

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
ESCOLA DE VETERINÁRIA
EDUARDO MALDONADO TURRA**

**ESTUDOS GENÉTICOS LONGITUDINAIS DE PESO,
RENDIMENTO DE FILÉ E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS
EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*).**

**Belo Horizonte - MG,
julho de 2010.**

EDUARDO MALDONADO TURRA

**ESTUDOS GENÉTICOS LONGITUDINAIS DE PESO,
RENDIMENTO DE FILÉ E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS
EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*).**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para obtenção do grau de Doutor em Zootecnia, sob orientação da Profa. Dra. Denise Aparecida Andrade de Oliveira.

**Belo Horizonte - MG,
julho de 2010.**

Tese defendida e aprovada em 13 de julho de 2010 pela Comissão Examinadora constituída por:

Prof. Denise Aparecida Andrade Oliveira
(Orientadora)

Prof. Martinho de Almeida e Silva
(Co-orientador)

Prof. Edgar de Alencar Teixeira
(Co-orientador)

Prof. José Aurélio Garcia Bergmann

Prof. Miguel Houri Neto

Prof. Robledo de Almeida Torres

Prof. Ricardo Frederico Euclides

DEDICATÓRIA

À minha esposa Renata e aos
meus filhos Vitor e Artur,

Com todo carinho.

AGRADECIMENTOS

À minha esposa, Renata, pelo companheirismo e amor.

Aos meus pequenos, Vitor e Artur, razão da vida de um pai.

Aos meus pais, Bruno e Carminha, pelo exemplo de trabalho e dedicação aos filhos.

À prof. Denise A.A. Oliveira, pela orientação e ajuda preciosa.

Ao prof. Martinho de Almeida e Silva, pelos ensinamentos e co-Orientação.

Ao prof. Edgar A. Teixeira, pela amizade e co-orientação.

Aos amigos Samuel e Daniela, pela ajuda imensurável.

Aos componentes do LAQUA, pela disponibilidade e esforço.

Ao colega Bruno D. Valente, pela valorosa contribuição na análise estatística.

Aos participantes do Grupo de Estudos de Melhoramento Animal, pelo apoio.

À CAPES, pela bolsa concedida.

Ao CNPq, pelo apoio financeiro, vinculado ao processo INCT-CNPq – 573899/2008-8.

À FAPEMIG, pelo apoio financeiro, vinculado ao processo FAPEMIG APQ 0084/08.

SUMÁRIO

| | |
|--|---|
| CAPÍTULO 1 | |
| 1. | INTRODUÇÃO..... 12 |
| 2. | REVISÃO DE LITERATURA..... 13 |
| 2.1. | Uso de características correlacionadas como critério de seleção..... 13 |
| 2.1.1. | Objetivos de programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo..... 13 |
| 2.1.2. | Critérios de seleção de programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo..... 14 |
| 2.2. | Medidas morfométricas correlacionadas com rendimento de filé em tilápias do Nilo..... 15 |
| 2.2.1. | Dificuldades na estruturação de um programa de melhoramento com informação de <i>pedigrees</i> 15 |
| 2.2.2. | Medidas morfométricas como critério de seleção..... 16 |
| 2.3. | Estudos genéticos de características longitudinais..... 18 |
| 2.3.1. | Características longitudinais..... 19 |
| 2.3.2. | Modelos de repetibilidade..... 19 |
| 2.3.3. | Modelos multicaracterísticas..... 20 |
| 2.3.4. | Modelos de regressão aleatória..... 21 |
| 2.3.4.1. | Benefícios do modelo..... 21 |
| 2.3.4.2. | O modelo..... 22 |
| 2.3.4.3. | Exemplo de conversão das covariáveis (idade) para polinômios de Legendre..... 23 |
| 2.3.4.4. | Cálculo de estimativas de herdabilidade, correlações genéticas e predição de valores genéticos em ponto qualquer do intervalo..... 24 |
| 3. | REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 25 |
| CAPÍTULO 2 | |
| ESTUDOS GENÉTICOS LONGITUDINAIS DE PESO, RENDIMENTO DE FILÉ E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO (<i>Oreochromis niloticus</i>). | |
| | RESUMO..... 30 |
| | ABSTRACT..... 30 |
| 1. | INTRODUÇÃO..... 31 |
| 2. | MATERIAL E MÉTODOS..... 31 |
| 3. | RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 37 |
| 4. | CONCLUSÕES..... 59 |
| 5. | REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 59 |

LISTA DE QUADROS

CAPÍTULO 2

| | | |
|------------|---|----|
| Quadro 1 - | Estrutura de conexidade dos dados entre os tanques, relacionando onde cada macho, pai de família, possuiu progênie..... | 33 |
|------------|---|----|

LISTA DE TABELAS**CAPÍTULO 2**

| | | |
|------------|---|----|
| Tabela 1 - | As médias (μ), desvios-padrão (σ), coeficientes de variação (CV, em porcentagem) e valores mínimos (min.) e máximos (max.) do peso (P, em gramas), peso de filé (PF, em gramas), peso de carcaça (PCar, em gramas), rendimento de filé (RF, em %), rendimento de carcaça (RCar, em %), altura (A, em mm), largura (L, em mm), comprimento padrão (CP, em mm), comprimento de cabeça (CC, em mm) e comprimento correto (Ccor, em mm)..... | 38 |
| Tabela 2 - | Comparação de modelos de regressões aleatórias para a característica peso, pelo critério de informação bayesiano (BIC), admitindo homogeneidade de variância residual (HOM), homogeneidade de variância residual e efeito de família (HOM + F), heterogeneidade de variância residual (HET) e heterogeneidade de variância residual e efeito de família (HET + F)..... | 39 |
| Tabela 3 - | Componentes de (co)variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0), linear (b_1) e quadrático (b_2), variâncias residuais e autovalores das matrizes de covariância dos efeitos genético aditivo direto (G), ambiente permanente (P) e de família (F) para a característica peso..... | 41 |
| Tabela 4 - | Comparação de modelos de regressão aleatória para a característica rendimento de filé, pelo critério de informação bayesiano (BIC), admitindo homogeneidade de variância residual (HOM), homogeneidade de variância residual e efeito de família (HOM + F), heterogeneidade de variância residual (HET) e heterogeneidade de variância residual e efeito de família (HET + F)..... | 42 |
| Tabela 5 - | Componentes de (co)variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0), linear (b_1) e quadrático (b_2) e autovalores da matriz de covariância dos efeitos genético aditivo direto, além da variância residual em modelo que admite homogeneidade de variância residual, para a característica rendimento de filé..... | 42 |
| Tabela 6 - | Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as características rendimento de filé (RF) e carcaça (RCar), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias..... | 57 |
| Tabela 7 - | Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as características peso (P) e peso de filé (PF), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias..... | 58 |
| Tabela 8 - | Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias..... | 59 |

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

- Figura 1 - Avaliação morfométrica de tilápias do Nilo (adaptado de Diodatti, 2006)..... 16
 Figura 2 - Tronco do cone elíptico (Swokowski, 1994, citado por Santos, 2004)..... 17

CAPÍTULO 2

- Figura 1 - Medidas morfométricas realizadas em cada animal: comprimento padrão (CP), comprimento de cabeça (CC), comprimento correto (CCor), altura (A) e largura (L) (adaptado de Rutten et al. 2004)..... 34
 Figura 2 - Curvas de peso de machos e fêmeas em função da idade..... 38
 Figura 3 - Variâncias da característica peso dos efeitos genético aditivo direto (Va), permanente de ambiente (Vpe), de família (Vf), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual..... 39
 Figura 4 - Variâncias da característica peso dos efeitos genético aditivo direto (h^2), permanente de ambiente (Vpe/VP) e de família (Vf/VP), como uma proporção da variância fenotípica em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual. 40
 Figura 5 - Correlações da característica peso atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual 41
 Figura 6 - Variâncias da característica rendimento de filé dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 43
 Figura 7 - Herdabilidade da característica rendimento de filé em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 44
 Figura 8 - Correlações da característica rendimento de filé atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 44
 Figura 9 - Variâncias da característica rendimento de carcaça dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 45
 Figura 10- Herdabilidade da característica rendimento de carcaça em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 45
 Figura 11- Correlações da característica rendimento de carcaça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 46
 Figura 12- Variâncias da característica peso de filé dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. 46
 Figura 13- Herdabilidade da característica peso de filé em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual 47
 Figura 14- Correlações da característica peso de filé atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância

| | | |
|------------|--|----|
| | residual..... | 47 |
| Figura 15- | Variâncias da característica peso de carcaça dos efeitos genético aditivo direto (V_a), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 48 |
| Figura 16- | Herdabilidade da característica peso de carcaça em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 48 |
| Figura 17- | Correlações da característica peso de carcaça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 49 |
| Figura 18- | Variâncias da característica altura dos efeitos genético aditivo direto (V_a), ambiente permanente (V_{pe}), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 49 |
| Figura 19- | Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica altura em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 50 |
| Figura 20- | Correlações da característica altura atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual | 50 |
| Figura 21- | Variâncias da característica largura dos efeitos genético aditivo direto (V_a), ambiente permanente (V_{pe}), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 51 |
| Figura 22- | Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica largura em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 51 |
| Figura 23- | Correlações da característica largura atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 52 |
| Figura 24- | Variâncias da característica comprimento padrão dos efeitos genético aditivo direto (V_a), ambiente permanente (V_{pe}), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 52 |
| Figura 25- | Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento padrão em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 53 |
| Figura 26- | Correlações da característica comprimento padrão atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 53 |
| Figura 27- | Variâncias da característica comprimento da cabeça dos efeitos genético aditivo direto (V_a), ambiente permanente (V_{pe}), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 54 |
| Figura 28- | Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento da cabeça em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu | |

| | | |
|------------|--|----|
| | homogeneidade de variância residual. | 54 |
| Figura 29- | Correlações da característica comprimento da cabeça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 55 |
| Figura 30- | Variâncias da característica comprimento correto dos efeitos genético aditivo direto (V_a), ambiente permanente (V_{pe}), residual (V_e) e fenotípico (V_P) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 55 |
| Figura 31- | Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento correto em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual..... | 56 |
| Figura 32- | Correlações da característica comprimento correto atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual. | 56 |

RESUMO

Estudos genéticos longitudinais do peso vivo, carcaça e filé, rendimento de carcaça e filé e medidas morfométricas (altura, largura, comprimento padrão, da cabeça e correto) de tilápias do Nilo, medidos entre os 106 e 245 dias de idade foram realizados por meio de regressão aleatória. A comparação do ajustamento dos modelos que incluíam ou não o efeito de família e admitiam heterogeneidade ou homogeneidade de variância residual foi feita pelo critério de informação Bayesiano (BIC). Para peso vivo, os menores valores de BIC foram observados para os modelos que admitiram heterogeneidade de variância ou heterogeneidade de variância residual e efeito de família. Quando o efeito de família foi considerado no modelo, as herdabilidades do peso vivo variaram de baixas a altas, <0,10 a 0,50, ao longo das idades estudadas. As correlações genéticas entre peso vivo à diferentes idades foram acima de 0,60. O menor BIC na análise do rendimento de filé foi observado para o modelo que admitia homogeneidade de variância residual, sendo que a inclusão do efeito de família não resultou em melhoria no ajustamento do modelo. As herdabilidades do rendimento de filé e carcaça variaram de moderadas a altas, 0,32 a 0,52, sugerindo a possibilidade de melhoria genética destas características. O modelo que melhor ajustou na análise do rendimento de filé foi também adotado nas análises das características morfométricas. As herdabilidades das características morfométricas foram altas, ao longo das idades estudadas, mas as correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para estas características e os preditos dos rendimentos de filé e carcaça variaram de moderadas a baixas, <0,33, implicando em pequena resposta correlacionada de rendimentos cárneos se a seleção for praticada nas características morfométricas.

Palavras-chave: modelo de regressão aleatória, tilápia do Nilo, rendimento de filé, peso vivo, componente de variância.

ABSTRACT

Longitudinal genetic analysis of body weight, carcass and fillet weights, fillet and carcass yields, and body measurements (height, width, standard length, head length and correct length), recorded from 106 to 245 days of age of Nile tilapia were performed using random regression models. The models including or not family effect, and considering homogeneity or heterogeneity of residual variance were compared by the Bayesian information criteria (BIC). For body weight analyses, models including family effect and heterogeneity of residual variance and considering only heterogeneity of residual variance had the smallest BICs. Estimated body weight heritability ranged from small to high, <0.10 to 0.50, for all age studied, when family effect was included in the model. The genetic correlations between body weights at different ages were high, over 0.60. The model with the smallest BIC for fillet yield analysis included the homogeneity of residual variance. The fillet and carcass dress yield heritability ranged from moderate to high, 0.32 to 0.52, suggesting the possibility of genetic improvement for these traits. The best model for fillet yield was also used in the body measurements analyses. Heritability estimates for these traits were high, for the range of the studied ages. However, Pearson correlation between the predicted genetic values of these traits and the predicted genetic values of fillet and carcass dress yields ranged from moderate to low, <0.33, suggesting a small contribution of these traits for the genetic correlated response of fillet and carcass dress yield.

Key-words: random regression model, Nile tilapia, fillet yield, body weight, variance components.

CAPÍTULO 1:

1. INTRODUÇÃO.

Em 2002, o mercado mundial de pescados já era o maior agronegócio do mundo, tendo movimentado mais de US\$ 600 bilhões. De acordo com o Ministério da Pesca e Aquicultura, neste mesmo ano o setor movimentava duas vezes mais que o complexo soja, sete vezes mais que o negócio da carne bovina, nove vezes mais que o do frango e 20% mais que o de calçados (Braz, 2005). No ano 2003, o pescado passou a ser responsável por 20% da proteína animal consumida pelos seres humanos (FAO, 2008).

Em 2005, a FAO apresentava a produção mundial de pescados na ordem de 158 milhões de toneladas, sendo cerca de 124 milhões de toneladas destinadas ao consumo humano. A pesca extrativa, ainda que representasse quase 60% do total de pescado mundial, teve crescimento médio anual de apenas 0,17%, no período de 1995 a 2005, enquanto a aquicultura, neste mesmo período, cresceu 7,29% ao ano, atingindo a quantia de 63,3 milhões de toneladas (FAO, 2008). Estes dados mostram a estagnação da pesca extrativa e a necessidade, cada vez maior, de crescimento da aquicultura para atender à demanda mundial.

A tilápia (*Oreochromis sp.*), um peixe africano produzido em mais de 100 países (Romana-Eguia et al., 2004), é o terceiro grupo de espécies mais cultivadas no mundo (FAO, 2008), podendo tornar-se o mais importante nas próximas décadas (Fitzsimmons, 2000). Sua produção mundial já ultrapassou 2 milhões de toneladas, tendo sido a tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) responsável pela oferta de 1,7 milhão de toneladas em 2005. O Brasil foi o 6º maior produtor de tilápia cultivada no mundo neste ano, aumentando sua produção de 35 em 2001 para 68 mil toneladas em 2005 (Kubitza, 2007).

Entre as tilápias, a espécie *O. niloticus* é a mais utilizada nos cultivos comerciais em razão da sua rusticidade, tolerância a várias salinidades, temperaturas de água e sistemas de produção, rápido crescimento, carne de ótima qualidade e boa aceitação no mercado consumidor (Pullin, 1985, Shelton, 2002, citados por Khaw et al., 2008). Porém, como qualquer espécie doméstica cultivada pelo homem, suas características zootécnicas devem ser melhoradas geneticamente para garantir o contínuo crescimento e viabilidade de sua cadeia produtiva (Ponzoni et al., 2007).

A maioria dos estoques de tilápia atualmente usados em países em desenvolvimento ainda é geneticamente similar aos selvagens, como várias outras espécies aquícolas (Eknath et al., 1991; Lymbery et al., 2000, Brummett et al., 2004). Contudo, programas de melhoramento genético já implementados demonstraram efeitos positivos nas suas cadeias produtivas (Gjedrem, 2000; Hulata, 2001). Chitralada e GIFT são exemplos de linhagens resultantes de programas que trouxeram aumentos de produtividade em países que as utilizam (Rutten et al., 2004).

A taxa de crescimento é o principal objetivo de seleção destes poucos programas com tilápias do Nilo, e a seleção massal, o principal método. Contudo, o rendimento de filé também é considerado como característica importante para o aumento de eficiência econômica das cadeias produtivas desta espécie (Rutten et al., 2004). Para este tipo de característica, a seleção massal é impraticável. Há necessidade, portanto, do uso de informações de parentes para a predição de valores genéticos, ou características correlacionadas, como medidas morfométricas, para garantir ganhos genéticos indiretos.

Programas de melhoramento genético de espécies de peixe com controle de *pedigree* são mais caros. Isto se deve à dificuldade de identificação dos animais, o que favorece estudos das características correlacionadas aos objetivos de seleção. Características estas que possam ser medidas nos próprios indivíduos candidatos, facilitando programas com seleção massal.

Constata-se a existência de pouca informação na literatura sobre estimativas de componentes de (co)variância genética de rendimentos de filé e medidas corporais em tilápias do Nilo. Aparentemente, a baixa herdabilidade da característica rendimento de filé favorece o uso de características correlacionadas para o seu melhoramento. Altas correlações genéticas com medidas morfométricas e as herdabilidades moderadas a altas destas últimas, contribuem para a seleção indireta.

Análises genéticas longitudinais destas medidas, que avaliam o perfil de (co)variâncias genéticas e ambientais ao longo do crescimento dos peixes, ajudariam a definir a viabilidade do melhoramento genético destas características em populações de tilápias do Nilo. Tal tipo de estudo, por meio de modelo de regressão aleatória, considera a modificação contínua da expressão fenotípica dos animais, bem como dos efeitos que o compõem (fixos e aleatórios), em função da idade dos animais ou qualquer outra variável contínua. A estrutura de covariâncias genética e ambientais permite estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para todo o intervalo considerado da variável independente.

2. REVISÃO LITERATURA.

2.1. Uso de características correlacionadas como critério de seleção.

2.1.1. Objetivos de programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo

Quando um programa de melhoramento genético está sendo elaborado, dentre várias questões em análise, duas devem ser definidas:

- Quais os objetivos de seleção (que características devem ser melhoradas)?
- Quais as características serão medidas para alcançar estes objetivos (critérios de seleção)?

Os objetivos de seleção são as características de maior impacto econômico na cadeia produtiva (ou parte dela) de determinada população e determinada espécie. Ou ainda, uma função destas, ponderadas pelos seus pesos econômicos, gerando um único valor, o agregado genotípico. Os critérios de seleção são as características utilizadas para promover ganhos genéticos nas características que são objetivos do programa instalado.

Segundo Gjedrem (2000), os objetivos de seleção mais comuns em programas de melhoramento genético de espécies piscícolas são:

- taxa de crescimento;
- conversão alimentar;
- resistência a doenças específicas;
- qualidade de carne;
- idade à maturação sexual.

Em tilápias do Nilo, maior ênfase foi dada à taxa de crescimento (Hulata et al., 1986; Huang and Liao, 1990; Rutten et al., 2004). Sobrevivência, como resultado da resistência à doenças não específicas e ao estresse de cultivo (Eknath et al., 1993), cor externa (Huang et al., 1988) e idade à maturação sexual (Oldorf et al., 1989, Kronert et al., 1989) já foram utilizados como objetivos. Esta última foi proposta como tentativa de controlar a reprodução precoce das espécies de tilápia por meio da escolha de fêmeas mais tardias sexualmente.

Para Eknath et al. (1991), os objetivos de seleção não podem atender somente a produtores de peixes (engordadores). Todos os outros segmentos, como produtores de alevinos e indústria de processamento, devem ser contemplados, uma vez que a eficiência econômica de todos os segmentos permite uma cadeia produtiva viável. Logo, desempenho reprodutivo (incubatório) e rendimento de filé (processamento), entre outras características, deveriam ser analisadas como possíveis objetivos de um programa de melhoramento genético.

Aguiar (2006) reforça esta idéia para o mercado brasileiro da aquicultura e principalmente da tilapicultura, uma vez que este é bastante horizontal. A maioria dos engordadores não trabalha com reprodução e sim, compra somente lotes de alevinos machos. Desta forma, o

melhoramento genético fica a cargo das empresas de reprodução, que devem se preocupar com a saúde financeira de toda a cadeia produtiva, ou seja, têm que maximizar a eficiência das características que promovem impacto em todo o processo produtivo.

Rutten et al. (2005a), contudo, chamam a atenção que em vários mercados, como o europeu e a maior parte do asiático, os produtores não são remunerados pelas indústrias por peixes com maior rendimento, e sim, pelo peso vivo do animal. No Sudeste Asiático e Índia, o mercado trabalha comumente com peixes despescados com peso vivo baixo (< 350g) e lotes muito despadronizados, não se importando em valorizar produtos diferenciados. Nestas situações, os produtores ficam desestimulados em investir em programas de melhoramento que incluam rendimento cárneo como objetivo de seleção.

De qualquer forma, Eknath et al. (1991) e Gjedrem (2000) ressaltam que os objetivos de seleção de programas de melhoramento de tilápias do Nilo podem ser mudados com certa facilidade, incluindo-se ou retirando-se características candidatas, redirecionando o programa para novos horizontes com presteza.

Segundo os autores, isto é possível em razão da grande variabilidade genética aditiva das características de interesse nas populações de tilápia do Nilo, da precocidade reprodutiva e da prolificidade da espécie. Tais aspectos aceleram o ganho genético anual de determinada característica, uma vez que a alta prolificidade está relacionada ao aumento do grau de intensidade de seleção, à precocidade, ao intervalo de gerações curto e à variabilidade genética aditiva, a herdabilidade.

2.1.2. Critérios de seleção de programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo

Os objetivos de seleção não necessariamente são usados como características a serem medidas nos animais avaliados em programas de melhoramento genético. Conversão alimentar (C.A.), por exemplo, é raramente avaliada em animais candidatos em um programa de seleção. O custo alto de suas mensurações torna sua utilização proibitiva. Mas como há associação forte entre C.A. e a taxa de crescimento, o progresso genético para acelerar o ganho de peso resulta em melhoria na eficiência alimentar.

Peso vivo à determinada idade também é outro exemplo em que o objetivo não representa critério de seleção. Tilápias do Nilo são abatidas com pesos acima de 700 gramas para atender mercados exigentes, como o americano, japonês e europeu. Estes pesos são alcançados com mais de 300 dias de engorda. Contudo, normalmente os animais avaliados em programas de melhoramento são selecionados com cerca de 180 dias de nascimento. Isso é possível por haver forte associação positiva entre essas duas características. Rutten et al. (2005b) corroboram com essa afirmação em estudo genético longitudinal do peso corporal de tilápias do Nilo, por meio de um modelo de regressão aleatória. Os autores encontraram correlação genética de 0,8 entre peso aos 180 dias (cerca de 250 g de peso vivo) e 325 dias (cerca de 800 g de peso vivo), e de 0,7 entre peso aos 150 dias (cerca de 150 g de peso vivo) e 325 dias. A magnitude desta associação garante reduções nos custos de programas de melhoramento, uma vez que os animais não precisam ser mantidos até quase um ano de vida.

As associações de características escolhidas como critério e os objetivos de seleção são estimadas por meio de correlações. As correlações podem ser positivas, negativas ou nulas. As bases teóricas para explicar as correlações genéticas entre características residem no fato que genes comuns podem ter ações em várias expressões fenotípicas, o chamado pleiotropismo. As ligações entre genes, ainda que possam ser transitórias, também respondem, em tese, pelas associações genéticas entre características.

Em um programa de avaliação e seleção genética, os melhoristas devem considerar as correlações genéticas entre características, uma vez que, quando duas características economicamente importantes são positiva e altamente correlacionadas, a ênfase na seleção deverá ser apenas em uma delas, o que reduz o número de características a serem selecionadas e, conseqüentemente os custos do programa.

Ao admitir-se que a seleção é praticada em determinada característica X (critério de seleção), espera-se, como resposta correlacionada, uma mudança na característica Y (objetivo da

seleção). Segundo Hazel (1943), a taxa de mudança na característica Y proporcionada pela seleção direta em X é dada pela regressão do valor genético de Y em relação ao valor genético de X.

A eficiência de seleção para uma característica correlacionada é superior à característica de interesse, quando a razão da primeira pela segunda (RC_{YX} / R_Y) for maior que a unidade. Normalmente isto acontecerá quando a correlação genética entre as características for alta e a herdabilidade do critério de seleção for maior que a do objetivo de seleção (considerando iguais as intensidades de seleção).

2.2. Medidas morfométricas correlacionadas com rendimento de filé em tilápias do Nilo.

2.2.1. Dificuldades na estruturação de um programa de melhoramento com informação de pedigrees

Várias organizações envolvidas em programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no mundo avaliaram e eventualmente incluíram, como objetivos de seleção, características relacionadas ao rendimento e qualidade carnes. Em salmão, por exemplo, quantidade de gordura e coloração de filés (Rye e Gjerde, 1996; Gjedrem, 1997, 2000). Em trutas, composição corporal (Kause et al., 2002, Quillet et al., 2005). Em bagre (*catfish*), peso, rendimento e percentual de gordura no filé (Van Sang et al., 2009).

Contudo, existe pouca informação para tilápias do Nilo. A princípio, Velasco et al. (1995) são os pioneiros na avaliação genética da espécie para pesos de carcaça, seguidos por Rutten et al. (2004, 2005b), que avaliaram também pesos e rendimentos de filé. O pouco interesse no assunto, até então, deveu-se a dois principais motivos: o pouco incentivo aos produtores na melhoria destes tipos de características, pela não valorização de peixes com melhores rendimentos e os custos maiores dos programas de melhoramento destes tipos de características que necessitam de estrutura de parentesco para sua avaliação genética (Gjedrem, 2000; Rutten et al. 2004, Van Sang et al., 2009).

Avaliar diretamente esses tipos de características nos próprios animais candidatos é impossível. Mas animais aparentados podem ser medidos e seus valores genéticos usados para a predição daqueles candidatos. Para tal, programas de melhoramento genético utilizando estruturas de meio-irmãos e/ou irmãos completos precisam ser montados. O programa nacional norueguês para o Salmão do Atlântico é um exemplo (Gjedrem, 2000) em que são avaliadas 360 famílias por ano, estabelecendo-se como principais objetivos de seleção a percentagem de gordura e a coloração do filé. O sacrifício e filetagem de meio-irmãos e/ou irmãos completos garantem a informação que é utilizada para predizer os valores genéticos dos peixes vivos remanescentes.

Os custos de programas com esta estrutura são maiores. Uma das grandes dificuldades destes programas, no melhoramento de peixes, é a marca utilizada para a identificação dos animais. A maior parte das disponíveis e acessíveis como as fitas numeradas que perpassam a musculatura ou os fios de nylon com pequenas etiquetas numeradas que também são fixados da mesma forma, têm altas taxas de perda. Assim, maior número de animais devem ser identificados para compensar as perdas de informação, aumentando-se os custos do programa.

Além disto, existe a necessidade da identificação dos acasalamentos e da manutenção das famílias de irmãos completos separadas uma das outras, até que cada peixe tenha peso suficiente para receber a marca (> 5 gramas em tilápias do Nilo, ou seja, pelo menos 30 dias de cultivo). O surgimento de *microchips* (*pit tags*) de identificação melhorou consideravelmente as perdas de marcas (praticamente 0%), mas é a opção mais cara no mercado.

Por estes motivos e, em razão dos poucos recursos disponíveis para investimento nos países em desenvolvimento, a maior parte dos programas e os estudos de avaliação genética em tilápias do Nilo foram baseados no método de seleção massal, mais simples e barato (Gjedrem, 2000, Rutten et al., 2004, Rutten et al., 2005b), desestimulando o melhoramento genético para rendimentos carnes e valorizando somente o ganho de peso.

2.2.2. Medidas morfométricas como critério de seleção

Estudos sobre as correlações fenotípicas e genéticas entre características morfométricas, rendimento e peso de filé têm sido realizados em várias espécies de peixe (Bosworth et

al., 1998, 2001; Cibert et al., 1999; Rutten et al., 2004). Essas características, geneticamente correlacionadas, permitiram aos programas de melhoramento genético, baseados em seleção massal, sua inclusão como critérios para alcançar o objetivo de grande interesse para as indústrias de processamento. Programas que optam por gerar informação a partir de uma estrutura de parentesco, e que evitam o sacrifício dos animais que poderiam ter alto valor genético, também seriam beneficiados.

As medidas morfométricas, ou conformacionais, contribuem para a descrição da forma do corpo do peixe, que varia de acordo com as características de cada espécie, além de poderem influenciar o peso corporal e o rendimento do filé (Bosworth, et al., 1998; Cibert, 1999). Segundo Contreras-Gusmán (1994), isto se deve à capacidade diferencial da acumulação de massa muscular em determinados pontos do corpo do animal durante seu crescimento o que caracteriza o seu formato e influencia os rendimentos cárneos. Em tilápias do Nilo, rendimentos de filé que variam em 26% a 37% são encontrados na literatura (Rodrigues de Souza e Macedo-Viegas, 2000; Silva et al., 2000).

As medidas de conformação avaliadas em trabalhos com tilápia do Nilo são várias e há inclusive divergências nas regiões corporais nas quais as mensurações devem ser obtidas, o que prejudica a comparação dos dados em uma mesma espécie e entre diferentes espécies estudadas (Souza et al., 1998).

Diodatti (2006), por exemplo, realizou diversas medidas no corpo de tilápias do Nilo (fig. 1) como comprimento de cabeça (CC), comprimento padrão (CP), três pontos de altura (AC1, AC2 e AC3), três pontos de largura (LC1, LC2 e LC3) e três perímetros (P1, P2 e P3). Rutten et al. (2004), contudo, trabalharam com o comprimento de cabeça, o comprimento padrão e o comprimento chamado por eles de “correto”, ou seja, a diferença entre o padrão e o da cabeça. Mensuraram uma altura e uma largura, consideradas as maiores do animal.

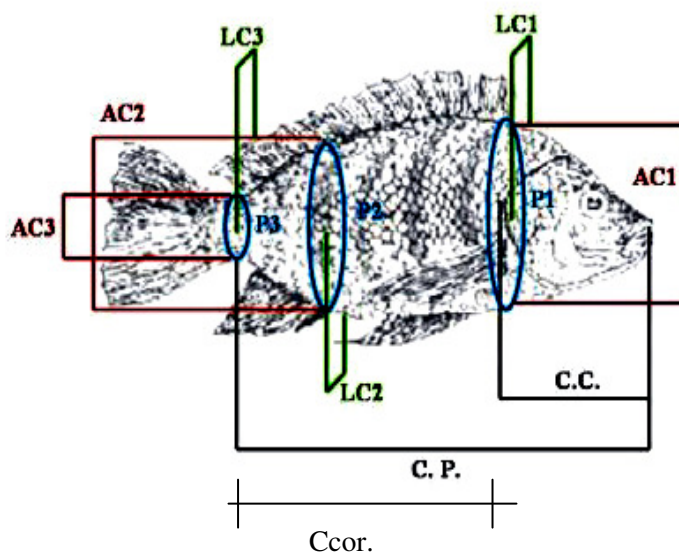


Figura 1. Avaliação morfométrica de tilápias do Nilo (adaptado de Diodatti, 2006).

Em que,

| | | |
|---------------------------|------------------------|---------------------------|
| CC: comprimento de cabeça | CP: comprimento padrão | Ccor: comprimento correto |
| AC1: primeira altura | AC2: segunda altura | AC3: terceira altura |
| LC1: primeira largura | LC2: segunda largura | LC3: terceira largura |
| P1: primeiro perímetro | P2: segundo perímetro | P3: terceiro perímetro |

Santos (2004) utilizou medidas idênticas às de Diodatti (2006), porém gerou informações diferentes como o volume do corpo (V) e a área da pele (AP) (fig. 2).

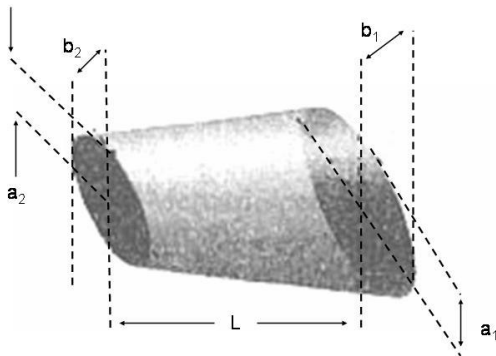


Figura 2. Tronco do cone elíptico (Swokowski, 1994, citado por Santos, 2004).

Em que,

V: volume do corpo;

L: comprimento do corpo (CP-CC);

K: excentricidade média das elipses das bases, $(AC1/LC1 + AC3/LC3) / 2$;

a_1 : $LC1 / 2$; a_2 : $LC3 / 2$; b_1 : $AC1 / 2$; b_2 : $AC3 / 2$;

$$V = (1/3 \cdot \pi \cdot L/k) (a_1^2 + a_1a_2 + a_2^2);$$

$$AP = (P_1 + P_3) \cdot (CP-CC) / 2.$$

Independente das opções de medidas morfométricas de cada estudo em tilápias do Nilo, a principal conclusão destes foi que a correlação fenotípica entre peso corporal e peso de filé é geralmente alta e entre peso corporal e rendimento de filé, baixa.

As medidas corporais normalmente apresentam alta correlação fenotípica com o peso corporal e peso do filé e baixa com rendimento de filé. Charo-karisa et al. (2007) encontraram correlações fenotípicas entre medidas corporais e peso vivo do animal que variaram entre 0,64 a 0,89. Rutten et al. (2004) encontraram valores entre 0,76 (largura) e 0,91 (altura) como correlações fenotípicas com o peso do filé. Santos (2004) afirma que grande parte das correlações entre medidas conformacionais e peso de carcaça e filé foram maiores do que 0,9.

Rutten et al. (2004) encontraram coeficiente de determinação (R^2) igual a 0,95 para modelo preditor do peso de filé, com base no peso corporal e em medidas morfométricas, todos significativos. Diodatti (2006), por meio de método *backward*, obteve modelo preditor do peso de filé também com alto R^2 (0,90), mas com somente o comprimento padrão e uma das larguras corporais incluídas como variáveis independentes. O autor identificou altas correlações entre as várias medidas corporais em seu estudo.

As correlações fenotípicas entre medidas corporais ou peso do animal e rendimentos cárneos, encontradas nos estudos, foram normalmente muito baixas. Santos (2004) não encontrou valores maiores que 0,30, tanto para rendimento de carcaça quanto para filé. Apesar de volume do corpo (V) e rendimento de filé terem maior associação, 0,58. Os resultados de correlações obtidos por Rutten et al. (2004) também foram pequenos, $< 0,19$ (largura). Rutten et al. (2005b) obtiveram correlações de 0,38 (comprimento de cabeça) a 0,51 (largura).

O modelo preditor de rendimento de filé, avaliado por Rutten et al. (2004), explicou somente 15% de toda a variação observada. Todas as medidas corporais foram significativas, mas peso corporal não. O modelo obtido por Diodatti (2006) explicou apenas 1% da variação do rendimento do filé, de acordo com seu resultados de mensuração.

Diferenças entre populações, idade e peso dos animais filetados, tipo de processamento e destreza do filetador ou regulagem de máquina filetadora dificultam a obtenção de modelo que melhor explique variações no rendimento de filé.

Para programas de melhoramento genético, informações sobre variâncias e covariâncias fenotípicas entre características não são suficientes. (Co)variâncias genéticas são

necessárias para a predição de valores genéticos e a estimativa de ganhos genéticos, seja selecionando direta ou indiretamente para as características de interesse. Em tilápias do Nilo, são poucas as estimativas de (co)variâncias genéticas de peso corporal e medidas corporais. Na literatura foi encontrado apenas um trabalho que estima correlações genéticas entre rendimento de filé e medidas corporais.

Velasco et al. (1995), provavelmente, foram os primeiros a estimar herdabilidades para pesos de carcaça e medidas conformacionais. Estimaram as herdabilidades do peso corporal 0,61 (machos) e 0,24 (fêmeas); peso de filé, 0,63 (machos) e 0,30 (fêmeas); altura, 0,61 (machos) e 0,57 (fêmeas); comprimento padrão, 0,48 (machos) e 0,44 (fêmeas); peso de carcaça, 0,63 (machos) e 0,40 (fêmeas). Os autores apresentaram correlações genéticas altas entre todas as características, e concluíram ser desnecessário o uso de todas medidas em um programa de seleção. Nguyen et al. (2007) chegaram às mesmas conclusões e sugerem que existe pouca ou nenhuma variação genética independente entre medidas morfométricas (correlações genéticas de 0,94 a 0,99). Os autores estimaram as herdabilidades para peso corporal, comprimento total, altura e largura, moderadas a altas, que variaram entre 0,20 a 0,35.

Nguyen et al. (2007) estimaram, ainda, altas correlações (entre 0,91 a 0,96) entre sexos para todas as medidas conformacionais e peso corporal, o que indica ser desnecessário programas de melhoramento distintos para os sexos.

Rutten et al. (2005b) são os primeiros a avaliar geneticamente o rendimento de filé em tilápias do Nilo. Em seu estudo, correlações genéticas foram maiores que as fenotípicas. As correlações genéticas entre peso corporal e medidas corporais variaram de 0,76 a 0,92. Entre peso de filé e as mesmas medidas, de 0,89 a 0,99. Entre as medidas corporais, as correlações variaram de 0,82 a 0,98, reforçando as conclusões de Velasco et al. (1995) e Nguyen et al. (2007). O rendimento de filé foi altamente correlacionado geneticamente com largura, 0,98, com o próprio peso do filé, 0,81, e com o peso corporal, 0,74.

Os autores estimaram herdabilidades do peso de filé, peso corporal, comprimento e largura como moderadas a altas (0,24; 0,26; 0,25; 0,25, respectivamente). Porém, a herdabilidade do rendimento de filé foi baixa, 0,12. É possível que o processo de filetagem tenha sido o grande responsável pelo aumento da variância ambiental desta característica, ou há pequena variância genética aditiva nesta população.

Estes resultados sugerem que respostas correlacionadas para rendimento de filé por meio de medidas de conformação seriam maiores que a seleção direta, em razão das correlações genéticas altas entre rendimento de filé e medidas morfométricas e a herdabilidade da característica escolhida como critério de seleção (medidas de conformação) ser maior que a do objetivo de seleção (rendimento de filé).

Contudo, os autores acreditam que um programa de melhoramento para tilápias do Nilo deveria ter como objetivo o peso de filé, por representar uma combinação genética do peso corporal e do rendimento de filé. Como a correlação genética entre peso do filé e peso corporal é altíssima, 0,99, e bem alta com rendimento do filé, garantir-se-ia o melhoramento do peso corporal, que é a principal fonte de renda do produtor, mas sem negligenciar ganhos genéticos em rendimento de filé. A maior herdabilidade da característica peso de filé resultaria em retornos econômicos maiores para a cadeia produtiva.

2.3. Estudos genéticos de características longitudinais.

A identificação dos animais com maiores valores genéticos aditivos para características de interesse econômico é fator preponderante para garantir ganhos genéticos em um programa de seleção. Estes valores são preditos a partir dos fenótipos dos animais. Quanto menor a acurácia desta predição, menor a possibilidade da escolha dos indivíduos com maior valor genético verdadeiro e menores serão os ganhos genéticos de um programa de seleção. A acurácia das predições dos valores genéticos aditivos está associada à correta utilização das observações coletadas e à escolha de modelos estatísticos e às metodologias adequadas (Valente et al., 2008).

Características longitudinais (como peso e medidas morfométricas) podem ser avaliadas por diversos modelos estatísticos e metodologias. Porém, recentemente, o uso de funções de covariância, como a regressão aleatória, passou a ser metodologia de interesse em estudos deste tipo de

característica, em várias espécies domésticas como bovinos de corte (Valente et al., 2008), de leite (De Haas et al., 2007), aves (Dionello et al., 2008), suínos (Schnyder et al., 2002), tilápias do Nilo (Rutten et al., 2005a) e trutas arco-íris (Mckay et al., 2002).

Modelos de regressão aleatória são mais adequados para modelar características longitudinais, pois consideram a modificação contínua do fenótipo e dos efeitos a ele relacionados e faz uso de todas as observações existentes, sem nenhum ajustamento de dados (Valente et al., 2008). Espera-se, desta forma, um aumento de acurácia com uso desta metodologia para estas características, o que foi conseguido, por exemplo, por Meyer (2004). A autora obteve maior acurácia na predição de valores genéticos da característica crescimento em bovinos de corte, ao utilizar modelo de regressão aleatória em comparação a um modelo multicaracterística.

2.3.1. Características longitudinais.

Características longitudinais são aquelas que podem ser estudadas ao longo do tempo por meio de medidas repetidas. Elas, em tese, se modificariam continuamente à medida que o animal fica mais velho. Se o fenótipo se modifica, os efeitos que o compõe, fixos e aleatórios e os parâmetros a eles atribuídos, também variariam (Valente et al., 2008).

Desenvolvimento ponderal é a principal característica longitudinal estudada em diversas espécies domésticas e, na verdade, a única avaliada em peixes por regressão aleatória até então (Rutten et al., 2005a; Mckay et al., 2002). Contudo, medidas morfométricas também são características contínuas e que seriam candidatas ao mesmo estudo.

As variáveis peso de filé e carcaça, além de seus rendimentos, não são características que possam ser medidas repetidamente no mesmo animal, porém, a metodologia de regressões aleatórias pode ser empregada no estudo genético das mesmas. As várias observações para estas características, resultantes de mensurações em animais aparentados, ao longo de um determinado intervalo de idades, permitem a estimativa de uma função de covariâncias genéticas para estas variáveis.

A característica longitudinal pode ser representada por um conjunto infinito de pontos em diferentes idades, altamente correlacionadas (Meyer e Hill, 1997), porém havendo uma diminuição provável desta associação, quando o espaço de tempo entre eles aumenta (Albuquerque, 2004). A existência de infinitos pontos entre os intervalos de medidas gera um padrão de covariâncias bem estruturado, e a sua modelagem, a possibilidade de inferências sobre estes dados (Van der Werf, 2001).

Os estudos deste tipo de característica têm sido normalmente feitos por meio de modelos mistos, sendo principalmente usados os modelos de repetibilidade, multicaracterísticas e os modelos de regressão aleatória (Meyer e Hill, 1997).

2.3.2. Modelos de repetibilidade.

O modelo mais simples para o estudo de medidas repetidas é o de repetibilidade. Todas as medidas são consideradas da mesma característica, ou seja, os mesmos genes regeriam todas elas. As covariâncias genéticas e fenotípicas entre diferentes medidas teriam a mesma magnitude, definindo uma correlação igual a unidade entre todas as mensurações (Albuquerque, 2004). Com isto, o valor genético aditivo do animal é constante, bem como do efeito permanente.

Estas são pressuposições pouco realistas. Um animal pode ser superior ou inferior geneticamente a outro em momentos diferentes de seu crescimento, exatamente pelo fato que genes diferentes possam estar contribuindo para a expressão fenotípica em momentos distintos da vida do animal. Além disto, um efeito de ambiente permanente pode não estar presente em todas as mensurações, ou ainda, pode se acumular promovendo efeitos de diferentes magnitudes no decorrer do tempo.

Em notação matricial, o modelo seria:

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 p + e;$$

em que,

y = o vetor das observações;
 b = o vetor dos efeitos fixos;
 a = o vetor dos valores genéticos aditivos;
 p = o vetor de efeito de ambiente permanente dos animais que possuem observações;
 e = o vetor dos resíduos.

As matrizes X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência que associam observações aos níveis particulares dos efeitos fixos e aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente. Admite-se que:

$$\begin{aligned}
 a &\sim N(0, A\sigma_a^2) \\
 p &\sim N(0, I\sigma_p^2)
 \end{aligned}
 \quad
 V \begin{vmatrix} a \\ p \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 \end{vmatrix}$$

em que A representa a matriz de numeradores do coeficientes de parentesco de Wright, I matriz identidade, σ_a^2 e σ_p^2 componentes de variância genética aditiva e variância de efeito permanente de ambiente.

2.3.3. Modelos multicaracterísticas.

Outra alternativa para o estudo de características longitudinais é o modelo multicaracterísticas. Por esta forma de análise, cada mensuração é considerada uma característica diferente. Há, portanto, a necessidade da definição de idades fixas, ou idades-padrão, em que os animais seriam medidos para a correta avaliação.

É normalmente difícil realizar as mensurações em todos os animais nas idades pré-estabelecidas. As observações devem, então, ser ajustadas às idades pré-definidas, considerando que o dado ajustado representa o suposto dado real. Quanto mais distante no tempo for a observação em relação à idade-padrão, menor é a probabilidade do dado ajustado representar adequadamente a suposta medida real do animal naquela idade.

Muitas vezes, quando a mensuração está muito distante da idade-padrão, o descarte deste dado passa a ser melhor do que a realização do ajustamento. Em consequência, a retirada de observações e os próprios ajustes reduzem a qualidade dos dados, levando à diminuição da acurácia da avaliação genética. Este tratamento nos dados também é necessário em estudos que envolvem os modelos de repetibilidade.

Uma vez que os dados estão ajustados, uma avaliação por meio de um modelo multicaracterísticas pode ser realizada. Nesta modelagem, considera-se a existência de uma estrutura de covariâncias entre as características (idades-padrão) e a possibilidade de correlações menores que a unidade entre elas. A estrutura de covariâncias, considerada entre as mensurações, aumenta a acurácia da avaliação genética, uma vez que cada característica contribui na estimativa da outra.

Em notação matricial, o modelo seria:

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i;$$

em que y_i é o vetor das observações das medidas observadas nas idades-padrão i , b_i é o vetor dos efeitos fixos nas observações mensuradas na idade i , a_i é o vetor dos valores genéticos aditivos dos animais avaliados para a idade i ; X_i e Z_i são as matrizes de incidência dos efeitos de b_i e a_i no vetor de observações y_i , e e_i é o vetor dos resíduos associados às observações na idade i . Para n idades avaliadas admite-se que:

$$a_i \sim N(0, A\sigma_{ai}^2)$$

$$V \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{a_1a_2} & \dots & A\sigma_{a_1a_n} \\ A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma_{a_2}^2 & \dots & A\sigma_{a_2a_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ A\sigma_{a_1a_n} & A\sigma_{a_2a_n} & \dots & A\sigma_{a_n}^2 \end{pmatrix}$$

em que A representa a matriz de numeradores do coeficientes de parentesco de Wright dos animais avaliados, $\sigma_{a_i}^2$ o componente de variância genética aditiva de cada característica a_i , $\sigma_{a_ia_j}$ componentes de covariância genética aditiva entre características a_i e a_j .

No modelo multicaracterística, nenhuma predição pode ser feita para idades entre os intervalos de medição. Se várias idades-padrão forem mensuradas e incluídas no estudo na tentativa de possibilitar predições em maior número de pontos, o excesso de parâmetros a serem estimados pode impossibilitar a análise. O esforço computacional é grande e produz normalmente estimativas pouco acuradas (Albuquerque, 2004).

2.3.4. Modelos de regressão aleatória.

Um modelo de regressão aleatória considera a mudança gradual e contínua dos parâmetros de covariância de determinada característica longitudinal em função de idades, ou ainda, qualquer outra variável independente contínua (Kirkpatrick et al., 1990). A metodologia é, então, uma função de covariâncias.

O modelo, portanto, não prediz valores genéticos em uma idade-padrão, mas sim, estima coeficientes de regressão que representam o comportamento do valor genético aditivo em função da variável contínua independente (ex.: idade). A predição, então, é da trajetória genética aditiva da característica longitudinal, representada pelos coeficientes de regressão atribuídos a cada animal (Valente et al., 2008).

Segundo Albuquerque (2004), o estudo é baseado no ajustamento de uma curva de regressão fixa, representando a tendência média da população, e no mínimo mais duas equações de regressão aleatórias relativas aos efeitos genético aditivos e de ambiente permanente. A curva genética de cada animal é predita como um desvio da curva média (fixa), ou seja, como os coeficientes de regressão para cada animal se distribuem à volta dos coeficientes de regressão globais (médios), daí o nome de modelo de regressão aleatória (Da Gama et al., 2004).

2.3.4.1. Benefícios do modelo.

Uma vez que o modelo de regressão aleatória considera a mudança gradual e contínua dos parâmetros de covariância, não existe a necessidade da definição de idades-padrão (ou níveis da variável contínua independente pré-definidos). Logo, uma das vantagens da metodologia é utilizar todos os dados existentes sem a sua manipulação, ou seja, sem descartes e sem ajustamentos.

A manutenção do banco de dados completo e inalterado garante a sua qualidade e aumenta a acurácia das estimativas. Além disto, não existe a necessidade de número mínimo de mensurações por indivíduo, uma vez que repetições dele são conseguidas a partir de informações de animais parentes (Albuquerque e Meyer, 2001).

As funções de covariâncias genéticas aditivas e ambientais permanentes permitem obter estimativas de herdabilidades para qualquer ponto do intervalo da variável contínua independente estudada, além das correlações genéticas entre quaisquer combinações de pontos deste intervalo (Rutten et al., 2005a). É possível, então, estimar os pontos de máxima variância genética aditiva e de herdabilidade, contribuindo para a definição do melhor momento para se realizar seleção em um programa de melhoramento genético. Um gradiente de correlações também pode ser estimado facilitando a definição de critérios de seleção.

Com o modelo de regressão aleatória pode-se prever o valor genético aditivo de determinado animal para a característica longitudinal, em qualquer ponto do intervalo da variável contínua independente estudada. Desta forma, ordenam-se os valores genéticos dos animais em qualquer ponto deste intervalo e é possível a identificação daqueles de crescimento mais rápido e com maturação mais precoce (Albuquerque e Meyer, 2001).

2.3.4.2. O modelo.

Na regressão aleatória, um modelo animal para crescimento, em notação matricial, seria (Silva et al., 2008):

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 p + Z_3 e + \varepsilon$$

y = vetor de observações;

b = vetor de efeitos fixos (incluindo coeficientes de regressão fixos para modelar a trajetória média populacional);

a = vetor com os coeficientes de regressão aleatórios genético aditivos de cada animal avaliado;

p = vetor com os coeficientes de regressão aleatórios dos efeitos ambientais permanentes atribuídos a cada animal com observação;

e = vetor com os coeficientes de regressão aleatórios atribuídos aos efeitos residuais;

X = matriz contendo as covariáveis para os fatores fixos do modelo;

Z_1 = matriz de covariáveis relativas ao efeito genético aditivo;

Z_2 = matriz de covariáveis relativas ao efeito ambiental permanente;

Z_3 = matrizes de covariáveis relativas ao efeito residual;

ε = vetor de efeitos residuais para o modelo de regressão geral.

Admite-se também que:

$$E(y) = Xb$$

$$V(y) = Z_1(A \otimes G)Z_1' + Z_2(I \otimes P)Z_2' + Z_3(I \otimes E)Z_3' + R$$

As matrizes de incidência não possuem somente elementos 0 e 1, mas covariáveis relativas à idade exata do animal que a observação foi coletada. As matrizes G, P e E são matrizes de ordem 3X3 (se o modelo estiver em função de polinômio de terceira ordem) que contêm componentes de covariância dos coeficientes de regressão aleatórios dos efeitos genéticos aditivos, ambiente permanente e residual, respectivamente. A é matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright, I é matriz identidade de dimensão igual ao número de indivíduos com observações e R, matriz diagonal ou não de ordem igual ao número de observações. Segundo Albuquerque e Meyer (2001), a variância residual atribuída ao modelo pode ser considerada constante para todas as observações ou pode ser modelada em função da idade da mesma maneira que a dos demais efeitos aleatórios.

Dado que se admite uma estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão, seus componentes podem ser determinados por REML (Máxima verossimilhança restrita). Normalmente, funções que utilizam polinômios ortogonais são escolhidas para descreverem esta estrutura de covariâncias, sendo os polinômios de Legendre os mais utilizados, uma vez que são ortogonais, ao contrário dos polinômios naturais, e são fáceis de serem calculados (Schaeffer, 2008). Neste tipo de análise, os dados da variável independente são padronizados para a amplitude em que os polinômios são definidos (-1 a +1) (Albuquerque, 2004).

A ordem dos polinômios estimados pode variar para cada efeito, ou seja, enquanto se ajusta um modelo em que os efeitos fixos estão em função de um polinômio de ordem dois, os efeitos aleatórios poderiam estar em função de polinômio de ordem três - somente efeitos lineares para a descrição dos efeitos fixos e até efeitos quadráticos para os aleatórios.

A ordem do polinômio definida para explicar a estrutura de covariâncias dos efeitos fixos e aleatórios é fator limitador na análise por modelos de regressão aleatória. Arango et al. (2004) sugerem que sejam evitados os excessos de parâmetros, ou seja, polinômios de ordem alta, em razão da necessidade de grande número de observações, do esforço computacional exigido e da dificuldade de se alcançarem as convergências. Contudo, polinômios de ordem baixa podem apresentar pouca habilidade para representar as curvas de covariância (Valente, 2008).

A decomposição espectral da matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão é uma alternativa para avaliar até que ordem do polinômio deve ser empregada para explicar a estrutura de covariância dos efeitos fixos e aleatórios. Quando as variáveis envolvidas (componentes do polinômio) são altamente correlacionadas, autovalores próximos ou iguais a zero são encontrados pela decomposição. Segundo Nobre et al. (2003), a presença de um autovalor próximo de zero é um indicativo da não necessidade de se elevar a ordem do polinômio. Na verdade, sugere, até mesmo, a diminuição da ordem do polinômio (ex.: um polinômio de ordem três gera uma matriz de coeficientes 3x3 e 3 autovalores – a presença de um autovalor próximo de zero é um indicativo de que há necessidade de se realizar nova análise empregando um polinômio de ordem menor).

Apesar dos polinômios de Legendre serem ortogonais entre si, os coeficientes de regressão podem ainda ser altamente correlacionados, reduzindo a precisão de suas estimativas. Além disto, a função baseada em polinômios ortogonais de Legendre tem pouca flexibilidade para modelar a curva de crescimento nos extremos do intervalo, principalmente pelo número pequeno de dados nestes pontos, provendo aumento nas estimativas dos componentes de variância (Schaeffer, 2008). As curvas descritas por estes polinômios também não são assintóticas, o que é obstáculo à modelagem de trajetórias de crescimento que alcançam um platô à maturidade (Arango et al., 2004).

Recentemente, funções *spline* têm sido propostas no lugar de funções baseadas em polinômios ortogonais de Legendre, para melhor modelar os extremos das curvas. Contudo, esta alternativa tem melhorado muito pouco as estimativas de componentes de covariância de características de crescimento e não trouxe benefícios, por exemplo, para produção de leite no dia do controle (Schaeffer, 2008).

A escolha da família de polinômios pode influir na qualidade da predição dos valores das variáveis aleatórias interpoladas entre os dados. Contudo, um número grande de dados coletados, bem distribuídos ao longo do período avaliado, minimiza as diferenças entre as predições obtidas pelos diferentes tipos de polinômio (Kirkpatrick et al., 1990).

Um modelo de regressão aleatória que usa polinômios de Legendre da idade (tempo) como variável independente pode ser escrito como (Albuquerque, 2004):

$$y_{ij} = F + \sum_{k=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m(a_{ij}) + \sum_{k=0}^{k_q-1} \delta_{im} \phi_m(a_{ij}) + e_{ij},$$

em que y_{ij} é a medida do animal i no tempo j , F é um conjunto de efeitos fixos, α_{im} e δ_{im} são os m coeficientes de regressão aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente para o animal i , respectivamente, ϕ_m é o polinômio m , a_{ij} é a idade padronizada para a amplitude em que o polinômio é definido, k_a e k_q são as ordens de ajuste dos polinômios correspondentes e e_{ij} é o efeito residual atribuído a cada observação y_{ij} .

2.3.4.3. Exemplo de conversão das covariáveis (idade) para polinômios de Legendre.

Primeiramente a transformação da idade para uma escala de -1 a +1 é necessária. A idade transformada i pode ser definida por:

$$i = -1 + 2 \cdot \left(\frac{\text{idade na coleta da observação} - \text{idade mínima}}{\text{idade máxima} - \text{idade mínima}} \right)$$

Os polinômios de Legendre, até o de ordem três, definidos em função da idade padronizada i são (Schaeffer, 2001):

$$P_0(i) = 1$$

$$P_1(i) = i$$

$$P_{n+1}(i) = \frac{1}{n+1} ((2n+1) \cdot i \cdot P_n(i) - n \cdot P_{n-1}(i))$$

$$P_2(i) = \frac{1}{2} (3i^2 - 1) = \frac{3}{2}i^2 - \frac{1}{2}$$

Após processo de ortogonalização, os polinômios são normalizados:

$$\phi_n(i) = \left(\frac{2n+1}{2} \right)^{1/2} P_n(i)$$

$$\phi_0(i) = \left(\frac{1}{2} \right)^{1/2} \cdot 1 = 0,70710671$$

$$\phi_1(i) = \left(\frac{3}{2} \right)^{1/2} i = 1,224744871 i$$

$$\phi_2(i) = \left(\frac{5}{2} \right)^{1/2} \cdot \left(\frac{3}{2}i^2 - \frac{1}{2} \right) = -0,790569415 + 2,371708245 i^2$$

2.3.4.4. Cálculo de estimativas de herdabilidade, correlações genéticas e predição de valores genéticos em qualquer ponto do intervalo.

Considere um modelo simples de regressão aleatória, admitindo-se como aleatórios o efeito genético aditivo, o efeito de ambiente permanente e o resíduo. Além disto, admite-se que todos os efeitos estão em função de um polinômio de ordem três. Pode-se, desta forma, estimar variâncias para todos eles, em qualquer ponto do intervalo da variável independente contínua (ex.: idade).

A covariância genética aditiva, σ_{AiAj} , entre determinadas idades i e j transformadas (pontos quaisquer de um intervalo estudado) pode ser estimada da seguinte forma:

$$\sigma_{AiAj} = Z_i G_a Z_j'$$

em que,

G_a é a matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito genético aditivo direto;

$$Z_i = \begin{vmatrix} \phi_0(i) & \phi_1(i) & \phi_2(i) \end{vmatrix}$$

$$Z_j' = \begin{vmatrix} \phi_0(j) \\ \phi_1(j) \\ \phi_2(j) \end{vmatrix}$$

Desejando-se a variância genética aditiva para determinada idade transformada, realiza-se a mesma operação considerando $i = j$.

A variância de efeito de ambiente permanente, para determinada idade transformada, pode ser estimada da mesma forma, somente substituindo na expressão $Z_i G_a Z_j'$ a matriz G_a pela matriz P , a matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito de ambiente permanente. Como também a variância do resíduo para determinada idade transformada, substituindo G_a pela matriz E , a matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito do resíduo.

A correlação genética entre dois pontos quaisquer deste intervalo pode ser estimada da seguinte forma:

$$r_{AiAj} = \frac{Z_i G_a Z_j'}{\sqrt{Z_i G_a Z_i'} \cdot \sqrt{Z_j G_a Z_j'}}$$

A herdabilidade direta pode ser estimada da seguinte forma:

$$h_{Ai}^2 = \frac{Z_i G_a Z_i'}{Z_i G_a Z_i' + Z_i P Z_i' + Z_i E Z_i'}$$

O valor genético de um animal pode ser predito por meio de sua curva específica, definida por seus coeficientes de regressão particulares:

$$VG_{ij} = \alpha_{0j} \phi_0(i) + \alpha_{1j} \phi_1(i) + \alpha_{2j} \phi_2(i);$$

em que,

VG_{ij} = valor genético do animal j na idade transformada i ;

α_{0j} , α_{1j} e α_{2j} = coeficientes de regressão específicos do animal j para os efeitos intercepto, linear e quadrático, respectivamente;

$\phi_0(i)$, $\phi_1(i)$ e $\phi_2(i)$ = polinômios estimados à idade transformada para os efeitos intercepto, linear e quadrático, respectivamente.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. *Anais...* Pirassununga: SBMA, 2004. Disponível em: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/v/palestras/palest11.pdf>. Acesso em: nov. 2009.

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.*, v.79, n.11, p.2776-2789, 2001.

AGUIAR, H.N. *Índice de seleção utilizando dados simulados de tilápias do Nilo*. 2006. 34 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 2006.

ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, v.82, n.1, p.54-67, 2004.

BOSWORTH, B.G.; LIBEY, G.S.; NOTTER, D.R. Relationship among total weight, body shape, visceral components, and fillet traits in palmetto bass (Striped bass female Morone saxatilis x white

bass male *M. chrysops*) and paradise bass (Striped bass female *Morone saxatilis* x yellow bass male *M. mississippiensis*). *Journal of World Aquaculture Society*, v. 29, n. 1, p. 40–50, 1998.

BRAZ, M. Aquicultura brasileira: perspectivas para um dos principais setores do agronegócio mundial. *Aquicultura & Pesca*, nº 16, ano II, p. 20-23, 2005.

BRUMMETT, R.E.; ANGONI, D.E.; POUOMOGNE, V. On-farm and on-station comparison of wild and domesticated Cameroonian populations of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v. 242, p. 157-164, 2004.

CIBERT, C.; FERMON, Y.; VALLOD, D.; MEUNIER, F.J. Morphological screening of carp *Cyprinus carpio*: relationship between morphology and fillet yield. *Aquatic Living Resources*, v. 12, n. 1, p. 1–10. 1999.

CHARO-KARISA, H.; BOVENHUIS, H.; REZK, M.A.; PONZONI, R.W.; VAN ARENDONK, J.A.M.; KOMEN, H. 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*, v.273, p. 15-23, 2007.

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

DA GAMA, L.T.; MATOS, C.P.; CAROLINO, N. Modelos Mistos em Melhoramento Animal. DGV. Arquivos Veterinários. 2004, 281p.

DE HAAS, Y.; JANSSE, L.L.G.; KADARMIDEEN, H.N. Genetic correlation between body condition scores and fertility in dairy cattle using bivariate random regression models. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 124, p. 277-285, 2007.

DIODATTI, F.C. *Medidas morfométricas no peso e rendimento de componentes corporais de tilápia do Nilo (Oreochromis niloticus)*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, 2006.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; SANTOS, G.G. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.60, n.2, p.454-460, 2008

EKNATH, A.E.; BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; TAYAMEN, M.M.; ABELLA, T.A.; CIRCA, A.V.; GJEDREM, T.; PULLIN, R.S.V. Approaches to national fish breeding programs: pointers from a tilapia pilot study. *NAGA, The Iclarm Quartely*, v.14, n.2, p. 10-12, 1991.

EKNATH, A.E.; TAYAMEN, M.M.; PALADA-DE VERA, M.S.; DANTING, J.C.; REYES, R.A.; DIONISIO, E.E.; CAPILI, J.B.; BOLIVAR, H.L.; ABELLA, T.A.; CIRCA, A.V.; BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; GJEDREM, T.; PULLIN, R.S.V. Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture*, v.111, p. 171-188, 1993.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. The State of World Fisheries and Aquaculture 2006. Disponível em (www.fao.org/docrep/009/a0699e/a0699e00.htm). Acesso em (05/09/2008).

FITZSIMMONS, K. Tilapia: the most important aquaculture species of the 21st century. In: FITZSIMMONS, K.; CARVALHO FILHO, J. (Eds.), *Tilapia Aquaculture in the 21st Century*, Proceedings from the Fifth International Symposium on Tilapia Aquaculture, vol. 1. Ministry of Agriculture, Rio de Janeiro, Brazil, p. 3, 2000.

- GJEDREM, T. Selective breeding to improve aquaculture production. *World Aquaculture*, março, p. 33-45, 1997.
- GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research*, v.31, p. 25-33, 2000.
- HAZEL, L.N. The genetic bases for constructing selection indexes. *Genetics*, v. 28, p. 476, 1943.
- HUANG, C.M.; CHANG, S.L.; CHENG, H.J.; LIAO, I.C. Single gene inheritance of red body coloration in taiwanese rede tilapia. *Aquaculture*, v.74, p. 227-232, 1988.
- HUANG, C. M.; LIAO, I. C. Response to mass selection for growth rate in *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v. 85, n. 1/4, p. 199-205, 1990.
- HULATA, G. Genetic manipulations in aquaculture, a review of stock improvement by classical and modern technologies. *Genetica*, v.111, p.155-173, 2001.
- HULATA, G.; WOHLFARTH, G.; HALEVY, A. Mass selection for growth rate in the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, v. 57, p. 177– 184, 1986.
- KAUSE, A.; RITOLA, O.; PAANANEN, T.; MÄNTYSAARI, E.; ESKELINEN, U. Coupling body weight and its composition: a quantitative genetic analysis in rainbow trout. *Aquaculture*, v. 211, p. 65–79. 2002.
- 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*, v. 275, p. 64–69, 2008.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the Inheritance, Selection and Evolution of Growth Trajectories. *Genetics*, v.124, p.979-993, 1990.
- KRONERT, U.; HÖRSTGEN-SCHWARK, G.; LANGHOLZ, H. J., Prospects of selecting late maturing in tilapia (*Oreochromis niloticus*). Family studies under laboratory conditions. *Aquaculture*, v. 77, p. 113-121, 1989.
- KUBITZA, F. Tilápias na boda de cristal. *Panorama da Aqüicultura*, v. 17, n° 99, p. 14-21, 2007.
- LYMBERG, A.J.; DOUPÉ, R.G.; JENKINS, G.; THORNE, T. Genetics in the aquaculture industry. *Aquaculture Research*, v.31, p. 1-2, 2000.
- MCKAY, L.R.; SCHAEFFER, L.R.; MCMILLAN, I. Analysis of growth curves in rainbow trout using random regression. Proc. 7th WCGALP, Comunicação n°. 06–11. 2002.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livest. Prod. Sci.*, v.86, p.69–83, 2004.
- MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. *Livest. Prod. Sci.*, v.47, p.185–200, 1997.
- NGUYEN, N.H.; KHAW, H.L.; PONZONI, R.W.; HAMZAH, A.; KAMARUZZAMAN, K. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture*, v. 272S1, p. S38-S46, 2007.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.*, v.81, n.4, p.918–926, 2003.

- OLDORF, W.; KRONERT, U.; BALARIN, J.; HALLER, R.; HÖSTANGEN-SCHWARK, G.; LANGHOLZ, H.J. Prospects of selecting for late maturity in tilapia (*Oreochromis niloticus*) II. Strain comparison under laboratory and field conditions. *Aquaculture*, v.77, p.123-133, 1989.
- PEREIRA, J.C.C. Melhoria Genética Aplicada à Produção Animal, 5. ed. FEPMVZ, Belo Horizonte, Br. 2008.
- PONZONI, R.W.; KHAW, H.L.; NGUYEN, H.N. Investment appraisal of genetic improvement programs in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, v. 269, p.187–199, 2007.
- QUILLET, E.; GUILLOU, S.L.; AUBIN, J.; FAUCONNEAU, B. Two-way selection for muscle lipid content in pan-size rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*, v. 245, p. 49–61. 2005.
- ROBBINS, K.R.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. *J. Anim. Sci.*, v.83, n.1, p.29–33, 2005.
- RODRIGUES DE SOUZA, M.L., MACEDO-VIEGAS, E.M. Effects of filleting methods on processing yield of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Proc. 5th Int. Symp. Tilapia Aquacult., Rio de Janeiro, 3–7 Sept., pp. 451–457. 2000
- ROMANA-EGUIA, M.R.R.; IKEDA, M.; BASIAO, Z.U.; TANIGUCHI, N. Genetic diversity in farmed Asian Nile and red hybrid tilapia stocks evaluated from microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Aquaculture*, v. 236, p. 131–150. 2004.
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUI, H.; KOMEN, H. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v. 231, p. 113–122. 2004.
- RUTTEN, M.J.M.; KOMEN, H.; BOVENHUIS, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture*, v. 246, p. 101–113. 2005a.
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v. 246, p. 125–132. 2005b.
- RYE, M; GJERDE, B. Phenotypic and genetic parameters of composition traits and flesh colour in Atlantic salmon. *Aquaculture Research*, v. 27, p. 121–133, 1996.
- SANTOS, V.B. *Crescimento morfológico e alométrico de linhagens de tilápia (*Oreochromis niloticus*)*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, 2004.
- SCHAEFFER, L.R. Random regression. 2001. <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ANSC637/LRS14>. Acesso em: abr. 2010.
- SCHAEFFER, L.R. Random regression models: a longitudinal perspective. *J. Anim. Breed. Genet.*, v. 125, p. 145-146, 2008.
- SCHNYDER, U.; HOFER, A.; LABROUE, F.; KÜNZI, N. Multiple trait model combining random regressions for daily feed intake with single measured performance traits of growing pigs. *Genet. Sel. Evol.*, v. 34, p. 61–81. 2002.
- SILVA, M.A.; THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D.; TORRES, R.A.; DE FARIA, J.C. Modelos Lineares Aplicados ao Melhoramento Genético Animal. Primeira edição. Editora PEPMVZ. Belo Horizonte, 2008, 375p.

SILVA, P.C.; SOUZA, V.L.; CANTISANI PADUA, D.M.; DALACORTE, P.C.; GONCALVES, D.C. Effect of stocking density on growth and fillet composition of tetra hybrid red tilapia, Israeli strain. Proc. 5th Int. Symp. Tilapia Aquacult., Rio de Janeiro, 3– 7 Sept., pp. 341–345. 2000

SOUZA, M.L.R.; CASTAGNOLLI, N.; KONKRA, S.N. Influência das densidades de estocagem e sistema de aeração sobre o peso e características de carcaça de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). *Acta Scientiarum*, v.20, n.3, p.387-393, 1998.

VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, J.C.C.; FRIDRICH, A.B.; FERREIRA, I.C.; CORRÊA, G.S. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais nelore das regiões sudeste e centro-oeste. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.60, n.2, p.389-400, 2008.

VAN DER WERF, J. Random regression in animal breeding. Course notes. Jaboticabal, 2001. Disponível em: <http://www.personal.une.edu.au/~jvanderw/CFcoursenotes.pdf> . Acesso em abr. 2010.

VAN SANG, N.; THOMASSEN, M.; KLEMETSDAL, G.; GJØEN, H.M. Prediction of fillet weight, fillet yield, and fillet fat for live river catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). *Aquaculture*, v. 288, p. 166–171. 2009.

VELASCO, R.R.; JANAGAP, C.C.; DE VERA, M.P.; AFAN, L.B.; REYES, R.A.; EKNATH, A.E. Genetic improvement of farmed tilapias: estimation of heritability of body and carcass traits of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, v. 137, p. 280– 281. 1995.

CAPÍTULO 2

ESTUDOS GENÉTICOS LONGITUDINAIS DE PESO, RENDIMENTO DE FILÉ E MEDIDAS MORFOMÉTRICAS EM TILÁPIAS DO NILO (*O. niloticus*).

Longitudinal genetic analysis of body weight, fillet yield and body measurements of Nile tilapia (Oreochromis niloticus).

RESUMO

Estudos genéticos longitudinais do peso vivo, carcaça e filé, rendimento de carcaça e filé e medidas morfométricas (altura, largura, comprimento padrão, da cabeça e correto) de tilápias do Nilo, medidos entre os 106 e 245 dias de idade foram realizados por meio de regressão aleatória. A comparação do ajustamento dos modelos que incluíam ou não o efeito de família e admitiam heterogeneidade ou homogeneidade de variância residual foi feita pelo critério de informação Bayesiano (BIC). Para peso vivo, os menores valores de BIC foram observados para os modelos que admitiram heterogeneidade de variância ou heterogeneidade de variância residual e efeito de família. Quando o efeito de família foi considerado no modelo, as herdabilidades do peso vivo variaram de baixas a altas, <0,10 a 0,50, ao longo das idades estudadas. As correlações genéticas entre peso vivo à diferentes idades foram acima de 0,60. O menor BIC na análise do rendimento de filé foi observado para o modelo que admitia homogeneidade de variância residual, sendo que a inclusão do efeito de família não resultou em melhoria no ajustamento do modelo. As herdabilidades do rendimento de filé e carcaça variaram de moderadas a altas, 0,32 a 0,52, sugerindo a possibilidade de melhoria genética destas características. O modelo que melhor ajustou na análise do rendimento de filé foi também adotado nas análises das características morfométricas. As herdabilidades das características morfométricas foram altas, ao longo das idades estudadas, mas as correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para estas características e os preditos dos rendimentos de filé e carcaça variaram de moderadas a baixas, <0,33, implicando em pequena resposta correlacionada de rendimentos cárneos se a seleção for praticada nas características morfométricas.

Palavras-chave: modelo de regressão aleatória, tilápia do Nilo, rendimento de filé, peso vivo, componente de variância.

ABSTRACT

Longitudinal genetic analysis of body weight, carcass and fillet weights, fillet and carcass yields, and body measurements (height, width, standard length, head length and correct length), recorded from 106 to 245 days of age of Nile tilapia were performed using random regression models. The models including or not family effect, and considering homogeneity or heterogeneity of residual variance were compared by the Bayesian information criteria (BIC). For body weight analyses, models including family effect and heterogeneity of residual variance and considering only heterogeneity of residual variance had the smallest BICs. Estimated body weight heritability ranged from small to high, <0.10 to 0.50, for all age studied, when family effect was included in the model. The genetic correlations between body weights at different ages were high, over 0.60. The model with the smallest BIC for fillet yield analysis included the homogeneity of residual variance. The fillet and carcass dress yield heritability ranged from moderate to high, 0.32 to 0.52, suggesting the possibility of genetic improvement for these traits. The best model for fillet yield was also used in the body measurements analyses. Heritability estimates for these traits were high, for the range of the studied ages. However, Pearson correlation between the predicted genetic values of these traits and the predicted genetic values of fillet and carcass dress yields ranged from moderate to low, <0.33, suggesting a small contribution of these traits for the genetic correlated response of fillet and carcass dress yield.

Key-words: random regression model, Nile tilapia, fillet yield, body weight, variance components.

1. INTRODUÇÃO.

A maioria dos estoques de tilápia do Nilo (*O. niloticus*) ainda é geneticamente similar aos selvagens (Eknath et al., 1991; Lymbery et al., 2000, Brummett et al., 2004). Poucos programas de melhoramento genético já foram implementados para a espécie sendo a taxa de crescimento o principal objetivo destes programas e a seleção massal, o principal método. O rendimento de filé também é considerado característica importante para o aumento de eficiência econômica das cadeias produtivas deste peixe (Rutten et al., 2004). Para este tipo de característica, há necessidade do uso de informações de parentes para a predição de valores genéticos, ou de características correlacionadas, como medidas morfométricas.

Existe pouca informação na literatura sobre estimativas de componentes de (co)variância genética de rendimentos de filé, medidas corporais, além de peso, em tilápias do Nilo. Aparentemente, a baixa herdabilidade da característica rendimento de filé favorece o uso de características correlacionadas para o seu melhoramento. Altas correlações genéticas com medidas morfométricas e as herdabilidades moderadas a altas destas últimas, contribuiriam para a seleção indireta.

Análises genéticas longitudinais destas medidas, avaliando o perfil de (co)variâncias genéticas e ambientais ao longo do crescimento dos peixes, ajudariam a definir a viabilidade do melhoramento genético destas características em populações de tilápias do Nilo. Tal tipo de estudo, por meio de modelo de regressão aleatória, considera a modificação contínua da expressão fenotípica dos animais, bem como dos efeitos que a compõem (fixos e aleatórios), em função da idade dos animais. As estruturas de covariâncias genética e ambientais permitem a obtenção de estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para todo o intervalo considerado da variável independente.

Modelos de regressão aleatória são adequados para modelar características longitudinais como peso e medidas morfométricas, não só por considerarem a estrutura de covariâncias genéticas e ambientais como uma função contínua, mas também por fazerem uso de todas as observações existentes, sem nenhum ajustamento de dados (Valente et al., 2008). Espera-se com isto, um aumento de acurácia com uso desta metodologia para estas características (Meyer, 2004).

As variáveis peso de filé e carcaça, além de seus rendimentos, não são características que possam ser medidas repetidamente no mesmo animal, porém, a metodologia de regressões aleatórias pode ser empregada no estudo genético das mesmas. As várias observações para estas características, resultantes de mensurações em animais aparentados, ao longo de um determinado intervalo de idades, permitem a estimativa de uma função de covariâncias genéticas para estas variáveis.

O uso da metodologia de regressões aleatórias foi pouco explorado em espécies aquícolas. A princípio, dois estudos foram realizados, um com trutas (Mckay et al., 2002) e outro com tilápias do Nilo (Rutten et al., 2005a). Ambos os trabalhos avaliaram a característica desenvolvimento ponderal. Desta forma, os objetivos deste estudo foram avaliar, por meio de modelos de regressão aleatória, as estruturas de (co)variâncias estimadas para peso, rendimento de filé e medidas morfométricas de tilápias do Nilo da linhagem Chitralada, cultivadas em sistema de recirculação de água; e obter estimativas de correlações entre valores genéticos preditos dos animais mensurados para as medidas morfométricas e valores genéticos preditos de pesos e rendimentos de carcaça e filé.

2. MATERIAL E MÉTODOS.

O estudo foi conduzido nas instalações do Laboratório de Aquicultura da Escola de Veterinária da UFMG. O plantel de tilápias do Nilo da linhagem Chitralada, de propriedade do laboratório, foi usado para originar famílias com controle de pedigree.

Para o experimento, foram marcados com *microchips (pit tags)* de identificação 36 machos e 72 fêmeas. Estes foram acasalados (1 macho com 2 fêmeas), formando 72 famílias de

irmãos-completos e 36 famílias de meio-irmãos. Para isto, cada macho foi alojado em tanque de 1 m³ com duas fêmeas para, ao final de uma semana, serem separados. As fêmeas com ovos na boca foram conduzidas à bacias individuais de 30 litros para finalizarem a incubação. Após uma semana (momento considerado como dia da eclosão), os peixes foram separados das respectivas progênes e devolvidos aos tanques de espera (7 m³). Machos que não formaram duas famílias retornaram à reprodução para produzirem a(s) família(s) faltante(s). Todas as famílias foram geradas em um período de 17 semanas (20 de julho a 30 de novembro de 2009). Os tanques de 1 m³ foram mantidos em sistema de recirculação de água, com sua qualidade controlada para manter conforto e garantir bom desempenho reprodutivo dos animais.

Cada grupo de larvas, após separado da mãe, foi cultivado na bacia de 30 litros por 2 semanas, quando foi transferido para tanque de 75 litros. No momento da transferência, a quantidade de larvas por família foi padronizada em 100. As famílias foram mantidas nos tanques de 75 litros por 6 semanas. Ao final deste período, cada família foi transferida para tanque de 100 litros e reduzida para 50 animais, onde permaneceram por cerca de 8 semanas. Tanto as bacias de 30 l, os tanques de 75 l e os de 100 litros estavam sob mesmo sistema de recirculação de água, mantido entre 27,5 a 28,5 °C.

Entre a décima quinta e a vigésima semana de vida (pós-eclosão) das larvas, grupos de 6 famílias (as mais próximas em idade) foram formados e alojados comunalmente em um tanque circular de 7 m³. As 72 famílias ocuparam, então, 12 tanques de mesma dimensão. Na tentativa de reduzir diferenças entre eles, as mesmas condições de cultivo foram impostas. A qualidade de água de todos os tanques foi mantida por trocas diárias de 50% do seu volume, aeração forçada e aquecimento elétrico com termostato. O manejo alimentar foi o mesmo entre todos os tanques. Os parâmetros físico-químicos das águas dos tanques foram monitorados regularmente e, em nenhum deles, o oxigênio esteve abaixo de 4 mg/l e a amônia acima de 0,5mg/l. Em todos, o pH variou entre 7,0 a 7,5 e a temperatura, entre 25 °C a 26 °C.

No momento da estocagem comunal, os indivíduos das famílias foram identificados com *microchips* e sexados. Em decorrência das sobrevivências desiguais, o número de animais marcados por família foi diferente. Quarenta e oito famílias tiveram de 30 a 36 indivíduos identificados (66,5% do total de famílias), nove famílias (12,5%) tiveram de 22 a 29 indivíduos marcados, duas famílias (3%), de 18 a 21 indivíduos e treze famílias (18,5%), de 9 a 17 indivíduos identificados. Um total de 2.115 animais foi marcado e mensurado.

Peixes não identificados, excedentes de famílias, foram alojados em tanques com menor número de tilápias, garantindo a mesma densidade de estocagem em todos eles. A estrutura de conexão dos dados entre tanques pode ser visualizada no quadro 1.

Os membros de cada família foram medidos em 6 oportunidades, sendo a primeira, no momento da identificação. As informações coletadas em cada animal, em cada oportunidade, foram (figura 1):

- peso (P), em gramas;
- comprimento padrão (CP), em milímetros: medida da extremidade anterior do maxilar inferior até o final do pedúnculo;
- comprimento de cabeça (CC), em milímetros: medida da extremidade anterior do maxilar inferior até o final do opérculo;
- comprimento correto (comprimento do filé), em milímetros: $C_{cor} = CP - CC$;
- altura (A), em milímetros: medida como uma perpendicular ao ânus (à frente do primeiro raio da nadadeira anal);
- largura (L), em milímetros: a maior medida de largura na mesma perpendicular anterior.

A escolha do local em que foram feitas as mensurações de altura e largura nos animais foi influenciada pelos resultados de Diodatti (2006). Neste estudo, dentre três locais de medições, o que apresentou maiores correlações fenotípicas com rendimento de filé foi à frente do primeiro raio da nadadeira anal.

Para as pesagens, foi utilizada balança eletrônica com capacidade para 5000 gramas e precisão de 0,01 gramas e para as medidas morfométricas, paquímetro de 150 mm e ictiômetro de 500mm.

Em cada oportunidade de mensuração, alguns animais por família foram escolhidos aleatoriamente para serem sacrificados, com prévia crionarose, e terem seu peso de carcaça, filé e

respectivos rendimentos registrados. A carcaça foi o peso do animal sem cabeça, cinturas pélvica e torácica (corte oblíquo da cabeça), e vísceras, mas mantidas as escamas. O filé foi o peso do filé do lado esquerdo do peixe, retirado com costelas, pele, descamado, cortado na linha média ventral e multiplicado por dois. Ambos os processos foram feitos manualmente e por somente uma pessoa. Os rendimentos respectivos foram os pesos de carcaça e filé, divididos pelo peso vivo do indivíduo. No sexto momento de mensuração, todos os animais remanescentes de cada família foram sacrificados e tiveram seus rendimentos cárneos (carcaça e filé) medidos. Os sexos dos animais foram confirmados no processo de evisceração.

Quadro 1. Estrutura de conexidade dos dados entre os tanques, relacionando onde cada macho, pai de família, possuiu progênie

| | | TANQUES | | | | | | | | | | | |
|--------|----|---------|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|----|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 |
| MACHOS | 1 | | | X | | | | | | | | | |
| | 2 | | | | | | | | | X | | X | |
| | 3 | | | | X | | | X | | | | | |
| | 4 | | X | | | | | | | | | | |
| | 5 | X | | | | | | | | | | X | |
| | 6 | | | | | | | | X | | | X | |
| | 7 | | | X | X | | | | | | | | |
| | 8 | | | | | | | | | X | X | | |
| | 9 | | | | | | | | | X | X | | |
| | 10 | | X | | | | | | | | | | |
| | 11 | X | | | | | | | | | | | |
| | 12 | | | | | | X | | | | | X | |
| | 13 | | X | | | | | | | | | | |
| | 14 | | | | | X | | | | | | | X |
| | 15 | | | | | X | | | | | X | | |
| | 16 | | | | | | | | X | | | | |
| | 17 | X | | | | | | X | | | | | |
| | 18 | | | | | | X | | | | | | X |
| | 19 | X | | | | | X | | | | | | |
| | 20 | | | | | | | | | X | | X | |
| | 21 | | | | X | | X | | | | | | |
| | 22 | X | | | | | | | | | X | | |
| | 23 | | | | | | | X | | | | | X |
| | 24 | | | | | X | | | | | | | X |
| | 25 | | | X | | X | | | | | | | |
| | 26 | | | | X | | | X | | | | | |
| | 27 | | | | | X | X | | | | | | |
| | 28 | | | | | | | | X | | | | X |
| | 29 | | | X | X | | | | | | | | |
| | 30 | | | | | | | | | X | X | | |
| | 31 | | | | | | | | X | | | | |
| | 32 | | | | | | | X | X | | | | |
| | 33 | | | | X | | | | | X | | | |
| | 34 | | | | | | | | | | X | | X |
| | 35 | | | X | | | | X | | | | | |
| | 36 | | | | | X | | | | | | X | |

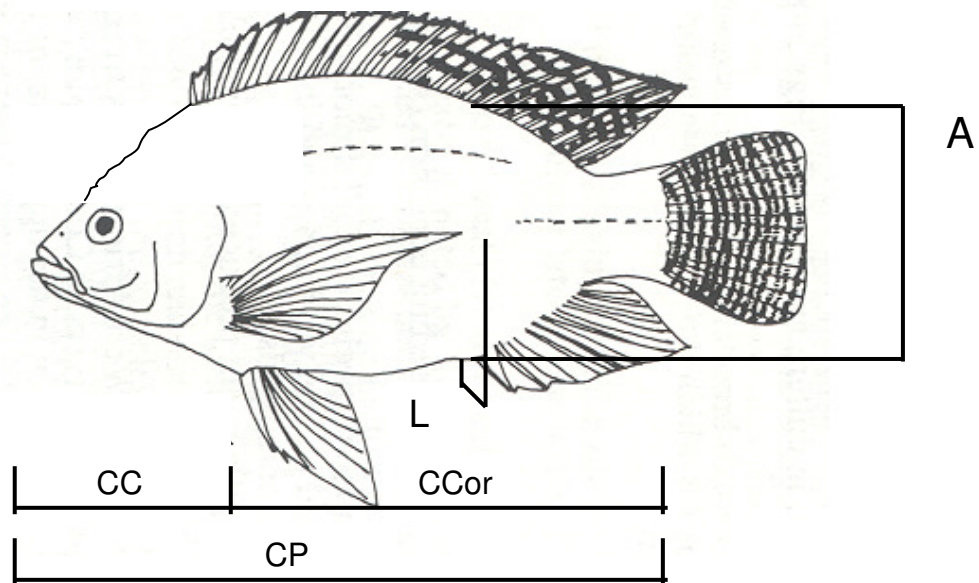


Figura 1. Medidas morfométricas realizadas em cada animal: comprimento padrão (CP), comprimento de cabeça (CC), comprimento correto (CCor), altura (A) e largura (L) (adaptado de Rutten et al. 2004).

Como foram engordados números desiguais de indivíduos por família, a quantidade de tilápias sacrificadas em cada uma das cinco pesagens foi diferente entre as famílias, para garantir em torno de 10 animais vivos para a sexta e última etapa de mensuração. Famílias com quantidade maior do que 30 animais identificados inicialmente, tiveram 4 tilápias escolhidas aleatoriamente em cada uma das cinco primeiras pesagens. Famílias com mais de 22 indivíduos tiveram 3 animais escolhidos. Famílias com mais de 18 indivíduos tiveram 2 animais sacrificados. As famílias com 9 a 17 indivíduos tiveram um animal escolhido em cada pesagem, garantindo pelo menos 4 animais vivos para a sexta etapa.

O intervalo de dias entre cada mensuração variou de 14 a 28 dias, aleatoriamente entre os tanques. Desta forma, dados de medidas dos animais foram distribuídos ao longo de todo o período de engorda avaliado, ou seja, de 106 a 245 dias de idade.

Foi utilizado o critério de informação bayesiano (*BIC*), proposto por Schwarz (1978), para comparar diferentes modelos de regressões aleatórias para as características peso e rendimento de filé. Este teste de comparação permite a escolha de modelos não aninhados mais parcimoniosos, pois aplica fator de “penalização” proporcional ao número de parâmetros do modelo como forma de regularização (Felipe, 2010):

$$BIC = -2\ln(L) + p\ln(n)$$

em que, *L* refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança do modelo estimado, *p* ao número de parâmetros e *n* ao número de observações ou tamanho da amostra. O modelo com *BIC* de menor valor é o escolhido, segundo este critério.

Para o estudo da característica peso, foram comparados quatro modelos diferentes. Em todos eles os efeitos fixos sexo e tanque de cultivo comunal e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente foram comuns. Os modelos diferiram pela inclusão ou não do efeito aleatório de família (Martinez et al., 1999, Pante et al., 2002), que compreende efeitos genéticos não-aditivos, efeitos genéticos maternos e efeitos de ambiente comum, e por considerar o efeito residual como constante em todo o período ou heterogêneo que incluía classes de idade (10 classes, intervalos de 14 dias).

Para a característica rendimento de filé também foram comparados quatro modelos diferentes. Em todos eles os efeitos fixos sexo e tanque de cultivo comunal e o efeito aleatório genético aditivo direto foram comuns. Os modelos variaram pela inclusão ou não do efeito de família e por considerar o efeito residual como constante em todo o período ou heterogêneo entre classes de idade (10 classes, intervalos de 14 dias). Admitiu-se o modelo escolhido para a característica rendimento de filé, pela comparação dos valores de *BIC*.

Para o estudo longitudinal das características peso e medidas morfométricas, foram utilizadas informações de 2.042 peixes marcados, independente deles apresentarem uma, duas ou seis medidas para cada característica, gerando 8.758 dados para cada variável. Para os estudos longitudinais de pesos de carcaça e filé e seus respectivos rendimentos, foram utilizadas as informações dos mesmos 2.042 peixes, gerando 2.042 dados para cada uma destas características.

Funções de polinômios ortogonais de Legendre de ordem três (ou seja, com três coeficientes de regressão: constante, linear e quadrático) foram utilizados para descrever tanto os efeitos fixos quanto os aleatórios. Para fazer a conversão das covariáveis de idade para polinômios de Legendre foi necessária a transformação da idade para uma escala de -1 a 1 . A idade transformada i pode ser definida como:

$$i = -1 + 2 \cdot \left(\frac{\text{idade na coleta da observação} - \text{idade mínima}}{\text{idade máxima} - \text{idade mínima}} \right)$$

Os polinômios de Legendre, até o de ordem três, definidos em função da idade padronizada i foram (Schaeffer, 2001):

$$P_0(i) = 1$$

$$P_1(i) = i$$

$$P_{n+1}(i) = \frac{1}{n+1} \left((2n+1) \cdot i \cdot P_n(i) - n \cdot P_{n-1}(i) \right)$$

$$P_2(i) = \frac{1}{2} (3i^2 - 1) = \frac{3}{2} i^2 - \frac{1}{2}$$

Após o processo de ortogonalização, os polinômios foram normalizados:

$$\phi_n(i) = \left(\frac{2n+1}{2} \right)^{1/2} P_n(i)$$

$$\phi_0(i) = \left(\frac{1}{2} \right)^{1/2} \cdot 1 = 0,70710671$$

$$\phi_1(i) = \left(\frac{3}{2} \right)^{1/2} i = 1,224744871 i$$

$$\phi_2(i) = \left(\frac{5}{2} \right)^{1/2} \cdot \left(\frac{3}{2} i^2 - \frac{1}{2} \right) = -0,790569415 + 2,371708245 i^2$$

Apresentados os polinômios de Legendre em função da idade i , o modelo mais completo avaliado (incluindo efeito de família e heterogeneidade de variância residual), em notação matricial, pôde ser definido como:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2p + Z_3f + e ;$$

com as seguintes esperanças

$$E(y) = Xb$$

$$E(Z_1u) = E(Z_2p) = E(Z_3f) = E(e) = 0 ;$$

e variâncias

$$V(y) = Z_1(A \otimes G)Z_1' + Z_2(I_h \otimes P)Z_2' + Z_3(I_m \otimes F)Z_3' + I_n \sigma_{ek}^2$$

Em que y é o vetor com as observações, b é o vetor com os coeficientes de regressão relativos aos efeitos fixos; u , p e f são vetores com coeficientes de regressão relativos aos efeitos genético aditivo direto, permanente de ambiente e família, respectivamente; X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são matrizes de incidência nas observações dos efeitos nos vetores b , u , p e f , respectivamente, contendo os polinômios de Legendre relativos a cada efeito e idade, e e é o vetor dos resíduos. A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright. G , P e F são as matrizes 3x3 de covariância entre os coeficientes de regressão aleatórios que modelam o efeito genético aditivo direto, permanente de ambiente e família, respectivamente. σ_{ek}^2 é a variância residual que varia em k classes, h é o número de animais que possuem observações, m é o número de fêmeas com filhos e n é o número total de observações.

Os elementos das matrizes G , P e F , bem como a σ_{ek}^2 foram estimados por meio do programa WOMBAT (Meyer, 2006) que utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

Após as estimativas dos componentes de (co)variância necessários para a obtenção das soluções do sistema de equações de modelos mistos, as estimativas das matrizes 3x3 G , P e F permitiram, por meio de funções de covariância, representar a estrutura de (co)variância dos efeitos aleatórios em todo o intervalo de idade considerado. Com as covariâncias estruturadas, foi possível estimar os valores de variância ou covariância para qualquer ponto ou combinações de pontos do intervalo de idade considerado, bem como correlações e herdabilidades diretas.

A covariância genética aditiva, σ_{AiAj} , entre determinadas idades i e j transformadas (pontos quaisquer de um intervalo estudado) pôde ser estimada da seguinte forma:

$$\sigma_{AiAj} = Z_i G Z_j'$$

em que,

G é a matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito genético aditivo direto;

$$Z_i = \begin{vmatrix} \phi_0(i) & \phi_1(i) & \phi_2(i) \end{vmatrix}$$

$$Z_j' = \begin{vmatrix} \phi_0(j) \\ \phi_1(j) \\ \phi_2(j) \end{vmatrix}$$

A variância genética aditiva para determinada idade transformada foi obtida utilizando a mesma operação considerando $i = j$.

A variância de efeito de ambiente permanente foi estimada da mesma forma, alterando G por P , a matriz de covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória atribuídos ao efeito de ambiente permanente.

A correlação genética entre dois pontos quaisquer deste intervalo foi estimada da seguinte forma:

$$r_{AiAj} = \frac{Z_i G Z_j'}{\sqrt{Z_i G Z_i'} \cdot \sqrt{Z_j G Z_j'}}$$

A herdabilidade direta foi estimada da seguinte forma:

$$h_{Ai}^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + Z_i P Z_i' + Z_i F Z_i' + \sigma_{ek}^2}$$

em que i é a idade e k a classe de agrupamento de idades.

O valor genético de um animal foi predito por meio de sua curva específica, definida por seus coeficientes de regressão particulares:

$$VG_{ij} = \alpha_{0j} \phi_0(i) + \alpha_{1j} \phi_1(i) + \alpha_{2j} \phi_2(i)$$

em que,

VG_{ij} = valor genético do animal j na idade transformada i ;

α_{0j} , α_{1j} e α_{2j} = coeficientes de regressão específicos do animal j para os efeitos intercepto, linear e quadrático, respectivamente;

$\phi_0(i)$, $\phi_1(i)$ e $\phi_2(i)$ = polinômios estimados à idade transformada para os efeitos intercepto, linear e quadrático, respectivamente.

Foram preditos os valores genéticos dos animais para peso, peso de filé, peso de carcaça, medidas morfométricas e rendimentos cárneos (carcaça e filé) para as idades 120, 150, 180 e 210 dias pós-eclosão. Correlações de Pearson entre estes valores genéticos foram estimadas. Desta forma, foi estimada, por exemplo, a correlação entre os valores genéticos preditos de A120 (altura aos 120 dias de idade) e RF210 (rendimento de filé aos 210 dias de idade), dentre as outras.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.

Os resultados fenotípicos médios, seus desvios-padrão, coeficientes de variação e valores mínimos e máximos observados em todas as características estudadas estão apresentados na tabela 1. Dado o intervalo de idades avaliadas, 106 a 245 dias pós-eclosão, os valores mínimos e máximos de quase todas as características foram bastante diferentes e os coeficientes de variação foram grandes, à exceção das características de rendimento.

Ressalta-se o resultado médio obtido para rendimento de filé, 46,51%. O valor foi acima daqueles encontrados na literatura, e o coeficiente de variação, 5,65%, menor. A forma de retirada do filé provavelmente explica estes resultados. O método de filetagem, mantendo a pele e costelas, e feito manualmente, aumenta o valor do rendimento médio, com maior controle da variação, quando executado por pessoas treinadas. Rutten et al. (2005b) obtiveram média de 37,3% para a característica e CV de 15,5%. Retiraram o filé de forma próxima, porém por meio de máquina, método que não inclui todo o filé da parte ventral do animal e pode aumentar a variação dos resultados, em razão da regulagem do equipamento. Diodatti (2006) encontrou resultados médios de 32,63% e

31,33% para as duas linhagens que estudou, ao retirar o filé sem pele, escamas e costelas, manualmente. Este método apresenta valores médios menores, pela ausência da pele e da costela, mas mesmo realizado por pessoas treinadas pode apresentar grandes variações exatamente na retirada destas estruturas.

Na figura 2 são apresentadas as curvas de desempenho de machos e fêmeas, a partir dos dados fenotípicos brutos. Os machos tiveram maior taxa de crescimento. O resultado de desempenho encontrado está abaixo do que Rutten et al. (2005a) obtiveram. A temperatura em que as tilápias foram cultivadas durante o período estudado, 26°C, abaixo da ideal para a espécie (28°C), e diferenças entre as linhagens avaliadas, provavelmente são as explicações do resultado.

Os resultados referentes aos testes de comparação de modelos para a característica peso estão descritos na tabela 2. Os menores valores de BIC (*Bayesian information criteria*) foram dos modelos em que se admitiu heterogeneidade de variância residual ou heterogeneidade de variância residual e efeito de família. Contudo, apesar dos valores serem próximos, o último foi o que apresentou BIC menor e se ajustou melhor aos dados.

Tabela 1. As médias (μ), desvios-padrão (σ), coeficientes de variação (CV, em porcentagem) e valores mínimos (min.) e máximos (max.) do peso (P, em gramas), peso de filé (PF, em gramas), peso de carcaça (PCar, em gramas), rendimento de filé (RF, em %), rendimento de carcaça (RCar, em %), altura (A, em mm), largura (L, em mm), comprimento padrão (CP, em mm), comprimento de cabeça (CC, em mm) e comprimento correto (Ccor, em mm)

| Características | μ | σ | CV | min. | max |
|-----------------|--------|----------|-------|-------|--------|
| P | 145,08 | 94,91 | 65,42 | 4 | 581 |
| PF | 87,52 | 54,18 | 61,90 | 4,46 | 290,88 |
| PCar | 116,24 | 65,88 | 56,67 | 5,32 | 355,75 |
| RF | 46,51 | 2,63 | 5,65 | 27,76 | 58,93 |
| RCar | 58,11 | 2,72 | 4,68 | 34,43 | 75,07 |
| A | 51,93 | 13,67 | 26,32 | 16 | 97 |
| L | 17,42 | 4,55 | 26,11 | 5 | 32 |
| CP | 147,75 | 35,68 | 24,14 | 58 | 320 |
| CC | 47,98 | 11,55 | 23,99 | 20 | 93 |
| Ccor | 99,78 | 24,63 | 24,68 | 31 | 247 |

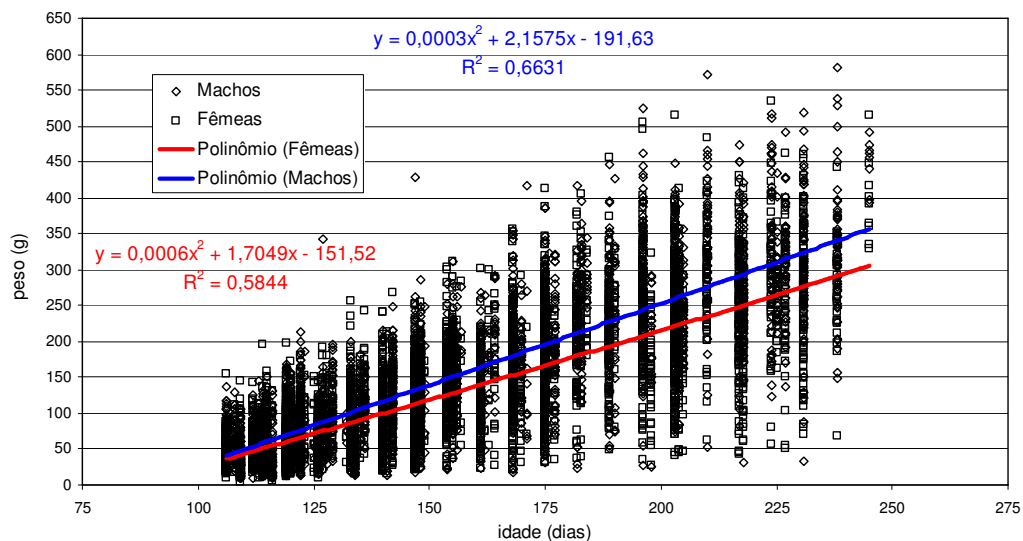


Figura 2. Curvas de peso de machos e fêmeas em função da idade.

Tabela 2. Comparação de modelos de regressões aleatórias para a característica peso, pelo critério de informação bayesiano (BIC), admitindo homogeneidade de variância residual (HOM), homogeneidade de variância residual e efeito de família (HOM + F), heterogeneidade de variância residual (HET) e heterogeneidade de variância residual e efeito de família (HET + F)

| Modelo | n | p | Log | BIC |
|---------|------|----|-------------|------------|
| HOM | 8758 | 13 | -30.519,531 | 61.157,072 |
| HET | 8758 | 22 | -30.105,550 | 60.410,809 |
| HOM + F | 8758 | 19 | -30.493,919 | 61.160,315 |
| HET + F | 8758 | 28 | -30.078,176 | 60.410,528 |

Os perfis de variâncias ao longo do período de intervalo de idades estudado estão apresentados na figura 3. O gráfico representa a oscilação da variância fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe), do efeito de família e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual.

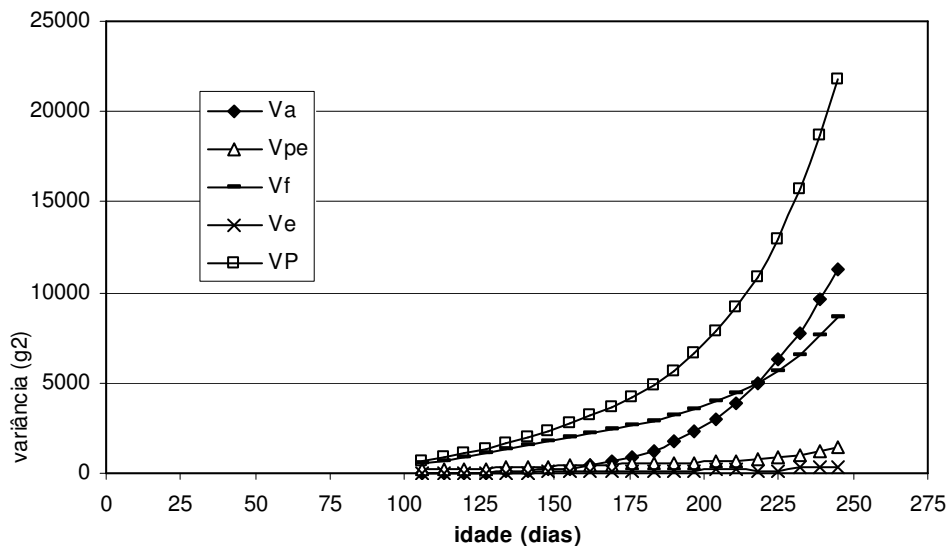


Figura 3. Variâncias da característica peso dos efeitos genético aditivo direto (Va), permanente de ambiente (Vpe), de família (Vf), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual.

As variâncias aumentaram ao longo do intervalo de idades estudado, a uma taxa maior no final, provavelmente em razão do pequeno número de observações nesta fase, conforme Kirkpatrick et al. (1990). A variância residual foi heterogênea ao longo do intervalo de idades e, em relação às outras variâncias, foi bem menor. O rigoroso controle experimental pode explicar estes valores pequenos. O sistema de recirculação de água, em que os animais foram cultivados, facilita a manutenção das mesmas condições ambientais para os animais em diferentes famílias contribuindo para a redução da variância residual. Resultado parecido foi obtido por Rutten et al. (2005a), onde as variâncias residuais foram menores que $1.000g^2$, comparada a uma variância fenotípica de mais de $10.000g^2$.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo direto foi menor à atribuída ao efeito de família, por quase todo o intervalo de idades estudado. Aos 220 dias de idade, a variância genética aditiva passa a ser maior do que a variância do efeito de família. Parte das diferenças entre as famílias é atribuída ao efeito genético aditivo direto e parte às diferenças de ambiente comum, efeito genético aditivo materno e outros efeitos genéticos, atribuídos ao efeito de família. Há, portanto, certo confundimento na estimativa de ambas as variâncias. Desta forma, a inclusão do efeito de família resultou em dados de variância genética aditiva direta provavelmente menores que os valores paramétricos.

Na figura 4, o gráfico representa a oscilação da herdabilidade (V_a/VP), do efeito de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica (V_{pe}/VP) e do efeito de família como proporção da variância fenotípica (V_f/VP), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual.

Com este estudo, percebe-se a importância da variância do efeito de família como proporção da variância fenotípica, ao longo de quase todo o período. O cultivo das famílias de irmãos-completos, em separado, por 15 a 20 semanas pós-eclosão, até seu cultivo comunal, provavelmente explica o resultado encontrado. Este período que as famílias estiveram separadas contribuiu para a diferença entre elas e a semelhança dos indivíduos dentro das famílias. Apesar disso, a partir dos 180 dias de idade, os valores de herdabilidade passam a ser moderados a altos ($>0,25$ a $0,50$), sugerindo maiores ganhos genéticos para esta característica se a seleção for praticada deste período em diante. Provavelmente, a trajetória da herdabilidade para esta população deva ser uma curva com valores maiores do que a apresentada, dado o confundimento na estimativa das variâncias.

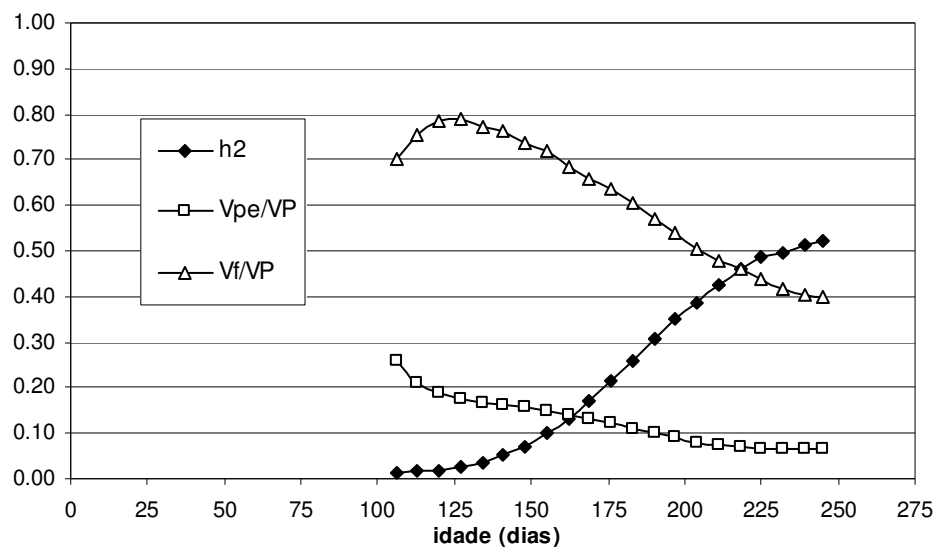


Figura 4. Variâncias da característica peso dos efeitos genético aditivo direto (h^2), permanente de ambiente (V_{pe}/VP) e de família (V_f/VP), como uma proporção da variância fenotípica em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual.

Os componentes de (co)variância estimados das dez classes de resíduos e dos coeficientes de regressão aleatória das matrizes de covariância dos efeitos genético aditivo direto, ambiente permanente e de família para a característica peso, em modelo de regressões aleatórias em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância, estão descritos na tabela 3.

A presença de autovalores das matrizes G , P e F próximos de zero e a importância proporcional de cada autovalor (%) foram indicativos da não necessidade de elevação da ordem do polinômio de Legendre assumido (três), conforme Nobre et al. (2003).

De maneira geral, as variâncias estimadas para os coeficientes de regressão aleatória do intercepto (b_0) são maiores do que as estimadas para os coeficientes de regressão aleatória linear (b_1) e quadrático (b_2). Estes coeficientes apresentaram correlações positivas, à exceção do intercepto e quadrático do efeito de ambiente permanente e família.

Correlações genéticas para a característica peso, entre as idades do intervalo, segundo modelo de regressão aleatória escolhido foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 5. As correlações entre todas as combinações de idades foram altas, tendo sido o menor valor 0,63 (entre 106 e 245 dias de idade). A partir de 130 dias de idade pós-eclosão, as correlações genéticas estimadas entre as combinações de idade foram todas maiores do que 0,90. Como se esperava, as correlações entre idades próximas foram maiores que em idades mais distantes no intervalo, também observado por Albuquerque (2004).

As correlações genéticas obtidas por Rutten et al. (2005a), para as combinações de idades distantes, como 106 e 245 dias (correlação genética de 0,20), foram menores aos encontrados no presente estudo. Contudo, entre idades mais próximas, como entre 130 e 200 dias, onde as estimativas são mais confiáveis, as correlações genéticas foram semelhantes, no entorno de 0,90.

Tabela 3. Componentes de (co)variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0), linear (b_1) e quadrático (b_2), variâncias residuais e autovalores das matrizes de covariância dos efeitos genético aditivo direto (G), ambiente permanente (P) e de família (F) para a característica peso

| | Genético aditivo direto (G) | | | Ambiente permanente (P) | | | Família (F) | | | |
|-------------|---------------------------------|--------------|--------------|-----------------------------|--------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|--------------|
| | b_0 | b_1 | B_2 | b_0 | b_1 | b_2 | b_0 | b_1 | b_2 | |
| b_0 | 2855,1 | | | 596,5 | | | 4766,1 | | | |
| b_1 | 2269,9 | 1817,6 | | 224,9 | 429,7 | | 1723,6 | 1347,7 | | |
| b_2 | 555,7 | 447,1 | 110,9 | -143,9 | 62,2 | 77,9 | -135,6 | 281,7 | 190,4 | |
| Autovalores | 4733,96 | 9,19 | 0,54 | 763,6 | 337,6 | 3,12 | 5484,37 | 791,62 | 28,22 | |
| % | 99,80 | 0,19 | 0,01 | 69,15 | 30,57 | 0,28 | 87,00 | 12,56 | 0,45 | |
| Residual | 106-119 dias | 120-133 dias | 134-147 dias | 148-161 dias | 162-175 dias | 176-189 dias | 190-203 dias | 204-217 dias | 218-231 dias | 232-245 dias |
| | 16,67 | 11,58 | 39,21 | 84,68 | 149,84 | 126,78 | 136,88 | 204,67 | 93,56 | 335,49 |

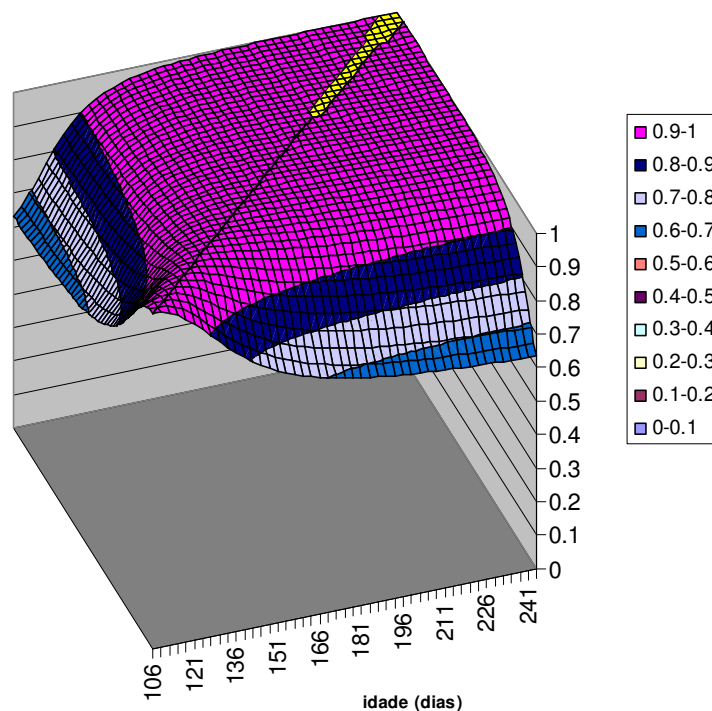


Figura 5. Correlações da característica peso atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu efeito de família e heterogeneidade de variância residual.

As correlações genéticas altas estimadas, mesmo entre os limites do intervalo de idades estudado, são favoráveis a um programa de seleção nesta população. A melhoria genética de peso a idades mais avançadas (como 245 dias) pode ser alcançada por resposta correlacionada por meio de seleção indireta de peso a idades precoces (ex.: 115 dias), ainda que a herdabilidade no início deste intervalo de idades seja menor.

Os resultados referentes aos testes de comparação de modelos para a característica rendimento de filé estão descritos na tabela 4. O menor valor de BIC (*Bayesian information criteria*) foi do modelo em que se admitiu homogeneidade de variância residual. Apesar de mais simples, o modelo se ajustou aos dados tanto quanto os modelos mais complexos (logaritmo natural da função de verossimilhança de mesma magnitude que os outros) e foi menos penalizado pela estimação de menor número de parâmetros. Este modelo foi o escolhido para a continuidade dos estudos.

Tabela 4. Comparação de modelos de regressão aleatória para a característica rendimento de filé, pelo critério de informação bayesiano (BIC), admitindo homogeneidade de variância residual (HOM), homogeneidade de variância residual e efeito de família (HOM + F), heterogeneidade de variância residual (HET) e heterogeneidade de variância residual e efeito de família (HET + F)

| Modelo | n | P | Log | BIC |
|---------|------|----|-----------|-------------|
| HOM | 2042 | 7 | 6.548,718 | -13.044,084 |
| HET | 2042 | 16 | 6.557,962 | -12.993,977 |
| HOM + F | 2042 | 13 | 6.557,171 | -13.015,260 |
| HET + F | 2042 | 22 | 6.567,406 | -12.967,135 |

Os componentes de (co)variância estimados dos coeficientes de regressão aleatória da matriz de covariância do efeito genético aditivo direto e residual para a característica rendimento de filé, em modelo de regressões aleatórias em que se admitiu homogeneidade de variância, estão descritos na tabela 5. As variâncias estimadas para os coeficientes de regressão aleatória do intercepto (b_0) são maiores do que as estimadas para os coeficientes de regressão aleatória linear (b_1) e quadrático (b_2).

Tabela 5. Componentes de (co)variância atribuídos aos coeficientes de regressão do intercepto (b_0), linear (b_1) e quadrático (b_2) e autovalores da matriz de covariância dos efeitos genético aditivo direto, além da variância residual em modelo que admite homogeneidade de variância residual, para a característica rendimento de filé

| Genético aditivo direto | | | |
|-------------------------|------------------------|-----------------------|-----------------------|
| | b_0 | b_1 | b_2 |
| b_0 | $3,12 \times 10^{-4}$ | | |
| b_1 | $-7,76 \times 10^{-5}$ | $2,79 \times 10^{-4}$ | |
| b_2 | $-7,16 \times 10^{-4}$ | $1,96 \times 10^{-5}$ | $1,07 \times 10^{-4}$ |
| Autovalores | 0,00039 | 0,00022 | 0,00008 |
| % | 56,52 | 31,88 | 11,60 |
| Residual | $3,34 \times 10^{-4}$ | | |

Novamente, a presença de autovalores da matriz G próximos de zero e a importância proporcional de cada autovalor (%) foram indicativos da não necessidade da elevação da ordem do polinômio de Legendre.

Os perfis de variâncias da característica rendimento de filé, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 6. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto e do efeito residual (V_e), a partir de modelo de regressão aleatória escolhido.

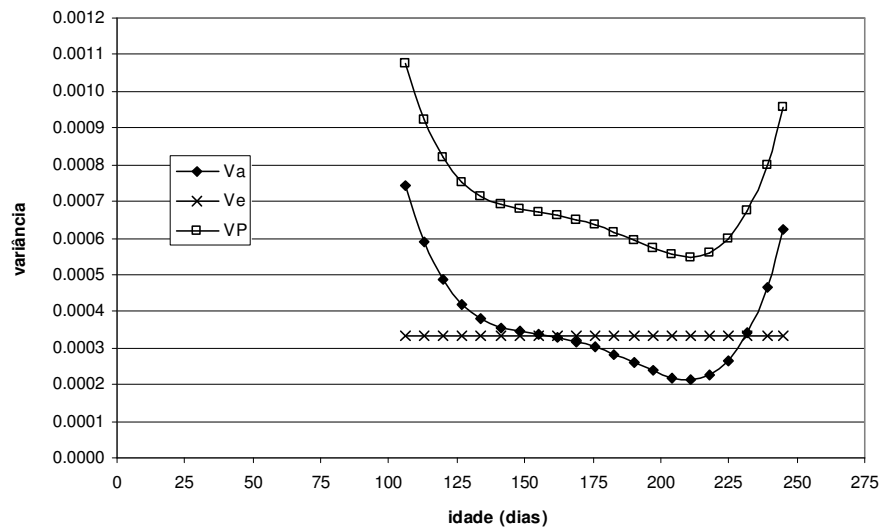


Figura 6. Variâncias da característica rendimento de filé dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou um declínio mais acentuado no início do período de idades estudado e um aumento ao final do mesmo, resultado obtido provavelmente em decorrência do pouco número de observações nestas idades. Entre os 125 e os 215 dias de idade, as estimativas de variância parecem mais confiáveis.

Como se admitiu um modelo com homogeneidade de variância residual, a herdabilidade apresentou um perfil proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 7). Dentro do intervalo de 125 a 215 dias de idade, os valores deste parâmetro oscilaram de 0,55 a 0,38, resultados maiores que 0,12, informação obtida no estudo de Rutten et al. (2005b), único trabalho encontrado na literatura que estimou este parâmetro genético para tilápias do Nilo, a partir de modelo multicaracterística.

Ainda que possa haver maior variância atribuída ao efeito genético aditivo na população do presente estudo comparada às outras avaliadas por Rutten et al. (2005b), o método de retirada de filé, utilizado nesta avaliação, pode ter tido influência nos resultados de herdabilidade moderados a altos obtidos. Erros de filetagem, reduzindo rendimentos de filé, acontecem principalmente, como já dito, no momento da retirada da pele, rebate da carne das costelas e filetagem do segundo lado do peixe. Quanto maiores os erros, sempre diminuindo o valor fenotípico, menos diferentes ficam os animais de maior e menor rendimento de filé e, conseqüentemente, suas estimativas de valores genéticos mais próximas. O método de filetagem utilizado permitiu melhor estimativa das variâncias atribuídas ao efeito genético aditivo e redução da variância residual. Os resultados de herdabilidade sugerem a possibilidade de melhoria genética desta característica, nesta população, em qualquer momento do intervalo de idades estudado, ainda que até os 170 dias os resultados possam ser melhores.

Correlações genéticas para a característica rendimento de filé, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 8. As correlações entre as combinações de idades próximas foram altas, acima de 0,80, principalmente no entorno dos 170 dias pós-eclosão (150 a 190 dias). Porém, foram ainda moderadas, >0,40, ao se combinar idades mais distantes, por exemplo 140 e 200 dias pós-eclosão. Correlações entre idades muito distantes foram baixas, próximas de zero. Valores negativos obtidos foram provavelmente em decorrência de estimativas piores, resultantes de idades com poucas observações (ex.: 106 e 195 dias).

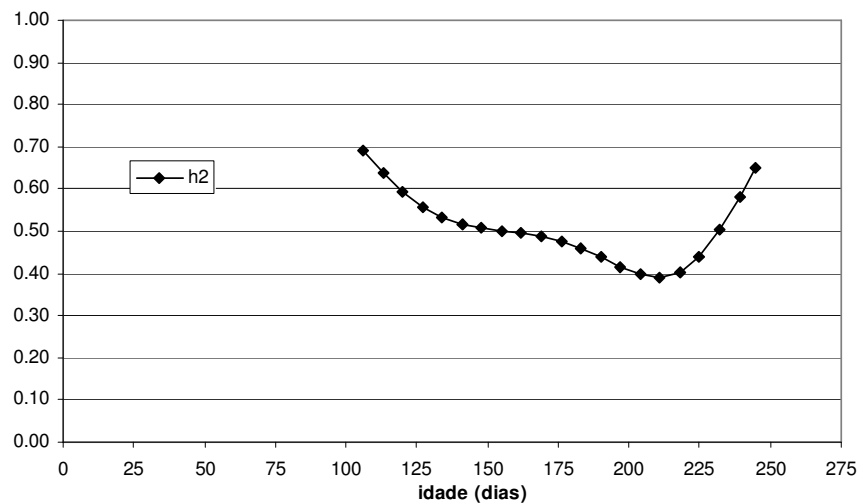


Figura 7. Herdabilidade da característica rendimento de filé em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

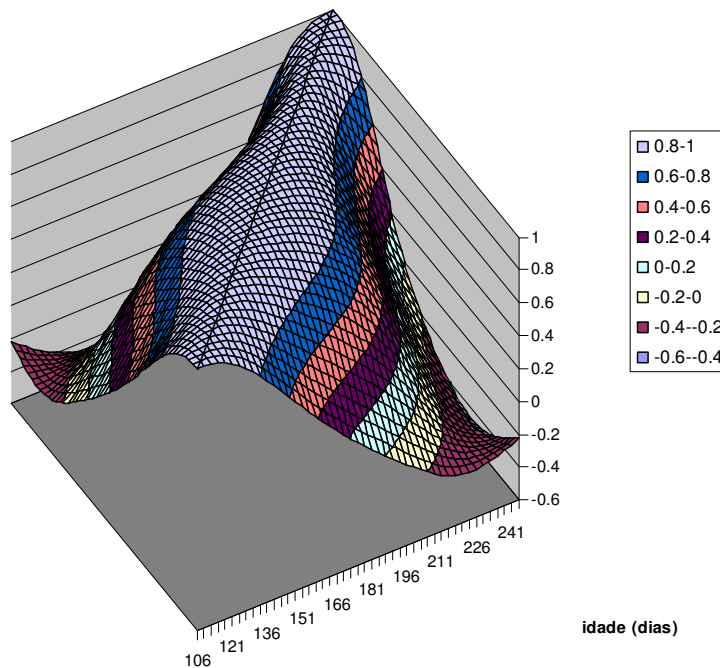


Figura 8. Correlações da característica rendimento de filé atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

As correlações genéticas baixas entre idades distantes implicam em pouco resultado em melhoria genética do rendimento de filé em idades avançadas, por meio de resposta correlacionada a partir de seleções em idades precoces.

Os perfis de variâncias da característica rendimento de carcaça, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 9. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto e do efeito residual (V_e), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou um declínio no início do período de idades estudado, um aumento em torno da idade de 180 dias e um declínio até o final do período estudado.

Como se admitiu um modelo com homogeneidade de variância residual, a herdabilidade apresentou um perfil proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 10). Os valores deste parâmetro oscilaram de 0,33 a 0,54, resultados considerados altos. O perfil obtido para esta característica se assemelhou muito ao da característica rendimento de filé, havendo provavelmente uma correspondência entre elas.

Correlações genéticas para a característica rendimento de carcaça, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 11. As correlações no entorno dos 185 dias pós-eclosão (150 a 220 dias) foram maiores que 0,8. Foram ainda moderadas, 0,60, ao se combinar idades mais distantes, por exemplo 140 e 230 dias pós-eclosão. Correlações entre idades muito distantes foram baixas e próximas de zero.

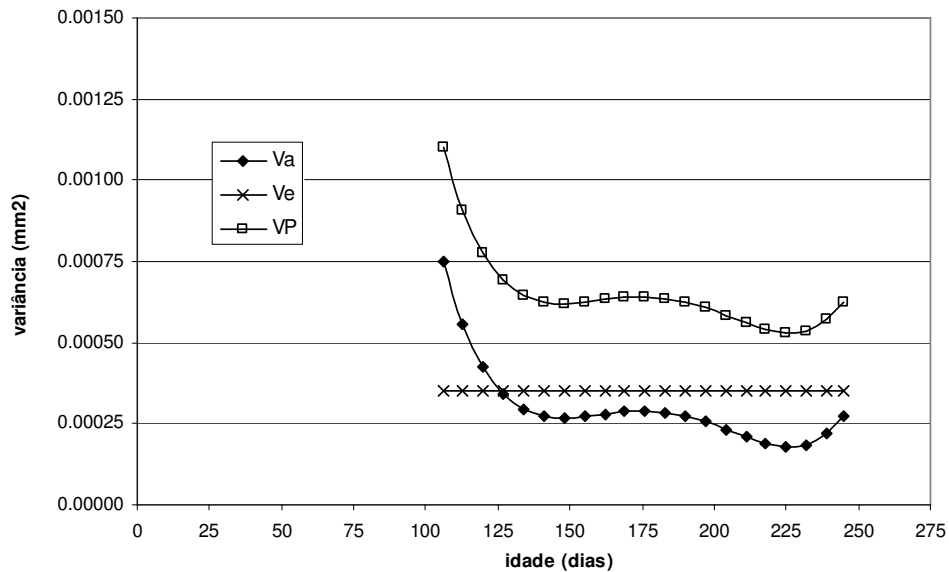


Figura 9. Variâncias da característica rendimento de carcaça dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

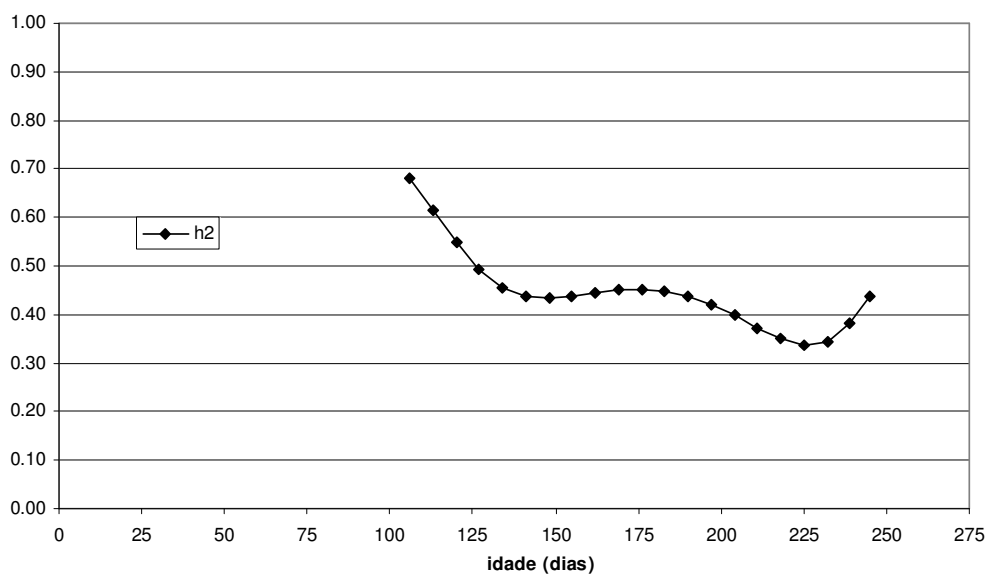


Figura 10. Herdabilidade da característica rendimento de carcaça em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

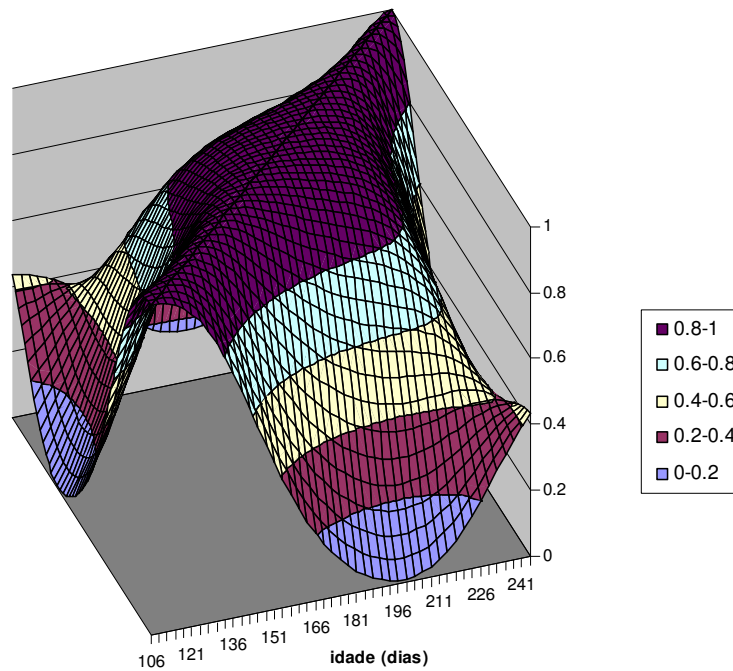


Figura 11. Correlações da característica rendimento de carcaça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica peso de filé, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 12. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto e do efeito residual (V_e), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

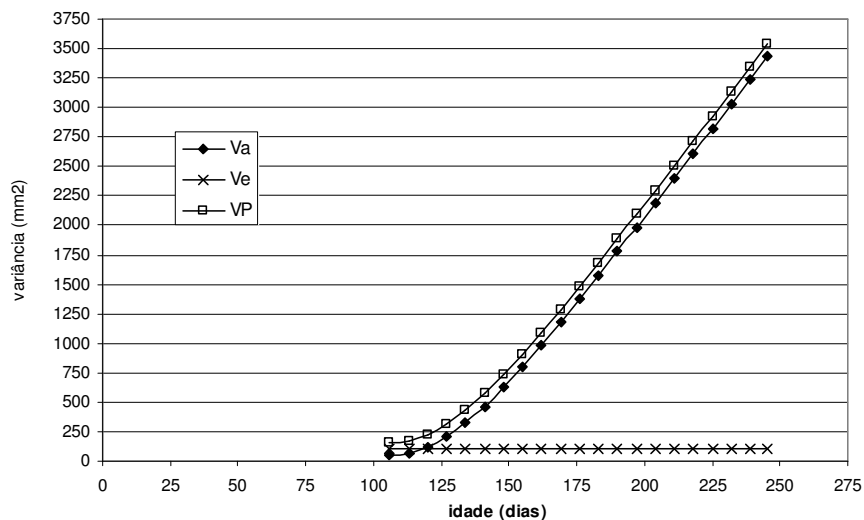


Figura 12. Variâncias da característica peso de filé dos efeitos genético aditivo direto (V_a), residual (V_e) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou grande crescimento ao longo do período de idades estudado, similar ao mesmo componente de variância da característica peso.

O perfil da herdabilidade também apresentou grande crescimento, proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 13). Os valores deste parâmetro variaram de 0,35

a 0,96. Dada a correspondência com peso, estes grandes valores de herdabilidade podem ser resultado de variância genética aditiva inflada pela variância do efeito de família, além da piora da qualidade das estimativas nesta fase, em decorrência das poucas observações. Os resultados encontrados aos 124 dias de idade, se aproximam ao de Velasco et al. (1995), que obtiveram 0,63 para machos e 0,30 para fêmeas, nesta idade. O resultado de Rutten et al. (2005b), 0,24, contudo foi menor. A inclusão de efeito de família em sua análise pode ser parte da explicação desta diferença.

Correlações genéticas para a característica peso de filé, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 14. As correlações entre as combinações de idades acima de 120 dias foram maiores que 0,60, e acima de 140 dias, maiores que 0,80. Combinações entre idades menores que 120 dias e maiores que esta idade foram baixas, próximas de zero, tendo sido estimados valores negativos.

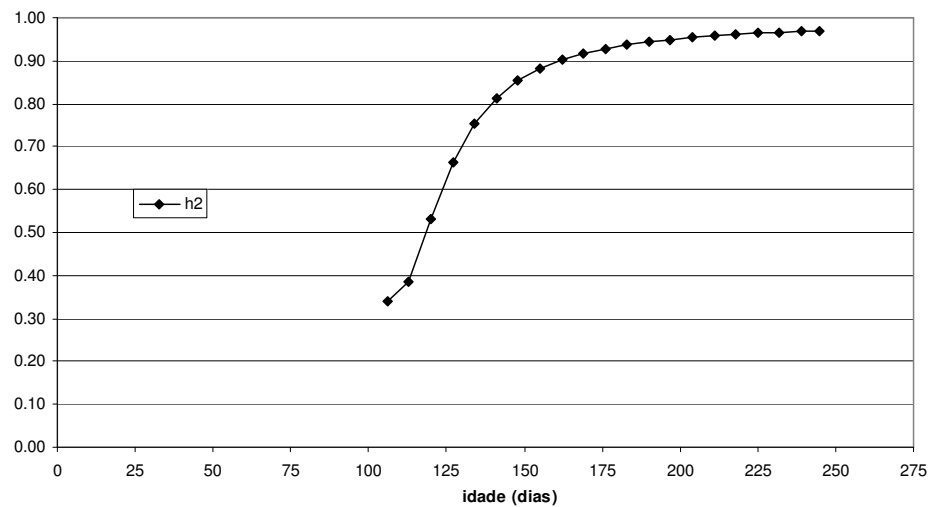


Figura 13. Herdabilidade da característica peso de filé em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

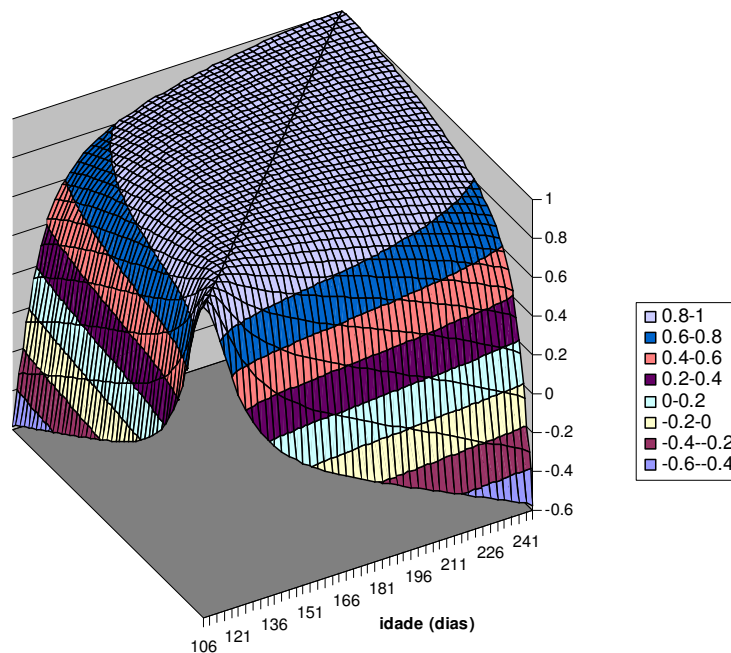


Figura 14. Correlações da característica peso de filé atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 241 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica peso de carcaça, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 15. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

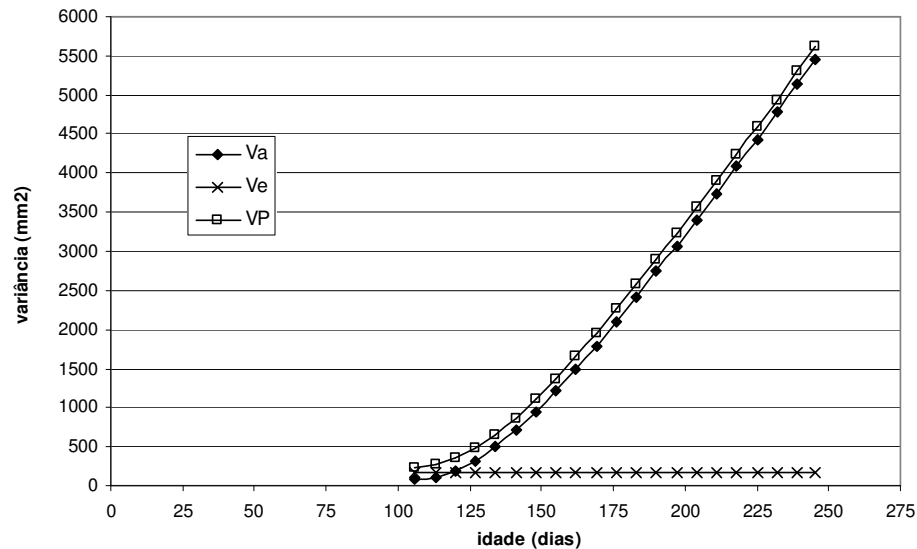


Figura 15. Variâncias da característica peso de carcaça dos efeitos genético aditivo direto (Va), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

À semelhança dos resultados observados para o peso de filé, a variância atribuída ao efeito genético aditivo do peso da carcaça apresentou grande crescimento ao longo do período de idades estudado.

O perfil da herdabilidade também apresentou grande crescimento, proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 16). Os valores deste parâmetro variaram de 0,33 a 0,97. Em torno dos 160 dias de idade a herdabilidade passou de 0,90. Dada a correspondência com peso e peso de filé, estes altos valores de herdabilidade podem ser resultados de variância genética inflada pela variância do efeito de família, além da piora da qualidade das estimativas nesta fase, em decorrência das poucas observações. O resultado encontrado aos 150 dias de idade, 0,85, é menor que o obtido por Silva (2007), 1,00. Contudo, o autor ressalta a baixa qualidade de sua estimativa em razão do pequeno número de observações que utilizou na análise.

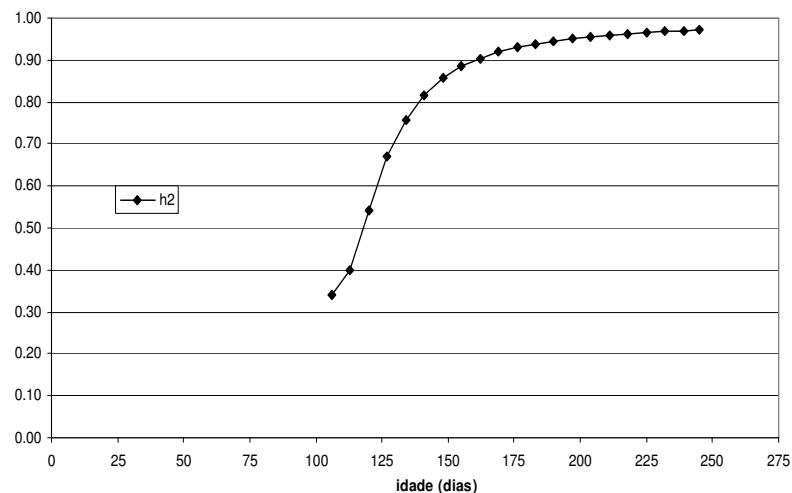


Figura 16. Herdabilidade da característica peso de carcaça em função da idade, estimada a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica peso de carcaça, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 17. As correlações entre as combinações de idades acima de 125 dias foram maiores que 0,60, e acima de 140 dias, maiores que 0,80. Combinações entre idades menores que 125 dias e maiores que esta idade foram baixas, próximas de zero, tendo sido estimados valores negativos, inclusive.

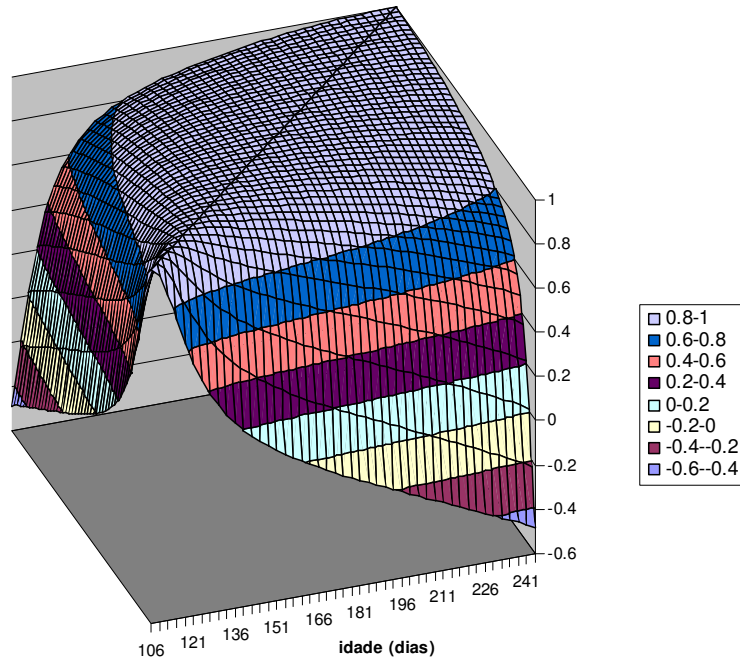


Figura 17. Correlações da característica peso de carcaça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica altura, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 18. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe) e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

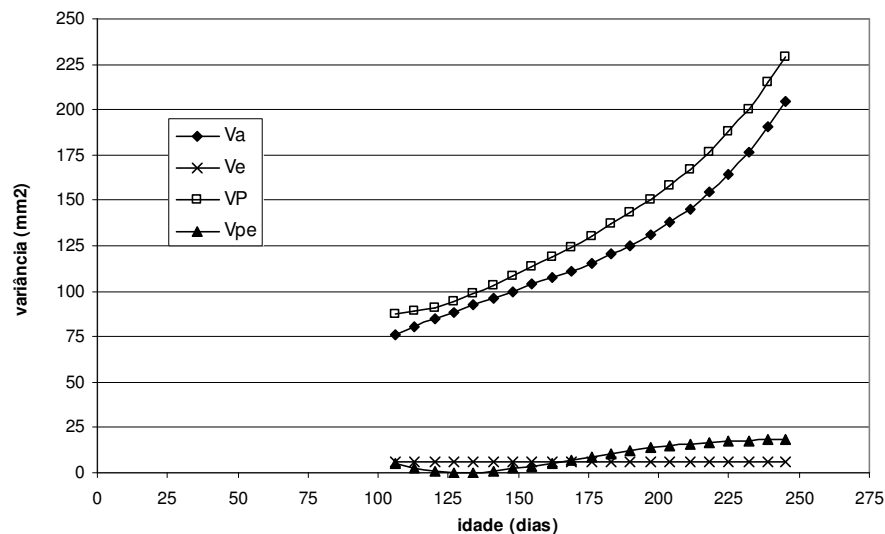


Figura 18. Variâncias da característica altura dos efeitos genético aditivo direto (Va), ambiente permanente (Vpe), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou aumento constante do início ao fim do período estudado. A variância atribuída ao efeito de ambiente permanente oscilou pouco ao longo do intervalo e foi pequena tanto quanto a variância residual. O perfil da herdabilidade foi proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 19). O menor valor estimado deste parâmetro foi 0,86, aos 106 dias e o maior, 0,93, aos 130 dias.

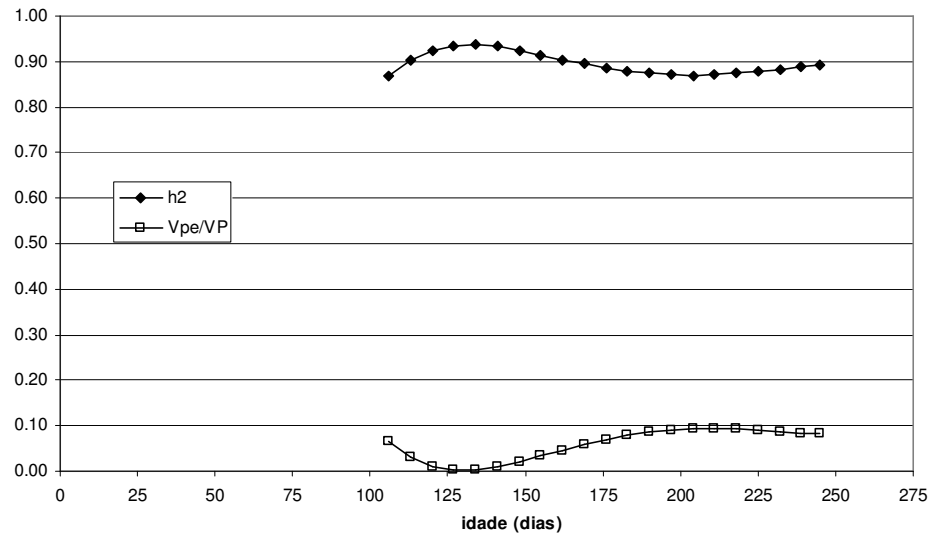


Figura 19. Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica altura em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica altura, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 20. As correlações entre as combinações de idades acima de 145 dias foram maiores que 0,60, e acima de 180 dias, maiores que 0,80. Combinações entre idades menores que 120 dias e maiores que esta idade foram baixas, menores que 0,40.

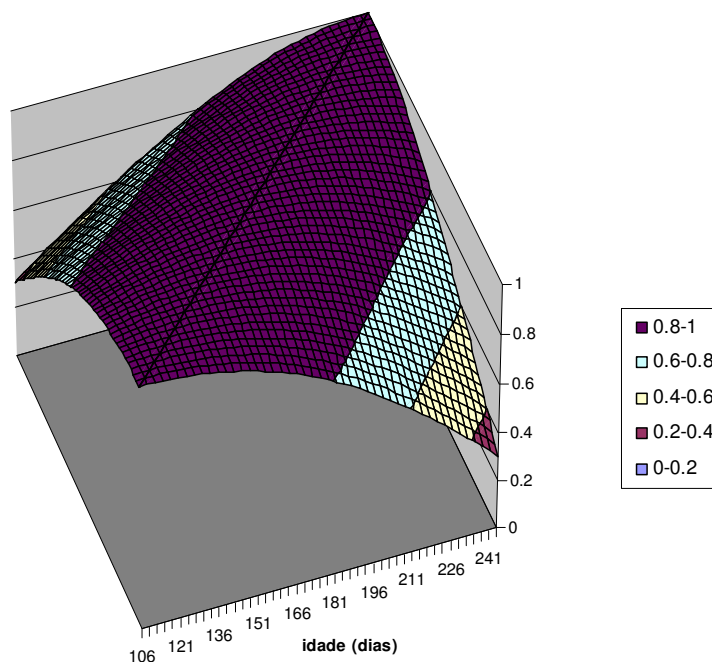


Figura 20. Correlações da característica altura atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica largura, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 21. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe) e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressões aleatórias em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

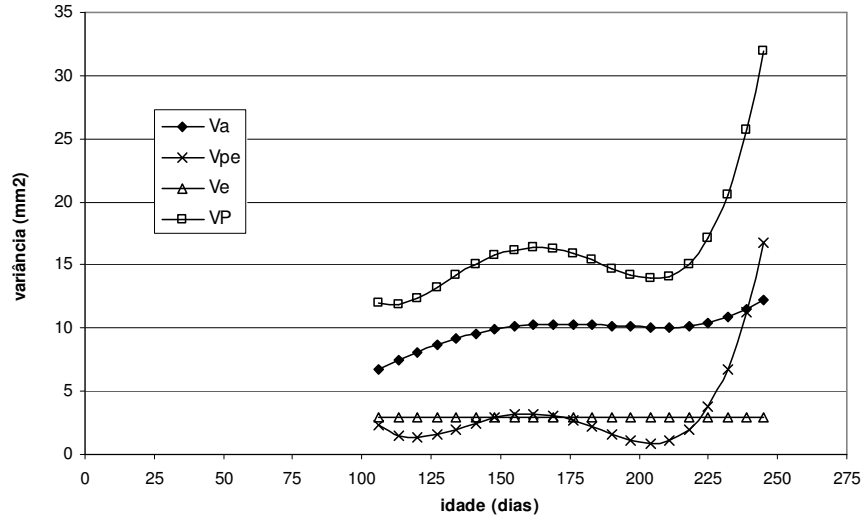


Figura 21. Variâncias da característica largura dos efeitos genético aditivo direto (Va), ambiente permanente (Vpe), residual (Ve) e fenotípica (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou crescimento até atingir um patamar aos 160 dias de idade. O perfil da herdabilidade foi proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 22). As estimativas mais confiáveis pareceram estar entre 125 e 225 dias de idade. Neste intervalo, as estimativas oscilaram entre 0,60 e 0,70, valores altos, facilitando a seleção de peixes.

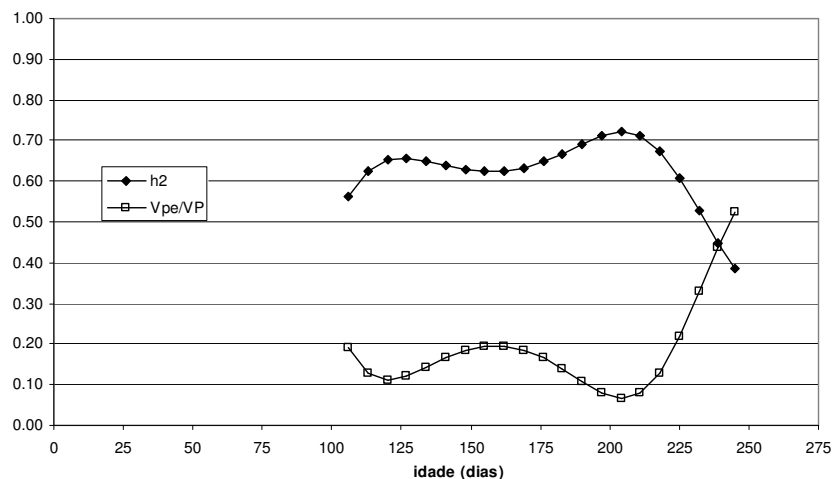


Figura 22. Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica largura em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica largura, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 23. As correlações entre as combinações de idades acima de 140 dias variaram de moderadas a altas, $>0,40$. Correlações entre idades muito distantes foram baixas, próximas de zero.

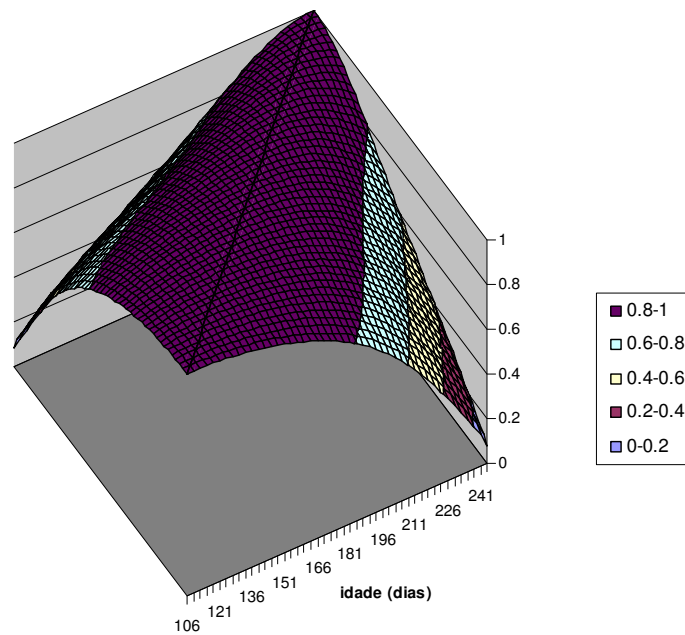


Figura 23. Correlações da característica largura atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica comprimento padrão, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 24. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe) e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

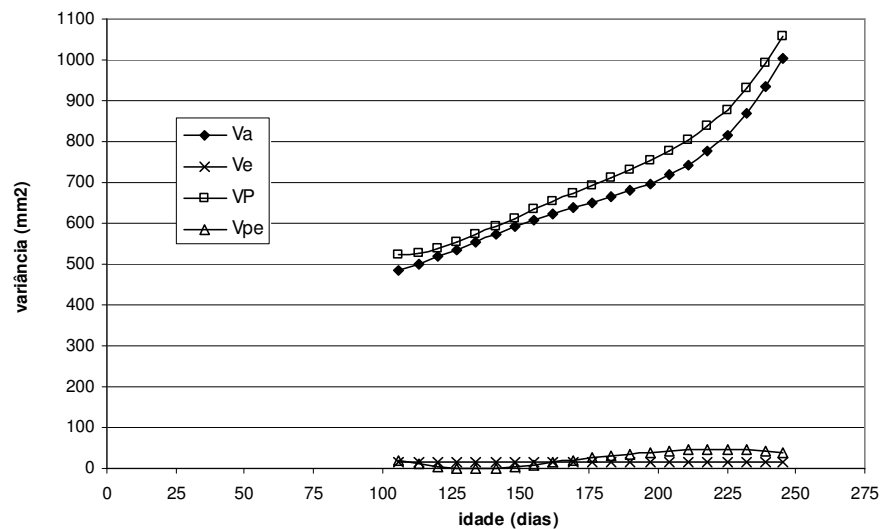


Figura 24. Variâncias da característica comprimento padrão dos efeitos genético aditivo direto (Va), ambiente permanente (Vpe), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou crescimento contínuo em todo o período de idades estudado. A variância atribuída ao efeito de ambiente permanente oscilou pouco e foi pequena como a variância residual. O perfil da herdabilidade foi proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 25). O menor valor estimado deste parâmetro foi > 0,90.

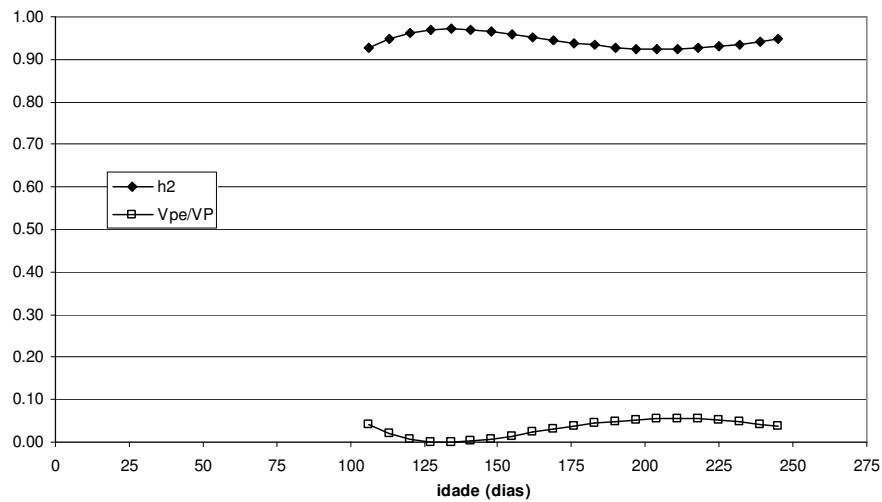


Figura 25. Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento padrão em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica comprimento padrão, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 26. As correlações entre as combinações de idades acima dos 150 dias pós-eclosão foram maiores do que 0,60. As correlações genéticas para comprimento padrão entre combinações de idades mais distantes, por exemplo, 120 e 245 dias pós-eclosão, foram acima de 0,40.

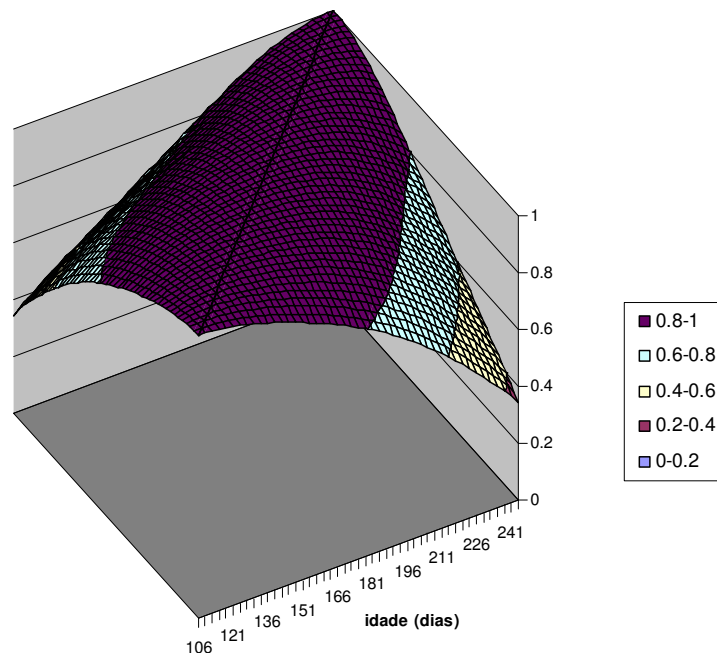


Figura 26. Correlações da característica comprimento padrão atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica comprimento da cabeça, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 27. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe) e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressões aleatórias em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

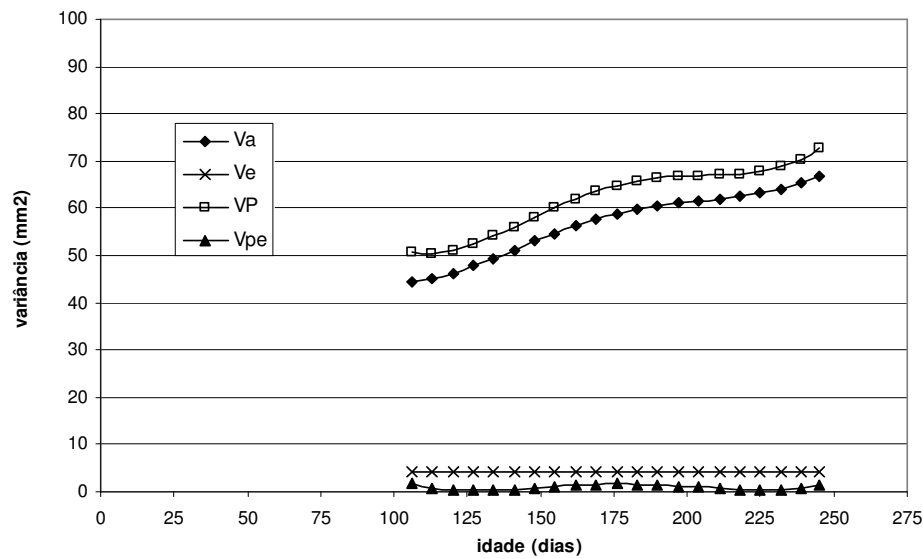


Figura 27. Variâncias da característica comprimento da cabeça dos efeitos genético aditivo direto (Va), ambiente permanente (Vpe), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou aumento gradativo durante o período de idades estudado, até 220 dias de idade. O perfil da herdabilidade foi proporcional ao da variância do efeito genético aditivo direto (figura 28). O menor valor estimado deste parâmetro foi 0,88, aos 119 dias, resultado próximo aos estimados para as características altura e comprimento padrão.

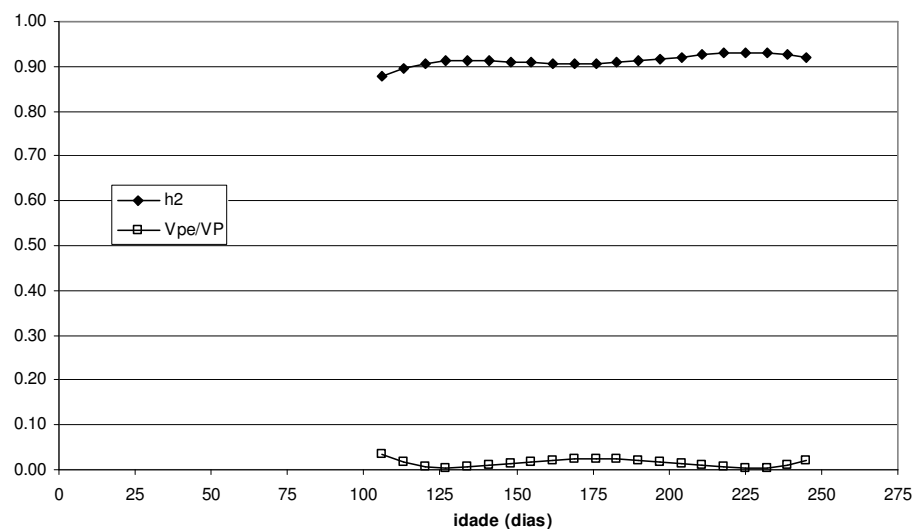


Figura 28. Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento da cabeça em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica comprimento da cabeça, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 29. As correlações entre as combinações de idades acima dos 170 dias pós-eclosão foram maiores do que 0,80. Combinações de idades muito distantes, por exemplo, 106 e 245 dias pós-eclosão, foram acima de 0,40.

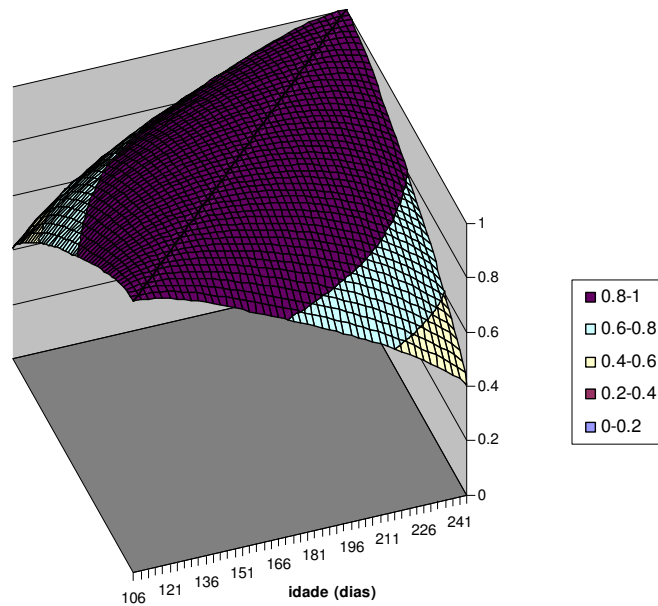


Figura 29. Correlações da característica comprimento da cabeça atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Os perfis de variâncias da característica comprimento correto, ao longo do período de intervalo de idades estudado, estão apresentados na figura 30. O gráfico representa a oscilação das variâncias fenotípica (VP), do efeito genético aditivo direto, do efeito de ambiente permanente (Vpe) e do efeito residual (Ve), a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

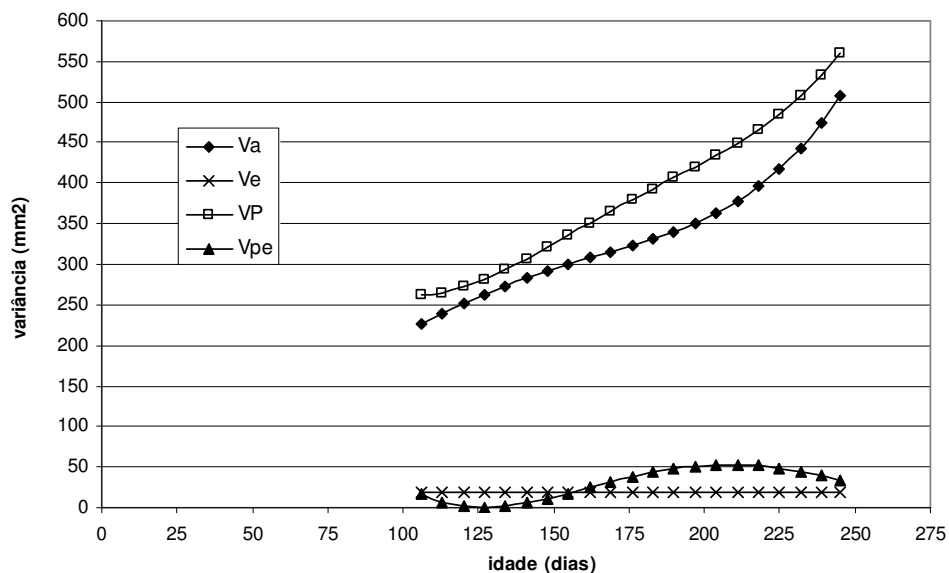


Figura 30. Variâncias da característica comprimento correto dos efeitos genético aditivo direto (Va), ambiente permanente (Vpe), residual (Ve) e fenotípico (VP) em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

A variância atribuída ao efeito genético aditivo apresentou aumento gradativo durante todo o período estudado. Os valores de herdabilidade oscilaram entre 0,85 e 0,95, e foram muito semelhantes aos estimados para o comprimento padrão (figura 31).

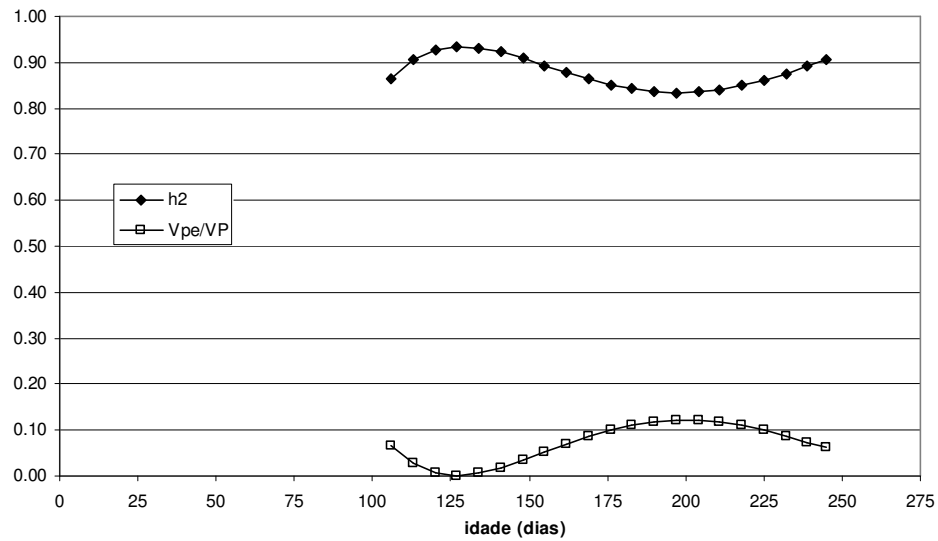


Figura 31. Herdabilidade e variância de ambiente permanente como proporção da variância fenotípica da característica comprimento correto em função da idade, estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

Correlações genéticas para a característica comprimento correto, entre as idades do intervalo, foram estimadas e um gradiente de correlações é apresentado na figura 32. As correlações entre as combinações de idades acima dos 140 dias pós-eclosão foram maiores do que 0,80. Combinações de idades mais distantes, por exemplo, 125 e 245 dias pós-eclosão, foram acima de 0,40, gradiente de correlações semelhante ao observado para o comprimento padrão.

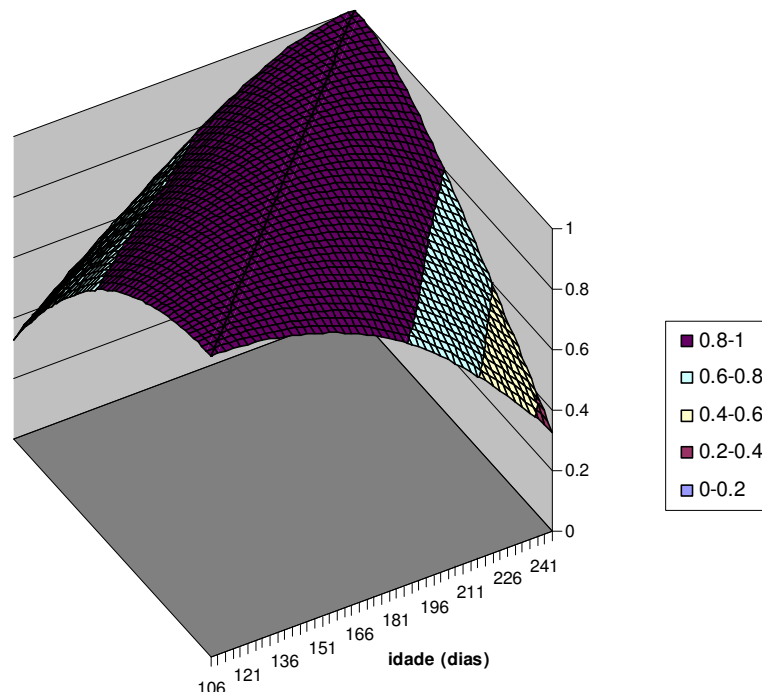


Figura 32. Correlações da característica comprimento correto atribuídas ao efeito genético aditivo direto entre idades do intervalo estudado (106 a 245 dias), estimadas a partir de modelo de regressão aleatória em que se admitiu homogeneidade de variância residual.

O estudo genético longitudinal das medidas morfométricas torna-se ainda mais importante quando se faz a associação entre os valores genéticos preditos para estas características, ao

longo do intervalo de idades estudado, e aquelas de interesse no melhoramento genético de tilápias do Nilo: rendimento de filé e carcaça, peso de filé e peso vivo.

Na tabela 6 estão apresentadas as correlações de Pearson estimadas entre valores genéticos preditos para as características rendimento de filé (RF) e carcaça (RCar), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias. A maior parte das correlações são próximas de zero. Os maiores valores, no entorno de 0,30, foram entre medidas morfométricas aos 180 e 210 dias de idade e rendimento de filé nas mesmas idades, com exceção de comprimento da cabeça. A maior associação obtida foi entre Ccor210 e RF150, 0,3278, valor considerado baixo.

Programa de melhoramento genético para esta população de tilápias do Nilo que considere somente ganho de peso como critério de seleção conseguirá provavelmente, pequena melhoria genética dos rendimentos cárneos. Foram baixas as correlações entre os valores genéticos preditos destas características, <0,46.

Os resultados encontrados sugerem que a seleção para medidas morfométricas resultaria em pequena resposta correlacionada para rendimento de filé e carcaça. As associações baixas e as herdabilidades moderadas a altas das características de rendimento cárneo nesta população, indicam que programas de melhoramento genético para estas características, devem ser feitas por meio de informações de parentes.

Rutten et al. (2005b) obtiveram respostas diferentes do que as observadas no presente estudo. A menor estimativa de correlação genética encontrada por eles foi 0,47, entre comprimento da cabeça e rendimento de filé. O maior valor, a estimativa da correlação genética entre a largura e o mesmo rendimento, foi próximo a unidade, 0,98. Várias podem ser as explicações para estes resultados: a altura e a largura foram medidas em pontos diferentes ao presente estudo, as linhagens de tilápias podem ter diferenças genéticas e as retiradas dos filés foram feitas por métodos diversos.

Tabela 6. Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as características rendimento de filé (RF) e carcaça (RCar), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias

| | RF 120 | RF 150 | RF 180 | RF 210 | RCar 120 | RCar 150 | RCar 180 | RCar 210 |
|----------|--------|----------|---------|----------|----------|----------|----------|----------|
| A 120 | 0.0875 | 0.0580 | 0.0216* | -0.0215* | 0.1393 | 0.1128 | 0.0707 | 0.0617 |
| A 150 | 0.1330 | 0.1551 | 0.1254 | 0.0515 | 0.1223 | 0.1758 | 0.1555 | 0.1459 |
| A 180 | 0.1720 | 0.2484 | 0.2283 | 0.1270 | 0.0943 | 0.2304 | 0.2355 | 0.2260 |
| A 210 | 0.1980 | 0.3260 | 0.3181 | 0.1966 | 0.0554 | 0.2680 | 0.2999 | 0.2914 |
| L 120 | 0.1283 | 0.2004 | 0.1968 | 0.1340 | 0.0500 | 0.2122 | 0.2363 | 0.2333 |
| L 150 | 0.1584 | 0.2419 | 0.2372 | 0.1652 | 0.0680 | 0.2369 | 0.2602 | 0.2617 |
| L 180 | 0.1859 | 0.2788 | 0.2730 | 0.1936 | 0.0856 | 0.2552 | 0.2766 | 0.2832 |
| L 210 | 0.2114 | 0.3110 | 0.3042 | 0.2200 | 0.1045 | 0.2627 | 0.2798 | 0.2930 |
| CP 120 | 0.1690 | 0.0960 | 0.0151* | -0.0777 | 0.1345 | 0.0923 | 0.0484 | 0.0410* |
| CP 150 | 0.2058 | 0.1776 | 0.0993 | -0.0288* | 0.1074 | 0.1342 | 0.1111 | 0.1007 |
| CP 180 | 0.2230 | 0.2491 | 0.1885 | 0.0493 | 0.0889 | 0.1840 | 0.1804 | 0.1695 |
| CP 210 | 0.2185 | 0.3097 | 0.2825 | 0.1561 | 0.0745 | 0.2389 | 0.2551 | 0.2460 |
| CC 120 | 0.0767 | -0.0016* | -0.0632 | -0.1193 | 0.0567 | 0.0089* | -0.0200* | -0.0320* |
| CC 150 | 0.0632 | 0.0283 | -0.0119 | -0.0636 | 0.0431* | 0.0388* | 0.0232* | 0.0122* |
| CC 180 | 0.0518 | 0.0511 | 0.0299 | -0.0134* | 0.0430* | 0.0637 | 0.0543 | 0.0444* |
| CC 210 | 0.0411 | 0.0706 | 0.0682 | 0.0377* | 0.0556 | 0.0877 | 0.0786 | 0.0701 |
| Ccor 120 | 0.2055 | 0.1377 | 0.0501 | -0.0580 | 0.1761 | 0.1273 | 0.0728 | 0.0668 |
| Ccor 150 | 0.2218 | 0.2078 | 0.1401 | 0.0268* | 0.1583 | 0.1863 | 0.1541 | 0.1497 |
| Ccor 180 | 0.2246 | 0.2740 | 0.2349 | 0.1258 | 0.1296 | 0.2442 | 0.2394 | 0.2376 |
| Ccor 210 | 0.2075 | 0.3278 | 0.3270 | 0.2343 | 0.0860 | 0.2931 | 0.3209 | 0.3226 |
| P 120 | 0.3409 | 0.4642 | 0.4346 | 0.2557 | 0.0479* | 0.3285 | 0.3775 | 0.3686 |
| P 150 | 0.3398 | 0.4599 | 0.4279 | 0.2467 | 0.0359* | 0.3189 | 0.3708 | 0.3611 |
| P 180 | 0.3388 | 0.4583 | 0.4262 | 0.2451 | 0.0332* | 0.3166 | 0.3691 | 0.3592 |
| P 210 | 0.3382 | 0.4577 | 0.4256 | 0.2447 | 0.0324* | 0.3158 | 0.3685 | 0.3584 |

Estimativas seguidas de * não são estatisticamente significativas ao nível de $P < 0,05$, pelo teste *t*.

Na tabela 7 estão apresentadas as correlações de Pearson estimadas entre valores genéticos preditos para as características peso de filé (PF) e peso vivo (P), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias. A maior associação obtida foi entre CP210 e PF180, 0,89. Os valores, de modo geral, apesar de não tão altos como os estimados por Rutten et al. (2005b), Nguyen et al. (2007) e Velasco et al. (1995), onde as estimativas de correlações genéticas entre medidas morfométricas e peso vivo e peso de filé foram quase sempre maiores que 0,80, podem ser considerados moderados a altos, com poucas exceções. A seleção com base nas medidas morfométricas resultariam em respostas correlacionadas positivas para peso de filé.

Tabela 7. Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as características peso (P) e peso de filé (PF), aos 120, 150, 180 e 210 dias, e valores genéticos preditos de peso (P) e medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias

| | PF 120 | PF 150 | PF 180 | PF 210 | P 120 | P 150 | P 180 | P 210 |
|----------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| A 120 | 0.6813 | 0.6530 | 0.6132 | 0.5677 | 0.1973 | 0.1555 | 0.1434 | 0.1386 |
| A 150 | 0.7531 | 0.7810 | 0.7553 | 0.7193 | 0.4004 | 0.3653 | 0.3547 | 0.3504 |
| A 180 | 0.7714 | 0.8583 | 0.8499 | 0.8271 | 0.5896 | 0.5645 | 0.5564 | 0.5530 |
| A 210 | 0.7194 | 0.8618 | 0.8729 | 0.8664 | 0.7389 | 0.7269 | 0.7222 | 0.7202 |
| L 120 | 0.6996 | 0.7413 | 0.7222 | 0.6925 | 0.3987 | 0.3670 | 0.3572 | 0.3532 |
| L 150 | 0.7254 | 0.8002 | 0.7901 | 0.7670 | 0.4871 | 0.4605 | 0.4519 | 0.4483 |
| L 180 | 0.7254 | 0.8345 | 0.8349 | 0.8200 | 0.5668 | 0.5471 | 0.5400 | 0.5370 |
| L 210 | 0.6723 | 0.8222 | 0.8377 | 0.8355 | 0.6390 | 0.6306 | 0.6263 | 0.6243 |
| CP 120 | 0.6957 | 0.6768 | 0.6392 | 0.5951 | 0.2462 | 0.2038 | 0.1914 | 0.1865 |
| CP 150 | 0.7539 | 0.7898 | 0.7664 | 0.7322 | 0.4006 | 0.3682 | 0.3577 | 0.3534 |
| CP 180 | 0.7713 | 0.8618 | 0.8544 | 0.8323 | 0.5492 | 0.5267 | 0.5187 | 0.5152 |
| CP 210 | 0.7343 | 0.8803 | 0.8918 | 0.8852 | 0.6876 | 0.6765 | 0.6715 | 0.6692 |
| CC 120 | 0.6520 | 0.6198 | 0.5801 | 0.5353 | 0.1953 | 0.1565 | 0.1452 | 0.1406 |
| CC 150 | 0.6902 | 0.7113 | 0.6863 | 0.6521 | 0.2959 | 0.2642 | 0.2542 | 0.2501 |
| CC 180 | 0.6886 | 0.7538 | 0.7424 | 0.7189 | 0.3654 | 0.3409 | 0.3325 | 0.3289 |
| CC 210 | 0.6565 | 0.7634 | 0.7664 | 0.7548 | 0.4182 | 0.4016 | 0.3953 | 0.3925 |
| Ccor 120 | 0.7010 | 0.6841 | 0.6469 | 0.6030 | 0.2630 | 0.2216 | 0.2095 | 0.2046 |
| Ccor 150 | 0.7520 | 0.7843 | 0.7599 | 0.7249 | 0.4193 | 0.3837 | 0.3729 | 0.3685 |
| Ccor 180 | 0.7643 | 0.8505 | 0.8422 | 0.8195 | 0.5730 | 0.5458 | 0.5371 | 0.5335 |
| Ccor 210 | 0.7146 | 0.8565 | 0.8676 | 0.8612 | 0.7059 | 0.6906 | 0.6851 | 0.6827 |
| P 120 | 0.5508 | 0.6979 | 0.7182 | 0.7225 | | | | |
| P 150 | 0.5191 | 0.6814 | 0.7078 | 0.7175 | | | | |
| P 180 | 0.5092 | 0.6749 | 0.7028 | 0.7138 | | | | |
| P 210 | 0.5051 | 0.6720 | 0.7004 | 0.7120 | | | | |

Estimativas seguidas de * não são estatisticamente significativas ao nível de $P < 0,05$, pelo teste *t*.

Esses autores obtiveram correlações genéticas altas entre todas as características de medidas de conformação, e concluíram ser desnecessário o uso de todas medidas em um programa de seleção. No presente estudo, foram obtidos resultados semelhantes aos destes autores (tabela 8). As associações entre valores genéticos preditos para todas as medidas morfométricas foram, de modo geral, altas.

As associações genéticas entre medidas morfométricas, rendimento cárneo, peso vivo e peso de filé parecem seguir a mesma tendência das correlações fenotípicas já estimadas por vários autores com Rutten et al. (2004), Santos (2004), Diodatti (2006), Charo-Karisa et al. (2007), dentre outros. Os resultados destes autores mostram que as medidas de conformação são altamente correlacionadas fenotipicamente e excelentes preditores de peso vivo e peso de filé, ao contrário de rendimentos cárneos.

Tabela 8. Correlações de Pearson entre valores genéticos preditos para as medidas morfométricas (A, L, CP, CC e Ccor), aos 120, 150, 180 e 210 dias

| | A120 | A150 | A180 | A210 | | L120 | L150 | L180 | L210 |
|----------------|--------------|--------------|--------------|--------------|----------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| L120 | 0.8031 | 0.8520 | 0.8377 | 0.7443 | CP120 | 0.8351 | 0.8126 | 0.7551 | 0.6176 |
| L150 | 0.7785 | 0.8525 | 0.8654 | 0.7988 | CP150 | 0.8615 | 0.8658 | 0.8362 | 0.7326 |
| L180 | 0.7200 | 0.8192 | 0.8621 | 0.8283 | CP180 | 0.8465 | 0.8771 | 0.8765 | 0.8113 |
| L210 | 0.5836 | 0.7115 | 0.7942 | 0.8095 | CP210 | 0.7726 | 0.8298 | 0.8610 | 0.8424 |
| CP120 | 0.9367 | 0.9177 | 0.8242 | 0.6468 | CC120 | 0.7676 | 0.7347 | 0.6685 | 0.5250 |
| CP150 | 0.9016 | 0.9360 | 0.8992 | 0.7758 | CC150 | 0.7952 | 0.7840 | 0.7404 | 0.6239 |
| CP180 | 0.8183 | 0.9078 | 0.9330 | 0.8734 | CC180 | 0.7816 | 0.7889 | 0.7659 | 0.6768 |
| CP210 | 0.6668 | 0.8137 | 0.9089 | 0.9270 | CC210 | 0.7358 | 0.7609 | 0.7589 | 0.7003 |
| CC120 | 0.8641 | 0.8456 | 0.7585 | 0.5940 | CCor120 | 0.8316 | 0.8166 | 0.7674 | 0.6407 |
| CC150 | 0.8689 | 0.8850 | 0.8323 | 0.6980 | CCor150 | 0.8664 | 0.8726 | 0.8449 | 0.7434 |
| CC180 | 0.8321 | 0.8767 | 0.8557 | 0.7534 | CCor180 | 0.8545 | 0.8842 | 0.8824 | 0.8150 |
| CC210 | 0.7601 | 0.8318 | 0.8437 | 0.7780 | CCor210 | 0.7697 | 0.8241 | 0.8524 | 0.8303 |
| | | | | | | CP120 | CP150 | CP180 | CP210 |
| CCor120 | 0.9198 | 0.9063 | 0.8197 | 0.6501 | CC120 | 0.9276 | 0.8918 | 0.8091 | 0.6594 |
| CCor150 | 0.8902 | 0.9277 | 0.8948 | 0.7762 | CC150 | 0.9120 | 0.9211 | 0.8796 | 0.7688 |
| CCor180 | 0.8037 | 0.8969 | 0.9270 | 0.8734 | CC180 | 0.8570 | 0.9010 | 0.8961 | 0.8252 |
| CCor210 | 0.6357 | 0.7863 | 0.8877 | 0.9146 | CC210 | 0.7668 | 0.8413 | 0.8733 | 0.8478 |
| | CC120 | CC150 | CC180 | CC210 | | | | | |
| CCor120 | 0.8387 | 0.8329 | 0.7921 | 0.7214 | CCor120 | 0.9778 | 0.9572 | 0.8807 | 0.7279 |
| CCor150 | 0.8208 | 0.8452 | 0.8288 | 0.7808 | CCor150 | 0.9521 | 0.9782 | 0.9520 | 0.8542 |
| CCor180 | 0.7517 | 0.8087 | 0.8212 | 0.8018 | CCor180 | 0.8657 | 0.9421 | 0.9747 | 0.9461 |
| CCor210 | 0.6084 | 0.6988 | 0.7439 | 0.7598 | CCor210 | 0.6921 | 0.8202 | 0.9190 | 0.9744 |

Estimativas seguidas de * não são estatisticamente significativas ao nível de $P < 0,05$, pelo teste *t*.

4. CONCLUSÕES.

A herdabilidade para peso vivo em população de tilápias do Nilo varia ao longo do crescimento entre valores baixos a altos e podem ser melhor estimados quando há a redução do efeito de família. Desta forma, a formação das famílias de tilápias do Nilo deve acontecer no menor tempo possível e a identificação precoce dos animais para cultivo comunal é importante para que este efeito de família tenha menor importância dentro da variação dos dados observados para peso vivo.

As correlações genéticas altas para a característica peso, entre diferentes combinações de idades, favorecem a resposta correlacionada em várias momentos do crescimento, apesar do melhor resultado ser alcançado a partir dos 180 dias de idade, idade também de grande variância genética aditiva.

As herdabilidades para rendimento de filé e carcaça em população de tilápias do Nilo são moderadas a altas, ao longo do período de idades estudado, sugerindo a possibilidade de ganhos genéticos significativos em programa de melhoramento genético para estas características, principalmente até os 180 dias de idade pós-eclosão, com base em informações de parentes. A inclusão do efeito de família não implica em melhoria no ajustamento do modelo aos dados.

Apesar das herdabilidades para medidas morfométricas em população de tilápias do Nilo serem altas, ao longo do período de idades estudado, as associações dos valores genéticos preditos para estas características são moderadas a baixas, implicando em pequena contribuição destas características no melhoramento genético de rendimentos cárneos, por meio de resposta correlacionada.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.

ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. *Anais...* Pirassununga: SBMA, 2004. Disponível em: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/v/palestras/palest11.pdf>. Acesso em: nov. 2009.

- BRUMMETT, R.E.; ANGONI, D.E.; POUOMOGNE, V. On-farm and on-station comparison of wild and domesticated Cameroonian populations of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v. 242, p. 157-164, 2004.
- CHARO-KARISA, H.; BOVENHUIS, H.; REZK, M.A.; PONZONI, R.W.; VAN ARENDONK, J.A.M.; KOMEN, H. 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*, v.273, p. 15-23, 2007.
- DIODATTI, F.C. *Medidas morfológicas no peso e rendimento de componentes corporais de tilápia do Nilo (Oreochromis niloticus)*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, 2006.
- EKNATH, A.E.; BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; TAYAMEN, M.M.; ABELLA, T.A.; CIRCA, A.V.; GJEDREM, T.; PULLIN, R.S.V. Approaches to national fish breeding programs: pointers from a tilapia pilot study. *NAGA, The Iclarm Quarterly*, v.14, n.2, p. 10-12, 1991.
- FELIPE, V.P.S. *Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, 2010.
- KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the Inheritance, Selection and Evolution of Growth Trajectories. *Genetics*, v.124, p.979-993, 1990.
- LYMBERG, A.J.; DOUPÉ, R.G.; JENKINS, G.; THORNE, T. Genetics in the aquaculture industry. *Aquaculture Research*, v.31, p. 1-2, 2000.
- MARTINEZ, V.; NEIRA, R.; GALL, G.A.E. Estimation of genetic parameters from pedigreed populations: lessons from analysis of alevin weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). *Aquaculture*, v.180, p. 223– 236, 1999.
- MCKAY, L.R.; SCHAEFFER, L.R.; MCMILLAN, I. Analysis of growth curves in rainbow trout using random regression. Proc. 7th WCGALP, Comunicação n.º. 06–11. 2002.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livest. Prod. Sci.*, v.86, p.69–83, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT – A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale. 75p. 2006.
- NGUYEN, N.H.; KHAW, H.L.; PONZONI, R.W.; HAMZAH, A.; KAMARUZZAMAN, K. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture*, v. 272S1, p. S38-S46, 2007.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.*, v.81, n.4, p.918–926, 2003.
- PANTE, M.J.R.; GJERDE, B.; MCMILLAN, I.; MISZTAL, I. Estimation of additive and dominance genetic variances for body weight at harvest in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture*, v. 204, p. 383– 392, 2002.
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v. 231, p. 113–122. 2004.

- RUTTEN, M.J.M.; KOMEN, H.; BOVENHUIS, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture*, v. 246, p. 101–113. 2005a.
- RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUIS, H.; KOMEN, H. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, v. 246, p. 125–132. 2005b.
- SANTOS, V.B. *Crescimento morfológico e alométrico de linhagens de tilápia (*Oreochromis niloticus*)*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais, 2004.
- SCHAEFFER, L.R. Random regression. 2001. <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ANSC637/LRS14>. Acesso em: jan. 2001.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. *The Annals of Statistics*, v. 6, n.2, p.461-464, 1978.
- SILVA, R.F. *Avaliação genética do crescimento de tilápia do Nilo*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 2007.
- VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, J.C.C.; FRIDRICH, A.B.; FERREIRA, I.C.; CORRÊA, G.S. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais nelore das regiões sudeste e centro-oeste. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.60, n.2, p.389-400, 2008.
- VELASCO, R.R.; JANAGAP, C.C.; DE VERA, M.P.; AFAN, L.B.; REYES, R.A.; EKNATH, A.E. Genetic improvement of farmed tilapias: estimation of heritability of body and carcass traits of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, v. 137, p. 280– 281. 1995.