

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS

Arthur Francisco Araújo Fernandes

Parâmetros genéticos para peso corporal, rendimento de carcaça e características morfométricas em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes idades padrão

Belo Horizonte

2014

Arthur Francisco Araújo Fernandes

Parâmetros genéticos para peso corporal, rendimento de carcaça e características morfométricas em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes idades padrão

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

Orientador: Prof. Eduardo Maldonado Turra

Coorientador: Prof. Martinho de Almeida e Silva

Belo Horizonte

2014

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em .../...../..... pela Comissão Examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Eduardo Maldonado Turra (Orientador)

Prof. Martinho de Almeida e Silva (Coorientador)

Prof. Aldrin Vieira Pires

Prof. Idalmo Garcia Pereira

Dra. Erika Ramos de Alvarenga

Tenho a impressão de ter sido uma criança brincando à beira-mar, divertindo-me em descobrir uma pedrinha mais lisa ou uma concha mais bonita que as outras, enquanto o imenso oceano da verdade continua misterioso diante de meus olhos.

Isaac Newton

Agradecimentos

Agradeço aos meus pais, Modesto e Inez, pois se não fosse pelo exemplo de vida e demonstração da capacidade que nós possuímos eu não teria chegado até aqui, vocês sempre serão incríveis para mim. A Anna, por ter me apoiado e tolerado, em todos os momentos, independente das minhas insanidades e rabugices. Aos amigos do LAQUA e do GEMA, por serem mais que companheiros de trabalho, pessoas para todas as horas desse período da minha vida, dos momentos de trabalho estressante e cansativo e das horas de risadas e descontração, espero reencontrá-los mais a frente. Aos meus orientadores, acadêmicos e de vida, Turra e Martinho pelos ensinamentos e por serem excelentes exemplos a se mirar. Aos amigos da UFMG e de fora da UFMG, que acompanharam essa caminhada de perto ou de longe, mas sempre presentes. Aos órgãos de fomento, CAPES, CNPQ, FAPEMIG e MPA por incentivarem o desenvolvimento científico no país.

SUMÁRIO

1.INTRODUÇÃO	12
2.REVISÃO DE LITERATURA.....	13
2.1 Análises multicaracterísticas.....	13
2.2 Componentes Principais.....	15
2.3 Seleção de modelos e critérios de informação.....	16
3.OBJETIVOS	19
4.MATERIAL E MÉTODOS	19
4.1 Experimento.....	17
4.2 Análises dos dados.....	19
5.RESULTADOS	23
5.1 Seleção de modelos.....	22
5.2 Estimativas de parâmetros genéticos.....	26
6.DISSCUSSÃO	35
6.1 Seleção de Modelos.....	31
6.2 Estimativas de parâmetros genéticos.....	32
7.CONCLUSÃO	39
8.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	40

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Diferentes modelos testados em todas as análises bivariadas.....	23
Tabela 2 - Número de animais por análise bivariada (n), médias e desvios padrão (em parênteses) para peso corporal (P) em gramas, rendimento de carcaça (RC) percentual, comprimento correto (Ccor), altura (A) e largura (L) em milímetros para todas as idades padrão.....	24
Tabela 3 – Pesos de Akaike (w_i) dos diversos modelos testados para as análises bivariadas aos 119 dias de idade padrão.....	25
Tabela 4 - Pesos de Akaike (w_i) dos diversos modelos testados para as análises bivariadas aos 147 dias de idade padrão.....	25
Tabela 5 - Pesos de Akaike (w_i) dos diversos modelos testados para as análises bivariadas aos 175 dias de idade padrão.....	26
Tabela 6 - Pesos de Akaike (w_i) dos diversos modelos testados para as análises bivariadas aos 203 dias de idade padrão.....	26
Tabela 7 - Pesos de Akaike (w_i) dos diversos modelos testados para as análises bivariadas aos 231 dias de idade padrão.....	27
Tabela 8 - Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para peso corporal (P), para as diferentes idades padrão.....	28
Tabela 9 - Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para rendimento de carcaça (RC), para todas as idades padrão.....	29
Tabela 10 - Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para altura (A), para todas as idades padrão	30
Tabela 11 - Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para comprimento correto (CCor), para todas as idades padrão.....	31
Tabela 12 - Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para largura (L), para todas as idades padrão.....	32

Tabela 13 - Correlações genéticas aditivas e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão.....	34
Tabela 14 - Correlações residuais e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão.....	34
Tabela 15 - Correlações fenotípicas e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão.....	34
Tabela 16 - Correlações de Spearman entre as classificações dos animais para altura (A), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos 119 dias de idade e entre comprimento correto (Ccor), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos 231 dias...	36
Tabela 17 - Percentual de animais semelhantes entre os 10% selecionados para altura (A), Comprimento correto (CCor), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos selecionados para rendimento de carcaça (10%RC) e para peso (10%P) e valor genético médio (VG) dos mesmos aos 119 e 231 dias de idade padrão.....	35

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Etapas do processo de reprodução, identificação e estocagem das famílias, organizado cronologicamente (de cima para baixo).....	20
Figura 2 - Medidas morfométricas, altura (A), comprimento padrão (C), comprimento de cabeça (CC), comprimento correto (CCor) e largura (L), mensuradas em cada animal.....	21
Gráfico 1 - Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para peso corporal (P), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão.....	29
Gráfico 2 - Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para rendimento de carcaça (RC), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão.....	30
Gráfico 3 - Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para altura (A), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão.....	31
Gráfico 4 - Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para comprimento correto (CCor), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão.....	32
Gráfico 5 - Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para largura (L), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão.....	32

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

- σ_a^2 – Variância genética aditiva
- σ_p^2 – Variância fenotípica
- σ_e^2 – Variância residual
- ϕ – Matriz nula
- A - Altura
- a_i – vetor dos efeitos genéticos aditivos
- AIC – Critério de informação Akaike (do inglês *Akaike information criteria*)
- AICc – Critério de informação Akaike corrigido
- b_i – vetor dos efeitos fixos
- BIC – Critério de informação bayesiano (do inglês *bayesian information criteria*)
- BLUP – Melhor preditor linear não viesado (do inglês *best linear unbiased predictor*)
- C – Comprimento padrão
- CC – Comprimento de cabeça
- CCor – Comprimento correto
- CP – Componentes principais
- CY – Rendimento de carcaça (do inglês *carcass yield*)
- e_i – Vetor dos efeitos residuais
- $\exp(-\frac{1}{2}\Delta_i)$ – verossimilhança relativa do modelo
- G – Matriz de covariâncias genéticas aditivas
- h^2 – Herdabilidade
- L – Largura
- L – Máximo da função de verossimilhança
- Mallow's CP* – Critério preditivo conceitual de Mallow
- P – Peso corporal
- R – Matriz de covariâncias residuais
- R^2 – Coeficiente de determinação
- RC – Rendimento de carcaça
- w_i – Peso de Akaike
- X_i – Matriz de incidência dos efeitos fixos
- y_i – Vetor das observações
- Z_i – Matriz de incidência dos efeitos aleatórios
-

Resumo

As tilápias são o segundo grupo de peixes mais cultivado no mundo e a tilápia do Nilo a principal representante. A taxa de crescimento tem sido o principal objetivo dos poucos programas de seleção existentes. Contudo, rendimento de carcaça (RC) é importante para o aumento da eficiência econômica da cadeia produtiva desta espécie. Por ser uma característica mensurada após o abate, a seleção massal para RC fica impraticável, tornando-se interessante o uso de seleção indireta. Objetivou-se estimar os parâmetros genéticos e correlações entre peso corporal (P), RC, altura (A), largura (L) e comprimento correto (CCor) em função de idades padrão de tilápias do Nilo, da linhagem Chitralada, cultivadas em sistema de recirculação de água. Realizaram-se análises bivariadas entre as características em cinco idades padrões (119, 147, 175, 203 e 231 dias), tendo sido comparados 16 modelos diferentes quando a inclusão de efeitos fixos e aleatórios. Foram analisados dados de 2042 tilápias e um total de 560 análises bivariadas. No intervalo de idades avaliado as estimativas de herdabilidade (h^2) variaram de 0,20 a 0,94 para RC, 0,20 a 0,44 para P, 0,21 a 0,40 para A, 0,13 a 0,80 para L e de 0,18 a 0,48 para CCor. As correlações genéticas entre todas as características foram positivas. Foram elevadas as estimativas entre P e as medidas morfométricas (0,66-1,00) em todas as idades, aos 119 dias entre RC e A (0,71) e aos 231 dias entre RC e CCor (0,58). Os resultados de h^2 apontam que grandes ganhos genéticos podem ser alcançados nesta população de tilápias do Nilo caso realize-se seleção. As correlações revelam que ganhos genéticos indiretos para RC e P podem ser alcançados ao se selecionar para as demais características, destacando-se como possíveis critérios de seleção A aos 119 dias e CCor aos 231 dias de idade padrão.

Palavras-chave: análise bivariada, correlação genética, seleção indireta, características de abate.

Abstract

Tilapias are the second more reared group of fish in the world and Nile tilapia is its leading representative. Growing has been the main goal of the few existing selection programs. However, carcass yield (CY) is important for the economic efficiency development of this species production chain. The use of indirect selection for CY is interesting, because mass selection is impracticable since data collection is only possible after slaughter. The aim of this work was to estimate genetic parameters and correlation between body weight (BW), CY, height (H), width (W) and corrected length (CL) as functions of standard ages in Nile tilapia, Chitralada strain, reared in recirculation system. Bivariate animal model analyses were carried for all traits in five standard ages (119, 147, 175, 203 and 231 days) and 16 distinct models for fixed and random effects were compared. Data from 2042 tilapias were used for 560 bivariate analyses. Heritability (h^2) estimates through all ages vary from 0.20 to 0.94 for CY, 0.20 to 0.44 for BW, 0.21 to 0.40 for H, 0.13 to 0.80 for W and 0.18 to 0.48 for CL. All genetic correlation estimates were positive. The genetic correlations between BW and morphometric traits (0.66-1.00) at all ages, CY and H (0.71) at 119 days and CY and CL (0.58) at 231 days were high. The results for h^2 highlight the possibility to achieve high genetic gains due selection for any of those traits. The correlations show the possibility to achieve indirect genetic gains for CY and BW by selecting other traits, highlights for H at 119 days and CL at 231 days of standard age.

Key words: bivariate analysis, genetic correlation, indirect selection, slaughter traits.

1. INTRODUÇÃO

As tilápias representam o segundo grupo de peixes mais cultivado no mundo (estando as carpas em primeiro), sendo a tilápia do Nilo a principal representante. A produção mundial de tilápia do Nilo cresceu de 970.639 toneladas em 2000 para mais de 2.500.000 toneladas em 2010 (FAO, 2012). Diversos são os motivos que contribuem para as tilápias serem utilizadas como animal de produção: a grande tolerância às variações ambientais, desovas parceladas e intervalo reprodutivo relativamente pequeno, além de possuir ótima aceitação no mercado consumidor (Coward & Bromage, 2000, Khaw et al., 2008). Contudo, muitos estoques de tilápias utilizados ainda são geneticamente semelhantes aos selvagens (Eknath et al., 1991; Lymbery et al., 2000; Brummett et al., 2004). Apesar de existirem poucos programas de melhoramento genético de tilápia implementados no mundo, estes já demonstraram efeitos positivos nas suas cadeias produtivas (Gjedrem, 2000; Hulata, 2001).

Programas de melhoramento genético de espécies de peixe com controle de pedigree sempre foram difíceis de serem implantados em razão das complicações para a marcação dos indivíduos e a grande taxa de marcas perdidas. Com o advento dos *microchips* (ou *pit tags*) para a identificação dos indivíduos, a perda de marcas foi reduzida quase à nulidade e a predição de valores genéticos por meio de informações de parentes foi facilitada (Santos et al., 2011).

A taxa de crescimento é o principal objetivo de seleção destes poucos programas com tilápias do Nilo, sendo a seleção massal, o principal método. Contudo, características como rendimentos cárneos (ex. rendimento de carcaça) são importantes para o aumento da eficiência econômica das cadeias produtivas desta espécie. Para este tipo de característica, a seleção massal é impraticável, pois a mensuração dessas características somente é possível com o abate dos animais. Há necessidade, portanto, do uso de informações de parentes para a predição de valores genéticos e/ou características correlacionadas, como medidas morfométricas, para garantir ganhos genéticos indiretos. Constata-se a existência de pouca informação na literatura sobre estimativas de componentes de (co)variância genética de rendimentos cárneos e medidas morfométricas em tilápias do Nilo (Rutten et al., 2004; Turra et al., 2012b).

Para se estimarem componentes de (co)variância uma das metodologias que pode ser empregada é a análise multicaracterística. Modelos multicaracterística são aqueles em que duas ou mais características são analisadas simultaneamente. Esses modelos são interessantes por levarem em consideração a existência de covariâncias genéticas e ambientais entre as características avaliadas (Schaeffer, 2001). Análises multicaracterísticas são especialmente úteis em duas situações: a primeira, quando uma das características em estudo apresenta herdabilidade muito maior do que as demais ou quando a diferença entre as correlações genéticas e residuais é relativamente grande (maior que 0,5). Nessas situações a acurácia da predição dos valores genéticos para as características de baixa herdabilidade tende a ser maior. A segunda situação de uso desses modelos é para características que são medidas em diferentes momentos da vida ou quando existe a

necessidade de se descartar animais ao longo do tempo. Nessas situações, um grupo menor de animais acaba sendo selecionado para medições nos últimos estágios da vida, podendo ocorrer um viés em decorrência do descarte. As análises multicaracterísticas podem incluir todas as observações (ainda que pré-ajustadas) e considerar cada momento de mensuração como uma característica única, assim correlações entre os momentos de mensuração podem ser estimadas, reduzindo os erros na predição dos valores genéticos.

Características de rendimento cárneo são mensuradas apenas em um único momento, geralmente são de difícil obtenção e possuem herdabilidades baixas (Rutten et al., 2004) a moderadas (Nguyen et al., 2010). Já as medidas morfométricas, como altura, comprimento e largura são variáveis longitudinais, fáceis de serem mensuradas e possuem herdabilidades moderadas a altas (Rutten et al., 2004).

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

Para a associação das características morfométricas às características de rendimento, as primeiras devem ser consideradas como uma característica diferente para cada idade de mensuração. Desse modo, correlações genéticas podem ser estimadas entre as características de rendimento e as características morfométricas. Assim, o uso destas últimas como ferramenta de seleção indireta para características de rendimento pode ser uma estratégia viável caso existam altas correlações genéticas entre elas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

O interesse no melhoramento animal é de se selecionar os melhores animais para serem reprodutores. Dessa maneira espera-se que a próxima geração seja sempre melhor do que a anterior devido à correlação genética entre os pais e seus filhos (Falconer & Mackay, 1996).

Na seleção, quando o critério de seleção é composto por apenas uma característica, geralmente os animais que possuem maior valor genético para a mesma serão selecionados. Mas um problema básico surge quando existem diversas características de interesse mensuradas e se deseja saber não só o modo como cada uma é transmitida para as próximas gerações, mas também como essas características se relacionam e dessa forma realizar a seleção. Na tentativa de resolver o problema da seleção para diversas características, Hazel e Lush (1943) demonstraram que a seleção a partir de um índice que atribua o peso apropriado a cada característica é um método de seleção melhor do que a seleção aplicada a uma característica por vez ou a seleção por níveis independentes.

Para se atribuir o peso genético apropriado a cada característica deve se conhecer as suas variâncias e covariâncias (fenotípicas, genéticas e ambientais). Meyer (1991) aponta que tradicionalmente para se estimar as variâncias das características, as mesmas são estudadas separadamente e suas covariâncias obtidas posteriormente através de análises de

covariância. Porém, para tanto, são necessárias mensurações de todos os animais para todas as características. Caso existam dados perdidos, por falta de coleta ou por motivo de seleção, a análise estará prejudicada e as estimativas das variâncias possivelmente viesadas.

Geralmente não se possui um banco de dados completo, com todas as mensurações de todas as características para todos os animais. Assim, as possíveis alternativas são: utilizar um banco de dados reduzido, apenas com os animais que possuem todas as mensurações, ou utilizar de estratégias que considerem mensurações de outras características (ou animais) relacionadas de maneira a minimizar o viés atribuído à inexistência de alguns dados. Uma metodologia capaz de utilizar da informação de características correlacionadas é a análise multicaracterística, além de possuir diversas vantagens.

2.1 Análises multicaracterísticas

Existem diversas metodologias de análises multicaracterísticas, sendo que em sua maioria, essas análises consideram a premissa de que as características de interesse provavelmente são independentes e apresentam uma distribuição normal multivariada. De acordo com Johnson e Wichern (2002), as análises multicaracterísticas possuem diversas aplicações no mundo científico, dentre elas:

- Reduzir ou simplificar estruturalmente o banco de dados, com a intenção de representar o fenômeno estudado da maneira mais simples sem sacrificar informações importantes.
- Possibilitar agrupamento e ordenação das variáveis de acordo com sua importância e similaridade.
- Investigar sobre a natureza das relações entre as variáveis (existência ou ausência de dependência entre elas).
- Estimar os valores de variâncias e covariâncias das diversas características simultaneamente, de maneira que os valores estimados para cada variável são influenciados pelas observações de outras variáveis correlacionadas.
- Construir testes de hipótese específicos, formulados de maneira a validar suposições estabelecidas a priori.

Segundo Schaeffer (2001), modelos multicaracterísticas são de grande importância no melhoramento animal em situações com características que possuem baixos valores de herdabilidade, ou quando são analisadas várias características, sendo interessante que pelo menos uma possua herdabilidade estimada muito maior do que as demais. Nessa situação, as estimativas dos valores genéticos das características com baixa herdabilidade tendem a ganhar mais em acurácia que aquelas que possuem alta herdabilidade, mas todas as características são beneficiadas pela análise simultânea. Outro uso para as análises multicaracterísticas é em situações nas quais as características são mensuradas em momentos diferentes. Nessa condição, as características mensuradas posteriormente tendem a possuir menor número de animais observados. Os resultados das análises dessas

características, mensuradas posteriormente na vida dos animais, fatalmente serão viesados. Análises multicaracterísticas podem levar em consideração a relação entre as observações dos animais que foram mensurados para todas as características e daqueles que não possuem todos os dados de maneira a reduzir o viés na estimação atribuído à exclusão dos mesmos.

Segundo Silva e colaboradores (2008b), esta alternativa é uma extensão do modelo utilizado para a obtenção de BLUPs de valores genéticos para uma característica (Henderson, 1975). Um modelo simples para cada característica i seria:

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

e para uma análise bivariada:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \phi \\ \phi & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \phi \\ \phi & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que y_i é o vetor das observações da característica i (que pode ser a mesma característica em idades padrão diferentes); b_i é o vetor dos efeitos fixos; a_i é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos; X_i e Z_i são as matrizes de incidência dos efeitos de b_i e a_i no vetor de observações y_i ; e_i é o vetor dos resíduos associados às observações da característica i ; ϕ é uma matriz nula.

As equações de modelos mistos podem ser escritas da seguinte maneira:

$$\begin{bmatrix} X_1' R^{11} X_1 & X_1' R^{12} X_2 & X_1' R^{11} Z_1 & X_1' R^{12} Z_2 \\ X_2' R^{21} X_1 & X_2' R^{22} X_2 & X_2' R^{21} Z_1 & X_2' R^{22} Z_2 \\ Z_1' R^{11} X_1 & Z_1' R^{12} X_2 & Z_1' R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z_1' R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ Z_2' R^{21} X_1 & Z_2' R^{22} X_2 & Z_2' R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z_2' R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1' R^{11} y_1 + X_1' R^{12} y_2 \\ X_2' R^{21} y_1 + X_2' R^{22} y_2 \\ Z_1' R^{11} y_1 + Z_1' R^{12} y_2 \\ Z_2' R^{21} y_1 + Z_2' R^{22} y_2 \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{a11}^2 & \sigma_{a12} \\ \sigma_{a12} & \sigma_{a22}^2 \end{bmatrix} \quad G^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix}$$

$$R = \begin{bmatrix} I\sigma_{e11}^2 & I\sigma_{e12} \\ I\sigma_{e12} & I\sigma_{e22}^2 \end{bmatrix} \quad R^{-1} = \begin{bmatrix} R^{11} & R^{12} \\ R^{21} & R^{22} \end{bmatrix}$$

Sendo A^{-1} a inversa da matriz de parentesco, G e R as matrizes de (co)variância genética aditiva e residual respectivamente em que σ_{a11}^2 , σ_{a22}^2 , σ_{e11}^2 e σ_{e22}^2 representam as variâncias genética aditiva e residual das características 1 e 2 respectivamente, enquanto σ_{a12} , σ_{a21} , σ_{e12} e σ_{e21} as covariâncias genética aditiva e residual entre as mesmas. Desta forma, o modelo permite a avaliação de duas ou mais características, considerando as covariâncias genéticas e residuais entre elas.

Em consequência, ao se considerar as correlações entre todas as características, os componentes de (co)variância genética e fenotípica obtidos podem apresentar valores diferentes dos estimados, caso a avaliação fosse realizada por meio de um modelo unicaracterística. Além disto, caso alguma das características avaliadas possua parâmetros estimados muito diferentes do que seria o real para aquela população, por exemplo, por ser uma característica de difícil mensuração, ou devido a dados coletados de maneira errada, esse erro também influenciará nas estimativas das demais características. Assim, um modelo multicaracterística também pode ser muito prejudicial.

Considerações devem ser feitas para características mensuradas ao longo do tempo. Nessa situação, em cada momento de mensuração a característica é considerada como única, levando à necessidade de se ajustarem as mensurações de diversos animais para uma idade padrão.

2.2 Componentes Principais

Ao se trabalhar diversas características também se tornam possível surgirem problemas de dependência entre as mesmas. Caso um modelo a ser ajustado possua muitas características com relação de dependência, toda a análise pode estar comprometida. A existência de dependência pode levar à colinearidade, cujo efeito principal é a instabilidade numérica do cálculo de $(\mathbf{Z}'\mathbf{Z})^{-1}$, o que acarreta em problemas nas estimativas dos componentes de variância. Tipicamente, os valores da diagonal de $(\mathbf{Z}'\mathbf{Z})^{-1}$ são elevados, mas com a colinearidade os valores da diagonal são próximos de zero. O problema da colinearidade pode ser resolvido de duas formas: (1) deletando as variáveis preditoras que são fortemente correlacionadas ou (2) trabalhando com componentes principais. No último caso, novas variáveis preditoras são calculadas e a resposta de \mathbf{y} é baseada nessas novas variáveis (Johnson & Wichern, 2002).

Algebricamente os componentes principais (CPs) são os autovetores da matriz de covariância, ou seja, combinações lineares das variáveis regressoras (Kirkpatrick & Lofsvold, 1992). Os CPs são interessantes por serem ortogonais, ou seja, não correlacionados entre si e por descreverem o máximo de variância com o menor número de parâmetros, além de serem de fácil visualização (Kirkpatrick & Meyer, 2004). O fato de se poder reduzir o número de parâmetros estimados é um grande apelo da análise via CPs, mas muito cuidado deve ser dado à escolha dos mesmos, pois a qualidade da aproximação depende do número de componentes mantidos e da proporção da variância total que é explicada pelos mesmos.

No melhoramento genético, CPs fenotípicos podem ser utilizados para se reduzir o banco de dados e assim calcular os parâmetros genéticos. Porém, caso os CPs fenotípicos estejam pouco relacionados aos parâmetros genéticos, muita informação pode ser perdida e a estimativa das variâncias genéticas, prejudicada. Para evitar esse problema uma saída é calcular os CPs genéticos. Estes CPs podem ser calculados através da estimativa da estrutura de covariâncias entre todas as características, ou diretamente como demonstrado por Kirkpatrick e Meyer (2004). Os mesmos autores demonstraram que através do método

de cálculo direto dos CPs genéticos é possível estimar-se as matrizes de covariâncias genéticas e ambientais, além de assegurar que as mesmas sejam positivas semidefinidas.

2.3 Critérios para a seleção de modelos

Ao se trabalhar diversas características em análises multivariadas, os modelos delineados são cada vez mais parametrizados e vários são os problemas que podem surgir, principalmente quando existe colinearidade entre as características selecionadas. Como saída para tal situação escolhe-se dentre as características de interesse aquelas que são as mais importantes. Nesse processo vários modelos candidatos são formados. Tenta-se, então, definir o modelo que melhor explica o universo amostral com o mínimo de complexidade possível dentre os diversos modelos candidatos. Para realizar essa escolha, de maneira não arbitrária, são empregados métodos de seleção de modelos. Sendo que existem vários métodos descritos na literatura.

Classicamente esses métodos geralmente são vistos como testes de hipóteses nos quais é avaliada a significância da inclusão, ou exclusão, de um parâmetro na análise (Burnhan & Anderson, 2002). Nessa linha são comumente usadas metodologias de seleção sequencial de características como *forward*, *backward* e *stepwise selection* junto a critérios de diagnóstico da qualidade da aderência dos dados ao modelo, como o coeficiente de determinação (R^2) e o critério preditivo conceitual de Mallow (*Mallow's CP*) (Silva et al., 2008a). Essas técnicas são rápidas e demandam baixa capacidade computacional. Mas, em contrapartida, são aplicadas apenas aos dados fenotípicos, sendo que a escolha das características que devem entrar no modelo é realizada sem o conhecimento de suas variâncias e covariâncias genéticas.

Outra forma de se realizarem comparações entre os modelos candidatos é por meio de comparação do ponto de maximização das funções de verossimilhança dos mesmos. Essa metodologia foi proposta por Akaike (1973) sendo a base para os diversos critérios de informação desenvolvidos posteriormente. Segundo Akaike (1973), o uso apenas dos valores dos pontos de maximização das funções de verossimilhança como critério de comparação de modelos tende a selecionar os modelos mais parametrizados. Simplesmente pelo fato de que quanto maior o número de parâmetros no modelo mais os dados tendem a se ajustar ao modelo, assim, maior será o valor encontrado pela função de verossimilhança em seu ponto de maximização.

Para corrigir esse viés na classificação dos modelos, diversos são os critérios de informação propostos, como critério de informação Akaike (AIC) (Akaike, 1973), critério de informação Akaike corrigido (AICc) (Sugiura, 1978), critério de informação bayesiano (BIC) (Schwarz, 1978), dentre outros (Emiliano et al., 2014; Burnham & Anderson, 2002). Tais critérios corrigem o viés na classificação dos modelos ao penalizar a verossimilhança baseados no número de variáveis presentes no modelo e no número de amostras presentes no banco de dados. Assim, estes testes de comparação permitem a escolha de modelos não aninhados mais parcimoniosos, por aplicar fator de “penalização” proporcional ao número de parâmetros do modelo como forma de regularização (Felipe, 2010).

Existem basicamente duas classes de critérios, aqueles considerados eficientes (ex. AIC) e os consistentes (ex. BIC). Os primeiros se baseiam na teoria de que não existe um modelo verdadeiro e procuram estimar qual modelo, dentre os estudados, o que mais se aproxima da realidade. Já os critérios consistentes estão embasados na teoria de que existe um modelo verdadeiro. Assume-se que a verdade apresenta-se em um pequeno espaço paramétrico e a probabilidade de se selecionar esse modelo verdadeiro cresce com o tamanho da amostra.

Genericamente todos esses critérios de informação (IC) podem ser descritos pela seguinte fórmula:

$$IC = -2 \log(L) + b(G)$$

em que, L refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança e $b(G)$ ao termo de penalização dos modelos candidatos, sendo que esse termo será diferente para cada critério. Assim alguns critérios são mais rigorosos quanto à penalização devido ao aumento do número de parâmetros do que outros.

3. JUSTIFICATIVA

Características de rendimentos cárneos são de grande importância para a cadeia produtiva de animais de corte em geral, pois maiores rendimentos cárneos resultam em maior produtividade para os frigoríficos e empresas verticalizadas. Apesar de tal importância, as fazendas produtoras não são remuneradas por produzir peixes com melhores rendimentos e existem ainda poucos estudos sobre os parâmetros genéticos dessas características relatados na literatura para tilápia do Nilo (Rutten et al., 2005b; Nguyen et al., 2010; Thodesen et al., 2012; Turra et al., 2012b). Em todos os trabalhos encontrados, características como peso e rendimento de filé são as mais estudadas. Esse fato é facilmente explicável visto que o filé é o produto mais importante da cadeia produtiva da tilápia. Porém, todos os autores relataram dificuldades de se retirar o filé com o mínimo de erros de processamento. Outro ponto é que não existe consenso sobre o processo de retirada do filé, sendo realizado de maneiras diferentes em cada ensaio: mecanicamente mantendo-se pele e costelas (Rutten et al., 2005b), manualmente retirando-se o filé de apenas um dos lados e mantendo-se pele e costelas (Turra et al., 2012b), ou ainda manualmente retirando-se pele e costelas (Nguyen et al., 2010; Thodesen et al., 2012).

A inexistência de consenso sobre a metodologia a ser aplicada para a retirada do filé dificulta a comparação entre os resultados obtidos. Além de ser um procedimento meticuloso e com diversos pontos que podem levar a erros, que podem impactar na estimativa das variâncias. Apenas esses já são motivos suficientes para se procurar por característica correlacionada ao rendimento de filé para ser utilizada como critério de seleção. Turra e colaboradores (2012b) obtiveram altas estimativas de correlação para rendimento de carcaça e rendimento de filé. Rendimento de carcaça é obtido mais

facilmente e com menos erros do que o rendimento de filé, possuindo a mesma importância para a cadeia produtiva da tilápia. Assim, torna-se interessante o uso do rendimento de carcaça como objetivo de seleção ao invés do rendimento de filé.

4. OBJETIVOS

Avaliar as estruturas de (co)variâncias e correlações estimadas para dados de peso corporal, rendimento de carcaça e medidas morfométricas (altura, largura e comprimento correto) em função de idades padrão de tilápias do Nilo da linhagem Chitralada, pertencente ao Laboratório de Aquicultura da Escola de Veterinária da UFMG, cultivadas em sistema de recirculação de água.

5. MATERIAL E MÉTODOS

5.1 Experimento

O estudo foi conduzido nas instalações do Laboratório de Aquicultura da Escola de Veterinária da UFMG nos anos de 2009 a 2010. O plantel de tilápias do Nilo, da linhagem Chitralada, de propriedade do laboratório foi utilizado para originar famílias com controle de pedigree. Todas as famílias foram geradas em um período de 17 semanas (20 de julho a 30 de novembro de 2009).

Para a formação das famílias (figura 1), 36 machos e 72 fêmeas foram marcados com *microchips* (*pit tags*) de identificação. Estes animais foram acasalados (1 macho com 2 fêmeas) de maneira a formar 72 famílias de irmãos-completos e 36 famílias de meio-irmãos. Para isto, cada macho foi alojado com duas fêmeas em tanque de 1 m³, com sistema de recirculação de água individual. Ao final de uma semana, os animais foram separados, sendo que as fêmeas com ovos na boca foram conduzidas em seguida para bacias individuais de 36 litros para finalizarem a incubação. Após uma semana (momento considerado como dia da eclosão), as mesmas foram separadas das respectivas progênes. Cada grupo de larvas, depois de separado da mãe, foi cultivado isoladamente até o momento da identificação (aproximadamente 112 dias pós-eclosão). Nesse momento, grupos de seis famílias (as mais próximas em idade) foram alojados comunalmente em um tanque circular de 7 m³. Assim, as 72 famílias ocuparam 12 tanques de 7 m³ sob as mesmas condições de cultivo (densidade de estocagem, qualidade de água e manejo alimentar), na tentativa de reduzir diferenças entre eles. A distribuição dos indivíduos nos tanques foi feita de modo a manter uma estrutura de conectividade e densidades de estocagem semelhantes entre os mesmos. Informações detalhadas sobre o processo de formação e estocagem das famílias são fornecidas por Turra (2010).

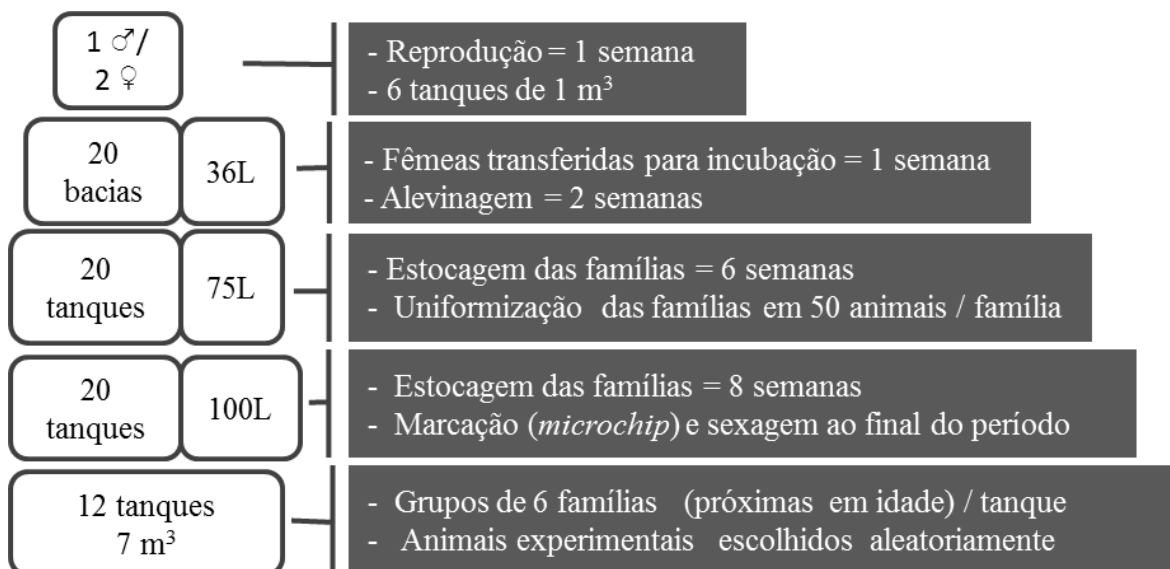


Figura 1: Etapas do processo de reprodução, identificação e estocagem das famílias, organizado cronologicamente (de cima para baixo). Fonte: Arquivo pessoal.

Os animais foram medidos em seis oportunidades, sendo a primeira, no momento da identificação. As informações coletadas em cada animal (figura 2), em cada oportunidade, foram:

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

A escolha do local em que foram feitas as mensurações de altura e largura nos animais foi influenciada pelos resultados de Diodatti (2006).

Em cada oportunidade de mensuração, alguns animais por família foram amostrados aleatoriamente para serem sacrificados, com prévia crionarcose e terem seu peso de carcaça, filé e respectivos rendimentos registrados (Turra, 2010). No sexto momento de mensuração, todos os animais remanescentes de cada família foram sacrificados e tiveram seus rendimentos cárneos (carcaça e filé) medidos. Os sexos dos animais foram confirmados no processo de evisceração.

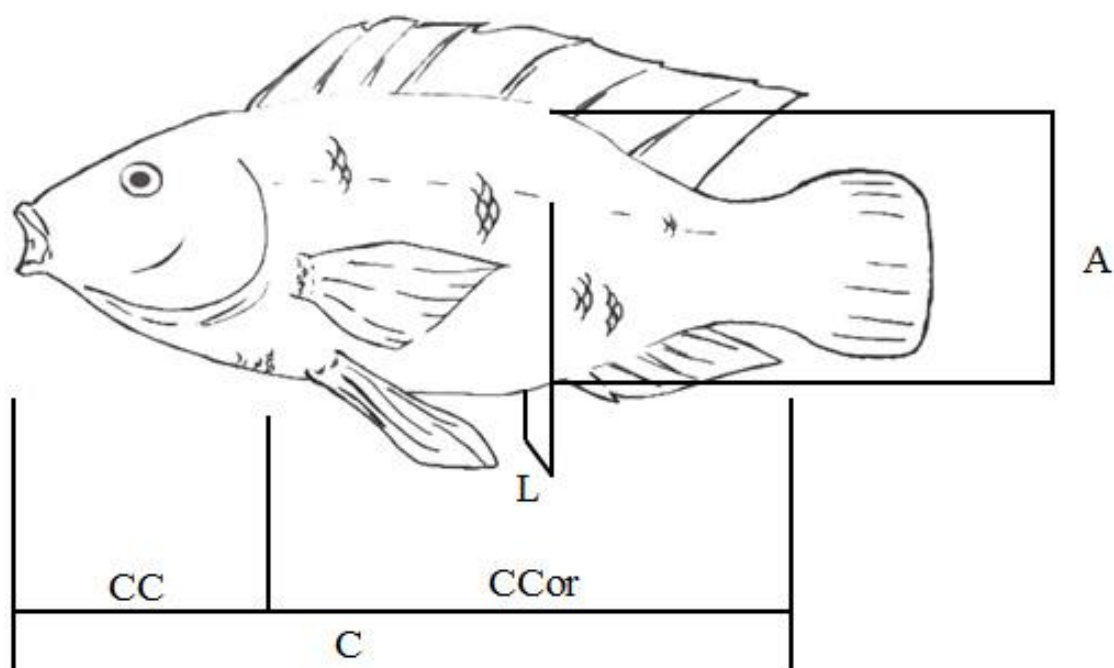


Figura 2: Medidas morfométricas, altura (A), comprimento padrão (C), comprimento de cabeça (CC), comprimento correto (CCor) e largura (L), mensuradas em cada animal. Fonte: Arquivo pessoal.

5.2 Análises dos dados

As análises de dados foram realizadas com o auxílio do programa WOMBAT (Meyer, 2011). Com o intuito de se estimar os componentes de (co)variâncias foram realizadas análises bivariadas entre peso corporal e comprimento correto (PxCCor), peso corporal e altura (PxA), peso corporal e largura (PxL), rendimento de carcaça e peso corporal (RCxP), rendimento de carcaça e comprimento correto (RCxCCor), rendimento de carcaça e altura (RCxA) e rendimento de carcaça e largura (RCxL).

Optou-se por não estimar as covariâncias entre as medidas morfométricas devido às altas correlações genéticas estimadas entre as mesmas para tilápias apresentadas por Turra (2010) e pelo foco estar na relação existente entre rendimentos cárneos e peso corporal com as medidas morfométricas. Turra e colaboradores (2012b) demonstraram que as correlações genéticas entre rendimento de filé e rendimento de carcaça para tilápias são elevadas (maiores que 0,8 para o período estudado). Por rendimento de carcaça ser de mais fácil obtenção que o rendimento de filé e existirem menores erros, que podem prejudicar as estimativas dos componentes de (co)variância, decidiu-se por se trabalhar apenas com rendimento de carcaça.

Em todas as análises foi utilizada a opção “PC” que significa que as (co)variâncias foram estimadas por componentes principais genéticos. Essa escolha foi feita apenas para garantir que todas as matrizes de covariância pudessem ser positivas semidefinidas e assim

serem obtidos os valores de máxima verossimilhança das mesmas. Não foi realizada redução do número de parâmetros.

O modelo das análises bivariadas pode ser definido, em notação matricial, como:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \emptyset \\ \emptyset & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \emptyset \\ \emptyset & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que y_i é o vetor das observações das característica i observadas nas cinco idades padrão (119, 147, 175, 203 e 231 dias de idade); b_i é o vetor dos efeitos fixos das observações mensuradas na característica i , sendo os possíveis efeitos fixos sexo, tanque de cultivo comunal e época de nascimento; a_i é o vetor dos efeitos aleatórios que podem ser dos efeitos de família ou dos valores genéticos aditivos dos animais avaliados para cada idade padrão; X_i e Z_i são as matrizes de incidência dos efeitos de b_i e a_i no vetor de observações y_i ; \emptyset é uma matriz nula; e_i é o vetor dos resíduos associados às observações da característica i nas diferentes idades padrão.

Para as análises os animais foram agrupados em idades padrão com uma diferença máxima de duas semanas de idade entre os indivíduos do mesmo grupo. A primeira idade padrão (119 dias pós-eclosão) correspondendo à idade média dos animais com duas semanas após o momento da marcação e as demais intervaladas de quatro semanas. Para todas as idades padrão foram testadas a importância da inclusão do efeito aleatório de família e de três possíveis efeitos fixos nos modelos: efeito de sexo, efeito de tanque de cultivo comunal e época de nascimento, sendo testado um total de 16 modelos por análise bivariada (tabela 1). O efeito de época de nascimento foi introduzido com a intenção de se retirar qualquer efeito referente ao período em que as famílias foram produzidas (se no início, meio ou final do período de reprodução), assim as mesmas foram divididas em 3 épocas de nascimento.

Como critério de comparação para escolha do modelo foi utilizado o critério de informação Akaike corrigido (AICc), proposto por Sugiura (1978):

$$AICc = -2 \log(L) + 2p \left(\frac{n}{n - p - 1} \right)$$

em que, L refere-se ao valor maximizado da função de verossimilhança do modelo estimado, p ao número de parâmetros e n ao número de observações ou tamanho da amostra. A partir dos valores de AICc foram calculadas as verossimilhanças dos modelos dado o banco de dados e, em seguida, os valores das verossimilhanças padronizados em pesos de Akaike (w_i):

$$w_i = \frac{\exp\left(-\frac{1}{2} \Delta_i\right)}{\sum_{i=1}^R \exp\left(-\frac{1}{2} \Delta_i\right)}$$

em que, w_i é o peso de Akaike para o modelo i , $\exp(-\frac{1}{2}\Delta_i)$ é a verossimilhança relativa do modelo i e Δ_i é a diferença entre os valores de AICc do modelo i e do modelo com menor AICc.

Tabela 1. Diferentes modelos testados em todas as análises bivariadas

	Sexo	Tanque	Época de nascimento	Família	Animal
1	x	x	x	x	x
2		x	x	x	x
3			x	x	x
4		x		x	x
5	x			x	x
6	x	x		x	x
7	x		x	x	x
8				x	x
9	x	x	x		x
10		x	x		x
11			x		x
12		x			x
13	x				x
14	x	x			x
15	x		x		x
16					x

O w_i pode ser considerado como o peso da evidência em favor do modelo i na sua aproximação do modelo ideal, dado o conjunto de modelos na análise. Assim o w_i é dependente do conjunto de modelos e o seu valor pode variar de 0 a 1, sendo que quanto mais próximo de 1 maior a evidência em favor desse modelo. Os modelos selecionados para cada uma das análises bivariadas foram utilizados para gerar as informações de (co)variância das características estudadas e estimar o valor genético dos animais.

6. RESULTADOS

Para realizar as análises bivariadas foram utilizados dados de 2042 animais, sendo que a distribuição destes por idade padrão se encontra na tabela 2. Foram comparadas 560 análises bivariadas no total. As médias e coeficientes de variação para peso corporal, rendimento de carcaça e medidas morfométricas para cada idade padrão também se encontram na tabela 2.

Tabela 2. Número de animais por análise bivariada (n), médias e coeficientes de variação (em parênteses) para peso corporal (P), rendimento de carcaça (RC), comprimento correto (Ccor), altura (A) e largura (L) para todas as idades padrão

Idades padrão	119	147	175	203	231
n	357	309	444	495	437
P(g)	66,92(0,53)	122,31(0,46)	194,69(0,35)	259,80(0,34)	293,95(0,31)
RC(%)	56,42(0,05)	58,33(0,04)	58,85(0,04)	58,63(0,04)	57,98(0,04)
Ccor(mm)	77,74(0,20)	96,56(0,18)	114,04(0,13)	126,83(0,13)	133,43(0,12)
A(mm)	40,39(0,21)	49,49(0,19)	60,47(0,15)	67,54(0,15)	69,28(0,14)
L(mm)	13,77(0,23)	17,29(0,21)	19,94(0,16)	21,45(0,16)	21,94(0,16)

6.1 Seleção de modelos

Os resultados das comparações de modelos para cada uma das idades padrão, via w_i , encontram-se listados nas tabelas 3 a 7. Para a primeira idade padrão (tabela 3), o modelo 9, que apresenta a inclusão dos efeitos fixos de sexo, tanque e época de nascimento e como efeito aleatório apenas o efeito animal, foi aquele que apresentou maiores evidências de ser o modelo mais adequado para todos os grupos de análises bivariadas. Porém, para a análise bivariada incluindo largura e rendimento de carcaça (L-RC) a magnitude dessa diferença foi a menor dentre todas as análises bivariadas, para esta idade padrão, apesar do modelo 9 continuar sendo o escolhido.

Nos resultados de w_i aos 147 dias de idade (tabela 4), todos os modelos selecionados apresentaram evidências muito altas em comparação aos demais modelos candidatos. Apesar de ter mais de um modelo selecionado, observa-se uma tendência à inclusão do efeito de família, visto que todos os modelos selecionados o apresentam (ver tabela 1).

Aos 175 dias de idade padrão a inclusão do efeito de família perde significado novamente (tabela 5) já que nenhum dos modelos selecionados (modelos 9, 13 e 15) continha esse efeito. Para todas as análises bivariadas em que peso corporal foi uma das características avaliadas, o modelo 9 foi o que apresentou melhores aproximações. Observa-se como uma tendência a presença do efeito de sexo em todos os modelos, o que aponta a importância desse efeito para todas as características.

Os mesmos modelos 9, 13 e 15 também foram selecionados aos 203 dias de idade padrão (tabela 6), mas não da mesma forma que na idade padrão anterior. Já aos 231 dias de idade padrão apenas os modelos 9 e 13 foram selecionados (tabela 7). Nesta idade o modelo 13 foi selecionado para todas as análises bivariadas que apresentaram rendimento de carcaça como uma das características, o que pode ser visto como mais uma evidência da importância do efeito de sexo em relação aos demais efeitos fixos, para esta característica, já que o modelo 13 apresenta apenas sexo como efeito fixo (tabela 1).

Tabela 3. Pesos de Akaike (w_i) dos modelos testados para as análises bivariadas aos 119 dias de idade padrão

Modelo	PxCCor	PxA	PxL	RCxP	RCxCCor	RCxA	RCxL
1	0,198	0,261	0,197	0,251	0,201	0,101	0,132
2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037
3	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,003
4	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016
5	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
6	0,000	0,001	0,002	0,000	0,002	0,003	0,042
7	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007
8	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
9	0,800	0,736	0,792	0,747	0,791	0,865	0,392
10	0,001	0,001	0,001	0,000	0,001	0,000	0,121
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,027
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,049
13	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
14	0,001	0,002	0,008	0,001	0,006	0,030	0,118
15	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,055
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Em destaque, os modelos de melhor aproximação

Tabela 4. Pesos de Akaike (w_i) dos modelos testados para as análises bivariadas aos 147 dias de idade padrão

Modelo	PxCCor	PxA	PxL	RCxP	RCxCCor	RCxA	RCxL
1	1,000	1,000	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000
2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
3	0,000	0,000	0,000	0,038	0,094	0,002	0,100
4	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
5	0,000	0,000	0,000	0,065	0,027	0,019	0,000
6	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
7	0,000	0,000	0,000	0,805	0,733	0,006	0,001
8	0,000	0,000	0,000	0,091	0,146	0,973	0,899
9	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
10	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
13	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
14	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
15	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Em destaque, os modelos de melhor aproximação

Tabela 5. Pesos de Akaike (w_i) dos modelos testados para as análises bivariadas aos 175 dias de idade padrão

Modelo	PxCCor	PxA	PxL	RCxP	RCxCCor	RCxA	RCxL
1	0,059	0,042	0,122	0,028	0,000	0,000	0,000
2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
3	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
4	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
5	0,000	0,000	0,000	0,000	0,440	0,363	0,064
6	0,000	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000
7	0,000	0,000	0,000	0,000	0,005	0,004	0,143
8	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
9	0,941	0,957	0,878	0,644	0,000	0,000	0,000
10	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
13	0,000	0,000	0,000	0,000	0,527	0,604	0,069
14	0,000	0,000	0,000	0,312	0,000	0,000	0,000
15	0,000	0,000	0,000	0,002	0,029	0,028	0,724
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Em destaque, os modelos de melhor aproximação

Tabela 6. Pesos de Akaike (w_i) dos modelos testados para as análises bivariadas aos 203 dias de idade padrão

Modelo	PxCCor	PxA	PxL	RCxP	RCxCCor	RCxA	RCxL
1	0,287	0,276	0,090	0,000	0,000	0,000	0,000
2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
3	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
4	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
5	0,000	0,000	0,000	0,056	0,370	0,189	0,301
6	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
7	0,000	0,000	0,000	0,096	0,005	0,007	0,007
8	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
9	0,713	0,723	0,909	0,000	0,000	0,000	0,000
10	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
13	0,000	0,000	0,000	0,212	0,616	0,774	0,667
14	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000
15	0,000	0,000	0,000	0,637	0,009	0,031	0,024
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Em destaque, os modelos de melhor aproximação

Tabela 7. Pesos de Akaike (w_i) dos modelos testados para as análises bivariadas aos 231 dias de idade padrão

Modelo	PxCCor	PxA	PxL	RCxP	RCxCCor	RCxA	RCxL
1	0,059	0,047	0,041	0,000	0,000	0,000	0,000
2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
3	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
4	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
5	0,000	0,000	0,000	0,289	0,151	0,320	0,062
6	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
7	0,000	0,000	0,000	0,009	0,001	0,001	0,000
8	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
9	0,940	0,939	0,957	0,000	0,000	0,000	0,000
10	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
11	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
12	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
13	0,000	0,000	0,000	0,683	0,843	0,676	0,933
14	0,001	0,013	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000
15	0,000	0,000	0,000	0,019	0,005	0,002	0,004
16	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Em destaque, os modelos de melhor aproximação

6.2 Estimativas de parâmetros genéticos

Os modelos selecionados a partir dos w_i (tabelas 3 a 7) foram utilizados para estimar os componentes de (co)variância para todas as características nas idades padrão do estudo. Os resultados de herdabilidade (h^2) e variância residual, como fração da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) para peso corporal, estimados pelas análises bivariadas nas cinco idades padrões (tabela 8 e gráfico 1) revelam que os valores de h^2 oscilaram entre 0,22 e 0,44 sendo maiores no início e no final do período estudado. Enquanto que os valores de σ_e^2/σ_p^2 oscilaram entre 0,35 e 0,77 sendo maiores aos 175 e 203 dias de idade padrão e menores aos 147 dias de idade padrão.

As estimativas de h^2 para rendimento de carcaça (tabela 9 e gráfico 2) tenderam a serem maiores com o avançar do tempo, oscilando entre 0,20 aos 147 dias de idade padrão e 0,93 aos 175. Existiu ainda grande variação dentre as estimativas para os 175 dias de idade padrão (0,59 a 0,93), alcançadas pelos diversos modelos, sendo que a estimativa obtida com o modelo para peso e rendimento de carcaça se destacou das demais, sendo a menor.

As estimativas de h^2 para todas as medidas morfométricas (tabelas 10, 11 e 12 e gráficos 3, 4 e 5) foram moderadas a altas em todas as idades padrão do estudo. Para comprimento correto e altura os resultados foram semelhantes entre as idades padrão, enquanto que para largura as estimativas decresceram da primeira para a segunda idade, voltando a se elevar em seguida. As estimativas de h^2 para altura apresentaram pequenas variações ao longo das idades estudadas (0,20 a 0,40), sendo maiores aos 231 dias de idade

padrão (tabela 10 e gráfico 3). Já as estimativas de σ_e^2/σ_p^2 tiveram maior amplitude de variação (0,40 a 0,79) sendo o valor máximo aos 203 dias de idade padrão. As estimativas de h^2 para comprimento correto (tabela 11 e gráfico 4) também apresentaram pequenas oscilações, sendo o menor valor (0,18) aos 203 dias e o maior (0,48) aos 175 dias de idade padrão. Porém, foram grandes as diferenças entre as estimativas dentro de uma mesma idade, de 0,26 a 0,48 aos 175 e 0,18 a 0,37 aos 203 dias de idade padrão. As estimativas de σ_e^2/σ_p^2 foram menores aos 147 dias de idade padrão (0,42) e maiores aos 203 dias (0,81). Já as estimativas de h^2 e σ_e^2/σ_p^2 para largura (tabela 12 e gráfico 5) oscilaram entre 0,13 e 0,80 para h^2 e entre 0,20 e 0,86 para σ_e^2/σ_p^2 . Ainda, as diferenças entre as estimativas dentro da mesma idade foram altas, tanto aos 175, quanto aos 203 dias de idade padrão, da mesma maneira que para o comprimento correto, porém com maior amplitude de variação.

Tabela 8. Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para peso corporal (P), para as diferentes idades padrão

Idade	Características	h^2	EP	σ_e^2/σ_p^2	EP
119	P-CCor	0,44	0,14	0,57	0,14
119	P-A	0,44	0,14	0,56	0,14
119	P-L	0,44	0,14	0,57	0,14
119	P-RC	0,44	0,14	0,56	0,14
147	P-CCor	0,30	0,03	0,35	0,06
147	P-A	0,28	0,06	0,35	0,04
147	P-L	0,29	0,06	0,36	0,04
147	P-RC	0,31	0,03	0,36	0,06
175	P-CCor	0,26	0,10	0,74	0,10
175	P-A	0,26	0,10	0,74	0,10
175	P-L	0,26	0,10	0,74	0,10
175	P-RC	0,26	0,10	0,74	0,10
203	P-CCor	0,21	0,09	0,80	0,09
203	P-A	0,22	0,09	0,79	0,09
203	P-L	0,22	0,09	0,78	0,09
203	P-RC	0,25	0,09	0,75	0,09
231	P-CCor	0,34	0,13	0,66	0,13
231	P-A	0,36	0,13	0,64	0,13
231	P-L	0,34	0,13	0,66	0,13
231	P-RC	0,41	0,12	0,59	0,12

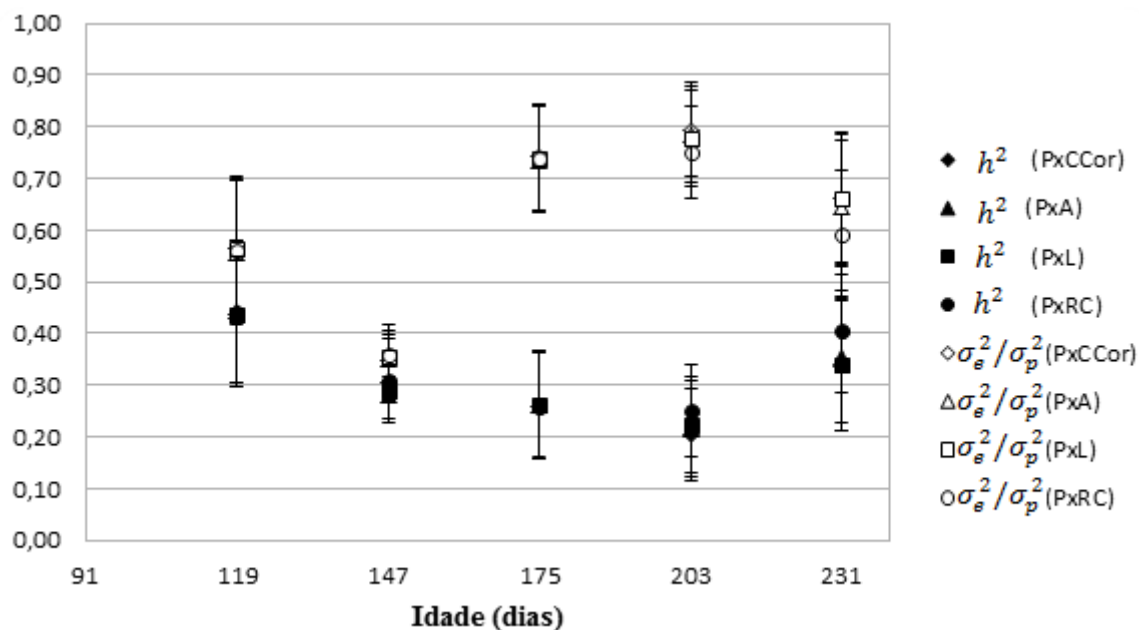


Gráfico 1: Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para peso corporal (P), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para as idades padrão

Tabela 9. Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para rendimento de carcaça (RC), para todas as idades padrão

Idade	Características	h^2	SE	σ_e^2/σ_p^2	SE
119	RC-P	0,31	0,12	0,69	0,12
119	RC-CCor	0,30	0,12	0,70	0,12
119	RC-A	0,31	0,12	0,69	0,12
119	RC-L	0,31	0,12	0,69	0,12
147	RC-P	0,20	0,29	0,56	0,26
147	RC-CCor	0,21	0,17	0,56	0,15
147	RC-A	0,21	0,20	0,56	0,17
147	RC-L	0,20	0,21	0,57	0,18
175	RC-P	0,59	0,13	0,41	0,13
175	RC-CCor	0,94	0,12	0,06	0,12
175	RC-A	0,94	0,12	0,06	0,12
175	RC-L	0,93	0,12	0,07	0,12
203	RC-P	0,53	0,11	0,47	0,11
203	RC-CCor	0,54	0,11	0,46	0,11
203	RC-A	0,54	0,11	0,46	0,11
203	RC-L	0,54	0,11	0,46	0,11
231	RC-P	0,54	0,14	0,46	0,14
231	RC-CCor	0,54	0,14	0,46	0,14
231	RC-A	0,54	0,14	0,46	0,14
231	RC-L	0,55	0,14	0,45	0,14

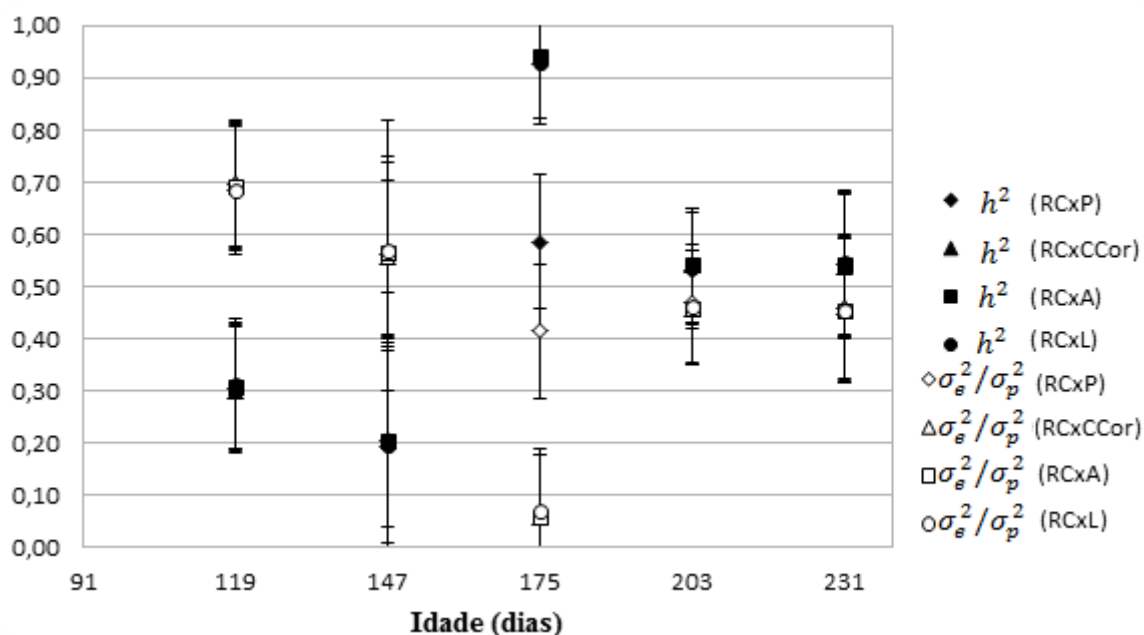


Gráfico 2: Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para rendimento de carcaça (RC), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão

Tabela 10. Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para altura (A), para todas as idades padrão

Idade	Características	h^2	SE	σ_e^2/σ_p^2	SE
119	A-P	0,40	0,13	0,60	0,13
119	A-RC	0,40	0,13	0,60	0,13
147	A-P	0,28	0,03	0,42	0,06
147	A-RC	0,28	0,03	0,40	0,06
175	A-P	0,23	0,10	0,77	0,10
175	A-RC	0,39	0,11	0,61	0,11
203	A-P	0,21	0,09	0,79	0,09
203	A-RC	0,34	0,10	0,66	0,10
231	A-P	0,40	0,14	0,60	0,14
231	A-RC	0,40	0,12	0,60	0,12

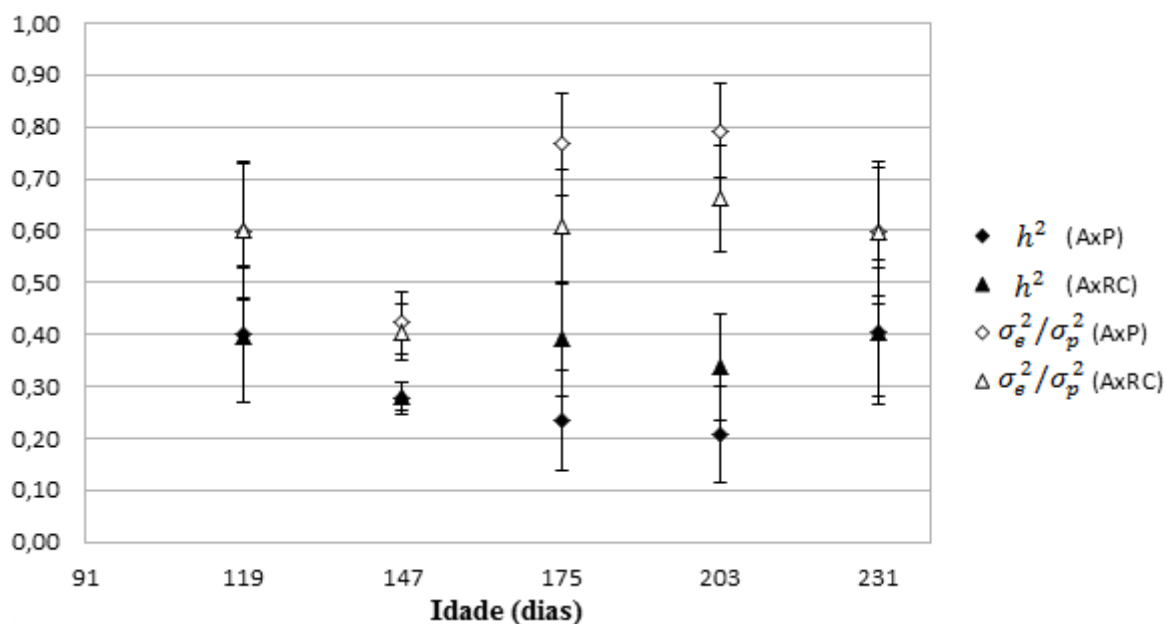


Gráfico 3: Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para altura (A), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão

Tabela 11. Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para comprimento correto (CCor), para todas as idades padrão

Idade	Características	h^2	SE	σ_e^2/σ_p^2	SE
119	CCor-P	0,41	0,13	0,60	0,13
119	CCor-RC	0,38	0,13	0,62	0,13
147	CCor-P	0,27	0,03	0,42	0,06
147	CCor-RC	0,35	0,03	0,37	0,06
175	CCor-P	0,27	0,11	0,74	0,11
175	CCor-RC	0,48	0,12	0,52	0,12
203	CCor-P	0,19	0,09	0,82	0,09
203	CCor-RC	0,37	0,10	0,63	0,10
231	CCor-P	0,34	0,13	0,66	0,13
231	CCor-RC	0,34	0,11	0,66	0,11

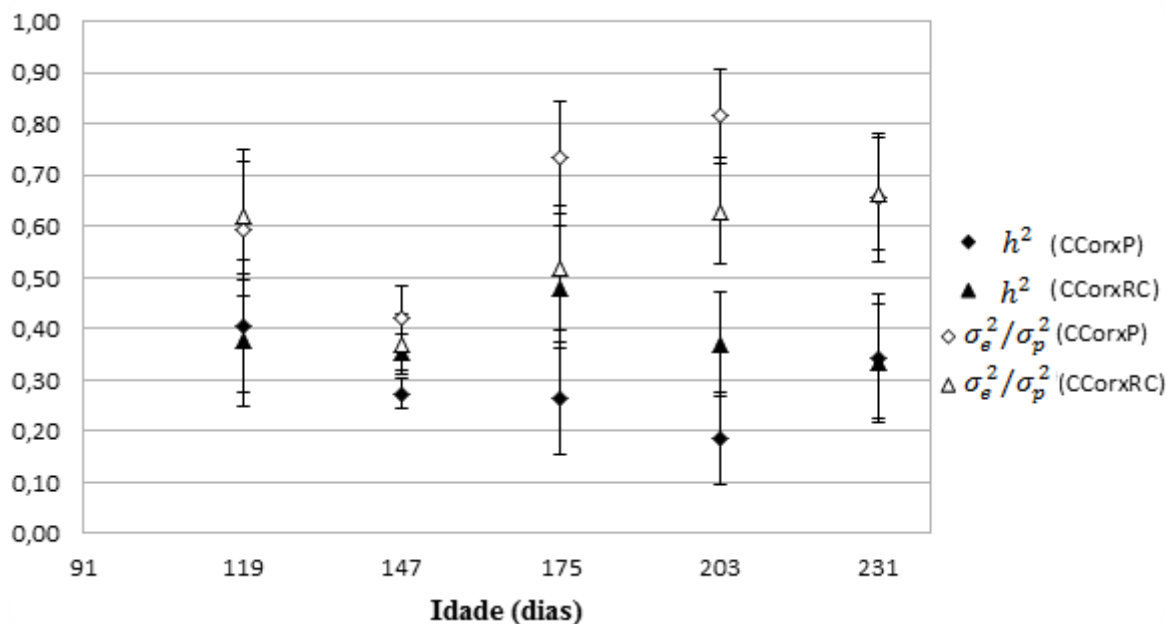


Gráfico 4: Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para comprimento correto (CCor), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão

Tabela 12. Herdabilidades (h^2), variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e erros padrão (EP) para largura (L), para todas as idades padrão

Idade	Características	h^2	SE	σ_e^2/σ_p^2	SE
119	L-P	0,43	0,14	0,57	0,14
119	L-RC	0,43	0,14	0,57	0,14
147	L-P	0,24	0,02	0,53	0,06
147	L-RC	0,13	0,02	0,43	0,06
175	L-P	0,21	0,10	0,79	0,10
175	L-RC	0,34	0,11	0,66	0,11
203	L-P	0,14	0,08	0,86	0,08
203	L-RC	0,58	0,12	0,42	0,12
231	L-P	0,44	0,14	0,57	0,14
231	L-RC	0,80	0,15	0,20	0,15

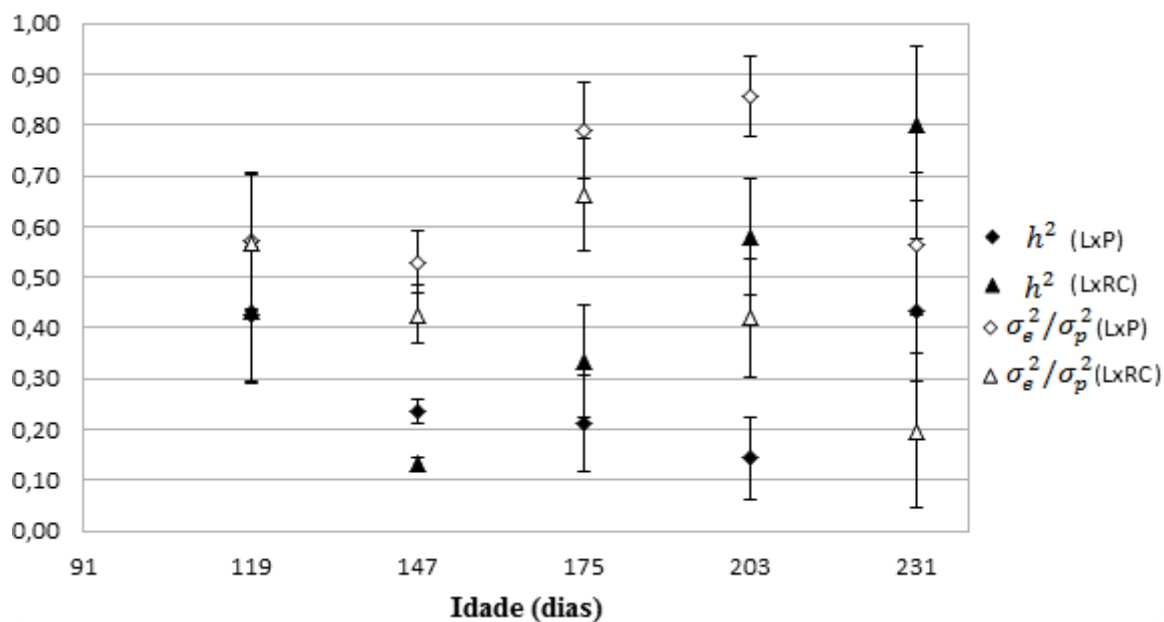


Gráfico 5: Herdabilidades (h^2) e variâncias ambientais como frações da variância fenotípica (σ_e^2/σ_p^2) e respectivos erros padrão para largura (L), estimadas pelas diferentes combinações de análises bivariadas, para todas as idades padrão

Também foram estimadas as correlações genéticas aditivas, residuais e fenotípicas entre peso corporal e medidas morfométricas e entre rendimento de carcaça e todas as outras características estudadas (tabelas 13, 14 e 15, respectivamente).

As estimativas das correlações genéticas aditivas entre peso corporal e todas as características morfométricas foram positivas e elevadas em todas as idades, sendo que o maior valor estimado foi entre peso corporal e altura, de 1,00 aos 231 dias de idade padrão e o menor entre peso corporal e largura, de 0,66 para a mesma idade. Já as correlações genéticas aditivas entre rendimento de carcaça e todas as outras características também foram positivas, porém de menor magnitude, sendo os valores mais elevados aos 119 dias de idade padrão e os menores, próximos à nulidade, aos 175 dias de idade padrão (tabela 13).

As estimativas das correlações residuais entre peso corporal e todas as características morfométricas também foram positivas e elevadas em todas as idades, sendo o menor valor de 0,72 para peso corporal e largura aos 147 dias de idade padrão e o maior de 0,95 para peso corporal e comprimento correto e peso corporal e altura, ambas aos 203 dias de idade padrão. Já as correlações residuais entre rendimento de carcaça e todas as características em geral foram moderadas a baixas, atingindo valores acima de 0,5 apenas com comprimento correto e largura aos 175 dias de idade padrão e com largura aos 231 dias de idade padrão (tabela 14).

As estimativas de correlações fenotípicas entre peso corporal e as características morfométricas foram positivas e elevadas, da mesma forma que as correlações genéticas aditivas e residuais. Já as correlações fenotípicas entre rendimento de carcaça e todas as demais características foram positivas, porém variaram de baixas a moderadas em todas as idades estudadas (tabela 15).

Tabela 13. Correlações genéticas aditivas e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão

Características	Idades padrão (dias)				
	119	147	175	203	231
PxCCor	0,98 ^(0,01)	0,99 ^(*)	0,90 ^(0,05)	0,85 ^(0,08)	0,95 ^(0,03)
PxA	0,94 ^(0,03)	0,99 ^(*)	0,93 ^(0,04)	0,96 ^(0,03)	1,00 ^(0,01)
PxL	0,94 ^(0,04)	0,98 ^(*)	0,79 ^(0,12)	0,71 ^(0,17)	0,66 ^(0,16)
PxRC	0,56 ^(0,21)	0,24 ^(*)	0,08 ^(0,25)	0,38 ^(0,20)	0,40 ^(0,21)
CCorxRC	0,59 ^(0,20)	0,33 ^(*)	0,01 ^(0,18)	0,48 ^(0,17)	0,58 ^(0,18)
AxRC	0,71 ^(0,18)	0,34 ^(*)	0,08 ^(0,19)	0,48 ^(0,17)	0,34 ^(0,23)
LxRC	0,63 ^(0,19)	0,23 ^(*)	0,04 ^(0,20)	0,42 ^(0,16)	0,15 ^(0,22)

*Estimativa dos erros padrão indisponíveis por estarem fora do espaço paramétrico

Tabela 14. Correlações residuais e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão

Características	Idades padrão (dias)				
	119	147	175	203	231
PxCCor	0,92 ^(0,18)	0,89 ^(0,02)	0,93 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)	0,91 ^(0,02)
PxA	0,92 ^(0,02)	0,89 ^(0,02)	0,94 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)	0,92 ^(0,01)
PxL	0,76 ^(0,05)	0,72 ^(0,04)	0,81 ^(0,03)	0,85 ^(0,02)	0,85 ^(0,05)
PxRC	0,29 ^(0,11)	0,12 ^(*)	0,19 ^(0,12)	0,21 ^(0,10)	0,20 ^(0,13)
CCorxRC	0,35 ^(0,10)	0,13 ^(0,76)	0,62 ^(0,70)	0,15 ^(0,11)	0,18 ^(0,12)
AxRC	0,25 ^(0,11)	0,17 ^(0,70)	0,35 ^(0,48)	0,11 ^(0,11)	0,22 ^(0,13)
LxRC	0,24 ^(0,11)	0,17 ^(0,73)	0,61 ^(0,57)	0,11 ^(0,15)	0,57 ^(0,29)

*Estimativa dos erros padrão indisponíveis por estarem fora do espaço paramétrico

Tabela 15. Correlações fenotípicas e respectivos erros padrão entre as características estudadas para todas as idades padrão

Características	Idades padrão (dias)				
	119	147	175	203	231
PxCCor	0,95 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)	0,92 ^(0,01)	0,93 ^(0,01)	0,92 ^(0,01)
PxA	0,93 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)	0,94 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)	0,95 ^(0,01)
PxL	0,84 ^(0,02)	0,85 ^(0,02)	0,80 ^(0,02)	0,82 ^(0,02)	0,77 ^(0,03)
PxRC	0,39 ^(0,05)	0,17 ^(0,07)	0,14 ^(0,06)	0,26 ^(0,05)	0,29 ^(0,06)
CCorxRC	0,43 ^(0,05)	0,21 ^(0,06)	0,11 ^(0,07)	0,30 ^(0,05)	0,35 ^(0,06)
AxRC	0,41 ^(0,05)	0,16 ^(0,06)	0,11 ^(0,06)	0,27 ^(0,05)	0,27 ^(0,06)
LxRC	0,38 ^(0,05)	0,15 ^(0,07)	0,16 ^(0,06)	0,28 ^(0,05)	0,27 ^(0,08)

As correlações estimadas apontam que a seleção para altura aos 119 dias ou comprimento correto aos 231 dias de idade podem levar a melhores ganhos indiretos para rendimento de carcaça. Principalmente devido as maiores correlações genéticas e baixas

correlações residuais entre essas características e rendimento de carcaça nessas idades (tabelas 13 e 14). Para melhor se avaliar qual o efeito de se selecionar para essas características sobre o rendimento de carcaça e o peso dos peixes nas próximas gerações foi estimado o valor genético dos animais para peso, altura e rendimento de carcaça aos 119 dias e para peso, comprimento correto, e rendimento de carcaça aos 231 dias. A partir desses dados foram calculadas as correlações entre as classificações dos animais para essas características (tabelas 16). Ainda foi calculado o percentual de animais idênticos quando selecionados os melhores 10% da população para cada característica e o valor genético médio para peso e rendimento de carcaça dos animais selecionados para cada uma dessas características (tabela 17).

Tabela 16. Correlações de Spearman entre as classificações dos animais para altura (A), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos 119 dias de idade e entre comprimento correto (CCor), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos 231 dias

Característica	119 dias de idade padrão			231 dias de idade padrão		
	A	P	RC	CCor	P	RC
A	1			CCor	1	
P	0,95	1		P	0,95	1
RC	0,83	0,65	1	RC	0,65	0,42

Tabela 17. Percentual de animais semelhantes entre os 10% selecionados para altura (A), Comprimento correto (CCor), peso (P) e rendimento de carcaça (RC) aos selecionados para rendimento de carcaça (10%RC) e para peso (10%P) e valor genético médio (VG) dos mesmos aos 119 e 231 dias de idade padrão

	119 dias de idade padrão				231 dias de idade padrão			
	10%RC	10%P	VG-RC	VG-P	10%RC	10%P	VG-RC	VG-P
A	54,35	82,61	1,09	22,61	CCor	61,22	63,27	1,74
P	41,30	100	0,85	23,76	P	44,90	100	1,10
RC	100		1,36		RC	100		2,06

7. DISCUSSÃO

7.1 Seleção de Modelos

A inclusão do efeito de família é preconizada em estudos genéticos para peixes pelo fato dos animais serem mantidos por um longo período agrupados em famílias até que os mesmos possam ser identificados. Assim, esse efeito é uma combinação do efeito materno, de outros efeitos genéticos não aditivos e do efeito comum de ambiente. Diversos autores

ao estudarem parâmetros genéticos de peso corporal, em tilápias, obtiveram estimativas significativas para este efeito (Rutten et al., 2005a; Eknath et al., 2007; Khaw et al., 2009; Bentsen et al., 2012; Turra et al., 2012a) e apontaram a importância da inclusão do mesmo nas análises para peso corporal. Porém em trabalhos estudando medidas morfométricas e rendimentos cárneos (Rutten et al., 2005b; Turra et al., 2012b) e no presente estudo, não são observadas fortes evidências da importância da inclusão desse efeito. No presente trabalho apesar dos animais ficarem separados em famílias por mais de 100 dias, evidências da importância desse efeito aparecem apenas nas duas primeiras idades padrão. Todos os modelos para as análises bivariadas aos 119 dias, classificados como segundo melhores, contiveram o efeito de família e foi significativa a sua inclusão nas análises também aos 147 dias (tabelas 3 a 7).

Uma explicação plausível para esses resultados é o fato de que, no momento das primeiras mensurações um possível efeito materno já deveria ter pouca importância na composição dos fenótipos dos animais. Além de que as condições de cultivo das famílias foram semelhantes, visto que todas estavam alojadas no mesmo sistema de recirculação de água, o que reduziu o efeito comum de ambiente. Outra hipótese é que o efeito de família pode não ter grande importância para características morfométricas e rendimento de carcaça. Assim, em análises bivariadas em que essas características estão incluídas, esse efeito acaba sendo excluído, em razão da sua pequena importância para estas características. De fato, em outros trabalhos em que os dados utilizados foram de animais mantidos em sistema de recirculação, as estimativas do efeito de família apresentaram-se pequenas para características morfométricas e de rendimentos. Rutten e colaboradores (2005b) ao trabalharem com peixes de aproximadamente 426 dias de vida, no momento de abate, obtiveram estimativas de variância para o efeito de família, como uma proporção da variância fenotípica, para medidas morfométricas que variaram de 0,05 a 0,07 e de 0,02 para rendimento de filé. Já Turra e colaboradores (2012b) ao utilizarem de modelos de regressão aleatória para estimar componentes de variância genética para rendimento de filé e rendimento de carcaça obtiveram estimativas de variância para o efeito de família abaixo de 0,1 para rendimento de filé e abaixo de 0,2 para rendimento de carcaça para a maior parte do intervalo estudado, sendo que estimativas mais elevadas foram observadas em idades abaixo de 125 dias de idade. Apesar de ambos os trabalhos não averiguarem a importância da inclusão do efeito de família, pode-se inferir que, assim como no presente trabalho, esse efeito tende a perder importância com o avançar da idade dos peixes.

7.2 Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de herdabilidade para peso corporal (tabela 8 e gráfico 1), relatadas no presente estudo, variaram de moderadas a altas e estão em concordância com a literatura (Rutten et al., 2005a; Eknath et al., 2007; Khaw et al., 2009; Bentsen et al., 2012; Turra et al., 2012a). Porém, enquanto a tendência aqui apresentada foi de maiores valores de herdabilidades para o início do período experimental, voltando a se elevar na última idade padrão, Turra e colaboradores (2012a), ao trabalhar com dados de animais na mesma

faixa etária, encontraram uma tendência da herdabilidade se elevar à medida que os peixes se tornavam mais velhos. Essas tendências diferentes podem ser explicadas pelas distintas abordagens estatísticas utilizadas. Com o uso de análises multivariadas, as estimativas de herdabilidades tendem a não serem similares às aquelas encontradas em análises univariadas. Isso se deve ao fato de que em análises multivariadas as relações entre as características estudadas são levadas em consideração, fato que pode alterar tanto os valores quanto as tendências das herdabilidades de cada característica. Outra diferença é que, no modelo delineado por Turra e colaboradores (2012a) foram incluídos o efeito de família e o efeito permanente de ambiente. A inclusão desses efeitos altera a partição da variância fenotípica. Consequentemente ocorre redução da magnitude dos outros efeitos, como o efeito genético aditivo e o resíduo, quando o efeito de família e o efeito permanente de ambiente são considerados na análise. Assim, a não inclusão do efeito permanente de ambiente e a inclusão do efeito de família apenas aos 147 dias de idade, no presente trabalho, são fatores que podem ter influenciado as estimativas de variância genética aditiva e altas herdabilidades por consequência, principalmente nas duas primeiras idades padrão.

As estimativas de herdabilidade para todas as características morfométricas variaram de moderadas a altas e apresentaram o mesmo comportamento (tabelas 10 a 12 e gráficos 3 a 5). Em geral, as estimativas obtidas pelos modelos contendo peso corporal e rendimento de carcaça foram próximas, a exceção das estimativas para largura nas duas últimas idades padrão, o que pode ser evidência da existência de maiores diferenças genéticas entre largura e as demais medidas morfométricas. Os resultados aqui apresentados estão em concordância com os encontrados na literatura. Porém, ainda existem poucas informações sobre características morfométricas em tilápias do Nilo. Foram encontrados apenas os trabalhos de Rutten e colaboradores (2005b) e Nguyen e colaboradores (2010). Sendo que apenas no presente estudo são apresentadas estimativas de herdabilidade para várias idades. As estimativas para altura (0,40 a 0,60), CCor (0,33 a 0,66) e largura (0,43 a 0,80) aos 231 dias, idade essa a mais próxima às idades estudadas nos outros trabalhos, são maiores do que as encontradas na literatura. Rutten e colaboradores (2005b) obtiveram estimativas de herdabilidade de 0,25 para largura e 0,19 para comprimento correto para peixes com 426 dias de idade. Já Nguyen e colaboradores (2010) obtiveram estimativas de herdabilidade de 0,32 para altura e 0,20 para largura, ao trabalhar com animais de aproximadamente 222 dias de idade, criados em tanques escavados. Estas diferenças entre as estimativas podem estar relacionadas às diferenças entre as linhagens, idades e ambientes de cultivo utilizados em cada estudo. Outra diferença está na abordagem estatística utilizada, visto que no presente trabalho as herdabilidades foram estimadas via análise multivariada, sem a inclusão do efeito de família, enquanto que nos demais foi realizada uma análise univariada com inclusão do efeito de família no modelo para se estimar as herdabilidades.

As estimativas de herdabilidade para rendimento de carcaça obtidas no presente trabalho variaram de moderadas a altas, tendendo a se elevar a partir dos 175 dias de idade (tabela 9 e gráfico 2), sendo que tais estimativas foram maiores do que as encontradas na literatura. De fato, apenas Turra e colaboradores (2012b) apresentam estimativas de

herdabilidade para esta característica, que variaram de 0,1 a 0,4. Já no presente trabalho são relatadas estimativas de 0,2 a 0,9. Novamente, tais divergências podem ser atribuídas as diferentes abordagens estatísticas utilizadas. Outro fato importante é que estas estimativas de 0,9 para herdabilidade foram obtidas em todos os modelos que incluíam medidas morfométricas, aos 175 dias de idade. Para a mesma idade, o modelo que incluía peso corporal, a estimativa de herdabilidade foi 0,58. Tal discrepância entre as estimativas não é observada nas demais idades, nas quais todas as análises apresentaram estimativas próximas. Assim, um valor mais provável de herdabilidade para rendimento de carcaça nesta idade padrão deve estar em uma posição intermediária a estas estimativas.

Devido à importância econômica do rendimento de carcaça e ao fato dos programas de melhoramento genético existentes no mundo realizarem seleção apenas para peso corporal, torna-se importante conhecer as correlações entre estas duas características. As estimativas obtidas neste estudo apontam a existência de correlação genética positiva entre as mesmas, com resultados promissores aos 119 e 231 dias de idade padrão (tabela 13). Ao analisarem a correlação entre as mesmas características, Turra e colaboradores (2012b) obtiveram uma trajetória que apresentou a mesma tendência das estimativas do presente trabalho. Esses resultados são evidências de que a seleção para peso corporal pode apresentar impacto positivo, mesmo que pequeno, no ganho genético da característica rendimento de carcaça. As correlações de Spearman (tabela 16) e os resultados do estudo de seleção de reprodutores (tabela 17) estão em concordância com as correlações genéticas. A seleção dos 10% melhores animais para peso corporal aos 119 dias acarreta em selecionar animais que apresentam VG médio de 0,85% para rendimento de carcaça e 23,76g para peso corporal a mais que a população, caso a seleção ocorra aos 231 dia os animais selecionados apresentariam VG médio de 1,10% e 47,43g para rendimento de carcaça e peso respectivamente (tabela 17).

Caso o interesse dos programas de melhoramento genético pelas características de rendimento aumente e o rendimento de carcaça passe a ser um objetivo da seleção, a seleção para esta característica pode ser realizada de duas formas. Primeiramente, de forma direta, visto as elevadas herdabilidades apresentadas, principalmente a partir dos 175 dias de idade. Este método apresenta a desvantagem de ter que ser realizado a partir de dados de animais aparentados, visto que o RC pode ser mensurado apenas por meio do sacrifício dos animais. Outra forma é via seleção indireta pelo uso de uma característica correlacionada como critério de seleção. A seleção indireta é preferível por evitar o sacrifício de animais que poderiam ser selecionados, aumentando-se a intensidade de seleção. Vale ressaltar que a seleção indireta é interessante apenas quando a característica a ser utilizada como critério de seleção apresenta elevadas estimativas de herdabilidade e de correlação genética com o objetivo da seleção.

Todas as características estudadas apresentaram correlações favoráveis com o rendimento de carcaça. Caso a seleção seja realizada próxima aos 119 dias, os resultados indicam altura como a melhor das características morfométricas para ser utilizada como critério de seleção. Isso por apresentar maior correlação genética (0,71) e baixa correlação residual (0,25) com rendimento de carcaça nesta idade padrão e pelas estimativas de herdabilidade para todas as características morfométricas terem sido elevadas e

semelhantes. Caso a seleção ocorresse próximo aos 231 dias de idade a maior estimativa de correlação genética foi entre rendimento de carcaça e comprimento correto (0,58), sendo um valor muito maior do que o estimado para as demais características nesta idade (tabela 8), além de ter o menor valor de correlação residual (0,18). Sugere-se assim seu uso como critério de seleção aos 231 dias de idade. Ainda, os resultados positivos e elevados apresentados para as correlações de peso corporal com as características morfométricas demonstram que não existem possibilidades de que a seleção indireta para rendimento de carcaça via alguma medida morfométrica, possa levar a redução do ganho genético para peso corporal. De fato os resultados de classificação (tabela 16) e seleção de reprodutores para altura aos 119 dias (1,09% de VG-RC e 22,61g de VG-P) e para comprimento correto aos 231 dias (1,74% de VG-RC e 42,54g de VG-P) apontam que ganhos interessantes tanto para rendimento de carcaça quanto para peso corporal podem ser alcançados indiretamente. Essas correlações genéticas elevadas entre características morfométricas e peso ainda sugerem que muitos dos genes responsáveis pela variância genética para peso também são responsáveis pelas variâncias genéticas para as medidas morfométricas.

Apesar dos resultados positivos, o uso de medidas morfométricas como critérios de seleção deve ser cuidadosamente pensado. Em razão dos esforços despendidos para se mensurar mais uma característica em um programa de seleção. Essa discussão já foi levantada por Bosworth e colaboradores (2001) e por Rutten e colaboradores (2005b). Esses autores citam a possibilidade de se substituir a mensuração manual por processos mais automatizados, como o uso de selecionadores mecânicos, ou seleção por imagem (ultrassonografia e foto documentador). Tais abordagens podem reduzir o tempo despendido para a coleta de dados, além de elevar o número de animais avaliados, aumentando-se a intensidade de seleção. Porém, ainda não existem trabalhos relatando a qualidade dos dados adquiridos por essas metodologias para tilápias do Nilo, o que dificulta a avaliação de sua possível aplicação a campo.

8. CONCLUSÃO

As estimativas moderadas a altas de herdabilidade para todas as características estudadas demonstram que grandes ganhos genéticos podem ser alcançados em poucas gerações nesta população de tilápias do Nilo em programas de seleção. A estrutura das correlações entre as características revela que ganhos genéticos indiretos para rendimento de carcaça podem ser alcançados ao se selecionar qualquer das demais características sendo desnecessário o sacrifício de animais para se obter ganhos genéticos. Das características avaliadas, altura se mostrou como o critério de seleção mais promissor para a seleção indireta de rendimento de carcaça aos 119 dias de idade e comprimento correto se mostrou como a mais promissora para a seleção indireta aos 231 dias de idade. Essas características ainda apresentaram bons resultados de a seleção indireta para peso corporal indicando ganhos tanto em rendimento de carcaça quanto em peso corporal quando utilizadas como critério de seleção.

9. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. *Second International Symposium on Information Theory*. In B. N. Petrov & B. F. Csaki (Eds.), Academiai Kiado: Budapest, p. 267-281, 1973.

BENTSEN, H.B; GJERDE, B.; NGUYEN, N.H.; et al. Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) during five generations of testing in multiple environments. *Aquaculture*, v.338-341, p.56-65, 2012.

BOSWORTH, B. G.; HOLLAND, M.; BRAZIL, B. L. Evaluation of ultrasound imagery and body shape to predict carcass and fillet yield in farm-raised catfish. *Journal of Animal Science*, v.79, p.1483-1490, 2001.

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.

BURNHAN, K. P.; ANDERSON, D. R. *Model Selection and Multimodel Inference – A Practical Information – Theoretic Approach*. 2. ed. New York: Springer-Verlag, 2002. 488p.

COWARD, K.; BROMAGE, N.R. Reproductive physiology of female tilapia broodstock. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, v.10, p. 1-25. 2000.

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

EKNATH, A.E.; BENTSEN, H.B.; GJERDE, B.; et al. Approaches to national fish breeding programs: pointers from a tilapia pilot study. *NAGA, The Iclarm Quartely*, v.14, n.2, p. 10-12, 1991.

EKNATH, A. E.; BENTSEN, H. B.; PONZONI, R. W.; et al. Genetic improvement of farmed tilapias: Composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture*, v. 273, p. 1-14, 2007.

EMILIANO, P. C.; VIVANCO, M. J. F.; MENEZES, F. S. Information criteria: How do they behave in different models? *Computational Statistics and Data Analysis*, v. 69, p. 141-153, 2014.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. ed. Longman Group, 1996. 464p.

FELIPE, V.P.S. *Estudo da interação genótipo-ambiente em codornas de corte*. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, 2010.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, Global Aquaculture Production 1950-2010. Fisheries and Aquaculture Department, Fish Stat. 2012.

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

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. *J. Hered.*, v. 33, p. 393-399, 1943.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, v. 31, p.423-447, 1975.

HULATA, G. Genetic manipulations in aquaculture, a review of stock improvement by classical and modern technologies. *Genetica*, v.111, p.155-173, 2001.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. *Applied multivariate statistical analysis*. 5. ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2002. 767p.

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

KHAW, H. L.; BOVENHUIS, H.; PONZONI, R. W.; et al. Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture*, v. 294, p. 37-42, 2009.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D. Measuring selection and constraint in the evolution of growth. *Evolution*, v. 46, p. 954-971, 1992.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct Estimation of Genetic Principal Components: Simplified Analysis of Complex Phenotypes. *Genetics*, v. 168, p. 2295-2306, 2004.

LYMBERG, A.J.; DOUPÉ, R.G.; JENKINS, G.; et al. Genetics in the aquaculture industry. *Aquaculture Research*, v.31, p. 1-2, 2000.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. *Genetics Selection and Evolution*, v. 23, p. 67-83, 1991.

MEYER, K. WOMBAT – *A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User notes.* Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 98p. 2011.

NGUYEN, N. H.; PONZONI, R. W.; ABU-BAKAR, K. R.; et al. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v. 305, p. 1-5. 2010.

RUTTEN, M.J.M.; BOVENHUI, H.; KOMEN, H. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus L.*). *Aquaculture*, v. 231, p. 113–122. 2004.

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

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

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, n.1, p.33-43, 2011.

SCHAEFFER, L.R. *Course Notes – Multiple Trait Model.* University of Guelph: Department of Animal and Poultry Science 2001. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/multiple.pdf>>. Acessado em: jun. 2012.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. *The Annals of Statistics*, v. 6, n.2, p.461-464, 1978.

SILVA, M. A.; THIEBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D.; TORRES, R. A.; FARIA, F. J. C. *Introdução a Análise de dados.* FEPMVZ-Editora. 2008a.

SILVA, M. A.; THIEBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D.; TORRES, R. A.; FARIA, F. J. C. *Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal.* FEPMVZ-Editora. 2008b.

SUGIURA, N. Further analysis of the data by Akaike's information criterion and the finite corrections. *Communications in Statistics - Theory and Methods*. v. 7, n. 1, p. 13-26, 1978.

THODESEN, J.; RYE, M.; WANG, Y.; et al. Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in fillet traits of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield. *Aquaculture*, v. 366-367, p. 67-75, 2012.

TURRA, E.M. *Estudos genéticos longitudinais de peso, rendimento de filé e medidas morfométricas em tilápias do Nilo (Oreochromis niloticus)*. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, 2010.

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, n.2, p.389-400, 2008.