



**RAFAEL VILHENA REIS NETO**

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DAS  
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DE  
TILÁPIAS DO NILO, VARIEDADE GIFT, SOB  
SELEÇÃO PARA GANHO EM PESO**

**LAVRAS – MG**

**2012**

**RAFAEL VILHENA REIS NETO**

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DAS CARACTERÍSTICAS  
MORFOMÉTRICAS DE TILÁPIAS DO NILO, VARIEDADE GIFT, SOB  
SELEÇÃO PARA GANHO EM PESO**

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.

Orientador

Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas

**LAVRAS – MG**

**2012**

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca da UFLA**

Reis Neto, Rafael Vilhena.

Avaliação genética das características morfométricas de tilápias do Nilo variedade GIFT sob seleção para ganho em peso / Rafael Vilhena Reis Neto. – Lavras : UFLA, 2012.

76 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2012.

Orientador: Rilke Tadeu Fonseca de Freitas.

Bibliografia.

1. Inferência Bayesiana. 2. Herdabilidade. 3. Ganho genético. 4. Correlação genética. 5. Machos e fêmeas. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 639.3758

**RAFAEL VILHENA REIS NETO**

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DAS CARACTERÍSTICAS  
MORFOMÉTRICAS DE TILÁPIAS DO NILO, VARIEDADE GIFT, SOB  
SELEÇÃO PARA GANHO EM PESO**

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 11 de abril de 2012.

Dra. Priscila Vieira e Rosa	DZO/UFLA
Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho	DEX/UFLA
Dr. Thiago Archangelo Freato	EPAMIG
Dr. Ricardo Pereira Ribeiro	DZO/UEM

Dr. Rilke Tadeu Fonseca de Freitas  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2012**

*Aos meus pais, Rafael Vilhena Reis Junior e Maria José da Silva Reis;*

*À minhas irmãs, Elisa e Dinah;*

*Aos meus sobrinhos, Thiago, João Gabriel e Francisco;*

*E à minha esposa Lizandra.*

*DEDICO*

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade oferecida de realização do doutorado e por toda minha formação acadêmica.

Ao Professor Rilke Tadeu Fonseca de Freitas, pela orientação e ensinamentos, pela amizade construída, e por ser um exemplo como pessoa e como profissional. Em especial à Professora Priscila, pela coorientação e pela oportunidade de estar seguindo este caminho.

Aos professores da Universidade Estadual de Maringá, Carlos Antônio Lopes de Oliveira e Ricardo Pereira Ribeiro, que, além de me proporcionarem um crescimento “significativo” em conhecimento, abriram, generosamente, as portas do programa GIFT para que eu pudesse construir e defender minha tese.

Ao Professor Júlio Bueno e ao pesquisador de Epamig e amigo, Thiago Freato, pelas sugestões.

Ao CNPq e Capes/REUNI pela concessão das bolsas.

A todos meus familiares, pelo apoio, em especial à Lizandra, por ser minha companheira em todas as horas e pela compreensão e carinho dedicados.

Aos colegas: Aline Assis, Adriano, Carlão, Ulisses, Lucas, Bruno, Túlio e Sheila (UEM). Em especial ao meu grande amigo/irmão Ivan Bezerra Allaman, pela amizade, companheirismo e por todas as vezes que me ajudou com as análises estatísticas.

Ao programa de melhoramento genético de Tilápias GIFT, e à todos que estão envolvidos neste excelente trabalho.

Aos funcionários do setor de piscicultura, José Roberto e Eleci, pela ajuda.

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

## RESUMO

O trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar geneticamente as características morfométricas e verificar as diferenças genéticas entre machos e fêmeas de tilápias da variedade GIFT sob o processo de seleção para ganho em peso. O conjunto de dados utilizado nas análises continha informações de 6650 animais, sendo preditos os valores genéticos de 8590 animais na matriz de parentesco, constituindo assim cinco gerações de seleção. Foram utilizadas as seguintes medidas morfométricas: Comprimento Padrão (CP); Altura Corporal (ALC); e Largura Corporal (LC), além da Área e o Volume do corpo. Foram realizadas análises bicaracter envolvendo as características morfométricas duas a duas, e considerando como duas características diferentes a mesma medida morfométrica avaliada em cada sexo, para estimar os componentes de (co)variância. Foram estimados as herdabilidades e os efeitos de ambiente comum de larvicultura e alevinagem para cada característica considerando e não considerando a separação por sexo, além das correlações genéticas e fenotípicas entre as características e as correlações genéticas entre machos e fêmeas para a mesma característica morfométrica. Para isso foram utilizados procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de *Gibbs*, considerando a distribuição gama invertida com a *priori* dos componentes de variância. A convergência das cadeias foi testada por meio do método Heidelberger e Welch. Foram estimados, para os parâmetros genéticos, os intervalos de credibilidade de máxima densidade de probabilidade (HPD) utilizando-os também para calcular a probabilidade dos parâmetros genéticos assumirem os mesmos valores para machos e fêmeas. As tendências genéticas foram estimadas pela regressão segmentada dos valores genéticos dos peixes pelas gerações de seleção consideradas neste estudo. As estimativas das herdabilidades foram de moderada a alta magnitude para todas as características. As correlações genéticas entre as características foram todas acima de 0.8, e os ganhos genéticos foram satisfatórios a partir da 3ª geração de seleção. Deste modo, pode-se afirmar que as características morfométricas avaliadas apresentam um bom potencial de seleção, podendo ser incluídas no programa de melhoramento de tilápias GIFT conduzido no Brasil. O efeito de ambiente comum de larvicultura foi maior para as fêmeas em todas as características, enquanto o efeito de alevinagem foi semelhante para ambos os sexos. As herdabilidades apresentadas pelos machos foram, em geral, maiores que as apresentadas pelas fêmeas, e as correlações genéticas entre machos e fêmeas foram sempre inferiores a 0.5. Assim os machos respondem de maneira diferente das fêmeas, em termos de conformação corporal, o procedimento de seleção para ganho em peso.

Palavras-chave: Inferência Bayesiana. Correlação genética. Ganho genético. Herdabilidade. Machos e fêmeas.

## ABSTRACT

The study aim was to evaluate genetically the morphometric traits and to verify genetic differences between males and females of tilapia GIFT under the selection process for weight gain. The data set used in the analysis contained information of 6650 animals, and predicted genetic values of 8590 animals in relationship matrix, thus constituting five generations of selection. The following morphometric measures were used: Standard Length (CP); Body Height (ALC) and Body Width (LC), as well as area (AREA) and volume (VOL.) of the body. Bicaracter analyses were done involving morphometric traits two by two, and considering as different traits the same morphometric measure evaluated for each sex, to estimate the (co) variance components. The heritability and environmental common effects larval and fry phases for each trait were estimated considering and not considering the separation by gender, in addition the genetic and phenotypic correlations between traits and genetic correlations between males and females for the same body trait were estimated. Bayesian procedures were utilized, by Gibbs chains, and the convergence of the chains was tested by the Heidelberger and Welch method. The prior distribution used for variance components is the inverted gamma distribution. For the genetic parameters the credibility intervals of maximum probability density (HPD) were estimated, also using them to calculate the probability of genetic parameters assume the same values for males and females. The genetic trends were estimated by segmented regression of the fish breeding values by generations of selection considered in this study. Estimates of heritability were moderate to high magnitudes for all features. The genetic correlations between traits were all above 0.8, and the genetic gains were satisfactory from the 3rd generation of selection. Given the values of genetic parameters and genetic gain can be stated that the morphometric characteristics evaluated have good potential for selection and should be included in the GIFT breeding program carried out in Brazil. The common effect of larval was higher for females in all traits, while the fry effect was similar between sexes. The heritability present by males were, in general, larger than those present by females, and the genetic correlations between males and females for the same morphometric trait were always below 0.5. Thus, it can be seen that the males respond differently to the female, in body shape terms, of the selection procedure for weight gain.

Keywords: Bayesian Inference. Genetic correlation. Genetic gain. Heritability. Male and female.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 Tendências genéticas da altura corporal (ALC) e da largura corporal (LC) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil ..... 45
- Figura 2 Tendências genéticas da área corporal (Área) e do volume corporal (VOL.) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil ..... 46
- Figura 3 Tendências genéticas comprimento padrão (CP) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil ..... 46
- Figura 4 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2\sigma$ ) e fêmeas ( $h^2\phi$ ) para volume do corpo e largura corporal de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs* ..... 70
- Figura 5 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2\sigma$ ) e fêmeas ( $h^2\phi$ ) para área do corpo e altura corporal de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs* ..... 70
- Figura 6 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2\sigma$ ) e fêmeas ( $h^2\phi$ ) para o comprimento padrão de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs* ..... 71

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 Médias ( $\mu$ ) e desvio padrão ( $\sigma$ ) do peso e das características morfométricas de tilápias da variedade GIFT do programa de melhoramento conduzido na Universidade Estadual de Maringá (UEM) sob seleção para ganho em peso ..... 36
- Tabela 2 Variâncias fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), efeitos de ambiente comum de larvicultura ( $c^2$ ), alevinagem ( $w^2$ ), variâncias genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso ..... 39
- Tabela 3 Correlações genéticas (abaixo de diagonal) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%), correlações fenotípicas (acima da diagonal) e seus respectivos intervalos de confiança (95%), entre as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso ..... 43
- Tabela 4 Coeficientes de regressão ( $\beta_i$ ), médias fenotípicas e ganho genético das as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso ..... 47
- Tabela 5 Número de observações (N), idade à avaliação, médias e desvio padrão ( $\sigma$ ) do peso e das características morfométricas de machos e fêmeas de tilápias da variedade GIFT na 2<sup>a</sup> (G2), 3<sup>a</sup> (G3) e 4<sup>a</sup> (G4) geração de seleção para ganho em peso do programa de melhoramento conduzido na Universidade Estadual de Maringá (UEM) ..... 61

Tabela 6	Variâncias fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), efeitos de ambiente comum de larvicultura ( $c^2$ ) e alevinagem ( $w^2$ ), e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de machos ( $\sigma$ ) e fêmeas ( $\phi$ ) de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso .....	66
Tabela 7	Variâncias genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) correlações genéticas ( $Rg$ ) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de machos ( $\sigma$ ) e fêmeas ( $\phi$ ) de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso.....	68

## SUMÁRIO

<b>PRIMEIRA PARTE</b>	
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> ..... 12
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> ..... 14
<b>2.1</b>	<b>Produção e Melhoramento Genético de Tilápias</b> ..... 14
<b>2.2</b>	<b>Estimação de Parâmetros Genéticos de Peixes</b> ..... 17
<b>2.3</b>	<b>Métodos de estimação de componentes de (Co)Variância:</b>
	<b>Abordagem Bayesiana</b> ..... 20
<b>3</b>	<b>CONSIDERAÇÕES GERAIS</b> ..... 24
	<b>REFERÊNCIAS</b> ..... 25
<b>SEGUNDA PARTE – ARTIGOS</b> ..... 29	
<b>ARTIGO 1 Parâmetros genéticos e mudança genética das características morfométricas de tilápias da variedade Gift sob seleção para ganho em peso</b> ..... 29	
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> ..... 31
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> ..... 34
<b>3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> ..... 39
<b>4</b>	<b>CONCLUSÃO</b> ..... 50
	<b>REFERÊNCIAS</b> ..... 51
<b>ARTIGO 2 Diferença entre sexos para parâmetros genéticos e ambientais de características morfométricas de tilápias Gift</b> ..... 55	
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> ..... 57
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> ..... 59
<b>3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> ..... 64
<b>4</b>	<b>CONCLUSÃO</b> ..... 73
	<b>REFERÊNCIAS</b> ..... 74

## PRIMEIRA PARTE

### 1 INTRODUÇÃO

O cultivo de peixes em sistemas intensivos de produção vem crescendo consideravelmente no Brasil, sendo a tilápia a espécie mais procurada pelos produtores com 39,5% do total do pescado proveniente da piscicultura continental, cuja produção passou de 71.253 toneladas em 2006 para 155.450 toneladas em 2009, representando um aumento de 118% (BRASIL, 2012). Devido a esse crescimento e a intensificação cada vez maior dos sistemas de cultivo, muitas pesquisas são necessárias para tornar a produção cada vez mais eficiente e sustentável, incluindo a busca por variedades de desempenho superior.

Há alguns anos, no Brasil não existiam programas de melhoramento genético de peixes que consideram informações individuais e usando métodos estatísticos para análise genética, no entanto, em 2005, por meio de uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá e o *WorldFish Center* (Malásia), foram transferidas 30 famílias da variedade GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), e iniciou-se o Programa de Melhoramento Genético de Tilápias em Maringá – PR.

Os parâmetros genéticos, como a herdabilidade, as correlações genéticas, e os valores genéticos, são ferramentas imprescindíveis para a condução de qualquer programa de melhoramento genético, pois servem para orientar o melhorista sobre a decisão dos métodos mais apropriados e sobre as possibilidades de sucesso para o melhoramento de determinada característica de produção em uma dada população de animais. Além disso, esses parâmetros servirão para acompanhar o andamento do programa demonstrando sua eficiência para as futuras gerações.

A grande parte dos programas de melhoramento de peixes objetiva o ganho em peso, que é considerada a característica mais importante para indústria de pescado, desse modo, a maioria dos estudos dos parâmetros genéticos também está relacionada a essa característica, no entanto, o conhecimento das mudanças correlacionadas que ocorrem em outras características, como as medidas morfométricas, devido à seleção para ganho em peso é importante principalmente para a caracterização da carcaça, por exemplo, peixes mais largos e altos geralmente têm um maior rendimento das partes comestíveis e são preferidos pelos consumidores.

Muitas espécies de peixes apresentam dimorfismo sexual, e em algumas delas um dos sexos apresenta vantagens em relação ao outro para o cultivo por possuírem características economicamente mais interessantes, como por exemplo, no Brasil, onde se prefere a criação do macho de tilápia por apresentar ganho em peso superior e atingir a maturidade sexual mais tardiamente que as fêmeas. Assim, a compreensão da base genética do dimorfismo sexual em tilápias se torna importante, pois a expressão das características de desempenho geralmente são controladas por uma grande quantidade de diferentes genes que podem atuar de maneira diferente entre os sexos, e sendo assim, essas características devem ser consideradas diferentes para macho e para fêmeas, podendo até resultar em programas de seleção diferentes para cada sexo (NGUYEN et al., 2007).

O trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar as características morfométricas e verificar as diferenças genéticas entre machos e fêmeas de tilápias da variedade GIFT sob o processo de seleção para ganho em peso, por meio da estimação dos parâmetros genéticos e da tendência genética.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Produção e Melhoramento Genético de Tilápias

Um conjunto de espécies de peixes do gênero *Oreochromis*, comumente denominados tilápias, têm sido amplamente utilizados para o cultivo. Esses peixes alimentam-se da base da cadeia trófica, aceitam uma variedade grande de alimentos e apresentam uma resposta positiva à fertilização dos viveiros. São bastante resistentes a doenças, ao superpovoamento e a baixos níveis de oxigênio dissolvido. Além disso, possuem boas características organolépticas, tais como, carne saborosa, baixo teor de gordura, ausência de espinhos intramusculares em forma de “Y” (miosseptos) e excelente rendimento de filé de aproximadamente 35 a 40% em exemplares, com peso médio de 0,45 kg.

Acredita-se que as tilápias já tenham sido cultivadas no Egito 2000 anos antes de Cristo, mas sua exploração tem o primeiro registro de cultivo no Quênia em 1924, sendo a partir deste momento disseminado para o resto do continente africano (LOPEZ-FANJUL; TORO, 1990; WAGNER, 2002). Superadas em produção apenas pelas carpas, as tilápias ocupam posição de destaque entre as espécies de água doce cultivadas (KUBITZA, 2000), e são produzidas principalmente na China, nas Filipinas, Tailândia, Indonésia e Egito. Em um levantamento realizado por Fitzsimmons, Naim e Alghanim (2010), a China aparece com o principal país produtor mundial, com mais de 50% de toda produção mundial.

No Brasil, a produção de tilápia apresentou um crescimento de 118% entre os anos de 2006 e 2010, saindo de 71.253 para 155.450 toneladas, o que representa 39,5% do total pescado proveniente da piscicultura continental (BRASIL, 2012). Considerando esse aumento na produção e a constante intensificação dos sistemas de cultivo, muitas pesquisas são necessárias para

geração de tecnologias que tornem a cadeia produtiva cada vez mais eficiente e sustentável, incluindo a busca por variedades de desempenho superior (COSTA et al., 2009).

As pesquisas nas áreas de genética e melhoramento são marcadamente responsáveis pela maior eficiência de produção e aumento da produtividade das lavouras e pecuárias tradicionais. Na produção animal, o sucesso das aplicações genéticas tem sido mais aparente na bovinocultura de corte e de leite, na suinocultura e avicultura (SANTOS, 2009).

Uma das maiores dificuldades no desenvolvimento de programas de melhoramento genético na aquicultura é a marcação individual dos peixes e a consequente impossibilidade de construção dos *pedigrees*, no entanto, algumas técnicas vêm sendo utilizadas nesse sentido, como por exemplo, os marcadores tipo *Floy tags*, que consistem em pequenos pedaços ovais de plástico coloridos aderidos ao dorso dos peixes por meio de um fio de *nylon* (WORLD FISH CENTER, 2004). Outro método seria o uso de microchips implantados sob a pele dos animais, sendo mais prático e eficiente que o anterior.

Ambas as técnicas exigem que os peixes atinjam um tamanho suficiente para serem marcados, em torno de 30 gramas, além de demandarem muito trabalho e recursos financeiros, e por isso, os poucos programas de melhoramento que existiam no Brasil eram baseados, até pouco tempo atrás, na seleção massal dos indivíduos (TURRA et al., 2010), embora os custos adicionais de obtenção de informações de *pedigree* completo são mais que compensado pelo ganho em seleção (GALL; BAKAR, 2002).

Em peixes, o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, baseados em informações individuais e de parentes, iniciou na década de 1970 com salmões e trutas (GALL; CROSS, 1978; GJEREN; BENTSEN, 1997; GJERDE; GJEDREM, 1984; KINGHORN, 1983; REFSTIE, 1980), obtendo resultados, em termos de ganho genético similares aos de culturas tradicionais

como, por exemplo, a variedade melhorada de salmão norueguês, com produção aumentada em mais de 60% e redução do custo médio de produção em mais de 65% de 1985 a 1995.

Para peixes tropicais, os programas de tilápias e carpas são considerados referência, o mais conhecido é o método de seleção para tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) pelo *WorldFish Center* iniciado em 1990 conduzido nas Filipinas. Experiências mostram que o melhoramento genético pode proporcionar ganhos de até 15% por geração (característica ganho em peso), em programas bem conduzidos (EKNATH et al., 1993; PONZONI et al., 2005, 2007), sendo o intervalo de geração fator determinante nos incrementos anuais, dado que o tempo gasto pelas espécies para alcançar a maturidade sexual é de apenas alguns meses. Nos peixes brasileiros mais cultivados, a maturidade sexual ocorre entre dois a três anos.

Até a alguns anos no Brasil, a maioria das pesquisas com genética de peixes abordava a hibridação interespecífica, principalmente entre espécies de peixes redondos ou bagres e, portanto, não existiam programas de melhoramento genético de peixes que consideravam informações individuais e que usavam métodos estatísticos para análise genética, até que em 2005, por meio de uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá (UEM) e o *WorldFish Center* na Malásia, foram transferidas 30 famílias da variedade GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), e iniciou-se o Programa de Melhoramento Genético de Tilápias conduzido em Maringá – PR.

A grande parte das espécies de peixes apresenta dimorfismo sexual, e em algumas delas um dos sexos apresenta vantagens para o cultivo por possuírem características economicamente mais interessantes, como por exemplo, no Brasil, onde se prefere a criação somente do macho de tilápia para produção por atingir a maturidade sexual mais tardiamente e apresentar ganho em peso superior ao da fêmea (MEURER et al., 2005). Assim, a compreensão da

base genética do dimorfismo sexual em tilápias se torna importante, pois a expressão das características de desempenho normalmente é controlada por uma grande quantidade de genes que, dependendo do sexo dos animais podem atuar de maneiras diferentes, e sendo assim, essas características devem ser consideradas diferentes para machos e para fêmeas, podendo até resultar em programas de seleção diferentes para cada sexo (NGUYEN et al., 2007).

## 2.2 Estimação de Parâmetros Genéticos de Peixes

Estimativas confiáveis dos parâmetros genéticos (herdabilidade, correlações e repetibilidade) são essenciais na planificação e execução de qualquer programa de seleção. Por exemplo, para proceder à estimativa de valores genéticos ou para o estudo de diferentes estratégias de melhoramento, é indispensável a existência de valores confiáveis para a herdabilidade estimada dos caracteres em análise. Da mesma forma, para construir índices de seleção ou prever respostas correlacionadas, o valor estimado das correlações genéticas, fenotípicas e ambientais é de importância fundamental (GAMA, 2002).

Os parâmetros genéticos são obtidos utilizando os componentes (co)variâncias, principalmente a variância genética aditiva ( $\sigma^2 a$ ), que dividida pela variação total ou variância fenotípica ( $\sigma^2 p$ ) se obtém a herdabilidade ( $h^2$ ) que pode ser interpretada com a parte da variância total que é devida ao efeito aditivo dos genes que controlam a característica em questão. A correlação genética ( $r_g_{XY}$ ) entre duas características (X e Y) pode ser obtida pela relação entre a covariância genética aditiva das duas características ( $Cov_{aXY}$ ) e raiz quadrada do produto das variâncias genéticas aditivas de cada característica ( $\sqrt{\sigma^2 a_X \times \sigma^2 a_Y}$ ), o que pode indicar se a expressão das duas características é controlada, em sua maioria, pelo mesmo grupo de genes (PEREIRA, 2004).

Diversos métodos podem ser usados para estimar os componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos de uma população, baseados em metodologias estatísticas com diferentes graus de complexidade. Contudo, todos esses métodos têm em comum o fato de estudarem e quantificarem o grau de semelhança entre indivíduos aparentados. A metodologia geral para estimar a variância genética aditiva de um determinado caráter baseia-se na quantificação do grau de semelhança, por exemplo, entre pais e filhos, meio-irmãos ou irmãos-completos, para então inferir qual o grau de transmissibilidade do caráter. A estimação de correlações genéticas assenta no mesmo princípio, isto é, avalia-se se há tendência para que o controle genético para um dado caráter esteja associado à superioridade (ou inferioridade) genética para outro caráter (GAMA, 2002).

Ao considerar a semelhança entre parentes, sabe-se que na covariância entre pais e filhos está metade da variância genética aditiva da característica avaliada, já a covariância entre meios-irmãos, que geralmente são filhos do mesmo pai e de mães diferentes, possui  $\frac{1}{4}$  da variância aditiva e na covariância de irmãos completos está presente também  $\frac{1}{2}$  da variância genética aditiva. Assim, os experimentos para as avaliações genéticas são delineados para que os componentes de (co)variância, principalmente de meios-irmãos e irmãos-completos, possam ser estimados (FISHER, 1918).

Usualmente, as estimativas de parâmetros utilizados na estimação dos valores genéticos não provêm do mesmo banco de dados no qual esses valores serão obtidos, assim, estudos prévios sobre os parâmetros genéticos e fenotípicos para a característica em questão se tornam importantes. No caso de peixes tropicais, a falta de estimativas prévias é tão frequente que pesquisadores recorrem às estimativas de herdabilidades do mesmo conjunto de dados do qual os valores genéticos estão sendo estimados (WORLD FISH CENTER, 2004). No entanto é necessário cautela, pois estimativas de herdabilidade em um

conjunto pequeno de dados podem apresentar valores altos de erros padrão e serem sujeitos a viés na avaliação genética (SANTOS, 2009).

Os programas de seleção em tilápias têm se voltado quase sempre para as características de velocidade de crescimento, como o ganho em peso diário ou peso à despesca. As estimativas de variabilidade genética encontradas para o peso de espécies aquáticas têm sido maiores que as encontradas em animais terrestres (GJERDREM, 2000; HALLERMAN, 2003). Ponzoni et al. (2005) encontram o valor de 0.34 para herdabilidade do peso à despesca em um experimento com 63 famílias de tilápias GIFT, esse valor foi similar aos do trabalho de Gall e Bakar (2002), que encontraram herdabilidades de 0.26 para população base, com 42 famílias, e de 0.20 após a seleção. Em um trabalho com apenas 16 famílias, Lopez-Fanjul e Toro (1990) encontraram o valor de herdabilidade do peso à despesca de tilápias de 0.04. Essas divergências de resultados demonstram que um programa ou um experimento mal delineado, com poucas observações, pode resultar em estimações não confiáveis dos parâmetros genéticos e conseqüentemente em equívocos no planejamento de um programa de melhoramento genético.

Outro problema, tanto para estimação de parâmetros genéticos quanto para manutenção das informações de *pedigree*, é a necessidade de inicialmente manter as famílias de irmãos completos separadas umas das outras, ou seja, os irmãos-completos têm que ficar no mesmo ambiente (hapas) até atingirem o tamanho suficiente para serem marcados, gerando um efeito aleatório de ambiente comum, que pode comprometer as estimativas (SANTOS et al., 2011).

Nesse ponto, é importante lembrar que as estimativas dos parâmetros genéticos são inerentes à população e ao ambiente onde elas foram obtidas, podendo mudar a cada geração, principalmente em populações relativamente pequenas e sob seleção. Desse modo, é necessário o acompanhamento dos

programas de melhoramento através de estudos desses parâmetros, o que pode garantir a eficiência do processo de seleção para as futuras gerações.

Outro ponto importante, é que a estimação desses parâmetros separados para cada sexo, e, nesse caso, principalmente a correlação genética entre machos e fêmeas, pode indicar caminhos diferentes no processo de seleção para cada categoria sexual.

### **2.3 Métodos de estimação de componentes de (Co)Variância: Abordagem Bayesiana**

A estimação dos componentes de (co)variância em um delineamento experimental “genético” (modelo animal) é um dos primeiros passos para estimação dos parâmetros genéticos. Nesse sentido, os procedimentos para a estimação desses componentes têm sido desenvolvidos há décadas. Inicialmente, o método ANOVA era o único utilizado, já que permite separar a variação total das observações em diversas fontes de variação associadas aos fatores incluídos no modelo de análise. No entanto, para essa metodologia, é necessário o balanceamento dos dados, os parâmetros obtidos são válidos somente para uma geração e as estimativas não são corrigidas para efeitos ambientais sistemáticos (GAMA; MATOS; CAROLINO, 2002).

Henderson (1953) promoveu algumas alterações para o método ANOVA, permitindo a análise de modelos com dados não balanceados (Método I), modelos mistos (efeitos fixos e aleatórios) no Método II e modelos que consideram a interação entre efeitos fixos e aleatórios (Método III), sendo que os componentes de variância, usando tanto os Métodos de Henderson quanto ANOVA, são estimados pelo método dos quadrados mínimos.

O método de estimação pela máxima verossimilhança (ML), proposto por Hartley e Rao (1967), passou a ser utilizado na década de 70,

fundamentando-se na maximização da função de verossimilhança em função dos parâmetros a serem estimados, porém esse método não considera a perda de graus de liberdade na estimação de efeitos fixos, além de exigir alguns processos derivativos. Após algumas adaptações realizadas por Patterson e Thompson (1971), tornou método ML mais eficiente ao considerar os graus de liberdade utilizados na estimação dos efeitos fixos, resultando no procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML), no entanto para o REML ainda havia a necessidade dos cálculos das derivadas em função dos parâmetros e conseqüentemente a inversão da matriz coeficiente dificultando a solução das equações do modelo.

O desenvolvimento do método da máxima verossimilhança restrita, livre de processos derivativos (DF-REML) por Smith e Graser (1986), que utiliza somente processos iterativos para a estimação dos parâmetros do modelo, evita as dificuldades dos métodos anteriores, sendo uma das metodologias mais empregadas no melhoramento animal.

Os modelos lineares mistos são os mais frequentemente utilizados na estimação dos componentes de (co)variância, porém, para algumas características a suposição de resposta linear, variância uniforme e normalidade são questionáveis. Uma alternativa para análise de características de distribuição não normal seria a utilização de modelos lineares generalizados mistos, ou ainda o uso do modelo limiar proposto por Sorensen et al. (1995) e Wang et al. (1997).

A abordagem bayesiana seria outra abordagem alternativa para estimação dos componentes de (co)variância, podendo ser implementada por meio da amostragem de *Gibbs*. A amostragem de *Gibbs* faz parte de um conjunto de processos iterativos, referentes ao método Monte Carlo, em propriedades das cadeias de Markov. Esses métodos MCMC (Markov Chain Monte Carlo) constituem uma família de processos de iteração para aproximar a geração de amostras de distribuições multivariadas (FARIA et al., 2007).

Nesse tipo de abordagem não há distinção entre estimação de efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios ou estimação de componentes de variância, pois todo e qualquer parâmetro do modelo é tratado como uma variável aleatória e possuidores de distribuições *a priori*, que refletem o estágio de conhecimento acumulado sobre tais parâmetros (GIANOLA; FERNANDO, 1986).

A amostragem de *Gibbs* é um procedimento de integração numérica, aplicado na estimação das distribuições conjuntas e marginais de todos os parâmetros do modelo. Consiste na criação de vetores aleatórios pela amostragem das distribuições condicionais posteriores conjuntas de todos os parâmetros não fixos do modelo, no qual o vetor de observações obtido a cada iteração, após alcançar a convergência, constitui uma amostra aleatória da distribuição conjunta de interesse (BLASCO, 2001).

Segundo os princípios, na inferência Bayesiana os parâmetros, tratados como variáveis aleatórias, possuidores de distribuição *a priori*, refletem o estágio de conhecimento acumulado sobre eles. Tendo base em probabilidades, o teorema de Bayes geralmente é apresentado da seguinte forma (GIANOLA; FERNANDO, 1986):

$$p(\theta|Y) \propto p(\theta) p(Y|\theta)$$

sendo:

$p(\theta|Y)$  a densidade de probabilidade *a posteriori* (ou posterior) de  $\theta$ ;

$p(\theta)$  a densidade de probabilidade *a priori* de  $\theta$ ;

$p(Y|\theta)$  é a função de verossimilhança.

De acordo com Magnabosco (1997) a ideia geral desse processo é que, após considerar os dados  $Y$ , a confiança inicial sobre um determinado parâmetro  $\theta$  vai depender da confiança que se coloca na distribuição  $p(\theta)$  adicionada da informação revelada pelos dados sobre cada valor possível de  $\theta$ , ou seja,  $p(\theta)$ . A

relação Posterior  $\propto$  Inicial  $\times$  Verossimilhança, sumariza a aplicação do Teorema de Bayes mostrando que se pode atualizar conhecimento, levando-se em conta os dados disponíveis.

As principais vantagens em se estimar componentes de (co)variâncias via amostrador de *Gibbs* são: estimação acurada e direta dos componentes de (co)variância, valores genéticos e intervalos de credibilidade para tais estimativas; análise de grandes bancos de dados; precisão de estimativas, sem o uso de aproximações ou de suposições de normalidade geralmente utilizadas, quando a estimação é feita por métodos que utilizam BLUP (SANTOS, 2009).

### 3 CONSIDERAÇÕES GERAIS

A aquicultura vem se destacando já há alguns anos e está entre as atividades agropecuárias que mais cresce no país atualmente, sendo que a tilápia é a espécie mais procurada pelos produtores. No entanto, os estudos na área de melhoramento genético de peixes são muito raros e se baseiam, na sua maioria, em avaliações de cruzamentos entre diferentes espécies, o que pode estar atrasando o desenvolvimento da atividade.

O programa de melhoramento GIFT conduzido na Universidade Estadual de Maringá é um dos poucos, ou senão o único, que considera as informações individuais dos peixes e usa métodos estatísticos para análise genética, selecionando os animais pelo seu valor genético. Porém, atualmente tem como único critério de seleção o ganho em peso dos animais e não considera a diferença entre os sexos.

O grupo de dados do programa é bastante complexo, com informações, separadas por sexo, sobre morfometria, rendimentos corporais, características reprodutivas e até dados provenientes de análises moleculares. Isso permite que a qualquer momento se possa utilizar outros critérios de seleção, e assim um estudo que avalie as medidas corporais e as diferenças genéticas entre machos e fêmeas pode ser interessante para indicar alternativas para, no futuro, melhorar também as características de carcaça dos peixes por meio de seleção indireta, e verificar a possibilidade de conduzir sistemas de seleção separados para cada sexo.

## REFERÊNCIAS

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 2, p. 2023-2046, Mar. 2001.

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. **Produção pesqueira e aquícola: estatística 2008 e 2010**. Brasília, 2012. 129 p.

COSTA, A. C. et al. Avaliação do crescimento de tilápias de diferentes linhagens através de modelos não lineares. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v. 58, n. 1, p. 561-564, 2009. Suplemento.

EKNATH, A. E. et al. Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 111, n. 4, p. 171-188, Apr. 1993.

FARIA, C. U. et al. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 8, n. 1, p. 75-86, 2007.

FISHER, R. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Royal Society Edinburgh Transactions**, Edinburgh, v. 52, p. 399-433, 1918.

FITZSIMMONS, K.; NAIM, S.; ALGHANIM, K. **Tilápia: 2009 state of the industry**. Tucson: University of Arizona, 2010. 178 p.

GALL, G. A. E.; BAKAR, Y. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 212, n. 1, p. 93-113, Jan. 2002.

GALL, G. A. E.; GROSS, S. J. Genetic studies of growth in domesticated rainbow trout. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 13, p. 225-234, 1978.

GAMA, L. T. **Melhoramento genético animal**. Lisboa: Escolar, 2002. 305 p.

GAMA, L. T.; MATOS, C. P.; CAROLINO, N. **Modelos mistos em melhoramento animal**. Lisboa: Escolar, 2002. 281 p.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 63, n. 4, p. 217-244, Oct. 1986.

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

GJERDE, B.; GJEDREM, T. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 36, n. 1, p. 97-110, 1984.

GJEREN, H. M.; BENTSEN, H. B. Past, present, and future of genetic improvement in salmon aquaculture. **Journal of Marine Science**, Dauphin, v. 54, n. 6, p. 1009-1014, July 1997.

HALLERMAN, E. M. **Population genetics: principles and practices for fisheries scientists**. Bethesda: American Fisheries Society, 2003. 458 p.

HARTLEY, H. O.; RAO, J. N. K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v. 54, n. 1/2, p. 93-108, 1967.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v. 9, n. 2, p. 226-252, 1953.

KINGHORN, B. P. A review of quantitative genetics in fish breeding. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 31, n. 2, p. 283-304, Mar. 1983.

KUBITZA, F. **Tilápia: tecnologia e planejamento na produção comercial**. Jundiaí: Ed. Jundiaí, 2000. 285 p.

LOPEZ-FANJUL, C.; TORO, M. A. **Mejora genética de peces y moluscos**. Madrid: Mundi, 1990. 107 p.

MAGNABOSCO, C. D. U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento em animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem de gibbs**. 1997. 83 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1997.

MEURER, F. et al. Fontes protéicas suplementadas com aminoácidos e minerais para tilápia do Nilo durante a reversão sexual. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 34, n. 1, p. 1-6, jan./fev. 2005.

NGUYEN, N. H. et al. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia by genetic means? **Aquaculture**, Amsterdam, v. 272, n. 1, p. S38-S46, 2007. Supplement.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block size are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545, 1971.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. 608 p.

PONZONI, R. W. et al. Genetic improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*): present and future. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON TILAPIA IN AQUACULTURE, 8., 2007, Cairo. **Proceedings...** Cairo: ISTA, 2007. v. 1, p. 33-52.

\_\_\_\_\_. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, Amsterdam, v. 247, n. 4, p. 203-210, June 2005.

REFSTIE, T. Genetic and environmental sources of variation of body weight and length of rainbow trout fingerlings. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 19, n. 4, p. 351-357, Apr. 1980.

SANTOS, A. I. **Interação genótipo: ambiente e estimação de parâmetros genéticos em tilápias**. 2009. 85 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2009.

SANTOS, A. I. et al. Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 1, p. 33-43, jan. 2011.

SMITH, S. P.; GRASER, H. V. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 60, n. 4, p. 1156-1165, May 1986.

SORENSEN, D. A. et al. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 27, n. 3, p. 229-249, Dec. 1995.

TURRA, E. M. et al. Uso de medidas morfométricas no melhoramento genético do rendimento de filé da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 34, n. 1, p. 29-36, jan./mar. 2010.

WAGNER, P. M. **Avaliação de linhagens de Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes fases de criação**. 2002. 51 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2002.

WANG, C. S. et al. Bayesian analyses of calving ease score and birth weight. **Genetics Selection and Evolution**, Paris, v. 29, n. 1, p. 117-143, Feb. 1997.

WORLD FISH CENTER. **GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding**. Penang, 2004. 46 p.

## SEGUNDA PARTE – ARTIGOS

### **ARTIGO 1 Parâmetros genéticos e mudança genética das características morfométricas de tilápias da variedade Gift sob seleção para ganho em peso**

#### **RESUMO**

O trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob o processo de seleção para ganho em peso. O conjunto de dados utilizado nas análises continha informações de 6650 animais, sendo preditos os valores genéticos de 8590 animais na matriz de parentesco, constituindo assim cinco gerações de seleção. Foram avaliadas as seguintes medidas morfométricas: Comprimento Padrão (CP); Altura Corporal (ALC); e Largura Corporal (LC), além da Área e o Volume do corpo. Foram realizadas análises bicaracter envolvendo as características morfométricas duas a duas para estimar os componentes de (co)variância. Foram estimados as herdabilidades e os efeitos de ambiente comum de larvicultura e alevinagem, além das correlações genéticas entre as características. Para isso foram utilizados procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de *Gibbs*, considerando a distribuição gama invertida com a *priori* dos componentes de variância. A convergência das cadeias foi testada por meio do método Heidelberg e Welch. As tendências genéticas foram estimadas pela regressão segmentada dos valores genéticos dos peixes em função das gerações consideradas neste estudo. Ainda foram calculadas as correlações fenotípicas entre as características morfométricas por meio do coeficiente de correlação linear de Pearson. As estimativas das herdabilidades foram de média à moderada magnitude para todas as características. As correlações genéticas entre as características foram todas acima de 0,8, e os ganhos genéticos foram satisfatórios a partir da 3ª geração de seleção. Diante dos valores dos parâmetros genéticos e dos ganhos genéticos pode-se afirmar que as características morfométricas avaliadas apresentam um bom potencial de seleção, podendo ser incluídas no programa de melhoramento de tilápias GIFT conduzido no Brasil.

Palavras-chave: Bayesiana. Correlação genética. Ganho genético. Herdabilidade.

**Genetic parameters and genetic trends of morphometric characteristics of tilapia GIFT strain under selection for weight gain**

**ABSTRACT**

The study was carried out to evaluate the morphometric traits of tilapia GIFT strain under the selection process for weight gain. The data set used in the analysis contained information of 6650 animals, and predicted genetic values of 8590 animals in relationship matrix, thus constituting five generations of selection. The following morphometric measures were evaluated: Standard Length (CP); Body Height (ALC) and Body Width (LC), as well as area (AREA) and volume (VOL.) of the body. Bicaracter analyses were done involving morphometric traits two by two to estimate the (co)variance components. The heritability and environmental common effects larval and fry phases for each trait, and the genetic and phenotypic correlations between traits were estimated. Bayesian procedures were utilized by Gibbs chains, and the convergence of the chains was tested by the Heidelberger and Welch method. The prior distribution used for variance components is the inverted gamma distribution. For the genetic parameters the credibility intervals of maximum probability density (HPD) were estimated. The genetic trends were estimated by segmented regression of the fish breeding values by generations considered in this study. Estimates of heritability were moderate to high magnitudes for all features. The genetic correlations between traits were all above 0.8, and the genetic gains were satisfactory from the 3rd generation of selection. By the values of genetic parameters and genetic gain it can be stated that the morphometric characteristics evaluated have good potential for selection and should be included in the GIFT breeding program carried out in Brazil.

Keywords: Bayesian Inference. Genetic correlation. Genetic gain. Heritability.

## 1 INTRODUÇÃO

A aquicultura no atual momento é a atividade agropecuária que vem ganhando maior destaque no Brasil e no mundo com um crescimento significativamente maior que as outras atividades. A tilápia *Oreochromis sp* é uma das espécies mais procurada pelos produtores de peixes, e no Brasil, representa 39% do total de pescado proveniente da piscicultura continental em 2009 (BRASIL, 2010).

Os sistemas de produção da tilápia têm se intensificado cada vez mais, exigindo uma busca constante por variedades mais produtivas (SANTOS et al., 2007). Assim, têm sido comercializadas no Brasil diferentes variedades de tilápia-do-nilo, porém, segundo Santos (2009), grande parte da produção aquícola brasileira ainda tem como base o uso de variedades não melhoradas, ou melhoradas por meio de seleção massal e sem discriminação de acasalamentos endogâmicos, prejudicando suas taxas de crescimento.

No ano de 2005 se deu início ao primeiro programa de melhoramento genético de peixes conduzido no país, considerando informações individuais e usando métodos estatísticos para análise genética. Esse programa teve como ponto de partida uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá (UEM) e o *WorldFish Center* (Malásia), de onde foram importadas 30 famílias de tilápias GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), uma variedade já melhorada a partir de um processo de seleção por várias gerações.

Como ocorre para o programa conduzido em Maringá, grande parte dos programas de melhoramento de peixes tem como objetivo somente o ganho em peso dos animais, e sendo assim, a maioria dos estudos dos parâmetros genéticos também está relacionada a essa característica (CHARO-KARISA et al., 2006a; EKNATH; ACOSTA, 1998; KHAW; PONZONI; DANTING, 2008; PONZONI et al., 2005; RUTTEN; BOVENHUIS; KOMEN, 2005a), no entanto, o

conhecimento das mudanças correlacionadas que ocorrem em outras características, como as medidas morfométricas, devido à seleção para ganho em peso é importante (CHARO-KARISA et al., 2007). Por exemplo, peixes mais largos e altos geralmente têm um maior rendimento das partes comestíveis e são preferidos pelos consumidores (NGUYEN et al., 2007).

A indústria de processamento de pescado ainda não valoriza as características de carcaça, e comercializa com seus fornecedores apenas pelo peso vivo dos peixes. No entanto, como ocorreu para outras espécies de produção, principalmente aves e suínos, os consumidores estão cada vez mais exigentes quanto à qualidade dos produtos o que pode levar, não só a indústria, como toda a cadeia produtiva a dar mais importância às características de carcaça dos peixes.

Programas de melhoramento que visam melhorar as características de carcaça dos peixes podem apresentar dificuldades, uma vez que a mensuração direta envolve sacrifício do animal e a perda de um potencial reprodutor dentro do plantel (CREPALDI et al., 2008). Nesse sentido, algumas alternativas que possibilitam a produção de peixes com melhores características de carcaça têm se concentrado principalmente no uso de medidas do corpo como critério de seleção relacionado principalmente aos rendimentos de carcaça e filé (SILVA et al., 2009).

Uma das maneiras de realizar um acompanhamento das mudanças nas características morfométricas devido à seleção para ganho em peso é através do conhecimento de parâmetros genéticos e de estimativas da mudança genética, imprescindíveis para o estabelecimento de diretrizes que guiem os programas de melhoramento, avaliando o progresso genético ao longo do tempo para que os resultados sirvam de elementos orientadores para ações futuras (EUCLIDES FILHO; NOBRE; ROSA, 1997).

O trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob o processo de seleção para ganho em peso, por meio da estimação dos parâmetros genéticos e da tendência genética, utilizando uma abordagem Bayesiana para as análises.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

As características morfométricas foram avaliadas a partir de um conjunto de dados que continha informações de 6650 animais, sendo preditos os valores genéticos de 8590 animais, na matriz de parentesco, de cinco gerações do programa GIFT no Brasil. As duas primeiras gerações do programa foram produzidas com objetivo somente de constituir as famílias, e a partir da terceira geração se deu início ao processo de seleção para ganho em peso.

Os animais avaliados em cada geração de seleção foram produzidos a partir de um sistema de acasalamento hierárquico, um macho para duas fêmeas, sendo utilizados 60 machos, por geração. A reprodução e alevinagem foram realizadas na estação de Piscicultura UEM-CODAPAR, em Floriano - PR, da Universidade Estadual de Maringá, em sistema de viveiros escavados.

Durante as estações de acasalamento, realizadas de novembro a fevereiro, os reprodutores eram mantidos em hapas individuais de 1m<sup>3</sup>. As fêmeas eram observadas a cada dois dias, ao identificar sinais de eminente desova o macho era colocado no hapa da fêmea, e após a observação de desova, os animais eram separados.

Após a eclosão dos embriões, as larvas eram mantidas com as mães até o final da estação de reprodução, quando eram então separadas e estocadas em hapas (1m<sup>3</sup>) com 50 representantes de cada família, sendo um hapa para cada família de irmãos completos, gerando uma fonte de variação comum, considerada como efeito de ambiente comum de larvicultura. Posteriormente, quando os peixes estavam com um peso médio de 1 grama, os alevinos da mesma família de irmãos completos eram separados em grupos e distribuídos aleatoriamente em hapas (1m<sup>3</sup>) de alevinagem dispostos em viveiros escavados, gerando adicionalmente outra fonte de variação, o efeito de ambiente comum de alevinagem.

Ao atingirem peso superior a 10 gramas, os animais eram identificados por meio de microchips (“*Passive Integrated Transponder*” ou *PIT-tag*) implantados na cavidade visceral e em seguida transferidos para o sistema de cultivo em tanques-rede (4m<sup>3</sup>) localizados no Rio do Corvo no município de Diamante do Norte – PR, a uma densidade de estocagem de 150 peixes por m<sup>3</sup>. A utilização de diferentes tanques-rede exigiu a distribuição de representantes das diferentes famílias em cada tanque disponível.

Após os períodos de cultivo, de aproximadamente 150 dias coincidentes com parte do outono, o inverno e parte da primavera, houve a despesca dos peixes que eram anestesiados (solução com 25 mg/l de benzocaína), identificados, submetidos à avaliação morfométrica, e posteriormente devolvidos ao ambiente de cultivo. As seguintes medidas morfométricas foram utilizadas nas análises: Comprimento Padrão (CP), compreendido entre a extremidade anterior da cabeça e a inserção da nadadeira caudal; Altura Corporal (ALC), altura do corpo medidas à frente do 1º raio da nadadeira dorsal; e Largura Corporal (LC), largura do corpo medidas à frente do 1º raio da nadadeira dorsal. Ainda foram calculados a Área do Corpo (AREA), produto do comprimento padrão pela altura corporal (CP x ALC); e Volume do Corpo (VOL.), produto do comprimento padrão, altura corporal e largura corporal (CP x ALC x LC) (Tabela 1).

Tabela 1 Médias ( $\mu$ ) e desvio padrão ( $\sigma$ ) do peso e das características morfométricas de tilápias da variedade GIFT do programa de melhoramento conduzido na Universidade Estadual de Maringá (UEM) sob seleção para ganho em peso

Característica	$\mu$	$\sigma$
Peso (g)	337.6	94.48
<sup>1</sup> Idade (dias)	260	19.6
<sup>2</sup> LC (cm)	3.46	0.38
ALC (cm)	7.55	0.81
CP (cm)	19.78	1.73
ÁREA (cm <sup>2</sup> )	151.3	27.5
VOL. (cm <sup>3</sup> )	536.72	143.5

<sup>1</sup> Idade em que os peixes foram avaliados.

<sup>2</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.)

As avaliações genéticas e seleção de animais resultaram sempre na substituição total do grupo de reprodutores da geração anterior, caracterizando assim a existência de gerações discretas.

Os dados obtidos a partir da avaliação morfométrica foram então submetidos a uma análise bicaráter envolvendo as características avaliadas duas a duas para estimar os componentes de (co)variância utilizando o seguinte modelo animal:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} C_1 & 0 \\ 0 & C_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w_1 \\ w_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que,  $y_1$  e  $y_2$  são os vetores de observações das características 1 e 2;  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são os vetores dos efeitos ambientais identificáveis para as características 1 e 2;  $a_1$  e  $a_2$  são os vetores dos efeitos genéticos aditivos diretos para as características 1 e 2;  $c_1$  e  $c_2$  são os vetores de efeito de ambiente comum de larvicultura para as características 1 e 2;  $w_1$  e  $w_2$  são os vetores de efeito de

ambiente comum de alevinagem para as características 1 e 2;  $e_1$  e  $e_2$  são os vetores dos erros aleatórios para as características 1 e 2;  $X_1$  e  $X_2$  são as matrizes de incidência dos efeitos ambientais identificáveis para as características 1 e 2;  $Z_1$  e  $Z_2$  são as matrizes de efeitos genéticos aditivos diretos para as características 1 e 2;  $C_1$  e  $C_2$  são as matrizes de efeitos de ambiente comum de larvicultura para as características 1 e 2;  $W_1$  e  $W_2$  são as matrizes de efeitos de ambiente comum de alevinagem para as características 1 e 2.

Os efeitos ambientais identificáveis considerados nas análises foram: anos de cultivo ou geração, tanques rede e como covariável a idade. Também se considerou nestes modelos o efeito de sexo como fonte de variação.

Foram estimados, utilizando os componentes (co)variâncias, as herdabilidades e a participação relativa do ambiente comum de larvicultura e alevinagem na variação total para cada característica separadamente, além das correlações genéticas entre as características duas a duas.

Para isso foram utilizados procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de *Gibbs*, resultantes de 1.500.000 ciclos com período de descarte de 100.000 ciclos e intervalo de retirada de 50 ciclos, utilizando-se o sistema computacional MTGSAM – *Multiple Trait Gibbs Sampling to Animal Model* (TASSEL; VLECK, 1996). A distribuição gama invertida foi utilizada como a *priori* dos componentes de variância.

A convergência das cadeias foi testada por meio do método Heidelberger e Welch. A convergência das cadeias de *Gibbs* foi testada por meio do método de Heidelberger e Welch (1981), descrito por Cowles, Best e Vines (1995), utilizando-se a biblioteca CODA implementada no sistema R (versão 2.13.2 – 2011).

Para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados os intervalos de credibilidade de máxima densidade de probabilidade ou HPD (*highest probability density*) a 95%, utilizando o

sistema R *for Windows* versão 2.13.2. O intervalo de credibilidade comumente utilizado na abordagem Bayesiana considera, na distribuição a *posteriori*, abas de igual credibilidade, no entanto, é comum que as cadeias apresentem algum tipo de assimetria, principalmente quando se trata de parâmetros genéticos, desse modo, o intervalo de credibilidade HPD se torna uma alternativa interessante, já que minimiza a amplitude do intervalo a um dado nível de credibilidade, fornecendo estimativas mais confiáveis (CARVALHO, 2009).

As tendências genéticas foram estimadas pela metodologia de análise de regressão segmentada dos valores genéticos dos peixes estimados para as características morfométricas em função das gerações consideradas neste estudo. Esse procedimento foi realizado utilizando a função “nls” do sistema computacional R (versão 2.13.2 – 2011). Os ganhos genéticos foram calculados como a relação dos coeficientes de regressão pela média fenotípica de cada característica estudada dados em porcentagem conforme metodologia proposta por Forni, Federici e Albuquerque (2007).

Ainda foram calculadas as correlações fenotípicas entre as características morfométricas por meio do coeficiente de correlação linear de Pearson e seus intervalos de confiança foram estimados ao nível de 95%.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores estimados para o efeito do ambiente comum de larvicultura foram muito baixos, variando de 0.018, para largura do corpo, a 0.024 para o comprimento padrão. Já para o efeito de alevinagem foram obtidos valores bem mais altos, sendo que o menor foi observado para a largura corporal (0.07) e os maiores foram para o comprimento padrão, área e volume corporal que apresentaram o mesmo valor (0.13). Esses resultados indicam uma importância maior do efeito de ambiente comum de alevinagem do que o de larvicultura na variação total (Tabela 2).

Tabela 2 Variâncias fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), efeitos de ambiente comum de larvicultura ( $c^2$ ), alevinagem ( $w^2$ ), variâncias genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso

Parâmetros	Características Morfométricas				
	LC <sup>1</sup>	ALC	CP	AREA	VOL.
$\sigma^2_p$	0.164 (0.15 – 0.17) <sup>2</sup>	0.762 (0.71 – 0.82)	3.56 (3.29 – 3.86)	941 (868 – 1020)	26250 (24260 – 28470)
$c^2$	0.018 (0.01 – 0.03)	0.02 (0.01 – 0.03)	0.024 (0.01 – 0.04)	0.023 (0.01 – 0.04)	0.02 (0.01 – 0.03)
$w^2$	0.07 (0.04 – 0.11)	0.12 (0.07 – 0.16)	0.13 (0.08 – 0.18)	0.13 (0.09 – 0.18)	0.13 (0.08 – 0.18)
$\sigma^2_a$	0.043 (0.03 – 0.06)	0.214 (0.12 – 0.33)	1.07 (0.64 – 1.59)	281 (159 – 423)	8116 (4805 – 12110)

“Tabela 2, conclusão”

Parâmetros	Características Morfométricas				
	LC <sup>1</sup>	ALC	CP	AREA	VOL.
$h^2$	0.29 (0.19 – 0.41)	0.28 (0.17 – 0.41)	0.30 (0.19 – 0.42)	0.30 (0.18 – 0.43)	0.31 (0.19 – 0.43)

<sup>1</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

<sup>2</sup> Intervalos de credibilidade HPD: (limite inferior – limite superior) a 95%.

Eknath et al. (2007) destacam a importância de se considerar esse efeito de ambiente comum nas análises, já que o cultivo de famílias de irmãos completos em hapas separadas até o tamanho adequado para marcação, pode causar um efeito não genético sistemático, que será confundido com os efeitos genéticos de irmãos completos durante os testes de campo, resultando principalmente na redução da acurácia de seleção (NGUYEN et al., 2007), desse modo, o efeito de alevinagem e mesmo o efeito de ambiente comum de larvicultura, que apresentou valores baixos, devem ser incluídos nos modelos de análise.

Grande parte dos autores não inclui o efeito de larvicultura em seus modelos de análise, considerando somente um efeito de ambiente comum, o efeito de hapas (CHARO-KARISA et al., 2006a, 2006b, 2007; NGUYEN et al., 2007, 2010; RUTTEN; BOVENHUIS; KOMEN, 2005a, 2005b), que corresponde ao efeito de alevinagem no presente trabalho, isso pode ser explicado pelo fato de que esses autores utilizaram em seus trabalhos um sistema artificial de incubação dos embriões, em que, logo após a eclosão, as larvas já são transferidas para hapas de alevinagem, gerando apenas esse efeito aleatório de ambiente.

Rutten, Bovenhuis e Komen (2005a) encontraram valores de ambiente comum para comprimento padrão (0.07) bem mais baixo que o encontrado neste

trabalho, porém, no estudo de Rutten, Bovenhuis e Komen (2005b), além de ter sido usado um sistema de incubação artificial para os embriões, os alevinos foram cultivados, até serem marcados, em um sistema de recirculação com as condições ambientais bem mais controladas, resultando em uma influência menor na variação total das medidas morfométricas.

Utilizando um sistema de alevinagem similar ao adotado neste trabalho, Nguyen et al. (2007) encontraram valores dos efeitos de alevinagem para medidas morfométricas de tilápias um pouco mais altos, sendo 0.16, 0.16 e 0.24 para comprimento padrão, largura e altura do corpo respectivamente, no entanto, os autores avaliaram os peixes com aproximadamente 190g, peso bem inferior ao dos peixes avaliados neste estudo, e sabe-se que os efeitos de ambiente comum tendem a se reduzir com o crescimento dos animais (GJEDREM; BARANSKI, 2009). Nguyen et al. (2010) encontraram valores, para efeito de ambiente comum de medidas morfométricas, de 4 a 5% da variação total, trabalhando com tilápias de aproximadamente 530 g, enquanto Ponzoni et al. (2005), observaram valores de 15 a 26% para tilápias com peso médio de 250 g.

Todas as estimativas de herdabilidade foram diferentes de zero, conforme os intervalos de credibilidade de 95%, e de acordo com critérios propostos por Pereira (2004), foram de moderada a alta magnitude. A característica morfométrica que apresentou o menor valor de herdabilidade foi altura corporal (0.28), enquanto o volume corporal foi a característica com a maior estimativa (0.31), demonstrando que este parâmetro variou muito pouco entre as características (Tabela 2).

Esses valores de herdabilidade, juntamente com os valores das variâncias genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), que também foram sempre diferentes de zero (IC de 95%), indicam boas possibilidades de ganho genético para as características morfométricas nas circunstâncias de cultivo presentes neste trabalho. Estimativas obtidas em trabalhos realizados anteriormente, com peixes

provenientes do mesmo programa de melhoramento genético GIFT (NGUYEN et al., 2007, 2010; PONZONI et al., 2005) são bem semelhantes aos valores de herdabilidade do presente estudo. Isso mostra que, mesmo após várias gerações de seleção (nas Filipinas, Malásia e Brasil), não houve uma redução significativa na variação genética das características corporais, o que pode garantir a eficiência do programa de melhoramento por mais gerações de seleção.

Charo-Karisa et al. (2007) encontraram estimativas de herdabilidades para altura, largura e comprimento padrão de tilápias de até 0.60, 0.73 e 0.62, respectivamente, ou seja, valores bem mais altos que os encontrados no presente trabalho. No entanto, os animais avaliados pelos autores além de serem testados em condições diferentes, viveiros escavados fertilizados sem o fornecimento de ração, ainda eram provenientes de diferentes variedades de tilápias e estavam apenas na segunda geração de seleção. Valores de herdabilidades mais próximos aos encontrados neste estudo foram observados por Rutten, Bovenhuis e Komen (2005a) para o comprimento padrão (0.25) e largura (0.25) de tilápias cultivadas em condições mais parecidas às deste trabalho.

Os coeficientes de correlação de Pearson mostram um alto grau de associação entre as variáveis estudadas, sendo que o menor coeficiente de correlação foi observado entre a largura e o comprimento padrão (0.8) e o maior entre a área e o volume corporal (0.98), (Tabela 3).

Tabela 3 Correlações genéticas (abaixo de diagonal) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%), correlações fenotípicas (acima da diagonal) e seus respectivos intervalos de confiança (95%), entre as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso

	LC <sup>1</sup>	ALC	CP	AREA	VOL.
LC		0.81 (0.79 – 0.82) <sup>2</sup>	0.8 (0.79 – 0.82)	0.82 (0.8 – 0.84)	0.91 (0.9 – 0.93)
ALC	0.87 (0.79 – 0.93) <sup>3</sup>		0.9 (0.88 – 0.91)	0.98 (0.97 – 0.99)	0.95 (0.93 – 0.96)
CP	0.81 (0.7 0 0.9)	0.87 (0.74 – 0.94)		0.96 (0.94 – 0.97)	0.93 (0.92 – 0.95)
AREA	0.91 (0.84 – 0.96)	0.97 (0.95 – 0.99)	0.96 (0.93 – 0.98)		0.97 (0.95 – 0.98)
VOL.	0.95 (0.91 – 0.98)	0.97 (0.94 – 0.98)	0.92 (0.87 – 0.96)	0.98 (0.97 – 0.99)	

<sup>1</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

<sup>2</sup> Intervalos de credibilidade HPD: (limite inferior – limite superior) a 95%.

<sup>3</sup> Intervalos de credibilidade HPD: (limite inferior – limite superior) a 95%.

As correlações genéticas também foram positivas e altas, todas acima de 0.8 e chegando até 0.98 entre volume e área do corpo, sugerindo que as características morfométricas são controladas pelo mesmo conjunto de genes, e que há pouca ou nenhuma variação genética aditiva independente entre as características (Tabela 3). Desse modo, a seleção para uma das variáveis estudadas resultaria em ganhos para as outras e, portanto seria desnecessário o uso de todas as medidas em um programa de seleção. As amplitudes dos intervalos de credibilidade das correlações genéticas foram muito pequenas indicando uma alta precisão das estimativas.

Vários estudos comprovam a associação genética entre as variáveis morfométricas. Rutten, Bovenhuis e Komen (2005a) encontraram uma correlação genética de 0.84 entre a largura e o comprimento padrão de tilápias. Nguyen et al. (2007) observaram estimativas de correlações genéticas bastante altas entre comprimento e largura (0.94), comprimento e altura (0.92), e entre largura e altura (0.95), sugerindo que essas características seriam controladas pelo mesmo grupo de genes. Chacro-Karisa et al. (2007) também encontraram altas correlações genéticas, de 0.9 a 0.98, entre as características morfométricas, sugerindo que não há necessidade de utilizar todas as variáveis em um programa de seleção, já Nguyen et al. (2010), trabalhando com tilápias maiores ( $527 \pm 132,2\text{g}$ ) que as utilizadas pelo autores citados anteriormente, relatam valores um pouco menores de correlações genéticas, principalmente entre largura e altura (0.78), e largura e comprimento (0.56), sugerindo que esses parâmetros podem se alterar com o desenvolvimento dos peixes. Outra explicação seria que a tilápia apresenta, em geral, crescimento heterogônico das partes corporais em função do peso dos animais, ou seja, o coeficiente alométrico difere de um para o estudo do crescimento dos componentes corporais em função do peso (SANTOS et al., 2006).

O comportamento dos valores genéticos em relação às cinco gerações do programa GIFT no Brasil foi o mesmo para todas as características morfométricas. Em média, não se alteraram significativamente até a terceira geração, a partir desta, houve um aumento linear significativo dos valores genéticos até a quinta geração (Figuras 1, 2 e 3). Esses resultados já eram esperados, já que as primeiras gerações do programa foram utilizadas somente para produção das famílias sem passarem pelo processo de seleção. Holanda et al. (2004) ajustaram equações quadráticas para descrever o comportamento dos valores genéticos de características de ganho em peso de bovinos da raça Nelore em relação à vários períodos de crescimento, enquanto Forni, Federici e

Albuquerque (2007) observaram um comportamento linear da tendência genética de escores visuais de conformação corporal e de características de carcaça também de Nelores.

Não foram encontrados relatos de trabalhos com peixes avaliando a tendência genética das características de desempenho utilizando a mesma metodologia adotada neste trabalho, ou seja, baseado nos valores genéticos dos animais em relação às gerações de seleção.

Apesar do baixo ajuste apontado pelos coeficientes de determinação dos modelos de regressão ( $R^2$ ), os coeficientes angulares ( $\beta_1$ ), que indicam o ganho genético a partir da terceira geração, foram altamente significativos ( $p < 0.01$ ) para todas as variáveis morfométricas.

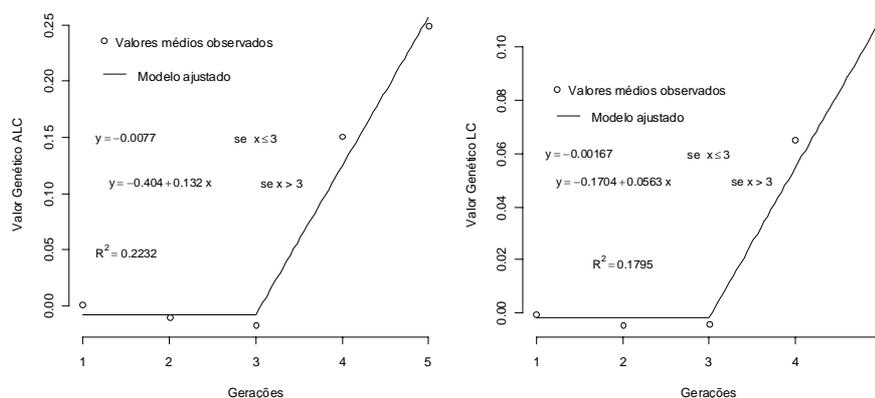


Figura 1 Tendências genéticas da altura corporal (ALC) e da largura corporal (LC) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil

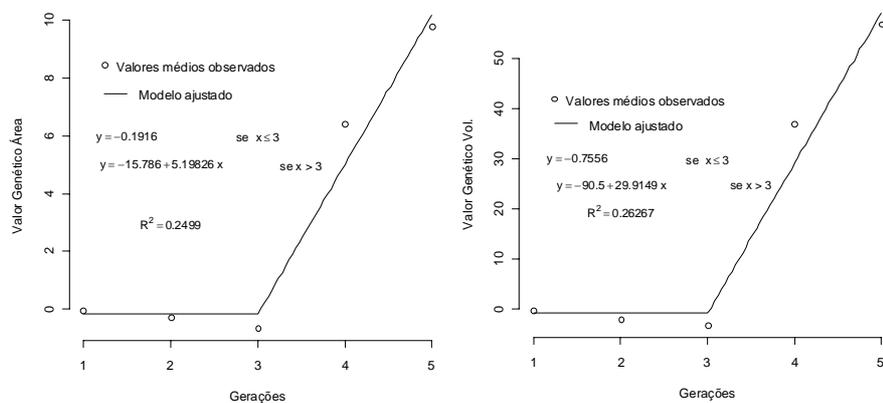


Figura 2 Tendências genéticas da área corporal (Área) e do volume corporal (VOL.) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil

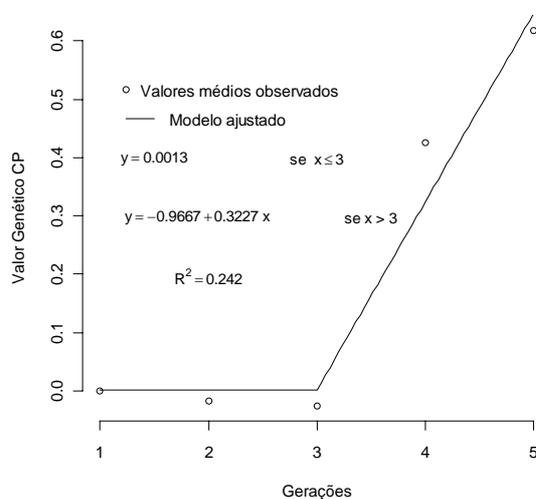


Figura 3 Tendências genéticas comprimento padrão (CP) de tilápias da variedade GIFT de cinco gerações do programa no Brasil

Os ganhos genéticos obtidos foram satisfatórios para todas as variáveis, considerando a metodologia com a qual foram calculados. A característica morfométrica que apresentou o maior ganho genético foi o volume corporal com um aumento de 5,57% por geração (a partir da 3ª geração), seguida pela área do corpo com um ganho de 3.44%. As medidas de largura, altura e comprimento padrão apresentaram ganhos genéticos semelhantes, sendo 1.62%, 1.75% e 1.63% respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4 Coeficientes de regressão ( $\beta_i$ ), médias fenotípicas e ganho genético das as características morfométricas de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso

Parâmetros	Características Morfométricas				
	LC <sup>1</sup> (cm)	ALC (cm)	CP (cm)	AREA (cm <sup>2</sup> )	VOL. (cm <sup>3</sup> )
<sup>2</sup> $\beta_i$	0.056	0.132	0.323	5.2	29.9
Média fenotípica	3.46	7.55	19.78	151.3	536.72
Ganho genético (%)	1.62	1.75	1.63	3.44	5.57

<sup>1</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

<sup>2</sup> Representa o ganho genético, em valor absoluto, por geração, a partir da 3ª geração de seleção.

Os trabalhos que medem ganhos genéticos de características de peixes, normalmente adotam metodologias diferentes da adotada no presente trabalho. Kause et al. (2005), comparando a média fenotípica de uma geração de seleção para outra, ponderando pela herdabilidade, calcularam um ganho genético médio de 6,7% por geração para ganho em peso de trutas arco-íris *Oncorhynchus mykiss*. Khaw, Ponzoni e Danting (2008) estimaram um ganho genético acumulado de 64% para ganho em peso de tilápias GIFT no período de 1991, quando foi formada a população base, até 2003, utilizando o diferencial de

seleção da população melhorada em relação uma população controle contemporânea produzida por genitores de diferentes gerações.

Os coordenadores do programa GIFT no Brasil relatam um ganho genético de ganho em peso de cerca de 9% por geração, no entanto, os cálculos de ganho realizados também foram diferentes dos utilizados neste trabalho, pois foram baseados na diferença fenotípica de uma geração para outra e não em termos de ganho nos valores genéticos dos animais.

De modo geral as características morfométricas demonstraram um bom potencial de seleção podendo ser incluídas no programa de melhoramento de tilápias GIFT conduzido no Brasil, pois, além de apresentarem estimativas de herdabilidade de média a alta magnitude, são geneticamente correlacionadas, e ainda obtiveram ganhos genéticos significativos nas últimas gerações.

O uso das medidas morfométricas em programas de melhoramento seria interessante como critério de seleção indireta para melhorar as características de carcaça. Em um estudo avaliando as características de carcaça e as medidas morfométricas de tilápias, Rutten, Bovenhuis e Komen (2005a) relatam correlações genéticas maiores que as fenotípicas, sendo que as correlações genéticas entre peso corporal e medidas corporais variaram de 0.76 a 0.92; e entre peso de filé e as mesmas medidas, de 0.89 a 0.99. O rendimento de filé foi correlacionado com largura (0.98), com o próprio peso do filé (0.81) e com o peso corporal (0.74).

Ainda no mesmo trabalho os autores estimaram herdabilidades de moderadas a alta para peso do filé (0.24), peso corporal (0,26), comprimento (0.25) e largura (0.25), porém, a herdabilidade do rendimento de filé foi baixa (0.12). Esses resultados sugerem que respostas correlacionadas para rendimento de filé por meio de medidas morfométricas seriam maiores que a seleção direta, dado que houve correlações genéticas altas entre rendimento de filé e as medidas do corpo, principalmente largura corporal, e a herdabilidade dessas medidas

foram maiores que a do objetivo de seleção, rendimento de filé (TURRA et al., 2010).

Nesse ponto é importante lembrar que as estimativas dos parâmetros genéticos são inerentes à população e ao ambiente onde elas foram obtidas e, portanto os resultados obtidos por Rutten, Bovenhuis e Komen (2005a) podem não se repetir para a população de peixes avaliados neste trabalho. Desse modo, torna-se necessário a realização de um estudo relacionando as características morfométricas com as características de carcaça dos peixes para a verificação das correlações genéticas entre tais caracteres e assim tomar a decisão de inclusão ou não das medidas no programa GIFT como critério de seleção indireta.

#### **4 CONCLUSÃO**

Diante dos valores dos parâmetros genéticos estimados e dos ganhos genéticos obtidos nas duas últimas gerações, pode-se afirmar que as características morfométricas avaliadas apresentam um bom potencial de seleção, podendo ser incluídas no programa de melhoramento de tilápias GIFT conduzido no Brasil. No entanto seria interessante um estudo genético prévio das medidas do corpo e das características de carcaça dos peixes para verificar o potencial de ganho nos rendimentos corporais pela seleção indireta usando as medidas morfométricas como critério.

## REFERÊNCIAS

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. **Produção pesqueira e aquícola: estatística 2008 e 2010**. Brasília, 2010. 129 p.

CARVALHO, D. C. O. **Gráficos de controle bayesianos em alguns processos da família exponencial**. 2009. 60 p. Dissertação (Mestrado em Matemática e Estatística) - Universidade Federal do Pará, Belém, 2009.

CHARO-KARISA, H. et al. Genetic and environmental factors affecting growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) juveniles: modelling spatial correlations between hapas. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 255, n. 4, p. 586-596, May 2006a.

\_\_\_\_\_. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 261, n. 2, p. 479-486, Nov. 2006b.

\_\_\_\_\_. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 273, n. 1, p. 15-23, Jan. 2007.

COWLES, M. K.; BEST, N.; VINES, K. **Convergence diagnostics and output analysis**. Version 0.40. London: MRC Biostatistics, 1995. 91 p.

CREPALDI, D. V. et al. Rendimento de carcaça em surubim (*Pseudoplatystoma* spp.) avaliado por ultra-som. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 9, n. 4, p. 813-824, 2008.

EKNATH, A. E.; ACOSTA, B. O. **Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: final report, march 1988 to december 1997**. Makati City: International Center for Living Aquatic Resources Management, 1998. 173 p.

EKNATH, A. E. et al. Genetic improvement of farmed tilapias: composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 273, n. 1, p. 1-14, Jan. 2007.

EUCLIDES FILHO, K.; NOBRE, P. R. C.; ROSA, A. N. Tendência genética na raça Guzerá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, 1997. p. 175.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F.; ALBUQUERQ, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 572-577, maio/jun. 1997.

GJEDREM, T.; BARANSKI, M. **Selective breeding in aquaculture: an introduction**. New York: Springer Science, 2009. 221 p.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. A spectral method for confidence interval generation and run length control in simulations. **Communications of the ACM**, New York, v. 24, n. 4, p. 233-245, Apr. 1981.

HOLANDA, M. C. R. et al. Tendências genéticas para crescimento em bovinos nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v. 53, n. 202, p. 185-194, sept. 2004.

KAUSEA, A. et al. Genetic trends in growth, sexual maturity and skeletal deformations, and rate of inbreeding in a breeding programme for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). **Aquaculture**, Amsterdam, v. 247, p. 177-187, 2005.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; DANTING, M. J. C. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 275, n. 1, p. 64-69, Jan. 2008.

NGUYEN, N. H. et al. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia by genetic means? **Aquaculture**, Amsterdam, v. 272, n. 1, p. S38-S46, 2007. Supplement.

\_\_\_\_\_. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 305, n. 1, p. 1-5, Jan. 2010.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. 608 p.

PONZONI, R. W. et al. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, Amsterdam, v. 247, n. 4, p. 203-210, June 2005.

RUTTEN, M. J. M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). **Aquaculture**, Amsterdam, v. 246, n. 4, p. 125-132, May 2005a.

\_\_\_\_\_. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 246, n. 1, p. 101-113, 2005b.

\_\_\_\_\_. 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.

\_\_\_\_\_. **Interação genótipo: ambiente e estimação de parâmetros genéticos em tilápias**. 2009. 85 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2009.

\_\_\_\_\_. Rendimento do processamento de linhagens de tilápias (*Oreochromis niloticus*) em função do peso corporal. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 2, p. 554-562, mar./abr. 2007.

SILVA, F. V. et al. Características morfométricas, rendimentos de carcaça, filé, vísceras e resíduos em tilápias-do-nilo em diferentes faixas de peso. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 38, n. 8, p. 1407-1412, ago. 2009.

TASSELL, C. P. van; VLECK, L. D. van. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 74, n. 11, p. 2586-2597, Nov. 1996.

TURRA, E. M. et al. Uso de medidas morfométricas no melhoramento genético do rendimento de filé da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 34, n. 1, p. 29-36, jan./mar. 2010.

## ARTIGO 2 Diferença entre sexos para parâmetros genéticos e ambientais de características morfométricas de tilápias Gift

### RESUMO

O trabalho foi realizado com o objetivo de verificar as diferenças genéticas entre as características morfométricas de machos e fêmeas de tilápia da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso. O conjunto de dados utilizado nas análises continha informações de 6650 animais, 3750 machos e 2900 fêmeas, sendo preditos os valores genéticos de 8590 animais na matriz de parentesco. Foram utilizadas as seguintes medidas morfométricas: Comprimento Padrão (CP); Altura Corporal (ALC); e Largura Corporal (LC), além da Área e o Volume do corpo. Foram realizadas análises bicaracter envolvendo as características morfométricas, sendo considerada como duas características diferentes a mesma medida morfométrica avaliada em cada sexo. Além dos componentes de (co)variâncias, foram estimados as herdabilidades, os efeitos de ambiente comum de larvicultura e alevinagem para cada sexo, e as correlações genéticas entre machos e fêmeas para a mesma característica morfométrica. Para isso foram utilizados procedimentos bayesianos, por meio das cadeias de *Gibbs*, considerando a distribuição gama invertida com a *priori* dos componentes de variância. A convergência das cadeias foi testada por meio do método Heidelberg e Welch. Foram estimados, para os parâmetros genéticos, os intervalos de credibilidade de máxima densidade de probabilidade (HPD) utilizando-os também para calcular a probabilidade dos parâmetros genéticos assumirem os mesmos valores para machos e fêmeas. O efeito de ambiente comum de larvicultura foi maior para as fêmeas em todas as características, enquanto o efeito de alevinagem foi semelhante para ambos os sexos. As herdabilidades apresentadas pelos machos foram, em geral, maiores que as apresentadas pelas fêmeas, e as correlações genéticas entre machos e fêmeas para a mesma característica morfométrica foram sempre inferiores a 0.5, indicando que os machos respondem de maneira diferente das fêmeas, em termos de conformação corporal, o procedimento de seleção para ganho em peso.

Palavras-chave: Bayesiana. Corelação genética. Fêmeas. Herdabilidade. Machos.

## **Difference between Sexes for Genetic and Environmental Parameters of the morphometric characteristics of GIFT tilapia**

### **ABSTRACT**

The study was carried out to verify genetic differences of the morphometric traits between males and females of tilapia GIFT under the selection process for weight gain. The data set used in the analysis contained information of 6650 animals, and predicted genetic values of 8590 animals in relationship matrix, thus constituting five generations of selection. The following morphometric measures were used: Standard Length (CP); Body Height (ALC) and Body Width (LC), as well as area (AREA) and volume (VOL.) of the body. Bicaracter analyses were done involving morphometric traits, considering as different traits the same morphometric measure evaluated for each sex, to estimate the (co) variance components. The heritability and environmental common effects larval and fry phases for each trait of each sex were estimated; in addition the genetic correlations between males and females for the same body trait were estimated. Bayesian procedures were utilized by Gibbs chains, and the convergence of the chains was tested by the Heidelberger and Welch method. The prior distribution used for variance components is the inverted gamma distribution. For the genetic parameters the credibility intervals of maximum probability density (HPD) were estimated, also using them to calculate the probability of genetic parameters assume the same values for males and females. The common effect of larval was higher for females in all traits, while the fry effect was similar between sexes. The heritability present by males were, in general, larger than those present by females, and the genetic correlations between males and females for the same morphometric trait were always below 0.5. Thus, it can be seen that the males respond differently to the female, in body shape terms, of the selection procedure for weight gain.

Keywords: Bayesian Inference. Genetic correlation. Heritability. Male and female.

## 1 INTRODUÇÃO

A produção de tilápia no Brasil apresentou um crescimento de 87% entre os anos de 2006 e 2009, saindo de 71.253 para 132.957 toneladas, o que representa 39% do total de pescado proveniente da piscicultura continental (BRASIL, 2010). Nesse sentido, muitas pesquisas são necessárias para tornar a produção cada vez mais eficiente e sustentável, incluindo a busca por variedades de desempenho superior (COSTA et al., 2009).

Há alguns anos, no Brasil, não existiam programas de melhoramento genético de peixes que considerassem informações individuais e usassem métodos estatísticos para análise genética. No entanto, em 2005, por meio de uma parceria entre a Universidade Estadual de Maringá e o *WorldFish Center* (Malásia), foram transferidas 30 famílias da variedade GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*), e iniciou-se o Programa de Melhoramento Genético de Tilápias em Maringá – PR.

Muitas espécies de peixes apresentam dimorfismo sexual, e em algumas delas um dos sexos apresenta vantagens para o cultivo por possuírem características economicamente mais interessantes, como por exemplo, no Brasil, onde se prefere a criação do macho de tilápia por apresentar ganho em peso superior ao da fêmea (MEURER et al., 2005). Assim, a compreensão da base genética do dimorfismo sexual em tilápias se torna importante, pois a expressão das características de desempenho é controlada por uma grande quantidade de genes e alguns deles podem atuar de maneira diferente para cada sexo. Sendo assim, essas características devem ser consideradas diferentes para macho e para fêmeas, podendo até resultar em programas de seleção diferentes para cada sexo (NGUYEN et al., 2007).

A grande parte dos programas de melhoramento de peixes objetiva o ganho em peso, de maneira indiscriminada para macho e fêmeas, desse modo, a

maioria dos estudos dos parâmetros genéticos também está relacionada a essa característica (CHARO; KARISA et al., 2006a, 2006; EKNATH; ACOSTA, 1998; KHAW; PONZONI; DANTING, 2008; PONZONI et al., 2005; RUTTEN; KOMEN; BOVENHUIS, 2005). No entanto, o conhecimento das mudanças correlacionadas que ocorrem em outras características, como as medidas morfométricas, devido à seleção para ganho em peso é importante (CHARO-KARISA et al., 2007). Por exemplo, peixes mais largos e altos geralmente têm um maior rendimento das partes comestíveis e são preferidos pelos consumidores (NGUYEN et al., 2007).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar as diferenças genéticas entre as características morfométricas de machos e fêmeas de tilápia da variedade GIFT do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual de Maringá – PR, sob seleção para ganho em peso.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O programa de melhoramento genético de tilápias conduzido na Universidade Estadual de Maringá – PR iniciou a partir do acasalamento de reprodutores de 30 famílias de irmãos completos e meio-irmãos (600 animais) importados da Malásia no ano de 2005, da variedade GIFT (*Genetic Improvement Farmed Tilapias*), produzidas pelo *World Fish Center*. Os detalhes do processo inicial de formação das famílias estão descritos por Santos (2009).

Os animais avaliados em cada geração de seleção foram produzidos a partir de um sistema de acasalamento hierárquico, um macho para duas fêmeas, sendo utilizados 60 machos, anualmente. A reprodução e alevinagem foram realizadas na estação de Piscicultura UEM-CODAPAR, em Floriano - PR, da Universidade Estadual de Maringá, em sistema de viveiros escavados.

Durante as estações de acasalamento, realizadas de novembro a fevereiro, os reprodutores foram mantidos em hapas individuais de 1m<sup>3</sup>. As fêmeas eram observadas a cada dois dias, ao identificar sinais de eminente desova o macho era colocado no hapa da fêmea, com a observação de desova os animais eram separados.

Após a eclosão dos embriões, as larvas eram mantidas com as mães até o final da estação de reprodução, quando eram então separadas e estocadas em hapas (1m<sup>3</sup>) com 50 representantes de cada família, sendo um hapa para cada família de irmãos completos, gerando uma fonte de variação comum considerada como efeito de ambiente comum de larvicultura. Após o final dessa fase, os alevinos da mesma família de irmãos completos eram separados em grupos e distribuídos aleatoriamente em hapas (1m<sup>3</sup>) de alevinagem dispostos em viveiros escavados, gerando adicionalmente outra fonte de variação, o efeito de ambiente comum de alevinagem.

Ao atingirem peso superior a 10 gramas, os animais eram identificados por meio de microchips implantados na cavidade visceral (“*Passive Integrated Transponder*” ou *PIT-tag*) e em seguida transferidos para o sistema de cultivo em tanques-rede no Rio do Corvo no município de Diamante do Norte - PR. A utilização de diferentes tanques-rede exigiu a distribuição de representantes das diferentes famílias em cada tanque disponível.

Após os períodos de cultivo, de aproximadamente 150 dias coincidentes com parte do outono, todo inverno e parte da primavera, houve a despesca dos peixes que eram anestesiados ao serem imersos em uma caixa d’água com uma solução com 25 mg/l de benzocaína, identificados, pesados, submetidos à avaliação morfométrica, e posteriormente devolvidos ao ambiente de cultivo.

As avaliações genéticas e seleção de animais pelos seus valores genéticos resultaram na substituição total do grupo de reprodutores anualmente, caracterizando a existência de gerações discretas.

O conjunto de dados utilizado nas análises continha informações de 6650 animais, 3750 machos e 2900 fêmeas, sendo ainda preditos os valores genéticos de 8590 animais na matriz de parentesco. O número de famílias foram 33, 58 e 78, e de animais 2198, 1720, 2732 para os 2<sup>a</sup>, 3<sup>a</sup> e 4<sup>a</sup> gerações de seleção para ganho em peso do programa conduzido no Brasil, respectivamente (Tabela 5).

As seguintes medidas morfométricas foram utilizadas nas análises: Comprimento Padrão (CP), compreendido entre a extremidade anterior da cabeça e a inserção da nadadeira caudal; Altura Corporal (ALC), altura do corpo medidas à frente do 1<sup>o</sup> raio da nadadeira dorsal; e Largura Corporal (LC), largura do corpo medidas à frente do 1<sup>o</sup> raio da nadadeira dorsal. Ainda foram calculados a Área do Corpo (ARC), produto do comprimento padrão pela altura corporal (CP x ALC); e Volume do Corpo (VC), produto do comprimento padrão pela altura corporal pela largura corporal (CP x ALC x LC).

Tabela 5 Número de observações (N), idade à avaliação, médias e desvio padrão ( $\sigma$ ) do peso e das características morfométricas de machos e fêmeas de tilápias da variedade GIFT na 2ª (G2), 3ª (G3) e 4ª (G4) geração de seleção para ganho em peso do programa de melhoramento conduzido na Universidade Estadual de Maringá (UEM)

Caracteristic a	Machos			Fêmeas		
	G2	G3	G4	G2	G3	G4
N	1473	974	1303	725	746	1429
Idade <sup>1</sup> (dias)	240	286	251	240	286	251
Peso (g)	390.8 (114.7)	298.6 <sup>(82.6)</sup>	477.8 (136.8)	304.8 <sup>(71.6)</sup>	215.9 <sup>(56.2)</sup>	333.7 <sup>(105)</sup>
LC <sup>2</sup> (cm)	3.65 <sup>(0.39)</sup>	3.34 <sup>(0.34)</sup>	3.84 <sup>(0.46)</sup>	3.41 <sup>(0.31)</sup>	3.03 <sup>(0.3)</sup>	3.47 <sup>(0.46)</sup>
ALC (cm)	7.8 <sup>(0.84)</sup>	7.5 <sup>(0.82)</sup>	8.6 <sup>(0.96)</sup>	7.19 <sup>(0.64)</sup>	6.7 <sup>(0.66)</sup>	7.52 <sup>(0.9)</sup>
CP (cm)	20.3 <sup>(1.77)</sup>	19.6 <sup>(1.77)</sup>	22.1 <sup>(2.04)</sup>	19.1 <sup>(1.3)</sup>	17.8 <sup>(1.51)</sup>	19.8 <sup>(2.02)</sup>
AREA (cm <sup>2</sup> )	159.3 <sup>(29.4)</sup>	148.9 <sup>(27.4)</sup>	191.1 <sup>(36)</sup>	137.7 <sup>(20.4)</sup>	119.9 <sup>(20.8)</sup>	150.9 <sup>(31.3)</sup>
VOL. (cm <sup>3</sup> )	590.9 (160.2)	506 <sup>(133.3)</sup>	745 <sup>(202.1)</sup>	474.6 (106.3)	369.1 <sup>(95.1)</sup>	534.7 (164.2)

<sup>1</sup> Idade em que os peixes foram avaliados.

<sup>2</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

Foram realizadas análises bicaracter envolvendo as características morfométricas, sendo considerada como duas características diferentes a mesma medida morfométrica avaliada em cada sexo. Na estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as duas características foi utilizado o seguinte modelo animal:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} C_1 & 0 \\ 0 & C_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w_1 \\ w_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \end{bmatrix}$$

Em que,  $y_1$  e  $y_2$  são os vetores de observações da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são os vetores dos efeitos ambientais identificáveis da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $\alpha_1$  e  $\alpha_2$  são os vetores dos efeitos genéticos aditivos diretos da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $c_1$  e  $c_2$  são os vetores de efeito de ambiente comum de larvicultura da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $\omega_1$  e  $\omega_2$  são os vetores de efeito de ambiente comum de alevinagem da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $e_1$  e  $e_2$  são os vetores dos erros aleatórios da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $X_1$  e  $X_2$  são as matrizes de incidência dos efeitos ambientais identificáveis da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $Z_1$  e  $Z_2$  são as matrizes de efeitos genéticos aditivos diretos da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $C_1$  e  $C_2$  são as matrizes de efeitos de ambiente comum de larvicultura da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2);  $W_1$  e  $W_2$  são as matrizes de efeitos de ambiente comum de alevinagem da mesma característica para os machos (1) e fêmeas (2).

Os efeitos ambientais identificáveis considerados nas análises foram anos de cultivo ou geração, tanques-rede e, como covariável, a idade.

Além dos componentes de (co)variâncias devido à genética aditiva, efeitos comuns de larvicultura e alevinagem, e residual, foram estimados as herdabilidades, a participação relativa do ambiente comum de larvicultura e alevinagem na variação total de cada característica morfométrica para cada sexo. Ainda foram estimadas as correlações genéticas entre machos e fêmeas para a mesma característica morfométrica.

Para estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos das características, bem como prever os valores genéticos dos animais para cada característica, foram utilizados procedimentos bayesianos, utilizando-se o sistema computacional MTGSAM – *Multiple Trait Gibbs Sampling to Animal*

*Model* (TASSEL; VLECK, 1996). A distribuição gama invertida foi utilizada como a *priori* dos componentes de variância.

Nas análises foram utilizadas cadeias de *Gibbs* resultantes de 1.500.000 ciclos, com período de descarte de 100.000 ciclos e intervalo de retirada de 50 ciclos. A convergência das cadeias de *Gibbs* foi testada por meio do método Heidelberger e Welch, descrito por Cowles, Best e Vines (1995), utilizando-se a biblioteca CODA implementada no sistema R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011).

Para as estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados os intervalos de credibilidade de máxima densidade de probabilidade ou HPD (*highest probability density*) a 95%, utilizando o sistema R *for Windows* versão 2.13.2 (HEIDELBERGER; WELCH, 1981). Também foi utilizado o intervalo HPD para calcular a probabilidade dos componentes de variância e parâmetros genéticos assumirem os mesmos valores para machos e fêmeas.

O intervalo de credibilidade comumente utilizado na abordagem Bayesiana considera, na distribuição *a posteriori*, abas de igual credibilidade, no entanto, é comum que as cadeias apresentem algum tipo de assimetria, principalmente quando se trata de parâmetros genéticos, desse modo, o intervalo de credibilidade HPD se torna uma alternativa interessante, já que minimiza a amplitude do intervalo a um dado nível de credibilidade, fornecendo estimativas mais confiáveis (CARVALHO, 2009).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores estimados de efeito do ambiente comum de alevinagem ( $w^2$ ), variaram de 0.11 para largura corporal de machos a 0.19 para comprimento padrão também de machos. Os efeitos de ambiente de larvicultura ( $c^2$ ) foram menores, e os valores variaram de 0.01 para a largura do corpo de machos e 0.1 para o comprimento do corpo de fêmeas (Tabela 6). Ambos os efeitos de ambiente comum devem ser incluídos nos modelos de análise para todas as características avaliadas, pois seus intervalos de credibilidade, a um nível de 95%, não apresentam o valor zero, indicando baixa probabilidade de valores nulos para esses componentes.

Comparando os efeitos de ambiente comum entre os sexos pode-se observar que as fêmeas apresentaram um maior efeito de larvicultura ( $c^2$ ) que os machos para todas as características morfométricas estudadas, com probabilidades muito baixas (menores ou iguais que 0.15 ou 15%) de assumirem os mesmos valores de acordo com o intervalo HPD (Tabela 2), enquanto para o efeito de alevinagem ( $w^2$ ), os parâmetros foram bem semelhantes entre machos e fêmeas, apresentando chances de até 45% para a largura e o comprimento do corpo, e iguais ou acima de 50% para as demais características morfométricas, de assumirem os mesmos valores de  $w^2$  para ambos os sexos (Tabela 6). Esses resultados indicam que os efeitos aleatórios de ambiente comum, na fase de larvicultura, podem influenciar a conformação corporal de machos de maneira diferente de fêmeas.

Bignardi et al. (2011), em uma análise bicaracterística de características morfológicas de machos e fêmeas de bovinos da raça nelore, observaram valores muito baixos de efeitos de ambiente comum tanto para fêmeas (0.01) quanto para machos (0.02) e que a diferença entre sexos para esse parâmetro é muito pequena. Em um estudo conduzido por Viu et al. (2006), a interação entre sexo e

efeitos ambientais não foi significativa para as características de desempenho de bezerras da raça nelore. É comum que o fator “ambiente” influencie com maior intensidade as características de desempenho de peixes, pois os mamíferos, por serem homeotérmicos, são mais facilmente adaptados ao ambiente de cultivo, sofrendo menos influência desse fator nas avaliações.

Em um estudo de machos e fêmeas de populações da espécie *Guppy Poecilia reticulata* avaliados em diferentes ambientes, Gomide (2008) relata que a interação entre sexo e ambiente foi significativa para as características morfométricas da espécie, concluindo que as diferenças morfológicas sexuais se alteram de um ambiente para outro.

Tabela 6 Variâncias fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ), efeitos de ambiente comum de larvicultura ( $c^2$ ) e alevinagem ( $w^2$ ), e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de machos ( $\sigma^2_p$ ) e fêmeas ( $\sigma^2_p$ ) de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso

Parâmetros	Variáveis				
	LC <sup>1</sup>	ALC	CP	ÁREA	VOL.
$\sigma^2_p$ ♂	0.164 (0.15 - 0.18)	0.812 (0.76 - 0.88)	3.631 (3.37 - 3.93)	1034 (958.2 - 1118)	30050 (27890 - 32540)
$\sigma^2_p$ ♀	0.159 (0.15 - 0.17) <sup>2</sup>	0.636 (0.59 - 0.68)	3.045 (2.82 - 3.3)	714.6 (662 - 775)	18750 (17350 - 20370)
<sup>3</sup> HPD Prob.	≥ 0.5	≤ 0.05	≤ 0.05	≤ 0.05	≤ 0.05
$c^2$ ♂	0.01 (0.01 - 0.03)	0.03 (0.01 - 0.05)	0.04 (0.02 - 0.06)	0.04 (0.02 - 0.06)	0.03 (0.01 - 0.05)
$c^2$ ♀	0.05 (0.02 - 0.08)	0.07 (0.04 - 0.1)	0.10 (0.06 - 0.14)	0.09 (0.06 - 0.13)	0.09 (0.06 - 0.13)
HPD Prob.	≤ 0.1	≤ 0.15	≤ 0.05	≤ 0.1	≤ 0.05
$w^2$ ♂	0.11 (0.08 - 0.15)	0.16 (0.11 - 0.20)	0.19 (0.14 - 0.24)	0.18 (0.14 - 0.23)	0.18 (0.13 - 0.23)
$w^2$ ♀	0.14 (0.1 - 0.19)	0.16 (0.11 - 0.21)	0.15 (0.1 - 0.2)	0.16 (0.11 - 0.22)	0.16 (0.11 - 0.22)
HPD Prob.	≤ 0.45	≥ 0.5	≤ 0.45	≥ 0.5	≥ 0.5

<sup>1</sup> Características morfométricas: Largura Corporal (LC); Altura Corporal (ALC); Comprimento Padrão (CP); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

<sup>2</sup> Intervalos de credibilidade HPD: (limite inferior – limite superior) a 95%.

<sup>3</sup> Probabilidade dos parâmetros assumirem o mesmo valor para machos e fêmeas pelo intervalo de credibilidade HPD.

Nguyen et al. (2007), avaliando parâmetros genéticos de machos e fêmeas de tilápias também da variedade GIFT, em um programa de melhoramento na Malásia, observaram o mesmo valor do efeito de ambiente comum ou de alevinagem para comprimento padrão (0.16) em ambos os sexos, enquanto os machos apresentaram maiores valores para largura (0.18) e altura (0.26) corporal que as fêmeas, 0.15 e 0.19 respectivamente, confirmando que

machos e fêmeas podem responder diferentemente ao efeito de ambiente comum inicial. Porém, essa é uma condição difícil de ser alterada, já que a separação de tilápias por sexo nas primeiras fases de vida é praticamente impossível.

As variâncias fenotípicas ( $\sigma^2_p$ ) apresentadas pelos machos foram maiores que as apresentadas pelas fêmeas para quase todas as características morfométricas, sendo que esta diferença foi verificada nas estimativas intervalares ( $HPD \leq 0.05$ ) para quase todas as variáveis, exceto para a largura corporal (Tabela 6). Esse resultado pode ser importante do ponto de vista de produção, pois para indústria de pescado, lotes mais uniformes, tanto em peso quanto em forma corporal, são mais valorizados. Já do ponto de vista do melhoramento genético esses resultados indicam um maior potencial de seleção dos machos para as características corporais.

As estimativas de herdabilidade para as características variaram de 0.18, para largura corporal de fêmeas, a 0.35, para volume corporal de machos, sendo considerada de moderada a alta magnitude (Tabela 7).

Tabela 7 Variâncias genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) correlações genéticas ( $Rg$ ) e seus respectivos intervalos de credibilidade (95%) para as características morfométricas de machos (♂) e fêmeas (♀) de tilápias da variedade GIFT sob seleção para ganho em peso

Parâmetros	Variáveis				
	LC <sup>1</sup>	ALC	CP	ÁREA	VOL.
$\sigma^2_a$ ♂	0.054 (0.037 - 0.074) <sup>2</sup>	0.247 (0.175 - 0.333)	0.913 (0.61 - 1.27)	316.9 (224.9 - 423.8)	10480 (7715 - 13640)
$\sigma^2_a$ ♀	0.029 (0.016 - 0.045)	0.127 (0.073 - 0.197)	0.580 (0.34 - 0.89)	143.8 (86.2 - 221.4)	3849 (2329 - 5867)
<sup>3</sup> HPD Prob.	≤ 0.15	≤ 0.1	≤ 0.15	≤ 0.05	≤ 0.05
$h^2$ ♂	0.33 (0.24 - 0.43)	0.3 (0.22 - 0.39)	0.25 (0.17 - 0.34)	0.31 (0.22 - 0.39)	0.35 (0.26 - 0.43)
$h^2$ ♀	0.18 (0.1 - 0.27)	0.2 (0.12 - 0.29)	0.19 (0.11 - 0.28)	0.2 (0.12 - 0.29)	0.2 (0.13 - 0.3)
HPD Prob.	≤ 0.1	≤ 0.25	≤ 0.45	≤ 0.2	≤ 0.1
$Rg$ ♂x♀	0.42 (0.08 - 0.7)	0.39 (0.05 - 0.67)	0.5 (0.17 - 0.75)	0.45 (0.12 - 0.7)	0.43 (0.11 - 0.69)

<sup>1</sup> Características morfométricas: Comprimento Padrão (CP); Altura Corporal (ALC); e Largura Corporal (LC); Área Corporal (AREA); e Volume Corporal (VOL.).

<sup>2</sup> Intervalos de credibilidade HPD: (limite inferior – limite superior) a 95%.

<sup>3</sup> Probabilidade dos parâmetros assumirem o mesmo valor para machos e fêmeas pelo intervalo de credibilidade HPD.

Os machos apresentaram valores de herdabilidade superiores que as fêmeas para todas as características morfométricas, e essas diferenças foram mais amplas para largura (0.33 para machos e 0.18 para fêmeas) e volume corporal (0.35 para machos e 0.2 para fêmeas), com chances iguais ou menores que 10% de  $h^2$  assumir o mesmo valor para estas características em ambos os sexos (Tabela 7 e Figura 4). A probabilidade das herdabilidades para altura corporal de machos e fêmeas assumirem o mesmo valor foi de até 25% e para área do corpo foi menor ou igual a 20%, já para o comprimento padrão, essa probabilidade foi mais alta chegando até a 45% (Figuras 5 e 6 e Tabela 7).

Essa diferença foi bem menos preeminente no estudo de Nguyen et al. (2007), onde os autores encontraram valores distintos somente para comprimento padrão, sendo 0.30 para machos e 0.29 para fêmeas, e para altura, 0.17 para machos e 0.14 para fêmeas. No entanto, esses autores avaliaram as tilápias com peso médio de 190g e aproximadamente 160 dias de vida, ou seja, peixes bem menores e mais jovens que os utilizados no presente estudo, que foram avaliados com cerca de 260 dias e peso médio de aproximadamente 340 g. Isso pode explicar, em parte, a divergência de resultados entre os dois trabalhos, pois, com um período superior de desenvolvimento, os peixes teriam passado mais tempo pela ação dos hormônios sexuais, o que levaria a um dimorfismo sexual mais evidente.

Outros estudos, como de Lee e Pollak (1997) sugerem que as diferenças entre sexos na estimação de parâmetros se devem principalmente à acurácia e à intensidade de seleção aplicada em machos e fêmeas de forma diferente. No presente trabalho os acasalamentos foram realizados de maneira hierárquica, sendo um macho para duas fêmeas, o que leva a intensidades de seleção diferentes para cada sexo, no entanto, no trabalho de Nguyen et al. (2007), os acasalamentos foram conduzidos da mesma maneira, um macho para duas fêmeas, e mesmo assim as diferenças entre sexos não foram observadas.

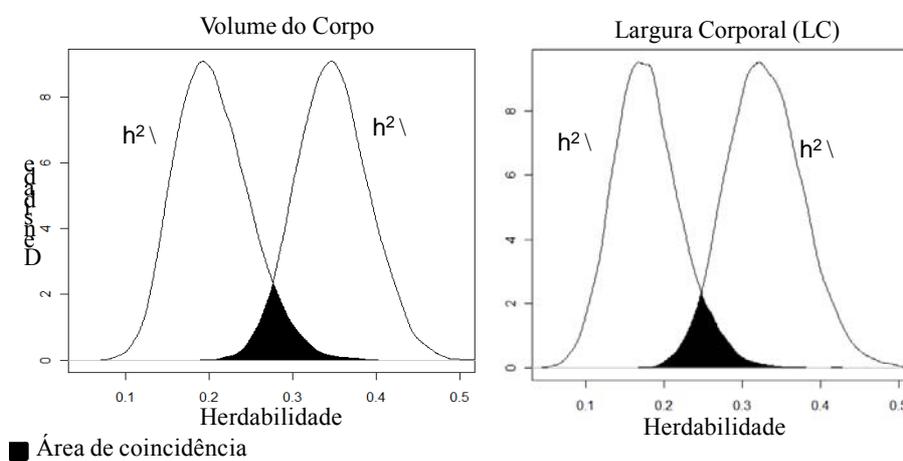


Figura 4 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2_{\text{♂}}$ ) e fêmeas ( $h^2_{\text{♀}}$ ) para volume do corpo e largura corporal de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs*

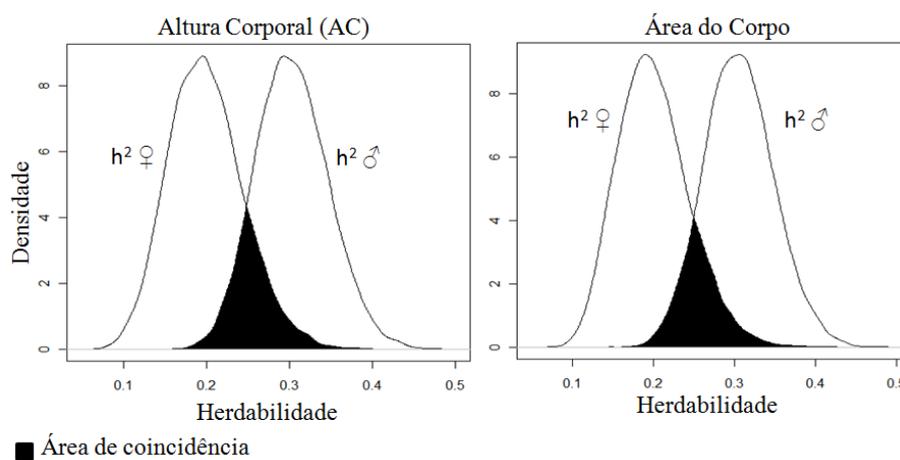


Figura 5 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2_{\text{♂}}$ ) e fêmeas ( $h^2_{\text{♀}}$ ) para área do corpo e altura corporal de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs*

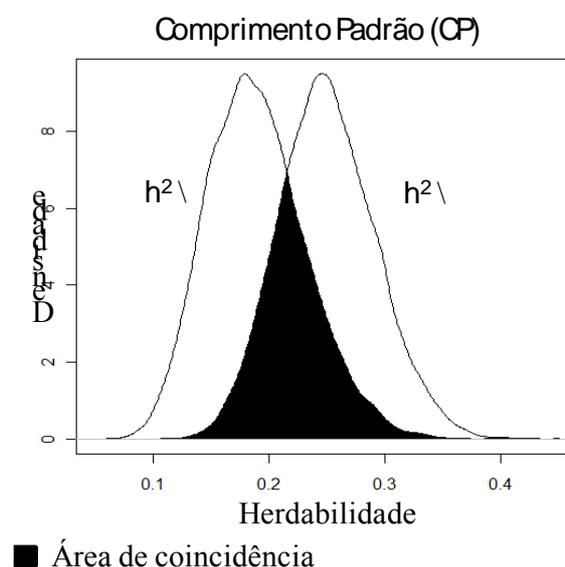


Figura 6 Densidades das cadeias das herdabilidades de machos ( $h^2_{\text{♂}}$ ) e fêmeas ( $h^2_{\text{♀}}$ ) para o comprimento padrão de tilápias da variedade GIFT, estimada pela amostragem de *Gibbs*

Os resultados de correlação genética entre características corporais de macho e as características corporais de fêmeas comprovam distinção entre os sexos para estimativas dos parâmetros genéticos de características morfométricas neste estudo. Todos os valores foram iguais ou inferiores a 0.5, e apesar das estimativas dos intervalos de credibilidade serem muito amplas, todas as correlações foram diferentes de zero ou de um (Tabela 7).

Nguyen et al. (2007) encontraram valores de correlações genéticas entre sexo para medidas morfométricas próximo da unidade, sendo de 0.91, 0.92 e 0.96 para altura, largura e comprimento padrão respectivamente, afirmando que não houve interação genótipo por sexo, e que a expressão das características corporais de machos e fêmeas poderiam ser tratadas como a mesma característica em programas de melhoramento de tilápias. Como relatado

anteriormente, as condições de avaliação dos animais no presente estudo não foram as mesmas descritas no trabalho de Nguyen et al. (2007), o que provavelmente também resultou na divergência dos valores das correlações genéticas. Nesse caso, não seria apropriado afirmar que uma determinada característica corporal poderia ser considerada como uma só para machos e fêmeas em um programa de melhoramento genético.

#### **4 CONCLUSÃO**

O ambiente comum de hapas na larvicultura influencia as características corporais dos machos de maneira diferente das fêmeas, sendo que as fêmeas são mais afetadas por esse efeito de ambiente comum.

De acordo com os parâmetros genéticos estimados neste trabalho, os machos respondem de maneira diferente das fêmeas, em termos de conformação corporal, o procedimento de seleção para ganho em peso. Desse modo seria importante considerar a possibilidades de conduzir programas separados, ou até usar critérios ou intensidades de seleção diferentes, para machos e fêmeas principalmente se o objetivo for melhorar as características corporais de tilápias com peso mais elevado e maiores períodos de cultivo.

## REFERÊNCIAS

BIGNARDI, A. B. et al. Parâmetros genéticos de escore visual do umbigo em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 63, n. 4, p. 941-947, 2011.

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. **Produção pesqueira e aquícola: estatística 2008 e 2009**. Brasília, 2010. 129 p.

CARVALHO, D. C. O. **Gráficos de controle bayesianos em alguns processos da família exponencial**. 2009. 60 p. Dissertação (Mestrado em Matemática e Estatística) - Universidade Federal do Pará, Belém, 2009.

CHARO-KARISA, H. et al. Genetic and environmental factors affecting growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) juveniles: modelling spatial correlations between hapas. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 255, n. 4, p. 586-596, May 2006a.

\_\_\_\_\_. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 261, n. 2, p. 479-486, Nov. 2006b.

\_\_\_\_\_. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 273, n. 1, p. 15-23, Jan. 2007.

COSTA, A. C. et al. Avaliação do crescimento de tilápias de diferentes linhagens através de modelos não lineares. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v. 58, n. 1, p. 561-564, 2009. Suplemento.

COWLES, M. K.; BEST, N.; VINES, K. **Convergence diagnostics and output analysis**. Version 0.40. London: MRC Biostatistics, 1995. 91 p.

EKNATH, A. E.; ACOSTA, B. O. **Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project**: final report, march 1988 to december 1997. Makati City: International Center for Living Aquatic Resources Management, 1998. 173 p.

GOMIDE, J. M. **Estimativa dos parâmetros genéticos de caracteres morfométricos em Guppy (*Poecilia reticulata*)**. 2008. 49 p. Dissertação (Mestrado em Genética) - Universidade Católica de Goiás, Goiânia, 2008.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. A spectral method for confidence interval generation and run length control in simulations. **Communications of the ACM**, New York, v. 24, n. 4, p. 233-245, Apr. 1981.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; DANTING, M. J. C. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 275, n. 1, p. 64-69, Jan. 2008.

LEE, C.; POLLAK, E. J. Influence of partitioning data by sex on genetic variance and covariance components for weaning weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, n. 1, p. 61-67, Jan. 1997.

MEURER, F. et al. Fontes protéicas suplementadas com aminoácidos e minerais para tilápia do Nilo durante a reversão sexual. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 34, n. 1, p. 1-6, jan./fev. 2005.

NGUYEN, N. H. et al. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia by genetic means? **Aquaculture**, Amsterdam, v. 272, n. 1, p. S38-S46, 2007. Supplement.

PONZONI, R. W. et al. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, Amsterdam, v. 247, n. 4, p. 203-210, June 2005.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2011. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 10 dez. 2011.

RUTTEN, M. J. M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. **Aquaculture**, Amsterdam, v. 246, n. 1, p. 101-113, 2005b.

SANTOS, A. I. **Interação genótipo**: ambiente e estimação de parâmetros genéticos em tilápias. 2009. 85 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2009.

TASSELL, C. P. van; VLECK, L. D. van. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 74, n. 11, p. 2586-2597, Nov. 1996.

VIU, M. A. O. et al. Effect of calving time, maternal age and sex on the performance pre-weaning of Nelore (*Bos taurus indicus*) calves extensively raised in Middle West of Brazil. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v. 11, n. 3, p. 75-79, 2006.