=0.8,cex.lab=0.8, axes=F,type="n", ylim=c(0,0.70))
axis(1,Idade.tuc,cex.axis=0.8,labels=FALSE)
axis(2,at=seq(0,0.70,l=10),labels=format(seq(0,0.70,l=10),digits=1),
cex.axis=0.8)
text(294,0.68,"Deposição máxima",cex=0.8)
curve(coef(modelo.tuc.prot)[1] * (coef(modelo.tuc.prot)[2] *
(exp(-coef(modelo.tuc.prot)[3] * x) *
coef(modelo.tuc.prot)[3]))/(1 +coef(modelo.tuc.prot)[2]*
exp(-coef(modelo.tuc.prot)[3] * x)))^2,from=Idade.tuc[1],

```

```

      to=Idade.tuc[20],lty=1,add=TRUE)
par(fig=c(0,1,0,0.55),new=T)
plot(PBgeral, axes=FALSE, xlab = "Idade (dias)", ylab="Proteína (g)",
      cex.lab=0.8, ylim=c(0,80),type="n")
axis(1,Idade.tuc, cex.axis=0.8)
axis(2,at=seq(0,80,l=10),labels=format(seq(0,80,l=10),digits=1),
      cex.axis=0.8)
text(202,50,"Fase côncava",cex=0.8)
curve(coef(modelo.tuc.prot)[1]/(1+coef(modelo.tuc.prot)[2]*
      exp(-coef(modelo.tuc.prot)[3]*x)), lty=1,from=Idade.tuc[1],
      to = Idade.tuc[20], add=TRUE)
par(new=T, mfrow=c(1,1))
plot(1:30, 1:30, ty="n", xlab="",ylab="", axes=F)
arrows(30,0, 30, 29.5, length=0.05)
arrows(15,5,15,8, length=0.05)
par(op)
dev.off()

```

