

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
ESCOLA DE VETERINÁRIA**

Dalinne Chrystian Carvalho dos Santos

**MODELAGEM DAS TRAJETÓRIAS MÉDIAS E FUNÇÕES DE COVARIÂNCIA DO
PESO VIVO E DO RENDIMENTO DE CARÇAÇA
DE TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*)
UTILIZANDO POLINÔMIOS B-SPLINE**

Belo Horizonte

2013

Dalinne Chrystian Carvalho dos Santos

**MODELAGEM DAS TRAJETÓRIAS MÉDIAS E FUNÇÕES DE COVARIÂNCIA DO
PESO VIVO E DO RENDIMENTO DE CARÇAÇA
DE TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*)
UTILIZANDO POLINÔMIOS B-SPLINE**

Dissertação 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 Mestre em Zootecnia

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal
Professor Orientador: Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral
Professor Coorientador: Dr. Eduardo Maldonado Turra

Belo Horizonte

2013

*“Ama sempre,
fazendo pelos outros o melhor que possas realizar.
Age auxiliando.
Serve sem apego.
E assim vencerás.”*

Chico Xavier

*Dedico este trabalho aos meus pais,
Maria Aparecida Carvalho Andrade e
Mauro Souza dos Santos, que sempre me incentivaram;
e a todos aqueles que acreditaram na minha capacidade de chegar até o fim.*

Agradecimentos

Agradeço primeiramente aos meus pais, Maria Aparecida Carvalho Andrade e Mauro Souza dos Santos, pela oportunidade de estudar e pelo amor incondicional.

Ao professor Fabio Luiz Buranelo Toral pela orientação, confiança, conversas e conselhos.

Ao professor Eduardo Maldonado Turra por ceder os dados para a realização deste trabalho, pelos ensinamentos e paciência.

Ao professor José Aurélio Garcia Bergmann, pelo apoio e incentivo de realizar a pós-graduação, pela orientação durante a Iniciação Científica e pelo exemplo de professor.

Ao professor Idalmo Garcia Pereira por auxiliar com as análises, pela confiança, pelas conversas e pela participação na banca de defesa de dissertação.

Ao professor Martinho de Almeida e Silva pelo exemplo de pessoa e de professor, por me ensinar a vencer os desafios por mais difíceis que eles parecessem e pelo incentivo.

Ao professor Aldrin Vieira Pires pelas contribuições neste trabalho e pela participação na banca de defesa de dissertação.

Aos meus irmãos, Daiana Cristian Carvalho dos Santos e Dayllerson Chrystian Carvalho dos Santos, pelo amor, por todos os momentos que vivemos juntos e pela companhia.

A toda minha família, tios (especialmente as tias Nilza de Souza dos Santos e Maria de Lourdes Carvalho Andrade), primos (principalmente Ana Paula Carvalho Andrade e Angélica Carvalho Silva), avós, padrinhos (Maria Marta Andrade Silva e Wilson Wagner José de Souza) e cunhados (Ewerton Botelho da Silva e Ana Carolina Lima Ferreira).

Ao Pedro Dias Sales Ferreira (Mopê) por acreditar na minha capacidade, pelo incentivo, atenção, companheirismo e, principalmente, pelo amor e carinho que compartilhamos nesses dias.

À Dalila Lapinha e ao Michel Silva pela amizade, preocupação, apoio e por nunca se esquecerem de mim.

À Daiane Becker pela amizade, pelos ensinamentos, pelo exemplo de aluna, por me fazer companhia na faculdade e em casa e por ser minha irmã de coração.

À Sirlene Lázaro pelo apoio nos momentos difíceis, pelos dias que fiquei em sua casa, pela amizade e pelo exemplo de pessoa estudiosa e esforçada.

Ao Juan Pablo e Juan Salvador pela oportunidade de ensino e aprendizado, por sermos colegas de pós-graduação, pela companhia nesses dois anos e por me considerarem como madrinha.

À Fernanda Raidan e Livia Loiola pela amizade, momentos de estudo e descontração que foram essenciais.

À Fabiana Ferreira pelos momentos de estudo juntas, pelas longas conversas no Laboratório de Análise de Dados e pelo apoio sempre presente.

À Ana Luisa Miranda, Fernando Vasconcelos, Paula Teixeira e Tiago Passafaro por me permitirem aprender muita coisa, pela companhia, companheirismo, conversas, decisões e pelos dias de trabalho juntos.

Aos colegas do Grupo de Estudos em Melhoramento Animal, dos Laboratórios de Análise de Dados, de Aquacultura, de Coturnicultura e de Processamento de Dados pelo aprendizado, pelo auxílio nas horas difíceis, pelas discussões construtivas, conversas e pela companhia: Arthur Bernades, Breno Fragomeni, Bruno Valente, Danilo Bastos, Érika Alvarenga, Fernanda Godoi, Flaviana Gonçalves, Glaucyana Santos, Kássia Pires, Lucas Ayres, Luciana Freitas, Muller Marques, Raphael Rocha, Rodrigo Godinho, Vanessa Praxedes, Vera Ferreira, Vívian Felipe.

À Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária, Departamento de Zootecnia, professores e funcionários por contribuírem para o meu aprendizado.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

A todos aqueles que contribuíram, direta ou indiretamente, para a realização deste trabalho.

E, finalmente, a Deus por guiar os meus passos me mostrando os melhores caminhos a seguir.

Muito obrigada a todos!

SUMÁRIO

| | |
|---|----|
| 1. Introdução Geral | 16 |
| 2. Modelagem das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) por meio de funções B-spline | 20 |
| Resumo | 20 |
| 2.1 Introdução | 21 |
| 2.2 Material e Métodos | 21 |
| 2.3 Resultados e Discussão | 25 |
| 2.4 Conclusões | 34 |
| 3. Trajetórias médias e funções de covariância para análise do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) | 36 |
| Resumo | 36 |
| 3.1 Introdução | 37 |
| 3.2 Material e Métodos | 37 |
| 3.3 Resultados e Discussão | 41 |
| 3.4 Conclusões | 61 |
| 4. Considerações Finais | 63 |
| 5. Referências Bibliográficas | 65 |
| 6. Anexos | 70 |

Lista de Tabelas

- Tabela 2.1 - Estatísticas de ajuste de polinômios B-splines quadráticos para a trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 29
- Tabela 2.2 - Estatísticas de ajuste de polinômios B-splines quadráticos para a trajetória média do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 30
- Tabela 3.1 - Valores dos critérios de ajuste obtidos em diferentes modelos para análise do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 42
- Tabela 3.2 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque), ambos com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 51
- Tabela 3.3 - Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque), ambos com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 52
- Tabela 3.4 - Valores dos critérios de ajuste obtidos em diferentes modelos para análise do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 53
- Tabela 3.5 - Correlações de Pearson entre os valores genéticos para rendimento de carcaça aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 59
- Tabela 3.6 - Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para rendimento de carcaça aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos

classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 61

Lista de Figuras

- Figura 1.1 - Funções base de polinômios B-spline com três intervalos de grau igual a um (a) e igual a dois (b) 18
- Figura 2.1 - Número de observações de peso vivo e rendimento de carcaça (RC) de fêmeas e machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) no intervalo de 106 a 245 dias de idade 26
- Figura 2.2 - Médias de peso vivo e rendimento de carcaça (RC) de fêmeas e machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) no intervalo de 106 a 245 dias de idade para cada tanque de criação (cada linha de cor diferente representa um tanque de criação) 27
- Figura 2.3 - Trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça nos tanques nove e dois com menor e maior número de observações, respectivamente, de machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas por polinômios B-splines quadráticos com dois a cinco intervalos 34
- Figura 3.1 - Estimativas de variâncias (g^2) obtidas utilizando o modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento, com dois intervalos e duas classes de variância residual) e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque, com cinco intervalos e cinco classes de variância residual), com e sem efeito de família, para ajuste da trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 43
- Figura 3.2 - Estimativas de variâncias (g^2) obtidas utilizando os modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos, cinco classes de variância residual e sem efeito de família para ajuste da trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 46
- Figura 3.3 - Herdabilidades estimadas por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual para ajuste da trajetória média e funções de covariâncias do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 48

Figura 3.4 - Estimativas de correlações genéticas para a característica peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas utilizando os modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 50

Figura 3.5 - Estimativas de variâncias (%²) obtidas utilizando os modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), com dois intervalos e duas classes de variância residual, e do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual para ajuste da trajetória média do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 54

Figura 3.6 - Herdabilidades estimadas por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), com dois intervalos e duas classes de variância residual, e do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, todos sem efeito de família, para ajuste da trajetória média e funções de covariâncias do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) 57

Figura 3.7 - Estimativas de correlações genéticas para a característica rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas utilizando os modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual 58

Lista de Anexos

Anexo A - Correlações de Pearson entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio do modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) com dois intervalos e duas classes de variância residual, sem e com o efeito de família 70

Anexo B - Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio do modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento), com dois intervalos e duas classes de variância residual, sem e com a inclusão do efeito de família 70

Anexo C - Correlações de Pearson entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, sem e com o efeito de família 70

Anexo D - Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, sem e com a inclusão do efeito de família .. 71

Lista de Abreviações

| | |
|-----------|---|
| $-2Ln(L)$ | Valor de -2 x logaritmo natural da função de verossimilhança restrita |
| 2i | Polinômio B-spline quadrático com dois intervalos equidistantes |
| 3i | Polinômio B-spline quadrático com três intervalos equidistantes |
| 4i | Polinômio B-spline quadrático com quatro intervalos equidistantes |
| 5i | Polinômio B-spline quadrático com cinco intervalos equidistantes |
| B | Polinômio B-spline quadrático sem aninhamento |
| BIC | Critério de informação bayesiano |
| B(S) | Polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo |
| B(ST) | Polinômio B-spline quadrático aninhado à interação sexo x tanque |
| B(T) | Polinômio B-spline quadrático aninhado ao tanque de criação |
| CAIC | Critério de informação de Akaike Consistente |
| DMA | Desvio médio absoluto |
| k | Número de parâmetros do modelo estatístico avaliado no Wombat |
| NCVR | Número de classes de variância residual |
| NI | Número de intervalos equidistantes do polinômio B-spline quadrático |
| NP | Número de parâmetros do modelo estatístico avaliado no R |
| NPS | Número de parâmetros significativos |
| p | Posto da matriz de efeitos fixos |
| PPS | Porcentagem de parâmetros significativos |
| R^2 | Coefficiente de determinação |
| R_a^2 | Coefficiente de determinação ajustado |
| RC | Rendimento de Carcaça |
| S | Efeito de sexo |
| SQR | Soma de quadrados dos resíduos |
| ST | Interação dos efeitos de sexo e tanque de criação |
| T | Efeito de tanque de criação |

RESUMO

Neste trabalho foram analisados diferentes modelos estatísticos para identificar o mais apropriado para modelar as trajetórias médias e as funções de covariância do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por meio de polinômios B-spline quadráticos. Dados de peso vivo (8.758) e de rendimento de carcaça (2.042) de tilápias com idades entre 106 e 245 dias foram obtidos de 72 famílias provenientes de 36 machos e 72 fêmeas. As variáveis sexo e tanque de criação foram consideradas como efeitos fixos classificatórios. Os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente direto e residual foram considerados como aleatórios e os modelos estatísticos foram testados com e sem o efeito aleatório de família. As variâncias residuais foram modeladas com duas até cinco classes de idade e como covariáveis foram utilizados os coeficientes dos polinômios B-spline quadráticos com dois a cinco intervalos equidistantes. As trajetórias médias do peso vivo e rendimento de carcaça dependem do sexo e tanque de criação. Os modelos que consideraram os efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação, a interação desses fatores e polinômios B-spline quadráticos aninhados em cada nível dos fatores sexo x tanque foram os mais adequados. A inclusão nos modelos estatísticos dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação, da interação desses efeitos e do polinômio B-spline quadrático aninhado a essa interação indicou que, com o decorrer do tempo, cada sexo, cultivado em diferente tanque, apresenta trajetória média diferente. Aninhar o efeito da idade na interação sexo x tanque de criação é necessário para que em programas de melhoramento genético da espécie os valores genéticos dos candidatos à seleção não sejam sub ou superestimados. Com o aumento do número de intervalos do polinômio B-spline há aumento do número de funções base que, conseqüentemente, melhoram o ajuste dos polinômios aos dados. A maioria dos critérios de ajuste utilizados indicaram os modelos com polinômio B-spline quadrático com cinco intervalos equidistantes como de melhores ajustes, para as duas características. Para peso vivo, a inclusão do efeito aleatório de família pode ter causado confundimento entre as estimativas de variância genética aditiva direta e de ambiente permanente direto. Para rendimento de carcaça, a inclusão desse efeito aleatório não resultou em melhoria do ajuste. As estimativas de herdabilidade para peso vivo variaram de 0,36 a 0,61, e para rendimento de carcaça de 0,18 a 0,76, indicando que essas características podem ser incluídas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético da espécie. As médias das correlações genéticas entre os pesos em diferentes idades foram maiores que 0,69 e entre os rendimentos maiores que 0,47, sugerindo que a seleção em idades precoces pode ser realizada. Os critérios de ajuste indicaram diferentes modelos como sendo os mais adequados. Considerando processos de seleção realizados com base em avaliações genéticas pelos modelos apontados como de melhores ajustes, os indivíduos selecionados seriam diferentes. Conseqüentemente, é possível haver diferenças nas respostas à seleção de acordo com o modelo estatístico considerado. Em avaliações genéticas reais, a escolha dos modelos estatísticos deve ser realizada com cautela para otimizar o progresso genético.

Palavras-chave: ajuste de modelos, avaliação genética, correlação genética, herdabilidade, quadrados mínimos, regressão aleatória

ABSTRACT

Different statistical models were analyzed to identify the most appropriate to model the mean trajectories and covariance functions for body weight and carcass yield of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) using quadratic B-spline polynomials. Data of body weight (8,758) and carcass yield (2,042) of tilapias with ages between 106 and 245 days were obtained from 72 families derived from 36 males and 72 females. The variables sex and tank were considered as classificatory fixed effects. The direct additive genetic, direct permanent environmental and residual were considered as random effects and statistical models were tested with and without the family random effect. The residual variances were modeled with two to five age classes and the coefficients of quadratic polynomials B-spline of two to five equidistant intervals were used as covariables. The mean trajectories of body weight and carcass yield depended on the sex and the tank. The models that considered the effects of sex and tank, the interaction of these factors and the quadratic B-spline polynomials nested within each level of the factors sex x tank were the most appropriate. The inclusion of those effects in the statistical models indicated differences in the mean trajectories of body weight and carcass yield according to sex and tank. Nesting the age effect in the interaction sex x tank is necessary in breeding programs of this species to ensure that the breeding values of the breeding candidates are not under or overestimated. With the increasing number of intervals of B-spline polynomials the number of basis functions is increased, which consequently improves the fit of the polynomials to the data. Most fitted criteria used indicated models with quadratic B-spline polynomial with five equidistant intervals as the best fit for both traits. For body weight, the inclusion of random family effect may have caused confounding between estimates of direct additive genetic and direct permanent environmental variances. For carcass yield, the inclusion of this random effect did not improve the fit. The heritability estimates for body weight ranged from 0.36 to 0.61, and for carcass yield from 0.18 to 0.76, indicating that these traits can be included as selection criteria in breeding programs of this species. The mean genetic correlations between the body weights at different ages were higher than 0.69 and 0.47 for carcass yield, suggesting that selection at early ages can be performed. The fit criteria indicated different models as the most adequate. Considering selection processes conducted based on genetic evaluations using the models identified with the best fitting, the selected individuals would be different. Consequently, there may be differences in responses to selection according to the statistical model considered. In real genetic evaluations, the choice of statistical models should be taken with prudence to optimize the genetic progress.

Key-words: adjustment of models, genetic correlation, genetic evaluation, heritability, least squares, random regression

1. Introdução Geral

A aquicultura, cultivo racional de organismos aquáticos, é uma prática antiga e que vem crescendo mais que qualquer outro setor de produção de alimentos de origem animal nos últimos anos (FAO, 2010). A produção total de pescados, proveniente da aquicultura e da pesca, apresentou, frente às principais fontes de proteína animal produzidas no Brasil, o maior crescimento no período de 2007 a 2009 (MPA, 2010).

O Brasil, um dos principais produtores aquícolas, tem contribuído para o avanço da aquicultura na América Latina e vem produzindo quantidades cada vez maiores de tilápia (FAO, 2010). A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), em função da sua rusticidade, adaptabilidade aos diversos sistemas de cultivo, crescimento rápido e carne de ótima qualidade, é a espécie de tilápia mais cultivada no país (Kubitza, 2007; Watanabe et al., 2002).

A demanda por produtos aquícolas tem aumentado substancialmente em função do aumento da população mundial. Mesmo assim, a aplicação da tecnologia do melhoramento genético em espécies aquáticas tem sido menor quando comparada às espécies terrestres. Como a maioria dos estoques de tilápia atualmente usados em países em desenvolvimento ainda é geneticamente similar aos selvagens (Eknath et al., 1991; Lymbery et al., 2000; Brummett et al., 2004) existe grande potencial para a expansão do melhoramento genético da espécie. Neste sentido, é necessário realizar pesquisas para desenvolvimento e transferência de tecnologias de programas de melhoramento para as espécies aquícolas (Ribeiro & Puchnick-Legat, 2008) no Brasil.

O peso vivo do peixe à idade de abate é a característica de principal interesse do produtor porque está diretamente relacionada ao valor recebido pela venda do produto. Além do peso vivo, o rendimento de carcaça é outra característica importante para aumentar a eficiência econômica da cadeia produtiva das espécies aquícolas. É a partir da carcaça que são obtidas as porções mais nobres do peixe e que possuem maior valor comercial.

O peso vivo pode ser mensurado várias vezes ao longo da vida do animal e pode ser estudado por meio de modelos mistos como os modelos de regressão aleatória. O rendimento de carcaça, obtido após o abate, apesar de ser avaliado apenas uma vez, também pode ser estudado por esse tipo de metodologia. A obtenção do rendimento de carcaça de animais aparentados permite estimar uma função de covariâncias genéticas para essa variável ao longo do tempo.

Avaliar as trajetórias do peso vivo e do rendimento de carcaça em programas de melhoramento genético da espécie é essencial para conhecer o comportamento médio do crescimento dos indivíduos e identificar, de maneira precoce, animais que se destacam e que poderão ser escolhidos como pais da próxima geração. Além disso, é importante conhecer os fatores e possíveis interações que influenciam as trajetórias médias dessas características.

Uma possibilidade para se trabalhar com características que se repetem ao longo do tempo (características longitudinais) são as funções de covariância e os modelos de regressão aleatória. Modelos de regressão aleatória permitem ajustar uma trajetória aleatória para cada

indivíduo como desvios de uma trajetória média da população (Mercadante et al., 2002). Os modelos de regressão aleatória permitem a utilização de maior número de dados nas avaliações genéticas, predições de valores genéticos para qualquer idade considerada e modelar as variâncias e covariâncias de maneira mais adequada, aumentando a acurácia das avaliações genéticas do crescimento (Meyer, 2004).

Nos modelos de regressão aleatória podem ser utilizados diferentes tipos de polinômios para modelar os efeitos fixos e aleatórios de interesse. Os polinômios ordinários, os mais simples de todos, são menos empregados e, os polinômios de Legendre, que são polinômios ortogonais mais complexos, são os mais utilizados nas avaliações genéticas (Arango et al., 2004; Meyer, 2005; Baldi et al., 2010; Boligon et al., 2012). Nos modelos de regressão aleatória, quando são utilizados polinômios ortogonais, na maioria das vezes são necessárias elevadas ordens polinomiais e grande número de parâmetros a serem estimados. Entretanto, polinômios de alta ordem são notoriamente problemáticos apresentando extensas exigências computacionais, problemas numéricos e colocam grande ênfase nas observações dos extremos obtendo estimativas implausíveis nessas regiões (Meyer, 2001 e 2005). Como alternativa de utilização têm sido propostos os polinômios B-splines, que são compostos por vários segmentos de polinômios de baixo grau unidos entre si em posições específicas, chamadas nós, para formar uma só curva contínua (Wegman & Wright, 1983; Sederberg, 2005). Estes vêm despertando maior interesse por parte dos pesquisadores e apresentando resultados satisfatórios (Menezes et al., 2011).

O uso de polinômios segmentados, como os B-spline, é interessante quando um modelo polinomial de pequeno grau não se ajusta precisamente aos dados, e o pesquisador não tem interesse ou condições de usar uma função polinomial complexa, de grau elevado, para modelá-los (Paulson, 2007). Uma alternativa para os altos graus polinomiais em polinômios ordinários são as curvas B-spline que podem ser modeladas de várias formas (diferentes bases e nós) e dependendo da escolha, elas podem proporcionar redução da multicolinearidade, ser de fácil estimação e possuir interpretação biológica simples (Rey, 2008).

B-splines são segmentos polinomiais unidos suavemente em determinados pontos para formar uma única curva. Para gerar um B-spline é necessário escolher o grau dos segmentos de polinômios que serão unidos (linear, quadrático, cúbico, quártico, quártico, quártico). Em seguida é necessário definir um conjunto de pontos, chamados nós, nos quais esses polinômios se juntarão. A sequência de nós deve ser crescente estando o primeiro nó na menor idade ou abaixo dela, já o último nó deve estar na maior idade ou acima dela. O número de intervalos presente entre os nós mais a ordem dos segmentos polinomiais determinarão o número total de funções base presentes (Souza, 2008).

Na função B-spline com três intervalos equidistantes de grau 1 pode-se observar que cada polinômio (função base) é diferente de zero no máximo para dois intervalos subjacentes, já para a função de grau 2, no máximo para três intervalos (Figura 1.1). Esse fato proporciona melhor qualidade de ajuste local, uma vez que o ajuste da(s) função(ões) em determinado intervalo é influenciado apenas por dados próximos a este intervalo e não por todo o conjunto de dados. Polinômios segmentados do tipo B-spline apresentam propriedades computacionais

interessantes que os tornam superiores aos polinômios ortogonais de Legendre e essa superioridade ocorre devido a dois principais fatores. Primeiramente porque cada coeficiente gerado afeta apenas uma fração da trajetória. E por último porque enquanto que em polinômios de ordem n todas as covariáveis são geralmente não nulas, em polinômios segmentados lineares do tipo B-spline somente covariáveis associadas com dois nós adjacentes são não nulas. Isto aumenta a esparsialidade do lado esquerdo das equações de modelos mistos (Misztal, 2006; Menezes, 2010).

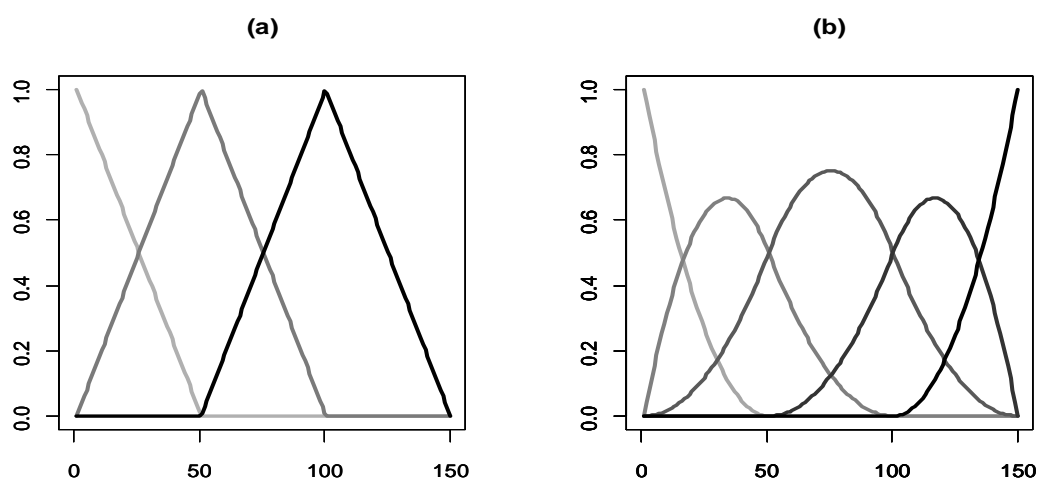


Figura 1.1 Funções base de polinômios B-spline com três intervalos de grau igual a um (a) e igual a dois (b).

Uma dificuldade na utilização dos polinômios B-spline está na escolha dos nós, sendo que a recomendação básica seria posicionar os nós onde são esperadas mudanças na forma da curva. Outra possibilidade seria posicionar os nós de modo a minimizar a soma de quadrados do resíduo. Não existe um procedimento para estabelecer onde serão localizados os nós, entretanto o mais comum é localizar os nós em posições equidistantes ao longo do tempo (Meyer, 2005).

A escolha e utilização de modelos estatísticos adequados nas avaliações genéticas são necessárias para a identificação de indivíduos com valores genéticos superiores para características de alta importância econômica e para alcançar o avanço e o lucro desejados pelos programas de melhoramento genético.

Objetivos

O objetivo geral no presente trabalho foi comparar diferentes modelos estatísticos para estudar as trajetórias médias e as funções de covariância do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por meio de polinômios B-spline quadráticos.

Os objetivos específicos foram:

Por meio do método dos quadrados mínimos, dos modelos de regressão aleatória e utilizando polinômios B-spline quadráticos, comparar diferentes modelos estatísticos e avaliar se a inclusão de informações de sexo, de tanque de criação dos animais e da interação desses efeitos afeta os ajustes dos modelos.

Avaliar se a inclusão do efeito aleatório de família nos modelos de regressão aleatória melhora o ajuste dos modelos estatísticos.

Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para peso vivo e rendimento de carcaça dos candidatos à seleção e verificar se os mesmos indivíduos seriam selecionados se as avaliações fossem realizadas pelos modelos estatísticos de melhores ajustes.

2. Modelagem das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por meio de funções B-spline

Resumo: Empregando o método dos quadrados mínimos e polinômios B-spline quadráticos, diferentes modelos estatísticos foram testados para identificar o mais apropriado para realizar a modelagem da trajetória média do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Dados de peso vivo (8.758) e de rendimento de carcaça (2.042) de tilápias com idades entre 106 e 245 dias foram obtidos de 72 famílias provenientes de 36 machos e 72 fêmeas. As variáveis sexo e tanque de criação foram consideradas como classificatórias e os coeficientes dos polinômios B-spline quadráticos com dois a cinco intervalos equidistantes foram utilizados como covariáveis. Segundo a maioria dos critérios de ajuste utilizados, os modelos com polinômio B-spline quadrático com cinco intervalos equidistantes apresentaram os melhores ajustes. O aumento do número de intervalos do polinômio B-spline melhora o ajuste dos polinômios aos dados. A inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação, interação entre esses efeitos e polinômio B-spline quadrático aninhado a essa interação indicou que, com o decorrer do tempo, cada sexo, cultivado em diferente tanque, apresentou trajetória média diferente, sendo necessária a inclusão do aninhamento do tempo na interação sexo x tanque de criação para que em programas de melhoramento genético da espécie os valores genéticos dos candidatos à seleção não sejam sub ou superestimados.

Palavras-chave: ajuste de modelos, aninhamento, melhoramento genético, peixe, quadrados mínimos, peso vivo, polinômios

2.1 Introdução

A tilápia (*Oreochromis niloticus*) é a espécie de peixe mais cultivada na aquicultura continental brasileira (MPA, 2012). Com o aumento da sua utilização comercial, houve aumento na procura por animais de melhor desempenho produtivo (Santos et al., 2007b) e no interesse pelo melhoramento genético (Rutten et al., 2005).

O peso vivo do peixe ao abate, por estar relacionado com o valor recebido pela venda, é uma característica importante para os produtores e programas de melhoramento. O rendimento de carcaça, por determinar o rendimento industrial, o tipo e o preço dos produtos comercializáveis pelas indústrias, está diretamente ligado à eficiência econômica da cadeia produtiva (Santos et al., 2012). Essas características podem ser consideradas como longitudinais, pois podem ser mensuradas ao longo da vida dos animais e estudadas por meio de modelos de regressão aleatória. A obtenção do rendimento de carcaça de animais parentes ao longo do tempo permite que esta característica seja considerada como longitudinal.

Nos modelos de regressão aleatória pode-se admitir a utilização de diferentes tipos de polinômios para ajuste das funções de covariância, como polinômios ordinários, de Legendre e B-splines. Dentre estes, os B-splines têm sido propostos como alternativa para modelar as trajetórias de crescimento (Menezes et al., 2011). A regressão aleatória utilizando funções B-spline requer menor exigência computacional e apresenta convergência mais rápida em relação aos polinômios de Legendre (Boligon et al., 2012). Além do mais, as funções B-spline quadráticas permitem, em idades mais avançadas, melhor controle do incremento das variâncias de ambiente permanente (Baldi et al., 2010).

A utilização de modelos estatísticos e metodologias de avaliação inadequados levam à queda da acurácia e podem reduzir o progresso genético (Toral, 2007; Valente et al., 2008). Além disso, o tipo e a ordem de ajuste dos polinômios utilizados para modelar as trajetórias médias de crescimento podem influenciar o ajuste das funções de covariâncias e os resultados das avaliações genéticas (Toral et al., 2010). Para a obtenção de valores genéticos existem diferentes modelos de regressão aleatória utilizando polinômios B-spline que diferem quanto ao grau, posição dos nós, número de intervalos e classes de variância residual. A escolha do modelo com melhor ajustamento acarretará na predição de valores genéticos e resposta à seleção adequados.

Sendo assim, este trabalho foi realizado com o objetivo de identificar o modelo mais apropriado para modelar as trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo, utilizando-se polinômios do tipo B-spline quadráticos.

2.2 Material e Métodos

Foi utilizada uma base de dados constituída de 72 famílias de irmãos completos e 36 famílias de meio-irmãos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) da linhagem Chitralada proveniente do Laboratório de Aquicultura da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais. As 72 famílias de irmãos completos e as 36 famílias de meio-irmãos foram

formadas com a utilização de 72 fêmeas e 36 machos, sendo acasalado um macho com duas fêmeas. Por falta de espaço físico suficiente e devido às desovas assíncronas das fêmeas, todas as famílias foram formadas em um período de 17 semanas. Depois de realizada a marcação individual, entre a 13ª e a 20ª semana de vida pós-eclosão das larvas, grupos de seis famílias, mais próximas em idade, foram alojadas comunalmente em tanques circulares de 7 m³.

Todos os indivíduos foram identificados com *microchips* (Partners & Quality Technology, Pelotas, RS, Brasil) e sexados e, em decorrência das sobrevivências desiguais, o número de animais marcados por família foi diferente. Peixes não identificados, excedentes de famílias, foram alojados em tanques com menor número de tilápias para garantir a mesma densidade de estocagem (aproximadamente 29 indivíduos/m³). As 72 famílias ocuparam 12 tanques de mesma dimensão e, para reduzir diferenças entre tanques, as mesmas condições de cultivo foram impostas. A qualidade da água de todos os tanques foi mantida por trocas diárias de 50% do seu volume, aeração forçada e aquecimento elétrico com presença de termostato para controlar a variação da temperatura. Os parâmetros físico-químicos da água foram monitorados regularmente (oxigênio: aproximadamente 4mg/L; amônia: menor que 0,5mg/L; pH: entre 7,0 e 7,5; temperatura: de 25 a 26°C). O manejo alimentar e programa de luz foram os mesmos em todos os tanques. Os animais foram alimentados com ração peletizada com 32% de proteína bruta três vezes ao dia (às 8, 12 e 16 horas) com taxa diária média de arraçoamento de 5% da biomassa total. Todos os animais foram submetidos a um programa diário de luz artificial de 10 horas de duração.

Indivíduos de cada família foram pesados em seis oportunidades, sendo a primeira pesagem realizada no momento da identificação. As idades de pesagens foram diferentes para cada família e, no total, foram obtidas 62 idades de avaliação dos indivíduos. A cada mensuração, depois de submetidos à crionarose, alguns animais por família foram escolhidos aleatoriamente para serem abatidos e terem os pesos de carcaça registrados. O sexo dos animais foi confirmado após o abate. No sexto momento de mensuração, todos os animais remanescentes de cada família foram abatidos. A carcaça, obtida manualmente por uma única pessoa, foi considerada como o animal sacrificado, sem cabeça, cintura pélvica, cintura torácica (corte oblíquo da cabeça) e vísceras, mas mantidas as escamas e espinhos. O rendimento de carcaça foi obtido pela divisão do peso da carcaça pelo peso vivo do indivíduo. O intervalo de dias entre cada mensuração variou de 14 a 28 dias e, desta forma, os dados das pesagens foram distribuídos ao longo do período de 106 a 245 dias de idade.

O banco de dados foi constituído de 8.758 medidas de peso vivo e 2.042 observações para rendimento de carcaça. Dos 2.042 indivíduos avaliados para peso vivo, 230 (11,26%), 242 (11,85%), 228 (11,17%), 228 (11,17%), 236 (11,56%) e 878 (43,00%) obtiveram, respectivamente, uma, duas, três, quatro, cinco e seis observações.

As trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça foram modeladas por meio de polinômios do tipo B-splines quadráticos com número total de intervalos equidistantes variando entre 2 e 5. Além das diferenças no número de intervalos para os B-splines, foram consideradas alternativas para modelagem dos efeitos classificatórios de sexo e

tanque de criação dos animais. De forma geral, os modelos considerados podem ser representados pelas equações:

$$y_{hijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \beta_k + e_{hijl} \text{ (modelo S+T+B),}$$

$$y_{hijl} = \mu + st_{hi} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \beta_k + e_{hijl} \text{ (modelo ST+B),}$$

$$y_{hijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(h)} \beta_{k_h} + e_{hijl} \text{ (modelo S+T+B(S)),}$$

$$y_{hijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(i)} \beta_{k_i} + e_{hijl} \text{ (modelo S+T+B(T)) e,}$$

$$y_{hijl} = \mu + st_{hi} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(hi)} \beta_{k_{hi}} + e_{hijl} \text{ (modelo ST+B(ST)),}$$

em que: y_{hijl} = valor observado da variável dependente y da tilápia l , do sexo h , no tanque i , mensurada na j -ésima idade; μ = constante geral; s_h = efeito classificatório do sexo h ($h = 1, 2$); t_i = efeito classificatório do tanque i ($i = 1, \dots, 12$); $\phi_{k,2}(d_j)$, $\phi_{k,2}(d_j)_{(h)}$, $\phi_{k,2}(d_j)_{(i)}$, $\phi_{k,2}(d_j)_{(hi)}$ = k -ésimas covariáveis para as j -ésimas idades, sem aninhamento, com aninhamento em sexo, com aninhamento em tanque de criação e, com aninhamento na interação sexo x tanque, obtidas por meio de polinômios B-spline quadráticos, respectivamente; β_k , $\beta_{k(h)}$, $\beta_{k(i)}$, $\beta_{k(hi)}$ = k -ésimos coeficientes de regressão gerados para os polinômios B-spline quadráticos apresentando até cinco intervalos ($K = 2, \dots, 5$); e_{hijl} = erro aleatório associado a cada observação. Nas representações simbólicas dos modelos S é o efeito classificatório de sexo; T é o efeito classificatório de tanque de criação; ST são os efeitos classificatórios de sexo, tanque e da interação sexo x tanque; B é a covariável obtida com polinômio B-spline sem aninhamento; B(S) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento em sexo; B(T) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento em tanque e B(ST) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque.

Os coeficientes das funções B-spline foram definidos para o intervalo k , delimitado pelos pontos definidos pelas idades D_k e D_{k+1} , onde $D_k < D_{k+1}$. Para funções B-spline de grau p igual a zero ($p = 0$), todos os coeficientes para as idades d_j presentes dentro do intervalo k especificado foram iguais à unidade ($\phi_{k,p=0}(d_j) = 1$, se $D_k \leq d_j < D_{k+1}$). Os coeficientes para as idades d_j que se apresentaram fora do intervalo k receberam valores iguais à zero ($\phi_{k,p=0}(d_j) = 0$, de outra maneira). Para funções B-spline de grau p maior que zero ($p > 0$), os coeficientes $\phi_{k,p}(d_j)$ foram gerados de maneira recursiva pela seguinte função:

$$\phi_{k,p}(d_j) = \frac{d_j - D_k}{D_{k+p} - D_k} \phi_{k,p-1}(d_j) + \frac{D_{k+p+1} - d_j}{D_{k+p+1} - D_{k+1}} \phi_{k+1,p-1}(d_j).$$

No presente estudo, todos os coeficientes das funções B-spline utilizadas foram gerados por meio de funções de grau $p = 2$, sendo originadas, portanto, funções quadráticas. Polinômios B-spline de grau 2 foram escolhidos para modelagem das trajetórias médias do peso vivo e rendimento de carcaça pois esses tem se mostrado como os mais adequados para descrever a estrutura de covariâncias de vários arquivos de dados com resultados plausíveis (Meyer, 2005; Baldi et al., 2010; Boligon et al., 2012). A divisão em m intervalos exigiu a especificação de $m-1$ nós internos e dois nós externos (D_0 e D_m) gerando um total de $m+1$ nós e $m+p$ funções $\phi_{k,p}$ não-nulas. Foram utilizadas funções B-spline quadráticas que incluíram até cinco intervalos equidistantes. Os polinômios B-spline para os modelos estatísticos estudados foram gerados utilizando a função *bs* do pacote *splines* do programa estatístico R (*R Development Core Team*, versão 2.15.0).

As soluções para os efeitos classificatórios e os coeficientes de regressão para os modelos estatísticos foram obtidos pelo Método dos Quadrados Mínimos por meio da função *lm* do pacote *stats* do programa estatístico R (*R Development Core Team*, versão 2.15.0). Após a obtenção dos coeficientes de regressão, os pesos vivos e rendimentos de carcaça estimados foram obtidos, bem como seus respectivos resíduos. Para a comparação dos modelos os seguintes critérios de ajustamento foram utilizados:

Coeficiente de determinação (R^2): obtido por meio da correlação, elevada ao quadrado, entre os valores observados e estimados, para as características peso vivo e rendimento de carcaça.

Coeficiente de determinação ajustado (R_a^2): obtido pela fórmula

$R_a^2 = 1 - \frac{n-1}{n-(c+1)}(1-R^2)$, em que: n representa o número de observações no conjunto de dados, c representa o número de coeficientes de regressão utilizados para o ajuste do modelo e R^2 o coeficiente de determinação do modelo.

Desvio médio absoluto (DMA): obtido pelo somatório do módulo da diferença entre valores observados (y_{hijl}) e estimados (\hat{y}_{hijl}) para peso vivo e rendimento de carcaça, divididos pelos respectivos números de observações (n) dessas características,

$$DMA = \frac{\sum_{i=1}^n |y_{hijl} - \hat{y}_{hijl}|}{n}.$$

Soma de Quadrados dos Resíduos (SQR): obtida pelo somatório do quadrado dos erros estimados (e_{hijl}) para cada observação de peso vivo e rendimento de carcaça,

$$SQR = \sum_{i=1}^n e_{hijl}^2 .$$

Porcentagem de estimativas de parâmetros significativos do modelo (PPS): obtida pela divisão entre o número de estimativas de parâmetros significativos do modelo (NPS) e o número de parâmetros do modelo (NP).

Também foi realizada a análise gráfica das trajetórias médias do peso vivo e rendimento de carcaça.

Modelos com melhores ajustes apresentaram maiores valores para R^2 , R_a^2 e PPS e menores valores para DMA e SQR.

2.3 Resultados e Discussão

O número de observações de peso vivo e rendimento de carcaça oscilou dentro do intervalo de idades de avaliação dos animais tanto para fêmeas quanto para machos (Figura 2.1). Do total de observações de peso vivo obtidas, 4.335 foram de fêmeas e 4.423 de machos. Para rendimento de carcaça, esses valores foram, respectivamente, de 1.015 e 1.027. No intervalo de idades de 149 a 184 dias, para fêmeas, não houve informações de rendimento de carcaça em sete idades de avaliação. Apesar de existirem apenas informações de machos para rendimento de carcaça nessas idades optou-se por manter essas informações, pois nos modelos de regressão aleatória a utilização de todas as medidas dos animais e de seus parentes para avaliação genética leva a um potencial aumento da acurácia de seleção (Albuquerque, 2004).

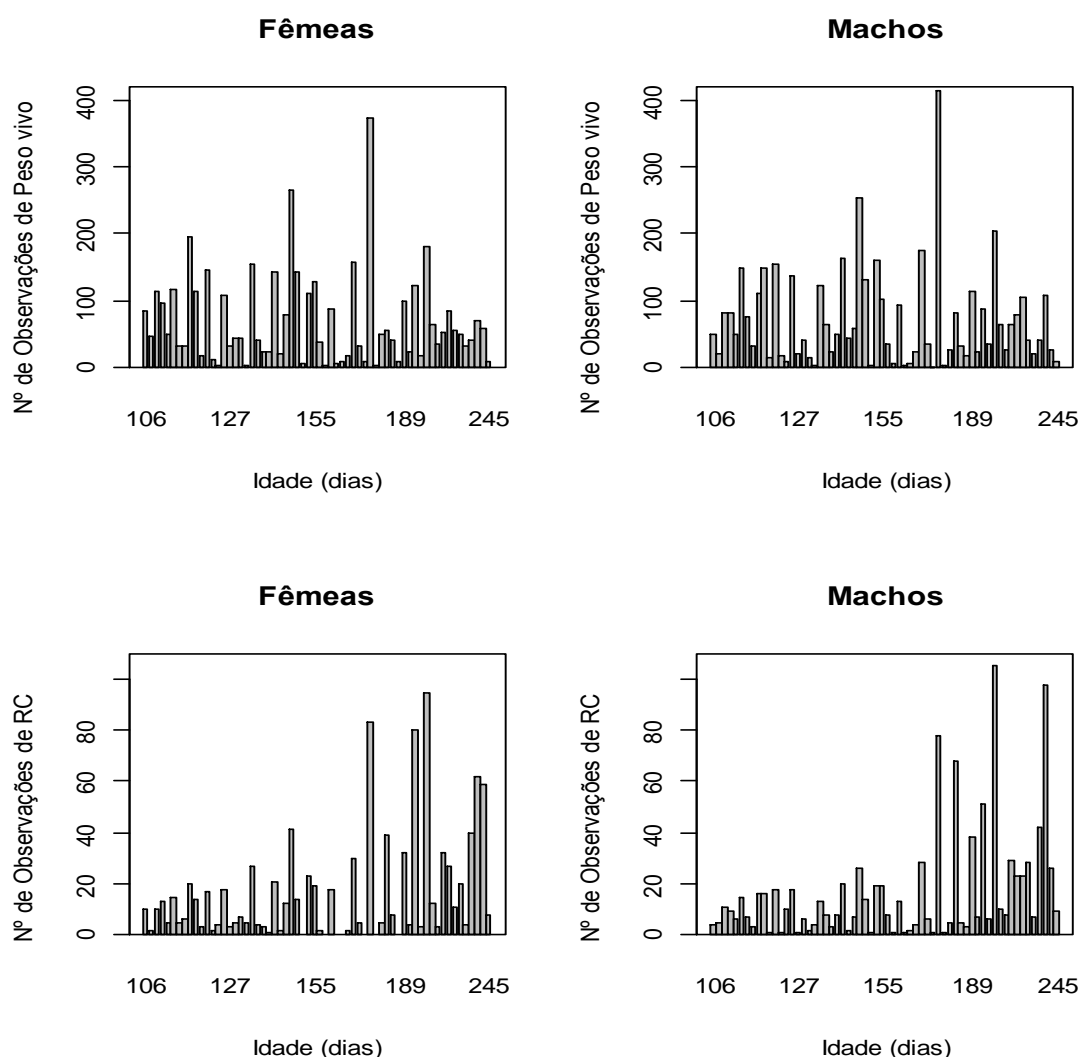


Figura 2.1 Número de observações de peso vivo e rendimento de carcaça (RC) de fêmeas e machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) no intervalo de 106 a 245 dias de idade.

As médias de peso vivo e rendimento de carcaça dos animais variaram dentro do intervalo de idades de avaliação de acordo com o sexo e o tanque em que foram cultivados (Figura 2.2).

É possível notar que os tanques de criação não foram avaliados em todas as idades de mensuração dos animais (Figura 2.2). Isso ocorreu porque as famílias foram avaliadas em diferentes oportunidades. As médias de peso vivo, para fêmeas e machos, no decorrer das idades, variaram entre os tanques, com alguns tanques apresentando valores médios sempre superiores àqueles obtidos em outros tanques. Em função do laboratório não apresentar quantidade suficiente de tanques para a formação de todas as famílias ao mesmo tempo, as mesmas foram formadas em um período de 17 semanas (julho a novembro de 2009). Sendo assim, mesmo com as condições de cultivo controladas, os efeitos de tanque de criação podem refletir efeitos de alterações ambientais ocorridas ao longo do período de formação das

famílias. Além disso, apesar de famílias próximas em idade terem sido agrupadas em cada um dos 12 tanques de criação, pode ter ocorrido de famílias de idades distantes terem sido criadas conjuntamente. Isso pode implicar em prejuízo no desempenho de animais jovens e contribuir para aumentar as diferenças dentro e entre os tanques de criação.

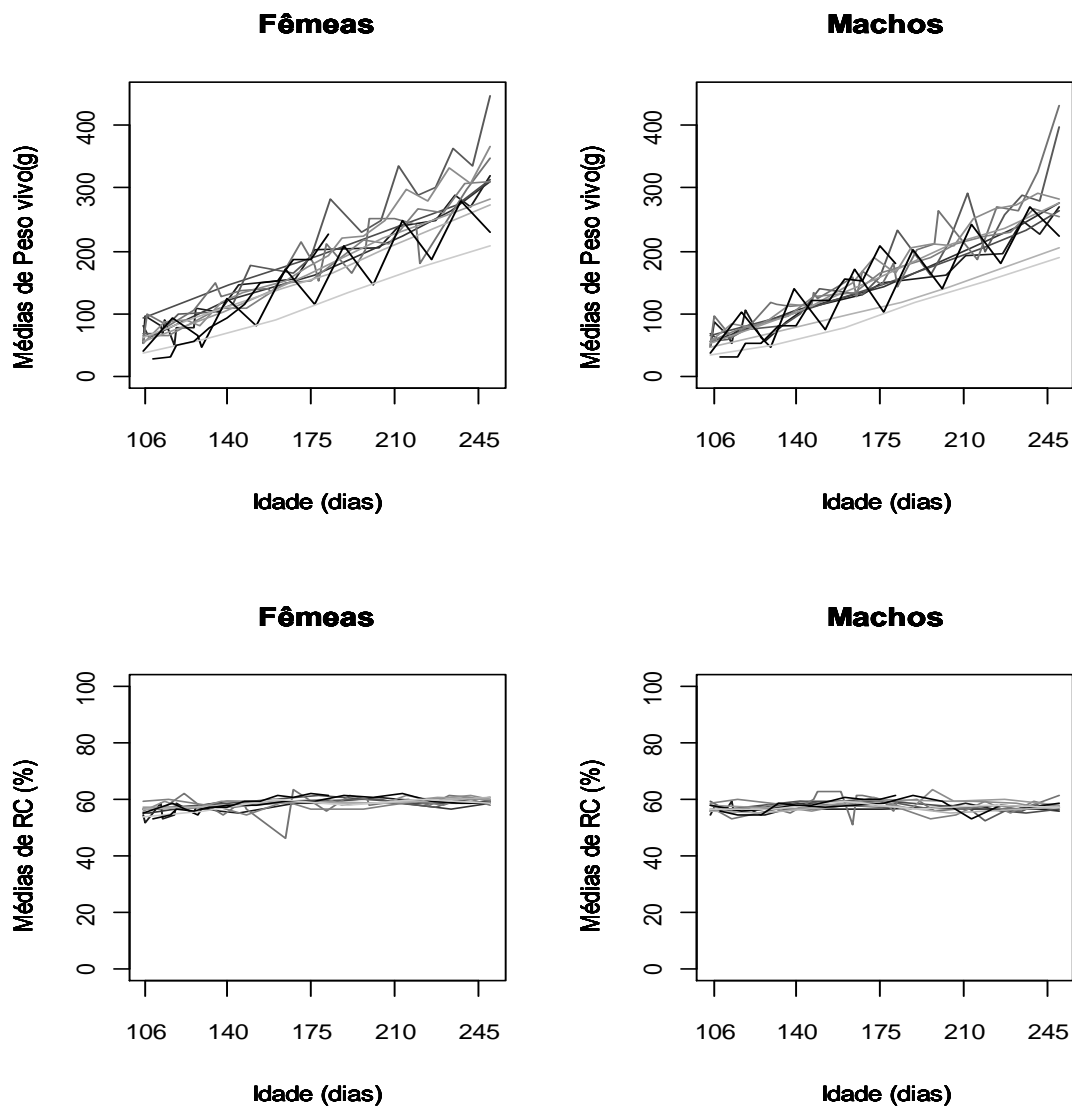


Figura 2.2 Médias de peso vivo e rendimento de carcaça (RC) de fêmeas e machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) no intervalo de 106 a 245 dias de idade para cada tanque de criação (cada linha de cor diferente representa um tanque de criação).

As médias do rendimento de carcaça das fêmeas variaram entre 46,54% e 63,28% (Figura 2.2). Para machos essas médias variaram de 52,20% a 63,15%. O processo de obtenção do rendimento de carcaça pode sofrer variações de origem não genética que podem sub ou superestimar o valor fenotípico dos candidatos à seleção. Entretanto, tal processo foi realizado manualmente por apenas um técnico, o que pode explicar valores próximos de

média de rendimento de carcaça obtidos em diferentes tanques e diferentes idades. Silva et al. (2009) trabalhando com tilápias do Nilo em quatro faixas de peso diferentes (250 a 300 g, 350 a 400 g, 450 a 500 g e 550 a 600 g) não obtiveram diferença entre os valores de rendimento de carcaça para essas categorias de peso, cuja média geral foi de 59,10% e coeficiente de variação de 3,56%. No presente estudo, os valores de média de rendimento de carcaça nessas mesmas faixas de peso foram, respectivamente, de 58,69%, 59,39%, 60,28% e 61,68%, com média geral de 60,01% e coeficiente de variação de 4,69%, valores próximos aos encontrados por Silva et al. (2009).

De maneira geral, houve pequena variação para os critérios SQR, DMA, R^2 e R_a^2 de acordo com os diferentes modelos estatísticos testados para a característica peso vivo (Tabela 2.1). As diferenças entre os maiores e menores valores para esses critérios foram, respectivamente, de 0,188 g², 1,83 g, 0,0237 e 0,0188. Maiores diferenças foram observadas para número de parâmetros (NP, de 16 a 150), e de parâmetros significativos (NPS, de 13 a 30), onde modelos sem aninhamento do polinômio B-spline (modelos S+T+B e ST+B) obtiveram maior porcentagem de parâmetros significativos (PPS).

Tabela 2.1 Estatísticas de ajuste¹ de polinômios B-splines quadráticos para a trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

| Modelo ² | NI | NP | NPS | PPS | SQR | DMA | R^2 | R_a^2 |
|---------------------|----|-----|-----|-----|-------|-------|--------|---------|
| S+T+B | 2 | 16 | 13 | 81 | 2,703 | 41,26 | 0,6574 | 0,6568 |
| | 3 | 17 | 14 | 82 | 2,699 | 41,24 | 0,6579 | 0,6572 |
| | 4 | 18 | 15 | 83 | 2,691 | 41,18 | 0,6589 | 0,6582 |
| | 5 | 19 | 16 | 84 | 2,690 | 41,17 | 0,6590 | 0,6583 |
| ST+B | 2 | 27 | 25 | 93 | 2,673 | 40,99 | 0,6611 | 0,6601 |
| | 3 | 28 | 26 | 93 | 2,670 | 40,97 | 0,6616 | 0,6606 |
| | 4 | 29 | 27 | 93 | 2,662 | 40,91 | 0,6626 | 0,6615 |
| | 5 | 30 | 28 | 93 | 2,661 | 40,90 | 0,6627 | 0,6616 |
| S+T+B(S) | 2 | 19 | 15 | 79 | 2,671 | 40,99 | 0,6614 | 0,6607 |
| | 3 | 21 | 16 | 76 | 2,667 | 40,96 | 0,6619 | 0,6611 |
| | 4 | 23 | 15 | 65 | 2,660 | 40,90 | 0,6628 | 0,6620 |
| | 5 | 25 | 16 | 64 | 2,659 | 40,89 | 0,6629 | 0,6620 |
| S+T+B(T) | 2 | 49 | 17 | 35 | 2,601 | 40,29 | 0,6704 | 0,6685 |
| | 3 | 58 | 24 | 41 | 2,591 | 40,22 | 0,6715 | 0,6694 |
| | 4 | 67 | 24 | 36 | 2,589 | 40,20 | 0,6718 | 0,6693 |
| | 5 | 76 | 23 | 30 | 2,584 | 40,16 | 0,6725 | 0,6696 |
| ST+B(ST) | 2 | 96 | 22 | 23 | 2,536 | 39,58 | 0,6785 | 0,6750 |
| | 3 | 114 | 30 | 26 | 2,524 | 39,53 | 0,6800 | 0,6758 |
| | 4 | 132 | 28 | 21 | 2,520 | 39,48 | 0,6805 | 0,6757 |
| | 5 | 150 | 27 | 18 | 2,515 | 39,43 | 0,6811 | 0,6756 |

¹NI = Número de intervalos do polinômio B-spline quadrático; NP = Número de parâmetros; NPS = Número de parâmetros significativos ($p < 0,1$); PPS = Porcentagem de parâmetros significativos (%); SQR = Soma de quadrados dos resíduos ($\times 10^{-7}g^2$); DMA = Desvio médio absoluto (g); R^2 = Coeficiente de determinação; R_a^2 = Coeficiente de determinação ajustado;

²S = efeito classificatório de sexo; T = efeito classificatório de tanque de criação; ST = efeitos classificatórios de sexo, tanque e interação sexo x tanque; B = B-spline sem aninhamento; B(S) = B-spline com aninhamento em sexo; B(T) = B-spline com aninhamento em tanque; B(ST) = B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque.

Para rendimento de carcaça, à medida que os modelos foram se tornando mais parametrizados os valores de SQR e DMA variaram pouco (Tabela 2.2). As diferenças entre os maiores e menores valores obtidos para esses critérios foram, respectivamente, de 0,261 e 0,224. Os valores de NP, NPS, R^2 e R_a^2 foram os que apresentaram maior variação, de 16 a 150, 13 a 39, 0,1805 a 0,3525 e de 0,1745 a 0,3015, respectivamente.

Considerando cada modelo estatístico testado para descrição das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça quanto ao arranjo dos efeitos de sexo, tanque de criação e aninhamento do polinômio B-spline a esses efeitos, o melhor modelo foi o ST+B(ST), que

incluiu os fatores sexo, tanque de criação e sua interação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado a essa interação (Tabelas 2.1 e 2.2). Esse modelo foi considerado como de melhor ajustamento em função dos menores valores obtidos para SQR e DMA e, maiores valores de R^2 e R_a^2 .

Tabela 2.2 Estatísticas de ajuste¹ de polinômios B-splines quadráticos para a trajetória média do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

| Modelo ² | NI | NP | NPS | PPS | SQR | DMA | R^2 | R_a^2 |
|---------------------|----|-----|-----|-----|-------|-------|--------|---------|
| S+T+B | 2 | 16 | 13 | 81 | 1,244 | 1,846 | 0,1805 | 0,1745 |
| | 3 | 17 | 14 | 82 | 1,232 | 1,834 | 0,1889 | 0,1825 |
| | 4 | 18 | 14 | 78 | 1,226 | 1,832 | 0,1924 | 0,1857 |
| | 5 | 19 | 17 | 89 | 1,224 | 1,833 | 0,1939 | 0,1868 |
| ST+B | 2 | 27 | 18 | 67 | 1,224 | 1,824 | 0,1943 | 0,1839 |
| | 3 | 28 | 18 | 64 | 1,212 | 1,812 | 0,2018 | 0,1911 |
| | 4 | 29 | 19 | 66 | 1,207 | 1,809 | 0,2052 | 0,1941 |
| | 5 | 30 | 22 | 73 | 1,205 | 1,811 | 0,2066 | 0,1952 |
| S+T+B(S) | 2 | 19 | 15 | 79 | 1,196 | 1,803 | 0,2123 | 0,2053 |
| | 3 | 21 | 17 | 81 | 1,186 | 1,794 | 0,2192 | 0,2114 |
| | 4 | 23 | 19 | 83 | 1,179 | 1,789 | 0,2234 | 0,2150 |
| | 5 | 25 | 20 | 80 | 1,175 | 1,788 | 0,2259 | 0,2167 |
| S+T+B(T) | 2 | 49 | 21 | 43 | 1,126 | 1,755 | 0,2584 | 0,2405 |
| | 3 | 58 | 23 | 40 | 1,100 | 1,735 | 0,2753 | 0,2545 |
| | 4 | 67 | 18 | 27 | 1,103 | 1,739 | 0,2739 | 0,2496 |
| | 5 | 76 | 29 | 38 | 1,084 | 1,718 | 0,2864 | 0,2592 |
| ST+B(ST) | 2 | 96 | 41 | 43 | 1,040 | 1,673 | 0,3152 | 0,2818 |
| | 3 | 114 | 36 | 32 | 1,016 | 1,655 | 0,3307 | 0,2915 |
| | 4 | 132 | 34 | 26 | 1,005 | 1,644 | 0,3382 | 0,2928 |
| | 5 | 150 | 39 | 26 | 0,983 | 1,622 | 0,3525 | 0,3015 |

¹NI = Número de intervalos do polinômio B-spline quadrático; NP = Número de parâmetros; NPS = Número de parâmetros significativos ($p < 0,1$); PPS = Porcentagem de parâmetros significativos (%); SQR = Soma de quadrados dos resíduos ($\times 10^2$); DMA = Desvio médio absoluto (g); R^2 = Coeficiente de determinação; R_a^2 = Coeficiente de determinação ajustado;

²S = efeito classificatório de sexo; T = efeito classificatório de tanque de criação; ST = efeitos classificatórios de sexo, tanque e interação sexo x tanque; B = B-spline sem aninhamento; B(S) = B-spline com aninhamento em sexo; B(T) = B-spline com aninhamento em tanque; B(ST) = B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque.

A inclusão da interação sexo x tanque e do aninhamento dos polinômios B-spline quadráticos a essa interação promoveu melhora no ajuste dos modelos estatísticos, indicando que essa interação foi importante, devendo ser considerada. A existência da interação sexo x

tanque demonstrou que animais de sexos e tanques distintos cresceram de maneira diferenciada com o decorrer do tempo, possivelmente em função de fatores genéticos e ambientais. Essa interação indicou a existência de trajetórias médias de peso vivo e de rendimento de carcaça diferentes para cada sexo dentro de cada tanque. A inclusão dessa interação no modelo é necessária para que os valores genéticos dos indivíduos, em avaliações genéticas futuras, sejam estimados de maneira correta. Considerar o aninhamento do efeito da idade em cada nível da interação sexo x tanque é importante para que indivíduos de determinado sexo, cultivados em determinado tanque, não sejam privilegiados durante a avaliação genética. Caso essa interação não seja incluída no modelo, animais de determinado sexo que foram cultivados em determinado tanque poderão ter os valores genéticos sub ou superestimados em alguma idade de avaliação, o que pode contribuir para alterar a classificação dos indivíduos candidatos à seleção.

Nas condições de criação dos indivíduos do presente estudo a inclusão dessa interação foi importante. Entretanto, em outras condições de criação ela pode não ser. Caso as famílias tivessem sido produzidas em mesmo espaço de tempo e maior número de famílias estivesse representada em cada tanque, tal interação poderia não ser significativa.

O estudo das curvas de crescimento animal tem sido realizado no sentido de melhorar a eficiência da produção animal. Entretanto, diferenças dessas curvas em peixes, mais especificamente em linhagens de tilápias, não têm sido estudadas. No estudo de ajuste de funções de crescimento é importante destacar que a forma das curvas pode apresentar variações entre diferentes raças e, dentro de uma mesma raça, entre o sexo dos animais. Além disso, o surgimento de diferentes linhagens de uma espécie de interesse zootécnico requer esse tipo de avaliação em diferentes ambientes e sistemas de cultivo (Santos et al., 2007a).

Apesar de o modelo ST+B(ST) ter sido escolhido como o mais adequado para estudar o peso vivo e o rendimento de carcaça dos indivíduos avaliados, ele foi o que apresentou o maior NP e a menor PPS (Tabelas 2.1 e 2.2). Sabe-se que um parâmetro pode não ser significativo quando incluído isoladamente a um modelo, mas a sua inclusão, juntamente com outros parâmetros, pode melhorar os critérios de ajuste, reduzindo os valores de SQR e DMA e aumentando os valores de R^2 e R_a^2 . Nos modelos mais parametrizados foram incluídos parâmetros que não foram significativos, o que gerou baixo valor de PPS. Porém, nesses modelos, existem parâmetros significativos de alta importância que foram omitidos nos modelos mais simples que apresentaram alta PPS.

Considerando o melhor modelo estatístico escolhido (ST + B(ST)) e partindo para a escolha do número de intervalos dos polinômios B-spline quadráticos, nota-se que o modelo com cinco intervalos equidistantes (modelo com maior número de intervalos) foi considerado como o mais adequado para a análise de ambas as características segundo os critérios SQR, DMA, R^2 e R_a^2 (Tabelas 2.1 e 2.2).

As funções spline podem ser modeladas de várias formas (diferentes bases, posição dos nós e números de intervalos) e dependendo da escolha, elas podem proporcionar redução da multicolinearidade, ser de fácil estimação e possuir interpretação biológica simples (Rey, 2008). Nas funções B-spline pode-se observar que cada polinômio (função base) diferente de

zero, presente entre dois nós, proporciona melhor qualidade de ajuste local, uma vez que o ajuste em determinado intervalo de idades é influenciado apenas por dados próximos a este polinômio e não por todo o conjunto de dados. Sendo assim, quanto maior for o número de intervalos, maior será o número de funções base e, conseqüentemente, melhor será o ajuste dos polinômios. Quanto maior o número de intervalos, maior o número de parâmetros requerido. Se maior quantidade de parâmetros resultar em maior aproximação dos valores estimados dos valores paramétricos, isso será consideravelmente vantajoso.

Os valores de R^2 e R_a^2 para peso vivo variaram respectivamente de 0,6574 a 0,6811 e de 0,6568 a 0,6756 em todos os modelos estatísticos estudados (Tabela 2.1). Tais valores foram considerados altos indicando que as variáveis independentes incluídas explicaram a variação total observada para a característica de maneira satisfatória. Para rendimento de carcaça, em todos os modelos testados, os valores de R^2 e R_a^2 foram considerados baixos indicando que outros fatores importantes, mas desconhecidos, não foram incluídos nos modelos utilizados e podem explicar parte da variabilidade para o rendimento de carcaça (Tabela 2.2).

De acordo com Crepaldi et al. (2008), o aumento do rendimento de carcaça tem sido um dos principais objetivos das pesquisas para se obter maior eficiência nos sistemas de produção animal. Melhorar as características de carcaça por meio de programas de seleção tem sido possível nas espécies de interesse econômico, não apenas pela busca por animais com maior rendimento de carcaça, mas pelo aumento no rendimento de cortes nobres que são mais valorizados pelo mercado consumidor. Entretanto, a seleção para essas características apresenta dificuldades, visto que a mensuração direta envolve sacrifício do animal e perda de um potencial reprodutor dentro do plantel, eliminando-se a possibilidade de aproveitamento desse indivíduo em programas de seleção. Visando maior eficiência da aquicultura como atividade zootécnica, buscam-se, hoje, métodos de avaliação de índices de produtividade animal que sejam eficazes e permitam rápida evolução em programas de melhoramento.

Para peso vivo, os modelos S+T+B e ST+B com cinco intervalos apresentaram os maiores valores de R_a^2 (Tabela 2.1). Para o modelo S+T+B(S), os modelos com quatro e cinco intervalos apresentaram os mesmos valores, ambos superiores aos valores dos modelos com dois e três intervalos (Tabela 2.1). Para rendimento de carcaça, os cinco modelos com cinco intervalos apresentaram os maiores valores de R_a^2 (Tabela 2.2).

Para peso vivo e rendimento de carcaça, o modelo S+T+B(T) com cinco intervalos apresentou maior valor de R_a^2 , entretanto o modelo com três intervalos apresentou valor superior ao do modelo com quatro intervalos (Tabelas 2.1 e 2.2).

Para peso vivo, o modelo ST+B(ST) com três intervalos apresentou valor para R_a^2 superior aos demais pela inclusão de variáveis pouco explicativas (Tabela 2.1). Os modelos com quatro e cinco intervalos foram penalizados ao calcular-se o R_a^2 , o que resultou em valores inferiores ao obtido no modelo com três intervalos. Entretanto, os critérios SQR, DMA e R^2 foram melhores para os modelos com maior número de intervalos, demonstrando que o aumento do número de intervalos faz com que haja melhor ajuste local em intervalos mais curtos de idade. Isso torna o modelo ST+B(ST) com cinco intervalos o mais adequado.

Da mesma maneira que foram modestas as diferenças nos critérios de ajuste calculadas para os modelos com diferentes números de intervalos, os valores estimados de peso vivo e rendimento de carcaça ao longo do intervalo de idades também foram próximos.

A análise das trajetórias médias do peso vivo estimadas com os polinômios B-splines quadráticos de dois a cinco intervalos para machos nos tanques nove e dois, que apresentaram, respectivamente, menor e maior número de observações, demonstrou que não houve grandes diferenças entre os polinômios no decorrer das idades de avaliação dos animais (Figura 2.3). O fato desses tipos de polinômios priorizarem o ajuste local em relação ao global os torna mais robustos em relação ao reduzido número de dados para certas faixas do conjunto de dados (Menezes et al., 2011). Para animais machos do tanque dois, maiores diferenças entre as trajetórias do peso vivo puderam ser visualizadas entre a primeira e a segunda avaliação. Essas maiores oscilações dos polinômios nestes pontos podem ser explicadas pelo fato de que o número de observações de peso vivo na primeira idade de avaliação reduziu de 84 para 44 na segunda idade de avaliação. O polinômio B-spline quadrático com cinco intervalos foi o polinômio que mais se aproximou da média de peso vivo na segunda idade de avaliação dos animais machos do tanque 2.

A análise das trajetórias médias do rendimento de carcaça para polinômios B-splines quadráticos de dois a cinco intervalos para machos nos tanques nove e dois com menor e maior número de observações, respectivamente, demonstrou que não houve diferenças consideráveis entre os polinômios no decorrer das idades de mensuração dos animais (Figura 2.3). Maiores diferenças entre as trajetórias médias do rendimento de carcaça puderam ser visualizadas entre o polinômio B-spline quadrático com dois intervalos e os demais polinômios com três, quatro e cinco intervalos para machos do tanque nove. Essas diferenças entre modelos podem ser justificadas pelo fato de que, nas seis idades de avaliação do tanque nove, foram obtidas poucas observações de rendimento de carcaça (quatro, seis, cinco, seis, seis e 24).

Mudanças nos números de intervalos não resultaram em diferenças marcantes nas análises das trajetórias do peso vivo e rendimento de carcaça. Além disso, o modelo escolhido para estudar as duas características foi o mesmo, ST+B(ST) com cinco intervalos. Entretanto, é necessário avaliar se há diferenças entre os modelos quando for realizada a estimação dos componentes de variância e a avaliação genética dos indivíduos e certificar se o modelo ST+B(ST) com cinco intervalos também será o melhor.

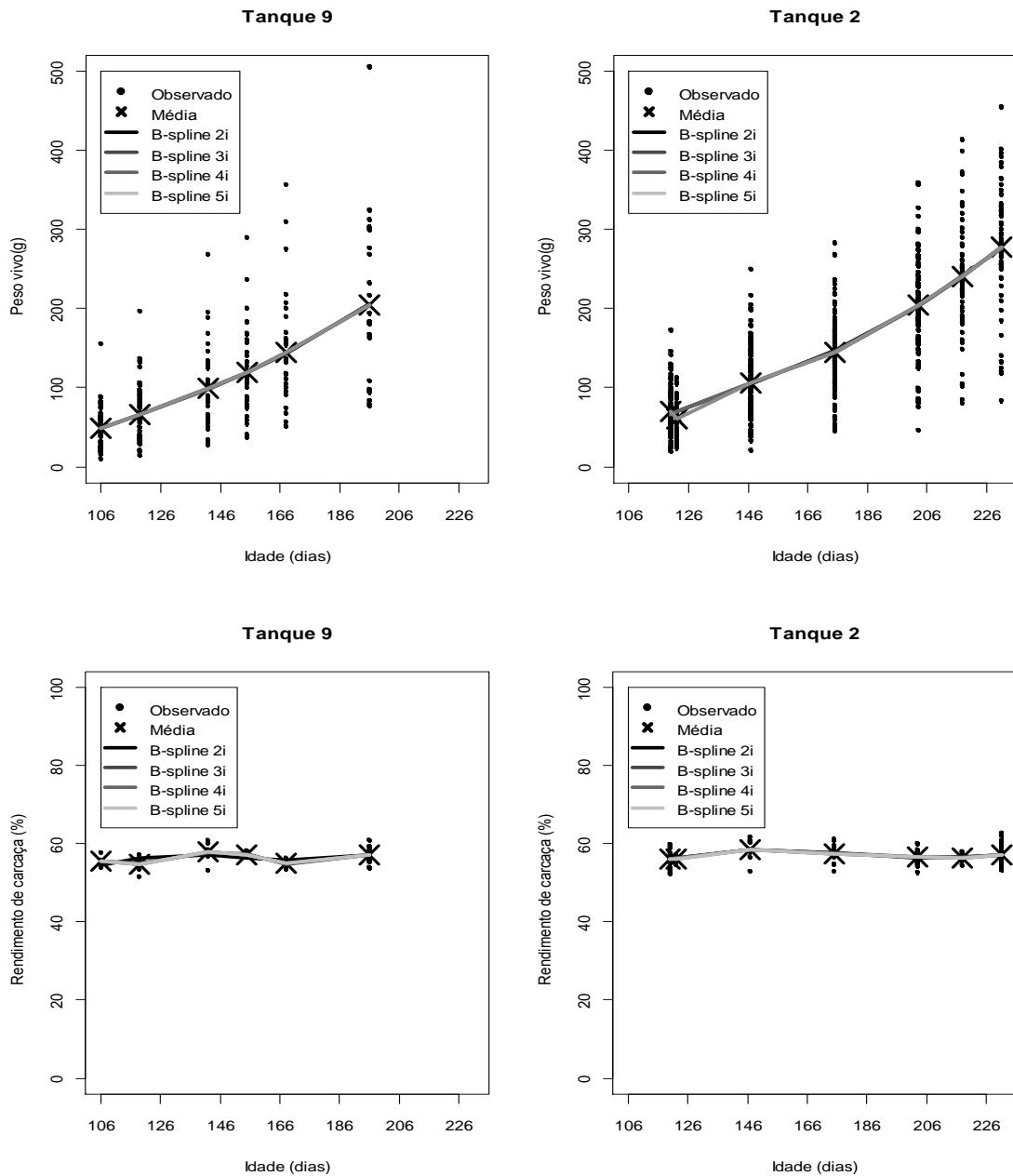


Figura 2.3 Trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça nos tanques nove e dois com menor e maior número de observações, respectivamente, de machos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas por polinômios B-splines quadráticos com dois a cinco intervalos.

2.4 Conclusões

A inclusão da interação dos fatores sexo e tanque de criação e o aninhamento do efeito da idade, por meio de polinômios B-spline quadráticos, contribuíram para a melhoria dos ajustes dos modelos estatísticos para análise do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

O aumento do número de intervalos dos polinômios B-spline quadráticos melhorou o ajuste dos modelos estatísticos para análise do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

Dos modelos escolhidos para estudo das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça, aqueles que apresentaram cinco intervalos equidistantes foram considerados como os mais adequados.

As variáveis independentes incluídas nos modelos estatísticos avaliados explicaram até 68% da variação total observada para a característica peso vivo das tilápias do Nilo avaliadas dos 106 aos 245 dias de idade.

Os modelos utilizados para explicar a variabilidade para o rendimento de carcaça dos indivíduos avaliados não o fizeram de maneira satisfatória. Outros fatores não considerados e não conhecidos, como o efeito genético aditivo direto, representam parte significativa (de 20 a 80%, aproximadamente) dessa variabilidade.

3. Trajetórias médias e funções de covariância para análise do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

Resumo: Por meio de modelos de regressão aleatória foram testadas alternativas de inclusão de efeitos fixos e aleatórios e diferentes números de intervalos de polinômios B-spline quadráticos para modelagem das trajetórias médias e obtenção das funções de covariância do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Os modelos estatísticos foram testados com e sem o efeito aleatório de família e incluíram como efeitos fixos o sexo e o tanque de criação. As trajetórias médias e funções de covariância foram melhor obtidas por meio de polinômios B-spline quadráticos com cinco intervalos e variância residual com cinco classes. A inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação, da interação desses efeitos e do polinômio B-spline quadrático aninhado a essa interação melhorou o ajuste dos modelos. Para peso vivo, a inclusão do efeito de família pode ter causado confundimento nas estimativas de variância genética aditiva direta e de ambiente permanente direto. Para rendimento de carcaça, os modelos com melhores ajustes não incluíram esse efeito. A herdabilidade para peso vivo variou de 0,36 a 0,61 e para rendimento de carcaça de 0,18 a 0,76 indicando que essas características podem ser incluídas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético. Correlações genéticas entre as idades de avaliação apresentaram média superior a 0,69 (peso vivo) e a 0,47 (rendimento de carcaça) sugerindo que a seleção precoce pode ser realizada.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, herdabilidade, melhoramento genético, peixe, polinômios B-spline, regressão aleatória

3.1 Introdução

A intensificação do cultivo da tilápia (*Oreochromis niloticus*) causada pela diminuição da pesca extrativista e maior procura pelo pescado em função da qualidade de sua carne está estimulando o desenvolvimento de sua cultura (Santos et al., 2007a). Como consequência, a produção de tilápias tem recebido crescente atenção durante as últimas três décadas (Rezk et al., 2009) e o desenvolvimento de estratégias para aumentar a eficiência produtiva e econômica desta cadeia produtiva, como o melhoramento genético, certamente contribuirá para o atendimento das demandas e crescimento sustentável.

O delineamento de programas de melhoramento genético animal depende do conhecimento de parâmetros genéticos para características economicamente importantes. No caso da tilápia, o peso corporal e o rendimento de carcaça refletem o valor recebido pelo produtor e o aproveitamento da carne após o abate do animal (Santos et al., 2012). Como estas características podem ser avaliadas em animais de diferentes idades, as estimativas de parâmetros genéticos podem ser obtidas por meio de modelos de regressão aleatória (Schaeffer, 2004).

Nos modelos de regressão aleatória os ajustes das trajetórias médias e das funções de covariância entre os coeficientes de regressão são fundamentais porque erros de modelagem podem ter reflexos sobre as estimativas de parâmetros genéticos (Scalez, 2012) e, conseqüentemente, sobre as predições de valores genéticos e decisões de seleção. Portanto, é necessário modelar adequadamente os efeitos que influenciam as características de interesse para que os animais de valores genéticos superiores possam ser identificados e selecionados.

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar alternativas de inclusão de efeitos fixos e aleatórios para a modelagem das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por meio de modelos de regressão aleatória utilizando polinômios B-spline quadráticos e, obter estimativas de parâmetros e valores genéticos para estas características empregando os modelos mais adequados.

3.2 Material e Métodos

Foi utilizada uma base de dados constituída de 72 famílias de irmãos completos e 36 famílias de meio-irmãos de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) da linhagem Chitralada proveniente do Laboratório de Aquacultura da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais. As 72 famílias de irmãos completos e as 36 famílias de meio-irmãos foram formadas com a utilização de 72 fêmeas e 36 machos, sendo acasalado um macho com duas fêmeas. Por falta de espaço físico suficiente e devido às desovas assíncronas das fêmeas, todas as famílias foram formadas em um período de 17 semanas. Depois de realizada a marcação individual, entre a 13ª e a 20ª semana de vida pós-eclosão das larvas, grupos de seis famílias, mais próximas em idade, foram alojadas comunalmente em tanques circulares de 7 m³.

Todos os indivíduos foram identificados com *microchips* (Partners & Quality Technology, Pelotas, RS, Brasil). Em decorrência das sobrevivências desiguais, o número de animais marcados por família foi diferente. Peixes não identificados e excedentes de famílias foram alojados em tanques com menor número de tilápias para garantir a mesma densidade de estocagem (aproximadamente 29 indivíduos/m³). As 72 famílias ocuparam 12 tanques de mesma dimensão (7 m³) e, para reduzir diferenças entre tanques, as mesmas condições de cultivo foram impostas. A qualidade da água de todos os tanques foi mantida por trocas diárias de 50% do seu volume, aeração forçada e aquecimento elétrico com presença de termostato para controlar a variação da temperatura. Os parâmetros físico-químicos da água foram monitorados regularmente (oxigênio: aproximadamente 4mg/L; amônia: menor que 0,5mg/L; pH: entre 7,0 e 7,5; temperatura: de 25 a 26°C). O manejo alimentar e programa de luz foram os mesmos em todos os tanques. Os animais foram alimentados com ração peletizada com 32% de proteína três vezes ao dia (às 8, 12 e 16 horas) com taxa média diária de arraçoamento de 5% da biomassa total. Todos os animais foram submetidos a um programa diário de luz artificial de 10 horas de duração.

Indivíduos de cada família foram pesados em seis oportunidades, sendo a primeira pesagem realizada no momento da identificação. As idades de pesagens foram diferentes para cada família e, no total, foram obtidas 62 idades de avaliação dos indivíduos. A cada mensuração, depois de submetidos à crionarcese, alguns animais por família foram escolhidos aleatoriamente para serem abatidos e terem os pesos de carcaça registrados. O sexo dos animais foi confirmado após o abate. No sexto momento de mensuração, todos os animais remanescentes de cada família foram abatidos. A carcaça, obtida manualmente por uma única pessoa, foi considerada como o animal sacrificado, sem cabeça, cintura pélvica, cintura torácica (corte oblíquo da cabeça) e vísceras, mas mantidas as escamas e espinhos. O rendimento de carcaça, calculado em porcentagem, foi obtido pela divisão do peso da carcaça pelo peso vivo do indivíduo e o resultado multiplicado por cem. O intervalo de tempo entre cada mensuração variou de 14 a 28 dias e, desta forma, os dados foram distribuídos entre 106 a 245 dias de idade.

O banco de dados foi constituído de 8.758 medidas de peso vivo e 2.042 observações para rendimento de carcaça. Dos 2.042 indivíduos avaliados para peso vivo, 230 (11,26%), 242 (11,85%), 228 (11,17%), 228 (11,17%), 236 (11,56%) e 878 (43,00%) obtiveram, respectivamente, uma, duas, três, quatro, cinco e seis observações. A matriz de parentesco foi composta por 2.150 indivíduos, dos quais 36 eram pais, 72 eram mães e 2.042 eram filhos, irmãos completos e meio-irmãos.

As trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça foram modeladas por meio de polinômios do tipo B-splines quadráticos com número total de intervalos equidistantes variando entre 2 e 5. Os coeficientes das funções B-spline foram definidos para o intervalo k , delimitado pelos pontos definidos pelas idades D_k e D_{k+1} , onde $D_k < D_{k+1}$. Para funções B-spline de grau p igual a zero ($p = 0$), todos os coeficientes para as idades d_j presentes dentro do intervalo k especificado foram iguais à unidade ($\phi_{k,p=0}(d_j) = 1$, se $D_k \leq d_j < D_{k+1}$). Os coeficientes para as idades d_j que se apresentaram fora do intervalo k

receberam valores iguais à zero ($\phi_{k,p=0}(d_j) = 0$, de outra maneira). Para funções B-spline de grau p maior que zero ($p = 1$ ou $p=2$), os coeficientes $\phi_{k,p}(d_j)$ foram gerados de maneira recursiva pela seguinte função: $\phi_{k,p}(d_j) = \frac{d_j - D_k}{D_{k+p} - D_k} \phi_{k,p-1}(d_j) + \frac{D_{k+p+1} - d_j}{D_{k+p+1} - D_{k+1}} \phi_{k+1,p-1}(d_j)$. No presente estudo, todos os coeficientes das funções B-spline utilizadas foram gerados por meio de funções de grau $p = 2$, sendo originadas, portanto, funções quadráticas. A divisão em m intervalos exigiu a especificação de $m-1$ nós internos e dois nós externos (D_0 e D_m) gerando um total de $m+1$ nós e $m+p$ funções $\phi_{k,p}$ não-nulas (Meyer, 2005).

Os ajustes das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça foram realizados por meio de modelos estatísticos distintos, nos quais foram consideradas alternativas para modelagem dos efeitos fixos de sexo e tanque de criação dos animais. Em todos os modelos estatísticos estudados os coeficientes dos polinômios B-spline quadráticos gerados a partir da idade de mensuração dos animais foram utilizados como covariáveis. Os efeitos genético aditivo direto e de família foram considerados como aleatórios. Para a característica peso vivo, o efeito aleatório de ambiente permanente direto também foi incluído nos modelos. Para as duas características, os modelos foram avaliados com a inclusão e a exclusão do efeito de família. O mesmo número de intervalos dos polinômios B-spline quadráticos foi utilizado nos modelos para todos os efeitos (fixos e aleatórios) em cada análise. Variâncias residuais foram modeladas considerando de duas até cinco classes de idade e, de acordo com o número e local de inclusão dos nós nos polinômios B-spline quadráticos, foram determinados o número e posição das classes de variância residual. Os modelos, com a inclusão dos efeitos de ambiente permanente e de família, podem ser representados, de forma geral, por:

$$y_{ghijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \beta_k + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \rho_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \delta_{kg} + e_{ghijl}$$

(modelo S+T+B),

$$y_{ghijl} = \mu + st_{hi} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \beta_k + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \rho_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \delta_{kg} + e_{ghijl}$$

(modelo ST+B),

$$y_{ghijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(h)} \beta_{k_h} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \rho_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \delta_{kg} + e_{ghijl}$$

(modelo S+T+B(S)),

$$y_{ghijl} = \mu + s_h + t_i + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(i)} \beta_{k_i} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \rho_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \delta_{kg} + e_{ghijl}$$

(modelo S+T+B(T)) e,

$$y_{ghijl} = \mu + st_{hi} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j)_{(hi)} \beta_{k_{hi}} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \rho_{kl} + \sum_{k=2}^K \phi_{k,2}(d_j) \delta_{kg} + e_{ghijl}$$

(modelo ST+B(ST)),

em que: y_{ghij} = valor observado da variável dependente y da tilápia l , da família g , do sexo h , no tanque i , mensurada na j -ésima idade; μ = constante geral; s_h = efeito fixo de sexo h ($h = 1, 2$); t_i = efeito fixo de tanque i ($i = 1, \dots, 12$); $\phi_{k,2}(d_j)$, $\phi_{k,2}(d_j)_{(h)}$, $\phi_{k,2}(d_j)_i$, $\phi_{k,2}(d_j)_{(hi)}$ = k -ésimas covariáveis para as j -ésimas idades, sem aninhamento, com aninhamento em sexo, com aninhamento em tanque de criação e, com aninhamento na interação sexo x tanque obtidas por meio de polinômios B-spline quadráticos, respectivamente; β_k , β_{k_h} , β_{k_i} , $\beta_{k_{hi}}$ = k -ésimos coeficientes de regressão gerados para os polinômios B-spline quadráticos apresentando até cinco intervalos ($K = 2, \dots, 5$); α_{kl} , ρ_{kl} , δ_{kg} = k -ésimos coeficientes de regressão aleatórios do indivíduo l , da família g , obtidos com polinômios B-spline quadráticos apresentando até cinco intervalos ($K = 2, \dots, 5$), para os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente direto e de família, respectivamente; e_{ghij} = erro aleatório associado a cada observação. Nas representações simbólicas dos modelos S é o efeito fixo de sexo; T é o efeito fixo de tanque de criação; ST são os efeitos fixos de sexo, tanque e da interação sexo x tanque; B é a covariável obtida com polinômio B-spline sem aninhamento; B(S) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento em sexo; B(T) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento em tanque e B(ST) é a covariável obtida com polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque.

De modo geral, a representação matricial dos modelos com a inclusão dos efeitos de ambiente permanente e de família pode ser dada por:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + Z_3f + e,$$

onde y é o vetor de observações, β é o vetor contendo as soluções para os efeitos fixos, a , p e f são vetores de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, de ambiente permanente direto e de família, X , Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência correspondentes e, e é o vetor de efeitos residuais aleatórios.

As seguintes pressuposições foram assumidas:

$$E \begin{bmatrix} a \\ p \\ f \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } V \begin{bmatrix} a \\ p \\ f \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_p \otimes P & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_f \otimes F & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix},$$

onde K_a , K_p e K_f são matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente e de família, respectivamente; A é a matriz de parentesco entre os animais; P e F são matrizes identidade de ordem igual

ao número de indivíduos com observação e ao número de famílias, respectivamente; e R é uma matriz diagonal contendo as variâncias residuais.

Os componentes de (co)variância foram estimados por meio do Método da Máxima Verossimilhança Restrita utilizando o programa Wombat (Meyer, 2006) e critério de convergência de 10^{-6} .

Os modelos foram comparados avaliando os valores assumidos pelo logaritmo natural da função de máxima verossimilhança restrita $-2Ln(L)_x = (n - p_x)Ln(2\pi) + Ln|V| + Ln|X'V^{-1}X| + (y - X\beta)'V^{-1}(y - X\beta)$ em que: $-2Ln(L)_x$ representa o valor de -2 x logaritmo natural da função de verossimilhança restrita do modelo x ; n é o número de observações analisadas, p_x é o posto da matriz X de efeitos fixos, V é a matriz de (co)variância fenotípica, y representa o vetor de observações, β o vetor de soluções para os efeitos fixos. Também foram utilizados o critério de informação bayesiano (BIC, $BIC_x = -2Ln(L)_x + k_x Ln(n)$) proposto por Schwarz (1978) e o critério de informação de Akaike Consistente (CAIC, $CAIC_x = -2Ln(L)_x + k_x [Ln(n - p_x) + 1]$), em que, k_x representa o número de parâmetros do modelo (Bozdogan, 1987; Wolfinger, 1993). Para $-2Ln(L)_x$, quanto mais próximo de zero o resultado encontrado, melhor foi o ajuste do modelo. Para BIC e CAIC, modelos com melhor ajuste tiveram menores valores para esses critérios.

Depois de realizada a comparação dos modelos quanto aos critérios de ajuste considerados, realizou-se a predição dos valores genéticos utilizando os modelos que apresentaram os melhores ajustes. Para a obtenção dos valores genéticos dos l indivíduos sob avaliação, foi realizada a conversão dos coeficientes, nas idades de interesse, por meio da fórmula $VG_{jl} = \sum_{k=2}^k \phi_{k,2}(d_j) \alpha_{kl}$, em que $\sum_{k=2}^k \phi_{k,2}(d_j)$, representa um vetor dos k coeficientes do polinômio B-spline quadráticos para a idade j .

Correlações de Pearson e de Spearman foram calculadas entre os valores genéticos preditos dos pais, mães e filhos obtidos por meio dos modelos indicados como melhores. Para a escolha dos filhos com maiores valores genéticos nas idades de interesse (106, 155, 205 e 245 dias), foram simulados processos de seleção de 1%, 5% e 10% dos filhos para as características peso vivo e rendimento de carcaça. Posteriormente, para verificar se os mesmos filhos foram selecionados utilizando os modelos escolhidos segundo os diferentes critérios, foi calculada a porcentagem de filhos selecionados em comum dentro dos 1%, 5% e 10% superiores.

3.3 Resultados e Discussão

Para a característica peso vivo, quando comparados modelos similares quanto a modelagem das trajetórias médias, mas que diferiram apenas pela inclusão do efeito de família, o critério de ajuste $-2Ln(L)$ indicou os modelos com efeito de família como os

melhores (Tabela 3.1). Entretanto, quando avaliados os critérios BIC e CAIC os modelos sem a inclusão desse efeito apresentaram melhores valores de ajuste.

Tabela 3.1 Valores dos critérios de ajuste¹ obtidos em diferentes modelos² para análise do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

| Modelo | NI/ NCVR | p | Sem efeito de família | | | | Com efeito de família | | | |
|----------|-------------|-----|-----------------------|-----------------------------------|-----------------------------|------------------------------|-----------------------|-----------------------------------|-----------------------------|------------------------------|
| | | | k | $-2Ln(L)$ (x 10 ³) | BIC (x 10 ³) | CAIC (x 10 ³) | k | $-2Ln(L)$ (x 10 ³) | BIC (x 10 ³) | CAIC (x 10 ³) |
| S+T+B | 2/2 | 17 | 22 | -29,96 | 60,12 | 60,31 | 32 | -29,92 | 60,13 | 60,33 |
| | 3/3 | 18 | 33 | -29,57 | 59,43 | 59,65 | 48 | -29,53 | 59,49 | 59,72 |
| | 4/4 | 19 | 46 | -29,46 | 59,33 | 59,57 | 67 | -29,38 | 59,37 | 59,63 |
| | 5/5 | 20 | 61 | -29,32 | 59,20 | 59,46 | 89 | -29,26 | 59,34 | 59,62 |
| ST+B | 2/2 | 28 | 22 | -29,94 | 60,07 | 60,37 | 32 | -29,90 | 60,08 | 60,40 |
| | 3/3 | 29 | 33 | -29,54 | 59,38 | 59,71 | 48 | -29,50 | 59,44 | 59,78 |
| | 4/4 | 30 | 46 | -29,43 | 59,28 | 59,63 | 67 | -29,36 | 59,32 | 59,69 |
| | 5/5 | 31 | 61 | -29,30 | 59,15 | 59,52 | 89 | -29,25 | 59,30 | 59,70 |
| S+T+B(S) | 2/2 | 21 | 22 | -29,91 | 60,03 | 60,26 | 32 | -29,87 | 60,04 | 60,28 |
| | 3/3 | 23 | 33 | -29,52 | 59,34 | 59,60 | 48 | -29,48 | 59,40 | 59,68 |
| | 4/4 | 25 | 46 | -29,41 | 59,24 | 59,54 | 67 | -29,33 | 59,28 | 59,59 |
| | 5/5 | 27 | 61 | -29,27 | 59,10 | 59,43 | 89 | -29,22 | 59,24 | 59,60 |
| S+T+B(T) | 2/2 | 58 | 22 | -29,64 | 59,49 | 60,09 | 32 | -29,62 | 59,53 | 60,15 |
| | 3/3 | 67 | 33 | -29,25 | 58,81 | 59,51 | 48 | -29,23 | 58,89 | 59,61 |
| | 4/4 | 76 | 46 | -29,12 | 58,66 | 59,47 | 67 | -29,09 | 58,79 | 59,63 |
| | 5/5 | 84 | 61 | -28,99 | 58,53 | 59,44 | 89 | -28,95 | 58,70 | 59,64 |
| ST+B(ST) | 2/2 | 114 | 22 | -29,41 | 59,03 | 60,20 | 32 | -29,39 | 59,07 | 60,25 |
| | 3/3 | 132 | 33 | -29,00 | 58,30 | 59,67 | 48 | -28,97 | 58,38 | 59,76 |
| | 4/4 | 150 | 46 | -28,85 | 58,12 | 59,68 | 67 | -28,82 | 58,25 | 59,83 |
| | 5/5 | 166 | 61 | -28,69 | 57,93 | 59,66 | 89 | -28,65 | 58,10 | 59,86 |

¹ $-2Ln(L)$ = Valor de -2 x logaritmo natural da função de máxima verossimilhança restrita; BIC = Valor do critério de informação bayesiano; CAIC = Valor do critério de informação de Akaike Consistente;

²S = efeito classificatório de sexo; T = efeito classificatório de tanque de criação; ST = efeitos classificatórios de sexo, tanque e interação sexo x tanque; B = B-spline sem aninhamento; B(S) = B-spline com aninhamento em sexo; B(T) = B-spline com aninhamento em tanque; B(ST) = B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque; NI/NCVR = Número de intervalos do polinômio B-spline e de classes de variância residual do modelo; p = Posto da matriz de efeitos fixos; k = Número de parâmetros do modelo.

A inclusão do efeito de família no modelo estatístico implicou na redução das estimativas de variância genética aditiva direta e aumento das estimativas de variância de ambiente permanente direto, permanecendo valores similares para as variâncias residual e fenotípica para peso vivo (Figura 3.1). Isso sugere que a variância para o efeito de família foi

formada de parte da variância genética aditiva direta e que também há transferência de parte dessa variância para variância de ambiente permanente direto.

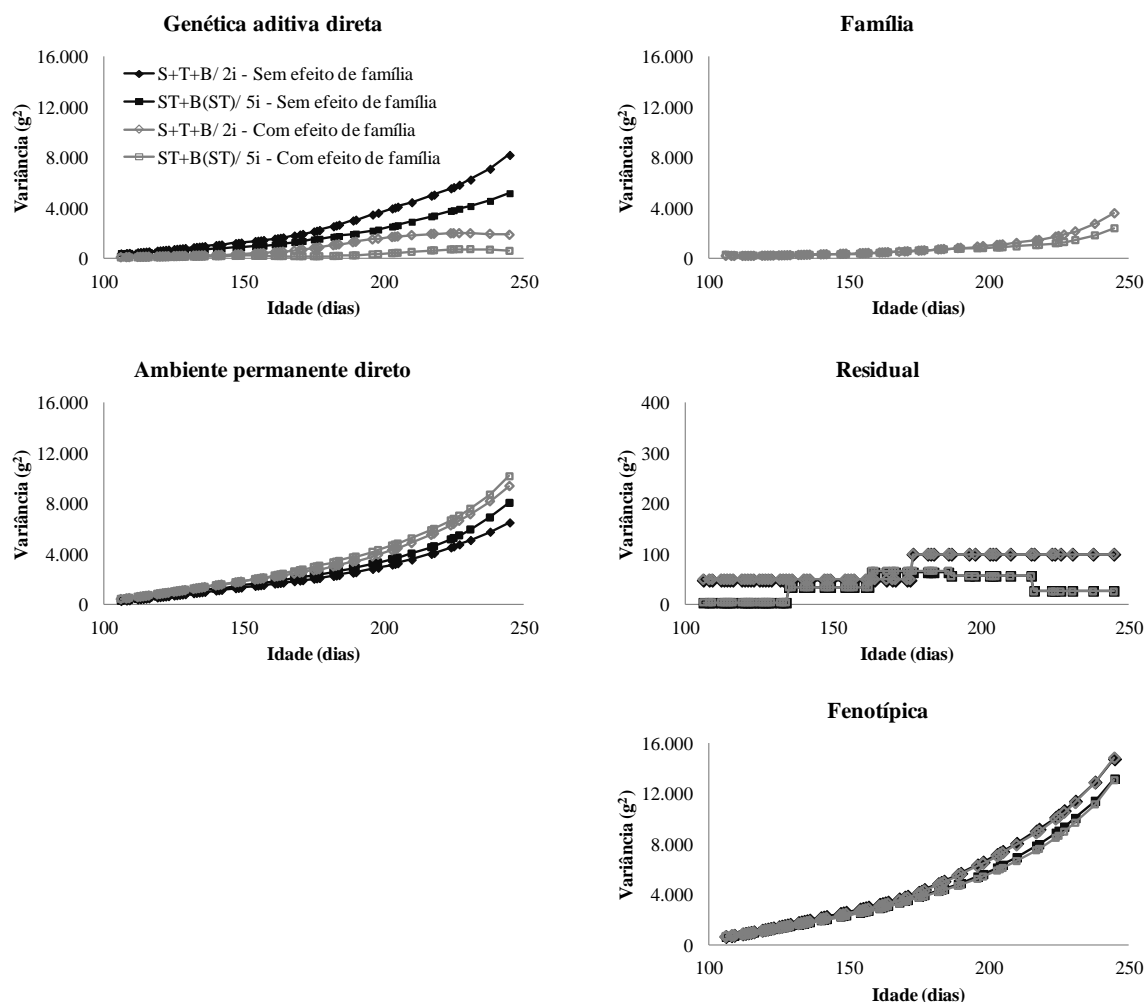


Figura 3.1 Estimativas de variâncias (g^2) obtidas utilizando o modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento, com dois intervalos e duas classes de variância residual) e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque, com cinco intervalos e cinco classes de variância residual), com e sem efeito de família, para ajuste da trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

As correlações de Pearson entre os valores genéticos para a característica peso vivo dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B (com dois intervalos e duas classes de variância residual) e ST+B(ST) (com cinco intervalos e cinco classes de variância residual) sem e com o efeito de família foram acima de 0,97 e indicaram que os valores genéticos dos animais obtidos pelos dois modelos foram semelhantes (Anexos A e C). Entretanto, quando foi realizada a seleção de 1%, 5% e

10% dos filhos, pequeno percentual de indivíduos em comum foram selecionados, principalmente quando o modelo ST+B(ST) foi utilizado (Anexos B e D).

As diferenças entre as famílias de tilápias podem ter ocorrido em função dos efeitos de ambiente permanente, genético aditivo direto, genético aditivo materno e outros efeitos genéticos não aditivos. Por mais que as condições ambientais tenham sido altamente controladas durante o experimento, até o momento da identificação e apartação dos animais, pode ter havido diferenciações de arraçoamento, temperatura, oxigenação e pH da água, que contribuíram para que o efeito de ambiente permanente fosse diferente para cada um dos tanques. Além disso, cada mãe, desde a formação dos óvulos até o momento da separação de sua prole, produziu e cuidou de maneira diferente de seus filhos, o que contribuiu para aumentar a diferença entre famílias. Sendo assim, ao incluir nos modelos estatísticos, juntamente ao efeito de família, o efeito genético aditivo direto e o de ambiente permanente, pode existir confundimento nas estimativas das variâncias para esses efeitos, pois como esclarecido, os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente podem estar confundidos com o efeito de família.

Turra et al. (2012a) avaliaram diferentes modelos de regressão aleatória, utilizando polinômios de Legendre, para a estimação de parâmetros genéticos para a característica peso vivo de tilápias do Nilo. Esses autores obtiveram baixos valores para a variância genética aditiva direta quando o efeito de família foi incluído nos modelos e citam ainda que a inclusão do efeito de família pode resultar em valores subestimados para o efeito genético aditivo direto. Thodesen et al. (2011), avaliando tilápias do Nilo da linhagem Progift para a obtenção de parâmetros genéticos e respostas à seleção para crescimento após seis gerações de seleção multicausal, observaram que baixas estimativas de herdabilidade estiveram associadas a altas estimativas do efeito de irmãos completos (efeito de família). Segundo os autores, isso indicou confundimento entre os efeitos genético aditivo e de família no estudo. Santos et al. (2011), em análise bayesiana, estimaram valores genéticos para peso à identificação e à despesa de tilápias do Nilo cultivadas no Brasil. Os autores obtiveram baixos valores de herdabilidade e altos valores de variância de ambiente materno comum (efeito de família) para peso à identificação e justificaram que os altos valores encontrados para a variância do efeito de família podem ter ocorrido em função do longo período de tempo em que os irmãos-completos foram mantidos juntos, período anterior à marcação dos animais.

Pante et al. (2002), objetivando estimar componentes de variância para peso em trutas arco-íris, estudaram seis diferentes modelos incluindo todos ou diferentes subgrupos dos seguintes efeitos no modelo animal: genético aditivo, dominância parental, efeito de ambiente comum devido a irmãos-completos (efeito de família) e coeficiente de endogamia como covariável. Os autores concluíram que as estimativas de variância genética aditiva apresentaram-se inflacionadas quando modelos mais simples foram utilizados e diminuíram quando os modelos mais complexos, dentre eles os que incluíram o efeito de família, foram utilizados. Martínez et al. (1999), com o objetivo de avaliar o impacto da utilização de

diferentes modelos para estimação de componentes de variância para dados de peso de alevinos de salmão, concluíram que nos modelos mais simples, que incluíram apenas o efeito aleatório de animal, foram obtidas estimadas viesadas e inflacionadas para a variância genética aditiva direta, e que houve confundimento nos componentes de variância quando foram incluídos os efeitos aleatórios genético materno e de família de irmãos-completos.

A inclusão do efeito de família e consequente aumento da parametrização dos modelos pode ter causado confundimento nas estimativas das variâncias genética aditiva direta, de ambiente permanente direto e de família do presente estudo. O banco de dados utilizado não permitiu o isolamento completo do efeito de família possivelmente em função do período de 17 semanas em que as mesmas foram formadas e ao período que antecedeu a criação comunal dos animais. De acordo com Thodesen et al. (2011), esforços devem ser feitos para padronizar o ambiente de criação das famílias e a sincronização da reprodução dos pais deve ser feita para reduzir as diferenças do tempo de criação das famílias antes do teste comunal. Para evitar o confundimento do efeito de família com outros efeitos, podem ser desenvolvidos mecanismos para identificação precoce dos animais que evitem a criação das famílias separadamente. Outra opção seria juntar as famílias e mantê-las no mesmo tanque o maior período de tempo possível para redução do efeito de família e identificação mais segura do efeito genético aditivo. Diante do exposto, decidiu-se por utilizar os modelos sem o efeito de família para ajustar a trajetória média do peso vivo das tilápias do Nilo do presente estudo.

De maneira geral, os critérios de ajuste $-2Ln(L)$, BIC e CAIC, independentemente do modelo utilizado, indicaram os modelos com cinco intervalos e cinco classes de variância residual como os melhores para estudar a trajetória média da característica peso vivo (Tabela 3.1). O modelo com B-spline com cinco intervalos para modelar as trajetórias médias e as funções de covariâncias apresentou o melhor ajuste, pois com a sua utilização o intervalo total de idades foi dividido em maior quantidade de intervalos mais curtos. Para cada intervalo de idade foram geradas funções não nulas que se ajustaram melhor aos dados restritos àquele intervalo e isso contribuiu para reduzir o erro experimental.

O valor de -2 x logaritmo natural da função de verossimilhança restrita ($-2Ln(L)$) e o critério BIC apontaram o modelo ST+B(ST) (com cinco intervalos para modelar as trajetórias médias e as funções de covariâncias e cinco classes de variância residual) como o melhor modelo (Tabela 3.1). Já o CAIC, critério de ajuste considerado mais rigoroso que o BIC, indicou o modelo S+T+B(S) (com cinco intervalos para modelar as trajetórias médias e as funções de covariâncias e cinco classes de variância residual) como o melhor modelo. Esses modelos apresentaram a maior quantidade de parâmetros (61) e os maiores postos da matriz de efeitos fixos (S+T+B(S): 27 e ST+B(ST): 166) e, apesar do BIC e CAIC terem penalizado os modelos pela quantidade de parâmetros e pelo número de efeitos fixos, diferentemente do $-2Ln(L)$, os modelos mais parametrizados foram indicados como de melhores ajustes.

Na avaliação gráfica dos modelos escolhidos segundo os critérios $-2Ln(L)$ e BIC e o critério CAIC, sem a inclusão do efeito de família, é possível visualizar que as estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta se diferenciaram mais a partir dos 155 dias de idade, com o modelo ST+B(ST) apresentando valores inferiores ao do modelo S+T+B(S) (Figura 3.2). Comportamento oposto ao relatado anteriormente foi observado para as estimativas da variância de ambiente permanente direto. As estimativas para as variâncias residual e fenotípica foram maiores para o modelo S+T+B(S) e exibiram diferenças que aumentaram no final do período de pesagem.

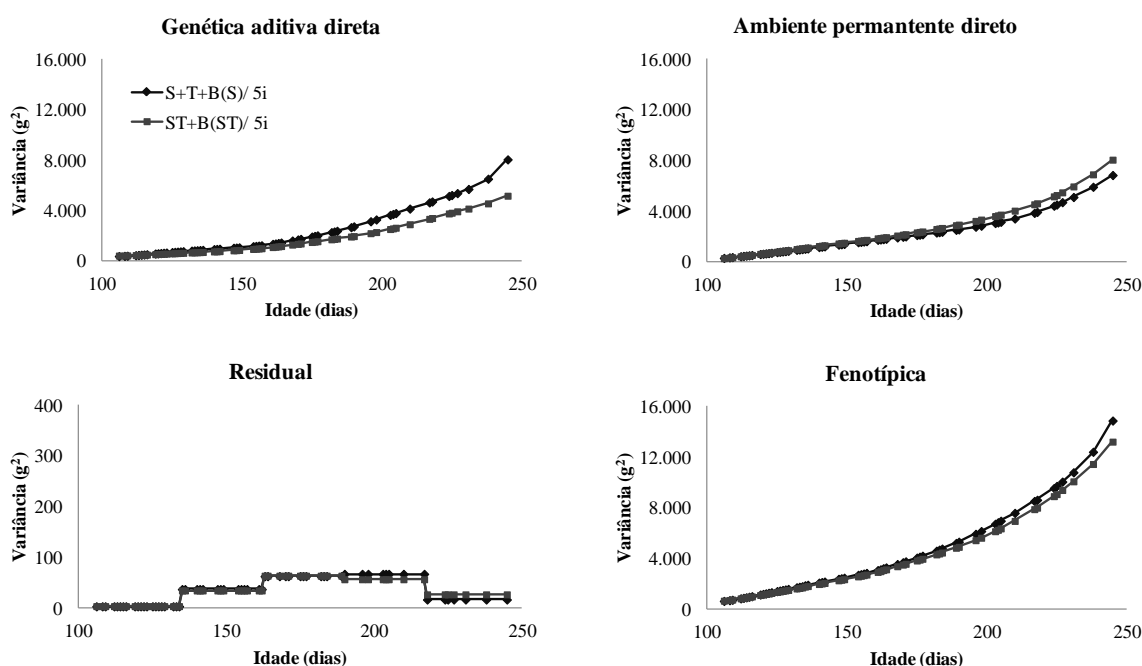


Figura 3.2. Estimativas de variâncias (g^2) obtidas utilizando os modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos, cinco classes de variância residual e sem efeito de família para ajuste da trajetória média do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

As estimativas da variância atribuída ao efeito genético aditivo direto aumentaram à medida em que os animais foram se tornando mais velhos, indicando que com o passar do tempo, o aumento das diferenças genéticas aditivas entre os indivíduos contribuiu para elevar a variabilidade fenotípica para a característica peso vivo (Figura 3.2). No início do período de avaliação os valores obtidos para a variância genética aditiva direta pelos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) foram próximos e com o passar do tempo esses valores foram se diferenciando,

com valores sempre superiores para o modelo S+T+B(S). O modelo S+T+B(S) apresentou, da metade para o fim do período de avaliação dos animais, valores de variância fenotípica e de variância de ambiente permanente superiores e inferiores, respectivamente, aos do modelo ST+B(ST), o que pode ter sido causado pelo aumento das estimativas de variância genética aditiva direta.

As estimativas da variância de ambiente permanente direto aumentaram dos 106 até os 245 dias (Figura 3.2). Os valores obtidos para essa variância pelos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) foram próximos e se tornaram mais distintos no final do período de avaliação. Segundo Turra (2010), 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. O autor também obteve aumento das estimativas de variância de ambiente permanente no fim do intervalo de avaliação de tilápias do Nilo e argumentou que o menor número de observações de peso vivo no fim do intervalo pode ter causado o aumento das variâncias desse efeito aleatório. No presente estudo o número de observações de peso vivo também foi menor no fim do período de avaliação dos animais. Isso pode ter causado aumento das estimativas da variância de ambiente permanente direto com o decorrer do tempo.

As estimativas de variância residual, heterogêneas com cinco classes, tanto para o modelo S+T+B(S) quanto para o modelo ST+B(ST), foram consideravelmente baixas quando comparada às outras variâncias obtidas (Figura 3.2). Os baixos valores para a variância residual podem ser justificados pelo ajuste adequado das trajetórias médias e funções de covariâncias dos outros efeitos aleatórios e pelo alto controle ambiental em que os indivíduos desse experimento foram submetidos. Para as três primeiras classes de idade consideradas, os valores de variância residual obtidos pelos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) foram muito próximos. Apenas para as duas últimas classes que foram observadas diferenças entre os modelos. Considerar a variância residual heterogênea é imprescindível, pois o ambiente de cultivo dos animais muda com o passar do tempo. Não considerar essas mudanças ambientais pode acarretar em estimação de valores genéticos sub ou superestimados. Turra et al. (2012a) avaliando tilápias do Nilo quanto ao peso vivo obtiveram melhores resultados para $-2Ln(L)$ e BIC quando foram utilizadas 10 classes de idade para a variância residual nos modelos, independentemente da inclusão do efeito de família.

Os valores das estimativas de variância fenotípica aumentaram com o decorrer do tempo provavelmente em função do aumento da média do peso vivo e demonstraram que com o passar da idade os animais foram apresentando maiores diferenças para essa característica (Figura 3.2). No início do período de avaliação dos animais os modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) resultaram em valores aproximados para a variância fenotípica e no final desse período o modelo S+T+B(S) apresentou valores superiores aos obtidos pelo modelo ST+B(ST).

A herdabilidade estimada por meio modelo S+T+B(S) apresentou valores superiores aos do modelo ST+B(ST) em grande parte do período de avaliação dos indivíduos (Figura 3.3). Os valores de herdabilidade no decorrer das idades foram considerados de média a alta magnitude, com valores mínimos de 0,42 para o modelo S+T+B(S) aos 154 dias e, de 0,36 para o modelo ST+B(ST) aos 149 dias. Valores máximos foram encontrados para ambos os modelos aos 106 dias e esses valores foram respectivamente de 0,56 e 0,61. Esses maiores valores podem ter sido causados pela omissão do efeito de família nas análises, que causou confundimento nas estimativas. O efeito aleatório de família é resultado da criação conjunta de irmãos completos, antes que eles sejam microchipados e separados (Santos et al., 2011) e, geralmente é mais importante no início do período de vida dos animais.

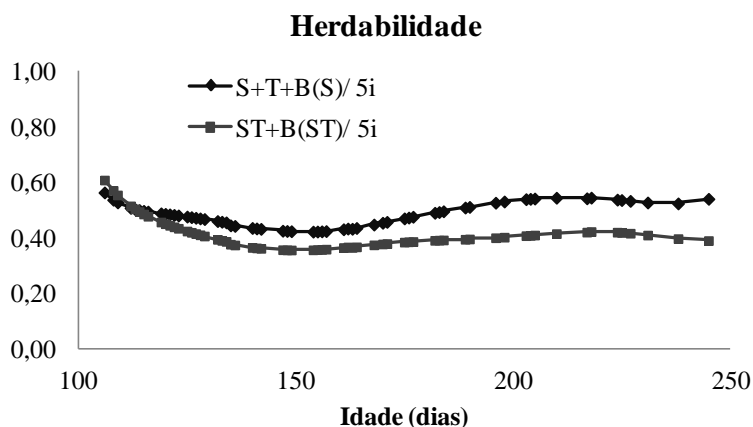


Figura 3.3 Herdabilidades estimadas por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual para ajuste da trajetória média e funções de covariâncias do peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

O período ideal para a seleção dos indivíduos para peso vivo dentro do intervalo estudado seria dos 175 aos 225 dias de idade, pois as estimativas de variância genética aditiva direta foram consistentes e as herdabilidades altas (Figura 3.3).

Os valores de herdabilidade obtidos no presente estudo foram próximos aos obtidos por Zak et al. (2012) que, trabalhando com a tilápia Azul (*Oreochromis aureus*) em três gerações de seleção, obtiveram herdabilidade variando entre 0,18 a 0,58. Thodesen et al. (2011), trabalhando com tilápias do Nilo, estimaram herdabilidades de 0,13 a 0,20 para peso à despesca, valores inferiores ao do presente estudo. Estes últimos autores enfatizam que quando os dados de gerações anteriores foram incluídos nas análises as estimativas de

herdabilidade se tornaram mais estáveis. Rezk et al. (2009) também obtiveram baixos valores de herdabilidade para peso à despesa em tilápias do Nilo, o valor médio encontrado foi de 0,14. Santos et al. (2011), trabalhando com tilápias do Nilo no Brasil em análise bayesiana, obtiveram herdabilidade de 0,21 e intervalo de credibilidade de 95% variando de 0,12 a 0,32, para peso à despesa. Rutten et al. (2005) estimaram parâmetros genéticos para peso corporal de tilápias do Nilo dos 100 aos 326 dias utilizando um modelo de regressão aleatória. Segundo os autores, as estimativas de herdabilidade foram constantes, em torno de 0,20. McKay et al. (2002), por meio de modelos de regressão aleatória, obtiveram estimativas máximas de herdabilidade de 0,49 para a característica peso de trutas arco-íris. Os autores também afirmaram que a resposta à seleção pode ser maximizada se a seleção for aplicada nas idades em que a herdabilidade é maior.

Os resultados de herdabilidade obtidos para os modelos indicam que o valor fenotípico da característica peso vivo é um bom indicador do potencial genético dos indivíduos e que alta variabilidade genética aditiva é responsável pela expressão das diferenças fenotípicas dos animais. Mesmo assim, Thodesen et al. (2011) demonstraram que a seleção massal utilizada para aumentar a performance de crescimento de tilápias não resultou em respostas à seleção significativas na maioria dos casos. A variação dos pesos corporais dependentes das idades dos indivíduos causadas por desovas assíncronas das fêmeas pode confundir o ranqueamento dos candidatos à seleção. Além disso, a seleção massal em combinação com desovas assíncronas pode resultar em tamanhos de família altamente desequilibrados e causar rápido incremento de endogamia, o que pode neutralizar a resposta à seleção. Quando a seleção for realizada em grupos de contemporâneos (famílias com nascimento próximo) isso pode não ocorrer, o que evitaria a endogamia acelerada, mas levaria a uma menor intensidade de seleção. A seleção dos animais por meio da avaliação genética é imprescindível pois, de acordo com Gall & Bakar (2002), as técnicas de modelos mistos aumentaram a resposta à seleção para peso em tilápias em 20 a 30% quando comparadas à seleção massal.

As correlações genéticas entre os pesos vivos nas idades de avaliação dos animais apresentaram comportamento parecido segundo os dois modelos S+T+B(S) e ST+B(ST), sem efeito de família (Figura 3.4). Para o modelo S+T+B(S) os valores mínimo, máximo e média de correlação genética obtidos foram respectivamente de -0,03, 1,00 e 0,69. Para o modelo ST+B(ST) esses valores foram de 0,01, 1,00 e 0,72, respectivamente. Os valores médios de correlação genética para ambos os modelos foram altos indicando que a seleção de indivíduos com valores genéticos superiores pode ser realizada em idades precoces. De modo geral, as correlações genéticas entre idades próximas foram altas, apresentando valores próximos ou iguais à unidade. Os menores valores de correlação genética foram obtidos entre os 106 dias de idade e as nove últimas idades de avaliação dos animais, com valores negativos para o modelo S+T+B(S).

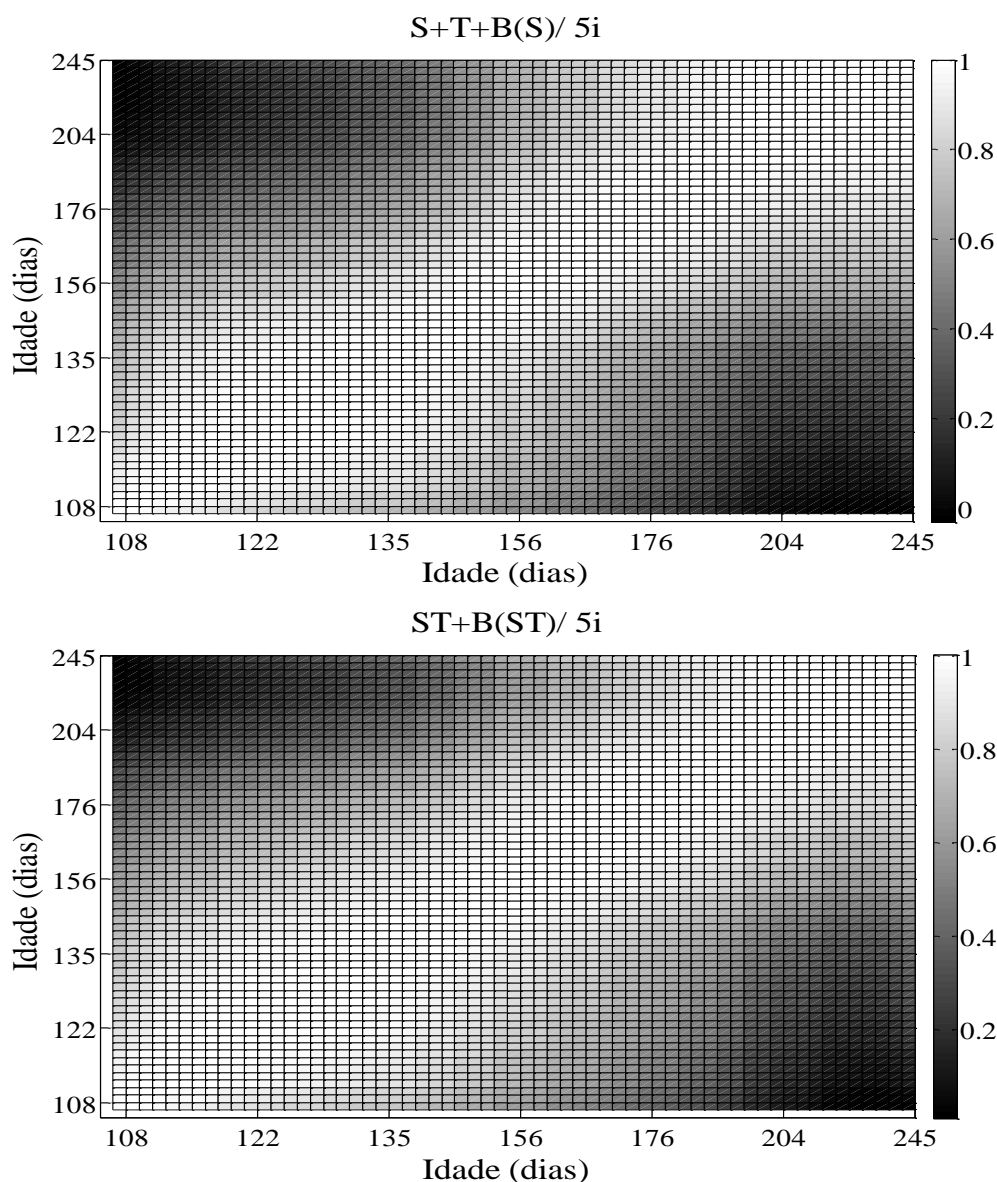


Figura 3.4 Estimativas de correlações genéticas para a característica peso vivo de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas utilizando os modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual.

As correlações de Pearson entre os valores genéticos estimados para os pais, mães e filhos obtidos por meio dos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) aos 106, 155, 205 e 245 dias ficaram acima de 0,98 (Tabela 3.2). Isso indica que os resultados dos valores genéticos

obtidos por meio dos modelos escolhidos nas idades de interesse foram próximos. As correlações de Spearman foram todas iguais a um ($p < 0,0001$).

Tabela 3.2 Correlações de Pearson¹ entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque), ambos com cinco intervalos e cinco classes de variância residual

| | Idade (dias) | | | |
|--------|--------------|---------|---------|---------|
| | 106 | 155 | 205 | 245 |
| Pais | 0,98873 | 0,98148 | 0,98398 | 0,98241 |
| Mães | 0,99365 | 0,99011 | 0,98855 | 0,98640 |
| Filhos | 0,99506 | 0,99836 | 0,99779 | 0,99799 |

¹Todos os valores de correlação foram significativos ($p < 0,0001$).

A avaliação da porcentagem de indivíduos selecionados em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) revelou que, de acordo com o modelo escolhido, com a porcentagem de indivíduos selecionados e com a idade de seleção dos animais, há diferença na classificação e escolha dos candidatos à seleção (Tabela 3.3). Menor porcentual de indivíduos selecionados em comum pelos modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) ocorreu com 5% dos filhos escolhidos aos 245 dias. Isso demonstra que de acordo com a modelagem dos efeitos fixos, diferentes indivíduos podem ser selecionados. Mesmo que os valores genéticos dos candidatos à seleção tenham sido aproximados (Tabela 3.2), a escolha de modelos estatísticos distintos resultou em escolha de pais diferentes para a próxima geração.

O modelo ST+B(ST) (com cinco intervalos, cinco classes de variância residual e sem efeito de família) por ser o modelo mais completo, por apresentar todos os efeitos contidos no modelo S+T+B(S) e por, possivelmente, estar mais próximo do modelo verdadeiro, por segurança, foi escolhido para estudar a trajetória média do peso vivo das tilápias do Nilo do presente estudo. Sendo assim, a inclusão da interação do sexo ao tanque de criação e do aninhamento do polinômio B-spline a essa interação provocou melhoria no ajuste dos modelos. Apesar do alto controle ambiental realizado no presente estudo, notou-se que animais de sexos e tanques distintos cresceram de maneira diferenciada com o decorrer do tempo, em função de fatores genéticos e ambientais, tornando-se necessário incluir esses efeitos nos modelos para que os valores genéticos dos indivíduos sejam estimados de maneira correta. Caso esses efeitos e aninhamentos não sejam incluídos nos modelos, animais de dado sexo que foram cultivados em determinado tanque poderão ter os valores genéticos sub ou

superestimados em alguma idade de avaliação e isso pode contribuir para alterar a classificação dos indivíduos candidatos à seleção.

Tabela 3.3 Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo) e ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque), ambos com cinco intervalos e cinco classes de variância residual

| Idade | Filhos selecionados - Modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) | | |
|-------|---|----|-----|
| | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 70 | 77 | 78 |
| 155 | 50 | 64 | 67 |
| 205 | 55 | 55 | 61 |
| 245 | 45 | 41 | 49 |

Em geral, os valores do $-2Ln(L)$, BIC e CAIC indicaram que os modelos sem o efeito de família se ajustaram melhor aos dados de rendimento de carcaça (Tabela 3.4). Turra (2010) avaliou diferentes modelos de regressão aleatória, utilizando polinômios de Legendre, para a estimação de parâmetros genéticos para características de rendimento (filé e carcaça) de tilápias do Nilo. O autor também obteve piores valores de BIC quando o efeito de família foi incluído, indicando que a inclusão desse efeito não contribuiu para melhorar o ajuste dos modelos utilizados para estudo dos rendimentos. Sendo assim, pelo motivo de os modelos sem a inclusão do efeito de família terem apresentado, em sua grande maioria, melhores valores para todos os critérios de ajuste utilizados, eles foram escolhidos para o estudo do rendimento de carcaça das tilápias do Nilo do presente trabalho.

Para os modelos sem a inclusão do efeito de família, o valor de $-2 \times$ logaritmo natural da função de verossimilhança restrita ($-2Ln(L)$) apontou o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual como o melhor modelo (Tabela 3.4). O modelo indicado como de melhor ajuste, segundo o $-2Ln(L)$ foi o que apresentou a maior quantidade de parâmetros e o maior posto da matriz de efeitos fixos (33 e 166, respectivamente).

Diferente do $-2Ln(L)$, o BIC penalizou os modelos pela quantidade de parâmetros (k) e pelo número de efeitos fixos presentes (p) (Tabela 3.4). Com esse critério os modelos com altos valores para número de intervalos do polinômio B-spline e altamente parametrizados

não foram indicados como de melhor ajustamento, sendo o modelo S+T+B(S) com dois intervalos e duas classes de variância residual o mais adequado.

Tabela 3.4 Valores dos critérios de ajuste¹ obtidos em diferentes modelos² para análise do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)

| Modelo | NI/ NCVR | <i>p</i> | Sem efeito de família | | | | Com efeito de família | | | |
|----------|-------------|----------|-----------------------|------------------------------------|------------------------------|-------------------------------|-----------------------|------------------------------------|------------------------------|-------------------------------|
| | | | <i>k</i> | $-2Ln(L)$ (x 10 ⁻²) | BIC (x 10 ⁻³) | CAIC (x 10 ⁻³) | <i>k</i> | $-2Ln(L)$ (x 10 ⁻²) | BIC (x 10 ⁻³) | CAIC (x 10 ⁻³) |
| S+T+B | 2/2 | 17 | 12 | 66,11 | -13,13 | -12,97 | 22 | 66,16 | -13,06 | -12,90 |
| | 3/3 | 18 | 18 | 66,23 | -13,11 | -12,93 | 33 | 66,29 | -13,01 | -12,82 |
| | 4/4 | 19 | 25 | 66,27 | -13,06 | -12,88 | 46 | 66,32 | -12,91 | -12,70 |
| | 5/5 | 20 | 33 | 66,37 | -13,02 | -12,82 | 61 | 66,43 | -12,82 | -12,59 |
| ST+B | 2/2 | 28 | 12 | 65,62 | -13,03 | -12,78 | 22 | 65,67 | -12,97 | -12,70 |
| | 3/3 | 29 | 18 | 65,73 | -13,01 | -12,74 | 33 | 65,79 | -12,91 | -12,62 |
| | 4/4 | 30 | 25 | 65,77 | -12,96 | -12,68 | 46 | 65,82 | -12,81 | -12,51 |
| | 5/5 | 31 | 33 | 65,88 | -12,92 | -12,62 | 61 | 65,93 | -12,72 | -12,39 |
| S+T+B(S) | 2/2 | 21 | 12 | 66,25 | -13,16 | -12,97 | 22 | 66,31 | -13,10 | -12,89 |
| | 3/3 | 23 | 18 | 66,36 | -13,13 | -12,92 | 33 | 66,44 | -13,04 | -12,80 |
| | 4/4 | 25 | 25 | 66,35 | -13,08 | -12,84 | 46 | 66,41 | -12,93 | -12,67 |
| | 5/5 | 27 | 33 | 66,40 | -13,03 | -12,76 | 61 | 66,45 | -12,82 | -12,53 |
| S+T+B(T) | 2/2 | 58 | 12 | 65,33 | -12,97 | -12,46 | 22 | 65,32 | -12,90 | -12,37 |
| | 3/3 | 67 | 18 | 65,03 | -12,87 | -12,27 | 33 | 65,06 | -12,76 | -12,15 |
| | 4/4 | 76 | 25 | 65,00 | -12,81 | -12,13 | 46 | 64,22 | -12,49 | -11,79 |
| | 5/5 | 84 | 33 | 64,85 | -12,72 | -11,96 | 61 | 64,89 | -12,51 | -11,73 |
| ST+B(ST) | 2/2 | 114 | 12 | 63,97 | -12,70 | -11,71 | 22 | 63,97 | -12,63 | -11,62 |
| | 3/3 | 132 | 18 | 63,44 | -12,55 | -11,39 | 33 | 63,47 | -12,44 | -11,27 |
| | 4/4 | 148 | 25 | 63,07 | -12,42 | -11,12 | 46 | 62,33 | -12,12 | -10,79 |
| | 5/5 | 166 | 33 | 62,86 | -12,32 | -10,86 | 61 | 62,86 | -12,11 | -10,62 |

¹NI = Número de intervalos do polinômio B-spline; NCVR = Número de classes de variância residual; *p* = Posto da matriz de efeitos fixos; *k* = Número de parâmetros do modelo; $-2Ln(L)$ = Valor de -2 x logaritmo natural da função de máxima verossimilhança restrita; BIC = Valor do critério de informação bayesiano; CAIC = Valor do critério de informação de Akaike Consistente;

²S = efeito classificatório de sexo; T = efeito classificatório de tanque de criação; ST = efeitos classificatórios de sexo, tanque e interação sexo x tanque; B = B-spline sem aninhamento; B(S) = B-spline com aninhamento em sexo; B(T) = B-spline com aninhamento em tanque; B(ST) = B-spline com aninhamento na interação sexo x tanque.

De acordo com o CAIC, na medida em que aumentou o posto da matriz de efeitos fixos, o ajuste dos modelos foi prejudicado e o modelo de melhor ajuste foi o mais simples, S+T+B

(com inclusão do sexo mais o tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) com dois intervalos e duas classes de variância residual (Tabela 3.4). Como o critério CAIC é o que mais penaliza os modelos pela quantidade de parâmetros e de efeitos fixos, observou-se que o aumento no número de parâmetros (k) não resultou em melhoria do ajuste dos modelos.

De maneira geral, as estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, fenotípica e residual, utilizando os modelos S+T+B e S+T+B(S) para a característica rendimento de carcaça, exibiram comportamentos similares, que foram diferentes daquelas obtidas com o modelo ST+B(ST) (Figura 3.5).

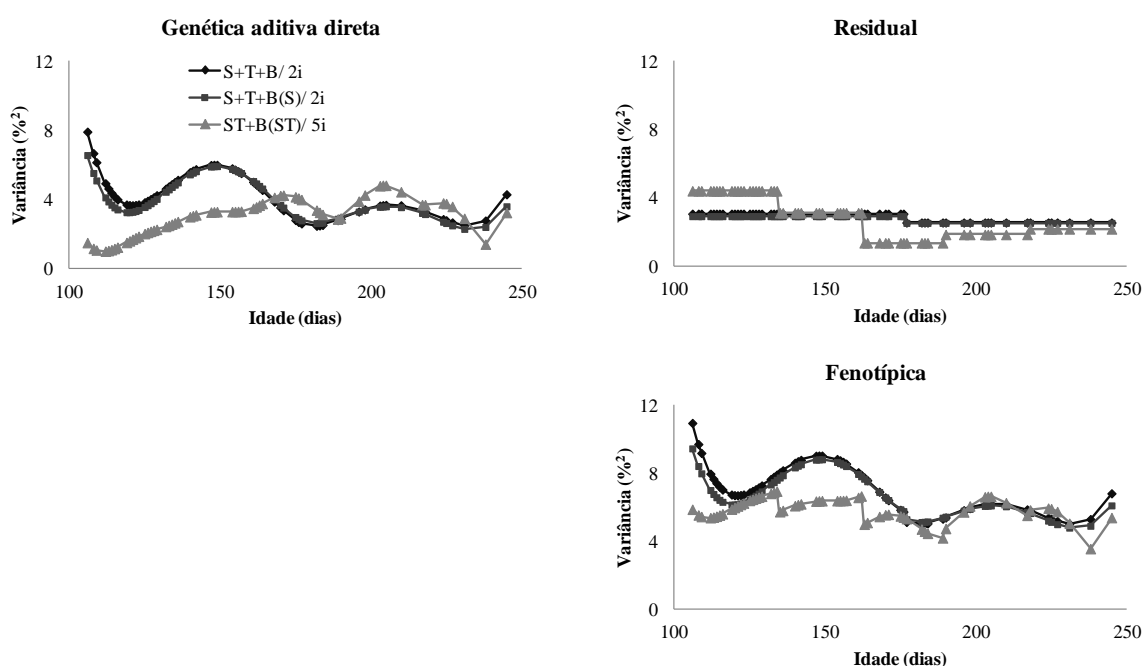


Figura 3.5. Estimativas de variâncias ($\%^{2}$) obtidas utilizando os modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), com dois intervalos e duas classes de variância residual, e do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual para ajuste da trajetória média do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

As estimativas de variância atribuídas ao efeito genético aditivo direto oscilaram no período de avaliação dos animais (Figura 3.5). Nota-se que para os modelos S+T+B e S+T+B(S) as estimativas de variância genética aditiva direta apresentaram altos valores no

início do período de avaliação dos animais, posteriormente declinaram e, no final do intervalo, apresentaram-se mais constantes. No início das idades de avaliação foram obtidas poucas informações para rendimento de carcaça o que pode ter contribuído para que os valores de variância genética aditiva fossem superestimados nesse período.

As estimativas de variância genética aditiva direta para o modelo ST+B(ST) aumentaram até os 171 dias e oscilaram no restante do intervalo de avaliação dos animais (Figura 3.5). De modo geral, esse modelo apresentou valores superiores aos obtidos pelos modelos S+T+B e S+T+B(S) apenas no período de 168 a 231 dias pós-eclosão das larvas.

De acordo Menezes (2010), com a utilização da função spline a capacidade de aderência do modelo às observações se torna superior. Segundo o autor, o comportamento da função spline em uma região (ou idade) torna-se bastante independente do comportamento em outras regiões, podendo as últimas apresentar características distintas das primeiras. As oscilações apresentadas para a variância genética aditiva direta e fenotípica obtidas no presente estudo, para os três modelos utilizados, podem ser justificadas pela alta capacidade de aderência dos modelos, nos quais foram utilizados polinômios B-spline quadráticos.

As estimativas de variância residual, heterogêneas com duas classes para os modelos S+T+B e S+T+B(S), foram menores quando comparada com as outras variâncias obtidas com esses modelos (Figura 3.5). O experimento realizado com as mesmas condições de cultivo em todos os tanques, mantendo a qualidade da água, ambiente e manejo alimentar homogêneo contribuiu para reduzir a variância do erro. A obtenção da carcaça e seu rendimento, realizada manualmente por apenas uma pessoa e o ajuste das trajetórias médias e funções de covariâncias dos outros efeitos aleatórios também contribuíram para reduzir as estimativas de variância residual. Para a primeira classe de idades foram obtidos maiores valores de variância residual que os obtidos para a segunda classe, o que permite visualizar que a variância residual não foi homogênea ao longo do intervalo estudado. Utilizar classes de variância residual para realização de avaliações genéticas é imprescindível, pois a variância residual pode se modificar ao longo do tempo. Considerar essa variância homogênea, quando na verdade ela não é, pode ser prejudicial, pois parte da variância que seria direcionada para o resíduo pode ser direcionada para outras variâncias e, com isso, os animais podem ter seus valores genéticos inflacionados e serem classificados de maneira errônea.

As estimativas de variância residual heterogênea, com cinco classes, obtidas com o modelo ST+B(ST) apresentaram, dos 106 aos 142 dias, valores superiores aos valores de variância genética aditiva obtidos com o mesmo modelo (Figura 3.5). O pequeno número de observações de rendimento de carcaça presente no início do intervalo pode ter contribuído para que as duas primeiras funções base do polinômio B-spline do modelo ST+B(ST) estimassem valores incoerentes de variâncias. Isso sugere que os modelos S+T+B e S+T+B(S), com menor número de intervalos, foram menos susceptíveis a esse pequeno número de observações nesse período.

O modelo ST+B(ST) foi o que apresentou o maior número de intervalos e consequentemente maior número de nós e, de acordo com Meyer (2005) e Baldi et al. (2010), deve-se ter cautela na escolha do número de nós pois o ajuste dos modelos é afetado se os dados não são distribuídos de maneira regular.

Os valores obtidos para a variância fenotípica sugerem que no decorrer da idade os animais foram apresentando valores de rendimento de carcaça mais uniformes, pois a variância fenotípica diminuiu para os três modelos escolhidos (Figura 3.5). O modelo ST+B(ST) apresentou valores de variância fenotípica diferentes dos obtidos pelos modelos S+T+B e S+T+B(S).

As variâncias genética aditiva direta e fenotípica apresentaram valores consideravelmente altos para os modelos S+T+B e S+T+B(S) nas idades extremas (Figura 3.5). Segundo Meyer (2005), problemas presentes nos extremos de intervalos de avaliação, que resultam em estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos erráticos e implausíveis, ocorrem principalmente em análises onde substancial proporção de animais apresenta menor número de avaliações que a ordem de ajuste dos polinômios. De acordo com a autora, análises utilizando B-splines podem ser mais robustas e eficientes contra esses problemas. No presente estudo, as inflações das variâncias nas idades extremas podem ter ocorrido em função de cada animal apresentar apenas uma observação para a característica rendimento de carcaça e a ordem dos polinômios B-spline ser igual a dois.

Os valores de herdabilidade obtidos por meio dos modelos S+T+B e S+T+B(S) foram próximos (Figura 3.6). Valores iguais de herdabilidade para esses modelos puderam ser visualizados dos 126 aos 140 dias e dos 198 aos 205 dias de idade. A herdabilidade oscilou com o decorrer das idades e valores máximos foram estimados aos 106 (modelo S+T+B: 0,72/ modelo S+T+B(S): 0,69), 148 (modelo S+T+B: 0,66/ modelo S+T+B(S): 0,67), 204 (modelos S+T+B e S+T+B(S): 0,59) e 245 dias de idade (modelo S+T+B: 0,63/ modelo S+T+B(S): 0,59). Programas de avaliação genética de tilápias do Nilo com o objetivo de aumentar o rendimento de carcaça dos animais podem fazer a seleção dos mesmos nessas idades, pois nelas a variação genética aditiva é um componente importante da variância fenotípica. Os valores de herdabilidade obtidos com os modelos S+T+B e S+T+B(S) foram de média a alta magnitude, com valores mínimos e máximos de 0,47 e 0,72 para o modelo S+T+B e 0,45 e 0,69 para o modelo S+T+B(S). Essas herdabilidades indicaram alta variabilidade genética aditiva para o rendimento de carcaça e que a seleção para essa característica deve proporcionar altas taxas de ganho genético com o passar do tempo.

Os valores de herdabilidade obtidos com o modelo ST+B(ST) aumentaram até os 171 dias e depois declinaram (Figura 3.6). A herdabilidade segundo esse modelo foi de baixa a alta magnitude variando de 0,18 a 0,76. Dos 106 aos 163 dias os valores de herdabilidade obtidos com o modelo ST+B(ST) foram inferiores aos obtidos pelos modelos S+T+B e S+T+B(S) e, depois disso, esses valores foram superiores aos desses modelos, até os 231 dias. Os valores de herdabilidade obtidos com o modelo ST+B(ST) foram diferentes dos obtidos

com os outros dois modelos escolhidos e, mais próximos dos obtidos por Turra et al. (2012b), que obtiveram valores de herdabilidade para rendimento de carcaça variando de 0,12 a 0,52. Deve ser enfatizado que no caso das funções B-spline um bom ajuste aos dados depende, em adição à ordem dos segmentos individuais, da estrutura dos dados, onde problemas são observados quando os dados são distribuídos irregularmente (Boligon et al., 2012).

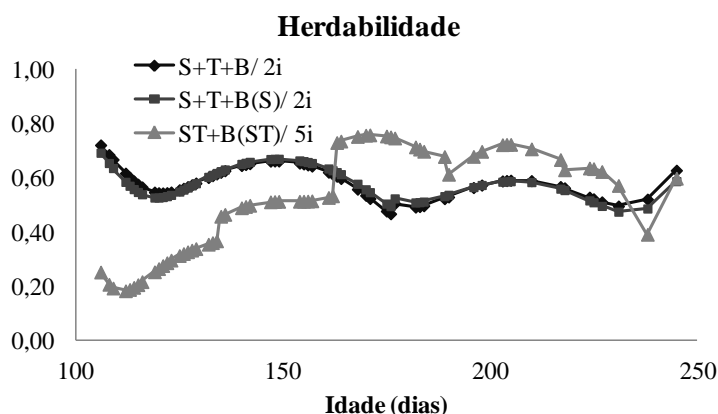


Figura 3.6 Herdabilidades estimadas por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), com dois intervalos e duas classes de variância residual, e do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, todos sem efeito de família, para ajuste da trajetória média e funções de covariâncias do rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*).

As correlações genéticas entre todas as idades de avaliação dos animais apresentaram comportamento parecido segundo os modelos S+T+B e S+T+B(S) que apresentaram valores diferentes dos obtidos pelo modelo ST+B(ST) (Figura 3.7). Para os modelos S+T+B e S+T+B(S) os valores mínimo, máximo e média de correlação genética foram respectivamente de -0,36, 1,00 e 0,47 e de -0,33, 1,00 e 0,49. Para o modelo ST+B(ST), esses valores foram de -0,62, 1,00 e 0,62. O modelo ST+B(ST) apresentou grande quantidade de correlações genéticas positivas e altas entre várias idades e, valores de correlação genética iguais à unidade entre idades mais afastadas (106 e 245 dias) também foram encontrados por esse modelo. Os valores médios de correlação genética para os três modelos escolhidos foram de média a alta magnitude, indicando que a seleção para aumentar o rendimento de carcaça pode ser realizada em menores idades.

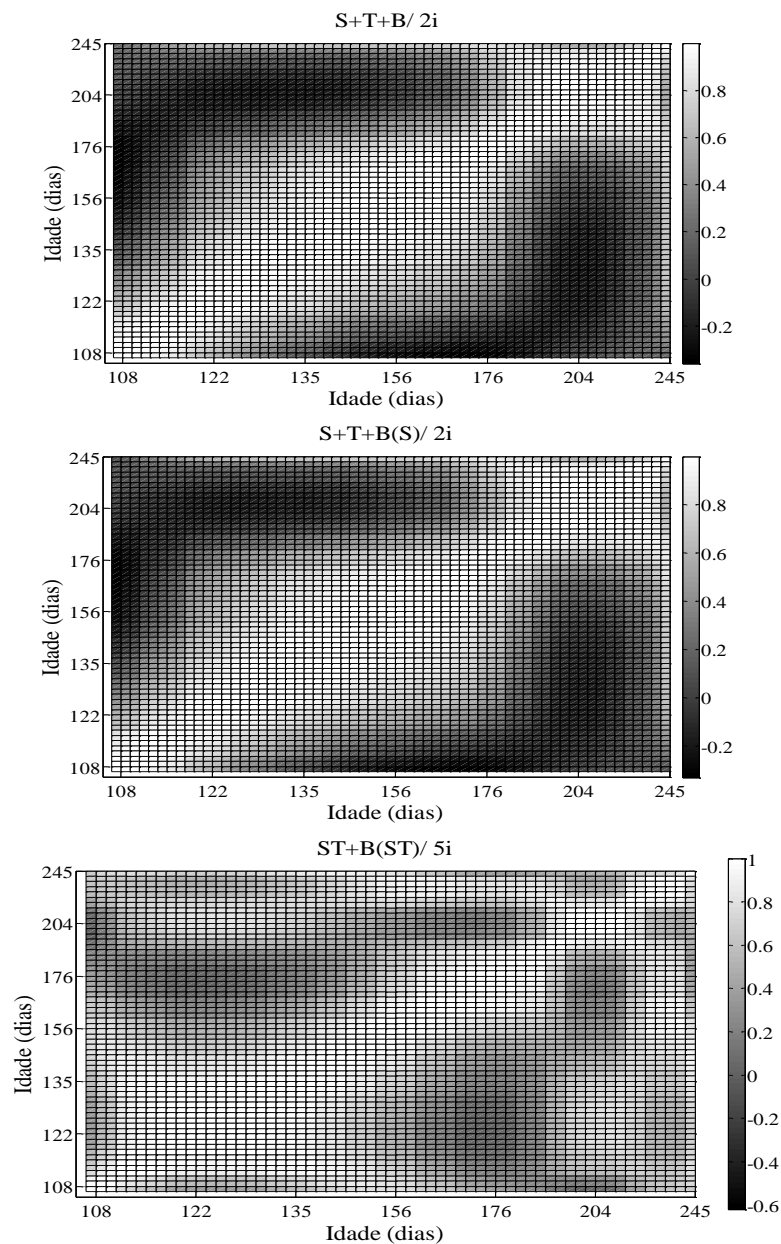


Figura 3.7 Estimativas de correlações genéticas para a característica rendimento de carcaça de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas utilizando os modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual.

As correlações de Pearson, superiores a 0,94, entre os valores genéticos estimados para os pais, mães e filhos obtidos por meio dos modelos S+T+B, S+T+B(S) e ST+B(ST) aos 106, 155, 205 e 245 dias, indicaram que os resultados dos valores genéticos dos indivíduos para a característica rendimento de carcaça, foram semelhantes (Tabela 3.5). As correlações de Spearman foram todas iguais a um ($p < 0,0001$).

Tabela 3.5 Correlações de Pearson¹ entre os valores genéticos para rendimento de carcaça aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual

| Modelos | Pais | | | |
|--------------------|--------------|---------|----------|---------|
| | Idade (dias) | | | |
| | 106 | 155 | 205 | 245 |
| S+T+B/ S+T+B(S) | 0,99399 | 0,99731 | 0,99798 | 0,99629 |
| S+T+B/ ST+B(ST) | 0,95834 | 0,94662 | 0,97093 | 0,96997 |
| S+T+B(S)/ ST+B(ST) | 0,96062 | 0,95235 | 0,97319 | 0,97093 |
| | Mães | | | |
| S+T+B/ S+T+B(S) | 0,99760 | 0,99711 | 0,99686 | 0,99585 |
| S+T+B/ ST+B(ST) | 0,99263 | 0,99160 | 0,99225 | 0,95708 |
| S+T+B(S)/ ST+B(ST) | 0,99014 | 0,99150 | 0,99015 | 0,96667 |
| | Filhos | | | |
| S+T+B/ S+T+B(S) | 0,99883 | 0,99953 | 0,99945 | 0,99970 |
| S+T+B/ ST+B(ST) | 0,98610 | 0,99186 | 0,998875 | 0,99112 |
| S+T+B(S)/ ST+B(ST) | 0,98574 | 0,99171 | 0,99898 | 0,99114 |

¹Todos os valores de correlação foram significativos ($p < 0,0001$).

O percentual máximo de indivíduos selecionados em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos escolhidos por meio dos modelos S+T+B, S+T+B(S) e ST+B(ST) aos 106, 155, 205 e 245 dias foi de 52% (com 5% dos filhos escolhidos aos 205 dias) (Tabela 3.6). Nota-se que aos 205 dias, idade próxima àquela indicada para a seleção dos indivíduos (204 dias), foram obtidos altos e/ou maiores percentuais de indivíduos selecionados em comum pelas diferentes combinações de modelos, mostrando que nessa idade menor quantidade de indivíduos diferentes seria selecionada pelos modelos. Aos 106 e 245 dias, para 1% dos filhos selecionados, nenhum indivíduo em comum foi selecionado pelos três modelos. Fazendo a comparação dos três modelos escolhidos, dois a dois, nota-se que as maiores porcentagens de

indivíduos em comum selecionados foram obtidas pelos modelos S+T+B e S+T+B(S). A utilização do modelo ST+B(ST) para predição dos valores genéticos resultou em maior quantidade de indivíduos diferentes que os selecionados pelos modelos S+T+B e S+T+B(S). Esses resultados demonstraram, assim como para a característica peso vivo, que a trajetória média e as funções de covariâncias do rendimento de carcaça se alteraram de acordo com a modelagem dos efeitos fixos de sexo e tanque de criação, com o número total de intervalos equidistantes dos polinômios B-splines quadráticos e, com o número de classes da variância residual dos modelos. Apesar de os valores genéticos dos candidatos à seleção terem sido semelhantes (Tabela 3.5), a escolha de modelos estatísticos distintos acarretou na seleção de indivíduos diferentes.

Diante do exposto, verifica-se que quando o banco de dados apresenta pequeno número de observações e apenas uma observação por indivíduo, como nos casos de características que são mensuradas uma única vez, o aumento do número de intervalos do polinômio B-spline pode ser prejudicial. Nesses casos, como os animais não são mensurados várias vezes ao longo da vida, as únicas observações obtidas desses indivíduos contribuem apenas para ajuste das funções base originadas para o intervalo de idades em que foram inseridos. Sendo assim, aumentar o número de indivíduos avaliados seria mais favorável, pois mais animais contribuiriam para o ajuste das funções base em cada intervalo. Supostamente, se maiores quantidades de observações fossem obtidas e mais indivíduos aparentados fossem avaliados, os componentes de variância, herdabilidade e correlações genéticas obtidos por meio do modelo ST+B(ST) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual seriam mais próximos dos valores paramétricos. Por isso, o modelo escolhido para estudar a trajetória média e as funções de covariância dos efeitos aleatórios do rendimento de carcaça das tilápias do Nilo do presente estudo foi o ST+B(ST), com cinco intervalos, cinco classes de variância residual e sem efeito de família. Esse modelo, além de ser o mais completo, contempla todos os efeitos presentes nos modelos S+T+B e S+T+B(S), sendo mais segura a sua utilização.

Tabela 3.6. Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para rendimento de carcaça aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio dos modelos S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) e S+T+B(S) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado em sexo), ambos com dois intervalos e duas classes de variância residual, e o modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual

| Filhos selecionados - Modelos S+T+B, S+T+B(S) e ST+B(ST) | | | |
|--|----|----|----|
| Idade | 1% | 5% | 10 |
| 106 | 0 | 1 | 10 |
| 155 | 50 | 48 | 50 |
| 205 | 35 | 52 | 45 |
| 245 | 0 | 4 | 9 |

| Filhos selecionados - Modelos S+T+B e S+T+B(S) | | | |
|--|----|----|-----|
| Idade | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 70 | 92 | 83 |
| 155 | 80 | 85 | 92 |
| 205 | 80 | 95 | 95 |
| 245 | 60 | 80 | 85 |

| Filhos selecionados - Modelos S+T+B e ST+B(ST) | | | |
|--|----|----|-----|
| Idade | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 0 | 1 | 11 |
| 155 | 50 | 49 | 50 |
| 205 | 40 | 52 | 45 |
| 245 | 0 | 7 | 11 |

| Filhos selecionados - Modelos S+T+B(S) e ST+B(ST) | | | |
|---|----|----|-----|
| Idade | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 0 | 2 | 12 |
| 155 | 55 | 52 | 51 |
| 205 | 40 | 54 | 47 |
| 245 | 0 | 5 | 12 |

3.4 Conclusões

Para estudar a influência do efeito aleatório de família na expressão fenotípica da característica peso vivo é necessário espaço físico suficiente e identificação precoce dos

indivíduos para que todas as famílias sejam formadas em curto período de tempo e para aumentar o tempo de cultivo comunal.

A inclusão do efeito aleatório de família piorou o ajuste dos modelos estatísticos utilizados para estudo do rendimento de carcaça.

Diferentes modelos estatísticos utilizados para obtenção de valores genéticos para as características peso vivo e rendimento de carcaça resultaram na seleção de diferentes indivíduos independentemente da idade.

Para estudo das trajetórias médias do peso vivo e do rendimento de carcaça a inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação e da interação desses efeitos juntamente ao polinômio B-spline quadrático aninhado a essa interação contribuiu para melhorar o ajuste dos modelos estatísticos. O polinômio B-spline quadrático com cinco intervalos para modelar as trajetórias médias e as funções de covariância dos efeitos aleatórios e a variância residual com cinco classes de idade foram satisfatórios para obtenção dos parâmetros genéticos para as duas características.

A herdabilidade, ao longo do intervalo de idades considerado, variou entre valores médios a altos para peso vivo e entre valores baixos a altos para rendimento de carcaça indicando que essas características podem ser incluídas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético da espécie.

Correlações genéticas altas para as características peso vivo e rendimento de carcaça entre diferentes idades favorecem a seleção de indivíduos com valores genéticos superiores em idades menores.

4. Considerações Finais

O principal objetivo dos programas de melhoramento, dos produtores e dos comerciantes de qualquer espécie ou produto animal é obter retorno positivo aos investimentos realizados inicialmente nos sistemas de produção, ou seja, chegar ao tão almejado lucro. No caso da tilápia do Nilo, para chegar a este objetivo é necessário que os animais apresentem crescimento e rendimento satisfatórios, pois estas características são de alta importância econômica. Como existe variação fenotípica entre os animais para essas características e parte dela ocorre em função das diferenças genéticas aditivas, busca-se com as avaliações genéticas e por meio da seleção encontrar os indivíduos que se destacam e que serão pais da próxima geração. O acasalamento de animais geneticamente superiores eleva a média das características de interesse e possibilita futuros ganhos genéticos.

Nas avaliações genéticas, para que seja possível identificar os animais geneticamente superiores, é necessário incluir nos modelos estatísticos os efeitos que influenciam na expressão fenotípica das características, caso contrário, animais com valores genéticos superestimados poderão ser erroneamente selecionados. Modelos estatísticos distintos acarretam na seleção de indivíduos diferentes e, por esse motivo, os modelos que englobam a maior quantidade de efeitos possivelmente presentes devem ser escolhidos por medida de segurança.

Animais machos tendem a apresentar crescimento superior ao das fêmeas e ambientes de cultivo distintos, por razões ambientais e genéticas, tendem a favorecer ou prejudicar o desempenho, sendo necessária a inclusão desses efeitos fixos e interação dos mesmos nas avaliações. Além dos efeitos fixos, os efeitos aleatórios também devem ser incluídos, entretanto deve-se ter cautela para que esses efeitos sejam isolados adequadamente. O efeito aleatório de família, que resulta dos efeitos de ambiente permanente, genético aditivo direto, genético aditivo materno e de outros efeitos genéticos não aditivos, é um exemplo. Para evitar o confundimento desse efeito com outros efeitos aleatórios os animais devem ser identificados precocemente para impedir a criação das famílias separadamente, ou então, deve-se juntar todas as famílias em um mesmo tanque o maior período de tempo possível para redução do efeito de família e identificação mais segura do efeito genético aditivo da população. Além disso, animais de idades consideravelmente distintas não devem ser cultivados juntos para evitar que indivíduos mais jovens sejam prejudicados.

Outra questão importante é o tipo de análise realizada e de polinômio utilizado para ajustar as trajetórias médias e funções de covariâncias, pois determinadas características dependem do abate dos animais e são mensuradas apenas uma vez em toda a vida, dependendo portanto de análises específicas. Modelos de regressão aleatória utilizando polinômios B-spline foram satisfatórias tanto para estudo do peso vivo quanto para estudo do rendimento de carcaça e, polinômios B-spline com cinco intervalos apresentaram os melhores

ajustes. Entretanto, para análises de características que são mensuradas apenas uma vez em toda a vida do indivíduo, como o rendimento de carcaça, o ideal seria que maior quantidade de indivíduos aparentados fosse avaliada para melhorar a qualidade de ajuste dos polinômios aos dados.

A divisão da variância residual em classes de idade também é indispensável durante a modelagem, pois as mudanças ambientais no decorrer do tempo podem influenciar o desempenho dos animais. Estimativas de variância residual com cinco classes apresentaram diferenças com o passar do tempo e mostraram bons ajustes dos modelos aos dados.

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].
- ARANGO J. A., CUNDIFF L. V., VAN VLECK L. D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- BALDI, F.; ALENCAR M.M.; ALBUQUERQUE, L.G. Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.433-441, 2010.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. et al. Random regression analyses using B-spline functions to model growth of Nellore cattle. **Animal**, v.6, p.212-220, 2012.
- BOZDOGAN, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): the general theory and its analytical extensions. **Psychometrika**, v.52, p.345-370, 1987.
- 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.
- CREPALDI, D.V.; TEIXEIRA, E.A.; FARIA, P.M. et al. Rendimento de carcaça em surubim (*Pseudoplatystoma* spp.) avaliado por ultra-som. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, p.813-824, 2008.
- EKNATH, A.E.; BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; TAYAMEN, M.M.; ABELLA, T.A.; GJEDREM, T.; PULLIN, R.S.V. Approaches to national fish breeding programs: pointers from a tilapia pilot study. **NAGA, The Iclarm Quartely**, v.14, p.10-12, 1991.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. **The State of World Fisheries and Aquaculture 2010**. Roma, 2010. 197p.
- GALL, G.A.E.; BAKAR, Y. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. **Aquaculture**, v.212, p.93-113, 2002.
- KUBITZA, F. O mar está prá peixe... prá peixe cultivado. **Panorama da Aquicultura**, v.17, p.14-23, 2007.

- LYMBERG, A.J.; DOUPÉ, R.G.; JENKINS, G.; THORNE, T. Genetics in the aquaculture industry. **Aquaculture Research**, v.31, p.1-2, 2000.
- MARTÍNEZ, 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. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 7., 2002, Montpellier, France. **Communication**. Montpellier: WCGALP, [2002].
- MENEZES, G.R.O. **Uso de polinômios segmentados na modelagem de dados longitudinais de ponderal em bovinos da raça tabapuã**. 2010. 88f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MENEZES, G.R.O.; TORRES, R.A.; TORRES JÚNIOR, R.A.A. et al. Modelo de regressão aleatória usando polinômios segmentados do tipo B no estudo da curva de crescimento em bovinos da raça Tabapuã. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 48., 2011, Belém. **Anais...** Belém: SBZ, [2011]. (CD-ROM).
- MERCADANTE, M.E.Z; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G.; MELO, C.M.R.; CYRILLO, J.N.S.G; FIGUEIREDO, L.A. Dias ao parto de fêmeas Nelore de um experimento de seleção para crescimento. II - Modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.1726-1733, 2002.
- MEYER, K. 'Wombat' - Digging deep for quantitative genetics analysis by restricted maximum likelihood. In: 8th Word Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP, [2006].
- MEYER, K. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.
- MEYER, K. Scope for random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MINISTÉRIO DA PESCA E AQUICULTURA - MPA. **Boletim Estatístico da Pesca e Aquicultura: Brasil 2010**. Brasília, 2012. 129p.

- MINISTÉRIO DA PESCA E AQUICULTURA - MPA. **Produção Pesqueira e Aquícola: Estatística 2008 e 2009**. Brasília, 2010. 30p.
- MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.74-80, 2006.
- PANTE, M.J.R.; GJERDE, B.; MCMILLAN, I. et al. Estimation of additive and dominance genetic variances for body weight at harvest in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. **Aquaculture**, v.204, p.383-392, 2002.
- PAULSON, D.S. **Handbook of regression and modeling: Application for the clinical and pharmaceutical industries**. Boca Raton, FL: Chapman & Hall, 2007. 503p.
- REY, F.S.B. **Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim com modelos de dimensão finita e infinita**. 2008. 97f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- REZK, M.A.; PONZONI, R.W.; KHAW, H.L. et al. Selective breeding for increased body weight in a synthetic breed of Egyptian Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*: Response to selection and genetic parameters. **Aquaculture**, v.293, p.187-194, 2009.
- RIBEIRO, R. P.; PUCHNICK-LEGAT, A. Delineamento de programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no Brasil. Embrapa Meio-Norte. Teresina. **Documentos 184**, 25p. 2008.
- 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, 2005.
- SANTOS, A.I; RIBEIRO, R.P.; VARGAS, L. et al. Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.33-43, 2011.
- SANTOS, D.C.C.; TORAL, F.L.B.; TURRA, E.M. et al. Fatores de variação para características de crescimento em Tilápias do Nilo (*O. niloticus*). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 22., 2012, Cuiabá. **Anais...** Cuiabá: ZOOTEC, [2012]. (CD-ROM).
- SANTOS, V.B., FREITAS, R.T.F.; SILVA, F.F. et al. Avaliação de curvas de crescimento morfométrico de linhagens de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, p.1486-1492, 2007a.

- SANTOS, V.B.; FREITAS, R.T.F.; LOGATO, P.V.R. et al. Rendimento do processamento de linhagens de tilápias (*Oreochromis niloticus*) em função do peso corporal. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, p.554-562, 2007b.
- SCALEZ, D.C.B. **Polinômios para os ajustes das trajetórias médias e das funções de covariâncias do crescimento de tourinhos testados em provas de ganho em peso**. 2012. 69f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá.
- SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v.86, p.35-45, 2004.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. **The Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.
- SEDERBERG, T.W. [2005] **An Introduction to B-Spline Curves**. p.01-12, março de 2005. Available at: <<http://tom.cs.byu.edu/~455/bs.pdf>> Accessed on: 10 de Outubro de 2012.
- SILVA, F.V.; SARMENTO, N.L.A.F.; VIEIRA, J.S. et al. Características morfométricas, rendimentos de carcaça, filé, vísceras e resíduos em tilápias-do-nilo em diferentes faixas de peso. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.1407-1412, 2009.
- SOUZA, C.P.E. **Testes de hipóteses para dados funcionais baseados em distâncias: um estudo usando splines**. 2008. 209f. Dissertação (Mestrado em Estatística) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas.
- THODESEN, J.; RYE, M.; WANG, Y. et al. Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield. **Aquaculture**, v.322-323, p.51-64, 2011.
- TORAL, F.L.B. **Modelos para avaliação genética do peso à desmama de bovinos cruzados Charolês-Zebu**. 2007. 138f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- TORAL, F.L.B.; ALBEFARO, I.S.; SCALEZ, D.C.B. et al. Modelagem da trajetória de crescimento de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010, Maringá. **Anais...** Maringá: SBMA, [2010]. (CD-ROM).
- TURRA, E.M. **Análises genéticas longitudinais de peso, medidas morfométricas e rendimento de filé em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*)**. 2010. 61f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

- TURRA, E.M.; OLIVEIRA, D.A.A.; VALENTE, B.D. et al. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. **Aquaculture**, v.354-355, p.31-37, 2012a.
- TURRA, E.M.; OLIVEIRA, D.A.A.; VALENTE, B.D. et al. Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, v.356-357, p.381-390, 2012b.
- VALENTE, B.D.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C. et al. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais nelore das regiões sudeste e centro-oeste. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, p.389-400, 2008.
- WATANABE, W.O.; LOSORDO, T.M.; FITZSIMMONS, K. et al. Tilapia production systems in the Americas: Technological advances, trends, and challenges. **Reviews in Fisheries Science**, v.10, p.465-498, 2002.
- WEGMAN, E.J.; WRIGHT, I.W. Splines in Statistics. **Journal of the American Statistical Association**, v.78, p.351-365, 1983.
- WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics - Simulation**, v.22, p.1079-1106, 1993.
- ZAK, T.; DESHEV, R.; BENET-PERLBERG, A. et al. Genetic improvement of Israeli blue (Jordan) tilapia, *Oreochromis aureus* (Steindachner), through selective breeding for harvest weight. **Aquaculture Research**, p.1-12, 2012.

6. Anexos

Anexo A. Correlações de Pearson¹ entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio do modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento) com dois intervalos e duas classes de variância residual, sem e com o efeito de família

| | Idade (dias) | | | |
|--------|--------------|---------|---------|---------|
| | 106 | 155 | 205 | 245 |
| Pais | 0,97144 | 0,99434 | 0,98720 | 0,99183 |
| Mães | 0,99438 | 0,98862 | 0,99368 | 0,99134 |
| Filhos | 0,98393 | 0,99858 | 0,99910 | 0,99862 |

¹Todos os valores de correlação foram significativos ($p < 0,0001$).

Anexo B. Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio do modelo S+T+B (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo e tanque de criação somados ao polinômio B-spline quadrático sem aninhamento), com dois intervalos e duas classes de variância residual, sem e com a inclusão do efeito de família

| Idade | Filhos selecionados | | |
|-------|---------------------|----|-----|
| | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 30 | 43 | 52 |
| 155 | 55 | 58 | 60 |
| 205 | 70 | 67 | 74 |
| 245 | 25 | 33 | 43 |

Anexo C. Correlações de Pearson¹ entre os valores genéticos para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias dos pais, mães e filhos de tilápias do Nilo obtidas por meio do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque) com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, sem e com o efeito de família

| | Idade (dias) | | | |
|--------|--------------|---------|---------|---------|
| | 106 | 155 | 205 | 245 |
| Pais | 0,98061 | 0,99013 | 0,98837 | 0,98203 |
| Mães | 0,98888 | 0,99606 | 0,98559 | 0,98523 |
| Filhos | 0,97516 | 0,99821 | 0,99767 | 0,99748 |

¹Todos os valores de correlação foram significativos ($p < 0,0001$).

Anexo D. Percentual de indivíduos em comum dentro dos 1%, 5% e 10% dos filhos superiores para peso vivo aos 106, 155, 205 e 245 dias por meio do modelo ST+B(ST) (com inclusão dos efeitos classificatórios de sexo, tanque de criação e interação sexo x tanque somados ao polinômio B-spline quadrático aninhado na interação sexo x tanque), com cinco intervalos e cinco classes de variância residual, sem e com a inclusão do efeito de família

| Idade | Filhos selecionados | | |
|-------|---------------------|----|-----|
| | 1% | 5% | 10% |
| 106 | 5 | 9 | 24 |
| 155 | 45 | 52 | 52 |
| 205 | 10 | 22 | 30 |
| 245 | 5 | 6 | 11 |