

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO – CAMPUS RIO VERDE
DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA
CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA**

Autor: Priscilla Freitas Santos
Orientador: Prof. Dr. Adriano Carvalho Costa

INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO – CAMPUS RIO VERDE
DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA CARACTERÍSTICAS
DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

Autor: Priscilla Freitas Santos
Orientador: Prof. Dr. Adriano Carvalho Costa

Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano - Campus Rio Verde - Área de concentração Zootecnia.

INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO – CAMPUS RIO VERDE
DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

**UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA
CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA**

Autor: Priscilla Freitas Santos
Orientador: Prof. Dr. Adriano Carvalho Costa

**TITULAÇÃO: Mestre em Zootecnia- Área de Concentração - Zootecnia e
Recursos Pesqueiros**

Prof^a Dra. Fabiana Ramos dos
santos
Avaliadora interna
IF GOIANO – Campus Rio Verde

Prof Dr. Francisco Ribeiro de Araújo
Neto
Avaliador Externo
IF GOIANO - *Campus* Rio Verde

Prof Dr. Raoni Ribeiro Guedes
Fonseca Costa
Avaliador Externo
Universidade Estadual de Goiás
Campus Sudeste - sede Quirinópolis

Prof. Dr. Adriano Carvalho Costa
Presidente da banca
IF GOIANO - *Campus* Rio Verde

DEDICO

*Dedico as duas pessoas que me deram forças quando achava que não as tinha mais,
que me lembravam que as lutas eram grandes,
mais que se não por lutas não temos o
prazer de comemorar as vitórias.*

Eliene de Oliveira Santos

Lazaro Nei de Freitas Naves

AGRADECIMENTOS

Deus, melhor que ninguém sabe o que coloca e tira da minha vida.

Aos meus pais, pelo apoio emocional e financeiro, por enfrentar diversas batalhas durante a jornada acadêmica.

Ao meu orientador Adriano Carvalho Costa, pela compreensão, e orientação.

Aos meus coorientadores Ana Paula e Francisco Neto, pela colaboração em todos os obstáculos que encontrei.

Aos amigos que fiz no IF Goiano, e ao grupo NEPEAQUA.

Aos professores do Programa de pós-graduação, pelos ensinamentos e conduta científica.

Aos meus amigos Leticia, Isabel, Larissa, Gilmar, João Victor, Irione, pela paciência e ajuda no dia a dia.

AquaAmérica, por contribuir com os animais e auxiliar no desenvolvimento da pesquisa.

A Lake's Fish que nos acolheu com toda paciência e auxiliou na condução da pesquisa.

A FAPEG, pela bolsa concedida.

AGRADECIMENTOS

Deus, melhor que ninguém sabe o que coloca e tira da minha vida.

Aos meus pais, pelo apoio emocional e financeiro, por enfrentar diversas batalhas durante a jornada acadêmica.

Ao meu orientador Adriano Carvalho Costa, pela compreensão, e orientação.

Aos meus coorientadores Ana Paula e Francisco Neto, pela colaboração em todos os obstáculos que encontrei.

Aos amigos que fiz no IF Goiano, e ao grupo NEPEAQUA.

Aos professores do Programa de pós-graduação, pelos ensinamentos e conduta científica.

Aos meus amigos Leticia, Isabel, Larissa, Gilmar, João Victor, Irione, pela paciência e ajuda no dia a dia.

AquaAmérica, por contribuir com os animais e auxiliar no desenvolvimento da pesquisa.

A Lake's Fish que nos acolheu com toda paciência e auxiliou na condução da pesquisa.

A FAPEG, pela bolsa concedida.

Sumário

UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA.....	1
UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA.....	3
Capítulo I	13
REVISÃO DE LITERATURA	14
1.2 PISCICULTURA MUNDIAL.....	14
1.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS.....	15
1.4 UNIFORMIDADE DE LOTE	17
1.5 MÉTODOS USADOS PARA ANÁLISE DE UNIFORMIDADE.....	18
REFERÊNCIAS.....	22
Capítulo II	25
UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA CARACTERÍSTICAS DE	25
IMPORTÂNCIA ECONÔMICA	25
RESUMO	25
INTRODUÇÃO	27
MATERIAL E MÉTODOS	29
<i>Material biológico e procedimentos experimentais.....</i>	<i>29</i>
Processamento final do experimento	29
Análises Estatísticas.....	30
RESULTADOS	33
DISCUSSÕES.....	36
CONCLUSÃO	39
REFERÊNCIAS.....	40

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1 – Estatística descritiva para as características utilizadas nas análises genéticas da variância residual em tilápia. **30**

Tabela 2 – Componentes de variância estimados para a primeira etapa das análises genéticas para características para as características avaliadas. **33**

Tabela 3 – Componentes de variância estimados para a segunda etapa das análises genéticas para características morfológicas e ponderais em tilápia. **34**

Tabela 4 – Estimativas de correlação entre as DEP nas duas etapas de análise utilizando o modelo com sire-dam e de família. **35**

RESUMO GERAL

A uniformidade das características de importância econômica na produção animal é relevante para a cadeia produtiva de pescado, pois impacta diretamente a indústria de processamento. Existem evidências na literatura de que, a uniformidade de características fenotípicas pode ser afetada por componentes genéticos e fatores ambientais. A herdabilidade, o coeficiente de variação genético e as variâncias genética, de família e residual tem sido utilizada como parâmetros para seleção para uniformidade. Objetivou-se avaliar, se as variâncias residuais de características de importância econômica de tilápias-do-Nilo *Oreochromis niloticus* são afetadas por componentes genéticos, verificando a possibilidade de seleção para uniformidade dos caracteres. Foram utilizados 1880 alevinos de Tilápia-doNilo (*Oreochromis niloticus*), pertencentes a 46 famílias de irmãos completos, identificados individualmente utilizando PIT tags alocados em dois tanques-rede de 9,3 m², durante 190 dias. Ao final do período de cultivo os peixes passaram por um jejum de 24 horas, sendo insensibilizados, pesados e processados, sendo obtidos os seguintes produtos: filé, couro, cabeça, aparas, tronco e toilette. Para a análise genética da uniformidade foi utilizado um procedimento de duas etapas, sendo a primeira, análise genética tendo como variável dependente o fenótipo e a segunda etapa foram realizadas análises genéticas da variação, tendo como variável resposta o resíduo originado da primeira etapa. Os resultados obtidos para herdabilidade foram moderados para as características peso corporal na área suja e para o peso do couro ($0,10 \leq h_{S1}^2 < 0,30$) as demais características foram altas ($h_{S1}^2 \geq 0,30$). Para o coeficiente de variação genética, estas variaram de 0,136 a 0,203 (13,6 e 20 %) para as características, sendo estes valores considerados altos ($CV_{S1}^2 > 7\%$). Para o segundo passo observa-se que a variância residual (h_{S2}^2) foi a maior e a de família a menor para todas características, exceto para o peso do filé e peso do filé bruto, em que a variância genética ($\sigma_{a|S2}^2$) foi igual a de família e a herdabilidade e o efeito materno foi próxima de zero e o coeficiente de variação genético residual (CV_{S2}^2) variou de 0,145 a 0,325. As correlações entre as DEP obtidas no primeiro passo com a do segundo passo para todas as características fenotípicas avaliadas foram positivas e moderadas ($0,30 > r > 0,70$). Portanto, confirmando que há variação genética suficiente para permitir uma modificação

na variância residual das características em comparação com seu valor médio, gerando perspectivas promissoras para o melhoramento genético de uniformidade com base na reprodução por meio de seleção.

Palavras-chave: homogeneidade, melhoramento, *Oreochromis niloticus*, variância residual.

UNIFORMITY IN TILAPIAS FOR ECONOMIC IMPORTANCE CHARACTERISTICS

ABSTRACT

The uniformity of economic importance characteristics in animal production is relevant to the fish production chain, as it directly impacts the processing industry. There is evidence in the literature that the uniformity of phenotypic characteristics can be affected by genetic components and environmental factors. Heritability, genetic variation coefficient and genetic, family and residual variances have been used as parameters for uniformity selection. The present study aimed to evaluate whether the residual variances of economic importance characteristic of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* are affected by genetic components, verifying the possibility of selection for characters uniformity. 1880 Nile Tilapia fingerlings (*Oreochromis niloticus*) were used, belonging to 46 half-brother and full siblings families, identified individually using PIT tags allocated in two 9.3 m² net tanks, for 190 days. At the end of the cultivation period, the fish underwent a 24-hour fast, being desensitized, weighed and processed, and the following products were obtained: fillet, leather, head, shavings, trunk and toilet. For the uniformity genetic analysis, a two-step procedure was used, with the first genetic analysis for the level, with the phenotype as the dependent variable and the second step, genetic analysis of the variation was performed, with the residue originating from the first step as the response variable. The results obtained for heritability were moderate for body weight characteristic in the dirty area and for leather weight ($0.10 \leq h^2_{S1} < 0.30$) the other characteristics were high ($h^2_{S1} \geq 0.30$). coefficient of genetic variation ranged from 0.136 to 0.203 for the characteristics, these values being considered high ($CV_{S1} > 7\%$). For the second step we observed that the residual variance ($h^2_{S1} > 7\%$).

]) σ^2) was the highest and the lowest family for all characteristics, except for the file weight and gross fillet weight that the genetic variance (σ^2) was equal to family and heritability and the maternal effect was well close to zero and the residual genetic variation coefficient (CV]) σ^2) ranged from 0.145 to 0.325. The correlations between the DEP obtained in the first step with that of the second step for all evaluated phenotypic characteristics were positive and moderate ($0.30 < r < 0.70$). Therefore, we confirm that there is enough genetic variation to allow a modification in the residual variance of the characteristics in comparison with its average value, which generates promising perspectives for the genetic improvement of uniformity based on the reproduction through selection.

Keywords: homogeneity, breeding, *Oreochromis niloticus*, residual variance,

Capítulo I

INTRODUÇÃO

A disputa no ambiente aquático por espaço, alimento (ração, fitoplânctons e zooplânctons) e outros nutrientes são fatores que influenciam a variabilidade do peso corporal dos peixes, porque alguns animais se tornam superiores, resultando negativamente na heterogeneidade da variância ambiental, também conhecida como variação genética da uniformidade das características fenotípicas. O coeficiente de variação genético vem sendo utilizado para melhorar a uniformidade de características fenotípicas, atendendo as exigências de produtos e subprodutos mais uniformes, dos consumidores, produtores e indústrias de processamento animal, (Lung et al., 2017).

Para a aquicultura, lotes de animais com heterogeneidade elevada são prejudiciais em todo o ciclo produtivo, desde a fase inicial como alevinagem, juvenil, engorda e até no processamento industrial, como a filetagem dos animais de vários tamanhos e pesos, que aumenta os custos com instalações para abrigar os peixes, mão de obra, equipamentos industriais especializados, além do estresse que o animal sofre em todos os manejos, desestabilizando o bem estar do animal (Velasco, 2017).

Na tentativa de diminuir a variabilidade das características fenotípicas de importância econômica, algumas ferramentas vêm sendo desenvolvidas e aprimoradas para melhorar a eficácia na cadeia produtiva. Um dos princípios dos programas de melhoramento é a seleção de indivíduos superiores geneticamente para a característica desejada, sendo originado de uma população base com grande variabilidade genética aditiva para aumentar o potencial de seleção (Silva, 2007).

Além da variabilidade genética o sucesso da seleção dependerá também da transferência de genes para os descendentes (herdabilidade), que no caso de peixes apresenta valores relativamente altos, para as características de importância econômica (Moraes et al., 2017). Combinando à elevada fecundidade e o curto intervalo de gerações, garantem ganhos genéticos de 10 a 20% na taxa de crescimento por geração, valores cinco a seis vezes maiores

do que os de espécies terrestres, sendo as características de crescimento as de maior relevância econômica (Oliveira et al., 2015; Oliveira et al., 2013).

REVISÃO DE LITERATURA

1.2 PISCICULTURA MUNDIAL

A piscicultura está em constante desenvolvimento, conquistando cada vez mais seu espaço como fonte de proteína animal ao consumidor, por suas características sensoriais e nutricionais que conquistam o paladar dos mesmos (Melo et al., 2013).

Em 2019 a produção mundial foi de 758.006 milhões de toneladas de peixes de cultivo, sendo a tilápia a espécie de peixes representante de 57% dessa produção. A perspectiva para 2025 é de superar 100 milhões de toneladas produzidas (Peixebr, 2020)

O mercado aquícola tem influenciado a cadeia produtiva do agronegócio por seu quantitativo valor de produção e demanda de insumos. Para ser compensativo, deve-se maximizar o lucro por meio da redução de custo mantendo a qualidade físicas e organolépticas da carne (Melo et al., 2013).

A piscicultura brasileira em 2019 produziu 758.006 t e seu aumento foi de 4,9% sobre 2018. (Peixebr, 2020). A espécie de peixe mais produzida neste ano no Brasil foi a tilápia, correspondendo há 57% da produtividade total, e praticamente foi direcionada ao mercado interno. (Peixebr, 2020).

A tilapicultura está difundida pelo território brasileiro, em particular a espécie tilápia-do-Nilo, cultivada nos mais diversos sistemas de produção (intensivos, semi-intensivos e extensivos), devido as suas características de interesse zootécnico, além de características específicas como rusticidade, rápido crescimento, sabor delicado, fácil processamento, e tolerantes a baixos teores de oxigênio dissolvido (Moreira et al., 2007; Silva et al., 2007).

1.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DE TILÁPIAS

A propagação da tilapicultura mundial tem proporcionado o avanço nas tecnologias de produção e consecutivamente investimentos nas linhagens de produção, na tentativa de obter melhores índices zootécnicos (Turra et al, 2013).

A interação entre o animal e o ambiente é um dos desafios avaliados pelos programas de melhoramento, que através da seleção identifica animais com aptidão para características de interesse econômico (Barroso et al., 2017).

A tilápia foi introduzida em barragens de usinas hidrelétricas no Brasil, com a finalidade que se alimentasse de plantas aquáticas realizando o controle delas. Mas, observaram o seu potencial produtivo, despertando pesquisadores para esses animais provenientes de Boauké, na Costa do Marfim, que foram introduzidas no Nordeste (Ribeiro et al., 2016).

Nos anos de 2002 a 2005, foram introduzidas duas linhagens resultantes de programas de melhoramento, sendo elas: a GenoMar Supreme Tilápia (GST), produzida pela empresa Norueguesa Genomar e trazida pela piscicultura Aquabel (Rolândia – PR) e a linhagem Genetically Improved Farmed Tilápia (GIFT), originária da Malásia desenvolvida pelo World Fish Center. Esta última, cultivada e selecionada no Brasil por pesquisadores da Universidade Federal de Maringá (UEM) em parceria com a Aqua América (Godinho, 2007).

Após cinco anos de cruzamentos, o programa de melhoramento nacional de tilápia apresenta ganhos expressivos para características de interesse econômico, como o peso a despesca, rendimento de filé e velocidade de crescimento. A avaliação do valor genético dos animais demonstra elevação no ganho de peso médio diário e do ganho genético, medido em relação à média do valor observado no teste de desempenho de campo. Além disso, o período de cultivo dos animais até o peso de abate reduziu 21 dias, uma redução considerada expressiva no tempo e custo de produção (Oliveira et al., 2013).

Outra característica muito importante que até o presente momento tem sido pouco avaliada pelos programas de melhoramento, tanto no Brasil quanto no mundo, é a uniformidade do lote. A heterogeneidade do lote causa prejuízos econômicos desde a fase juvenil, com descarte de cerca de 25% dos animais com menores tamanhos (Turra et al., 2012).

Em diversas espécies animais, a heterogeneidade do lote só aumenta com o passar da idade, aumentando a diferença entre o animal mais pesado em comparação ao mais leve. Na indústria de pescado, não há diferença no tempo de processamento entre animais leve e pesados, sendo preferíveis mais pesados por aumentar o volume produzido no mesmo espaço de tempo. Entretanto, a falta de homogeneidade pode causar queda nos rendimentos de filé, pela falta de padronização dos animais, a regulagem dos equipamentos, por exemplo, a máquina de tirar couro, necessita de ajustes de acordo com a faixa de peso (Turra et al., 2012; Yoshida et al., 2013; Turra et al., 2017).

A tilapicultura apesar de todo o seu destaque pelas inúmeras qualidades zootécnicas, apresenta também desafios, que diminuem a produtividade, dentre estes fatores: a maturidade reprodutiva precoce; a elevada taxa de reprodução; e competição por espaço e alimento, resultam na falta de uniformidade de produção. A uniformidade dos animais de produção facilita a despesca, reduz a competição entre os animais por terem pesos corporal similar, proporcionando produção mais homogênea, e maior retorno financeiro da atividade (Velasco, 2017).

Para estimar a uniformidade do plantel de peixes utiliza -se o método de seleção, essa é realizada através das medidas morfométricas dos animais, essas medidas de conformação contribuem para a descrição da forma do corpo do peixe, que pode variar entre as espécies, e influenciam também no peso corporal, rendimento de filé e demais cortes originados pescado. Estas avaliações sobre as correlações fenotípicas e genéticas entre características morfométricas, o peso e rendimento do filé está sendo realizado em várias espécies de peixes, permitindo aos programas de melhoramento genético incluir como critério e alcançar objetivos de interesse para indústrias de processamento (Turra et al., 2012).

1.4 UNIFORMIDADE DE LOTE

A produtividade do setor industrial de peixes sofre vários desafios, um deles é a desuniformização do tamanho dos animais, alterando a eficiência do manejo e do rendimento do lote, afetando diretamente a produto na indústria. A uniformidade dos peixes atribui a concepção da linha de corte de filetes e de observação do animal que será contínua e sequencial, e permite um fluxo uniforme sem paragem nem abrandamentos, favorecendo o maior rendimento da produção ao final o processamento dos peixes (Velasco, 2017).

Segundo Chieregatti (2007), "a diferença entre homogeneidade e heterogeneidade é quantitativa: homogeneidade é a condição irrealizável de heterogeneidade ZERO, ou seja, é um caso limite da heterogeneidade". Sendo assim, na perspectiva da amostragem, um material nunca é homogêneo por completo, logo, neste processo sempre estará presente a heterogeneidade, porém aplicando esse conceito na piscicultura, a busca por lotes mais homogêneos é considerada uma ferramenta importante para o processamento dos animais, principalmente no abate e processamento.

A partir de um lote uniforme diminui-se a competição pelo alimento, reduzindo a dispersão do seu peso para abate, ou seja, chegam na idade de abate com pesos corporais próximos, facilitando o manejo dos animais, maquinários e mão de obra. A uniformidade dos peixes atribui a concepção da linha de corte de filetes e de observação do animal que será contínua e sequencial, e permite um fluxo uniforme sem paragem nem abrandamentos, favorecendo o maior rendimento da produção ao final o processamento dos peixes (Velasco, 2017).

A fim de expressar a variabilidade dos dados excluindo a influência da ordem de grandeza da variável aplica-se o método do coeficiente de variação (CV), que através do seu valor define se a população de animais está mais ou menos homogênea, quanto mais homogêneo o lote menor será o CV. O coeficiente de variação genética é considerado um parâmetro de extrema importância no entendimento da estrutura genética de uma população por mostrar a quantidade de variação existente entre progênies e permitir as estimativas de ganhos genéticos (Kageyama et al., 1993).

As causas que determinam as variações para o CV podem ser genéticas, ambientais ou a interação das duas em todas as fases de crescimento, como por exemplo na fase inicial dos peixes, o aumento exacerbado do coeficiente de variação tende a aumentar o crescimento desuniforme dos indivíduos, prejudicando o desempenho da produção (Lima, 2008).

Através da medida de dispersão do peso do filé e outros subprodutos conseguindo avaliar qual é a maior variação da produção do processamento do pescado nas indústrias, seja ela na forma ou método de filetagem, formato anatômico, destreza do filetador, densidade de estocagem e espécie avaliada, favorecendo a lucratividade de todo o ciclo produtivo piscícola (Coradini et al., 2019).

1.5 MÉTODOS USADOS PARA ANÁLISE DE UNIFORMIDADE

As análises para estimar a uniformidade são diversas incluindo os modelos matemáticos que desejam explicar as observações de uma variável dependente por meio dos efeitos diferenciais que atribuem a outra série de variáveis independentes. Esses efeitos referem-se a caráter fixo ou aleatório, conforme representem respectivamente, constantes a serem estimadas ou realizações de uma variável aleatória com distribuição de probabilidade conhecida (Filho, 2002).

Algumas análises matemáticas são expressadas nos modelos lineares, os parâmetros contêm pelo menos um efeito aleatório, se o modelo apresentar todos os demais componentes fixos é denominado de modelo fixo, porém se o modelo apresentar todos os demais fatores aleatórios é chamado de aleatório, e quando contém tanto efeitos fixos como aleatórios é denominado de modelo misto (Searle, 1987).

Para a estimação dos componentes de variância (componentes utilizados na análise de uniformidade) uma possibilidade adequada seria o modelo linear misto que apresenta algumas peculiaridades na análise de variância, como a composição de esperanças matemáticas dos quadrados médios, dos quais o

conhecimento permite determinar corretamente os testes de hipóteses (Hicks,1973).

Aderindo ao modelo linear misto e a metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita pode-se realizar a predição dos efeitos aleatórios na presença de efeitos fixos, através dos BLUPs (melhor preditor linear não viesado) que são de grande validade no melhoramento genético, descrevendo fatores do meio genético que têm influência sobre as características avaliadas (Hill et al., 2010).

A heterogeneidade pode ser estimada através da modelagem das medidas de variância residual ou resíduos quadrados. A forma mais simples da análise em populações segregadas utiliza as variações dentro das famílias para estimar diretamente a variância genética da variação ambiental, ou seja, máxima verossimilhança restrita ou mínimos quadrados (Rowe et al., 2006).

Nesta análise a grande suposição que não há influências de efeitos ambientais sistemáticos nas variações dentro da família, porém, a heterogeneidade de variação ambiental ou residual foi observada em muitas situações. O método usado por Rowe et al. (2006) apresentou estimativas tendenciosas de variação genética na variância ambiental dos pesos corporais dos frangos nos dados de Mulder et al. (2009), já que os registros duraram um longo período.

Metodologias mais avançadas foram desenvolvidas que propõem diminuir esse viés, (SanCristobal-Gaudy et al., 1998, 2001; Sorensen et al., 2003; Mulder et al., 2009). SanCristobal-Gaudy et al. (1998, 2001) desenvolveram um algoritmo EM – REML usando a maximização da perspectiva e incorporando um modelo estrutural na variância residual. Em um modelo estrutural de efeitos fixos e efeitos aleatórios para a média o log de variância residual é ajustado ao mesmo tempo, permitindo que aja estruturas de covariância entre efeitos aleatórios na média e na variância residual. Para obter soluções, utilizaram um sistema de interação de algumas expressões que não eram acessíveis, como o uso do método de REML mais simples, abordando a metodologia em duas etapas.

A metodologia em duas etapas ajusta o modelo considerando o fenótipo na primeira etapa, e seus residuais quadrados são utilizados para efeitos

quadrados na segunda etapa. Duas dificuldades podem ser encontradas com o uso dos residuais quadráticos o residual é uma mistura de verdadeiros efeitos ambientais e outros efeitos inexplicáveis; e se os resíduos são distribuídos normalmente, seus quadrados são distribuídos χ^2 , violando as premissas de normalidade quando os residuais quadrados são analisados como um caráter (Velasco, 2017).

O rigor dos quadrados dos resíduos, ou seja, a correlação entre os efeitos ambientais elevado ao quadrado e os quadrados residuais, é uma função da precisão dos efeitos estimados que são refletidos na matriz de incidência, esta que descreve a influência de cada valor dos efeitos observados, descrevendo-os sobre os valores ajustados Hoaglin & Welsch, 1978). A matriz de incidência é uma abordagem escolhida para a melhor previsibilidade em comparação a abordagem em duas etapas (Lung et al., 2017).

Este método é implementado através do modelo hierárquico generalizado ajustando a variância residual, resolvendo a anormalidade e interagindo o algoritmo do fenótipo ao modelo da variância residual. O desequilíbrio relatado também pode ser resolvido através da transformação de box-cox (Mulder et al., 2009). O nível da variância residual de uma característica avaliada pelo modelo hierárquico generalizado duplo, que interage com dois conjuntos de equações dos modelos mistos ou seja para as características fenotípicas tem o modelo linear misto e para a variável resposta utilizasse o modelo linear misto generalizado, que lineariza a variável resposta aplicando a função de light, obtendo a variância residual através do resíduo do indivíduo (Marjanovic et al., 2016).

Uma alternativa de ajustar a heterogeneidade genética da variância residual é utilizando a modelagem estrutural de variâncias na metodologia Bayesiana (Sorensen et al., 2003) estimando os parâmetros, fenotípicos como os da variância residual. Nesta abordagem todos os parâmetros podem ser estimados em vários projetos, os intervalos posteriores fornecem informações sobre a precisão dos critérios de seleção do modelo como o desvio e fatores bayesianos podem ser usados para comparar o ajuste de diferentes modelos, com grandes efeitos e proporções de média. O programa computacional REML

é menos exigente, porém os métodos de comparação são menos desenvolvidos e ainda não há uma maneira bem estabelecida de estimar a correlação genética entre efeitos genéticos aditivos na média e variações ambientais (Gutierrez et al., 2006).

Existe vários tipos de métodos plausíveis para a representação das observações dos componentes de variância e covariância para os efeitos aleatórios e alguns fatores auxiliam na escolha das metodologias, um dos mais plausíveis é como o banco de dados se apresenta com medidas repetidas ou não, obtendo através deste critério o método hierárquico generalizado duplo é mais indicado (Marjanovic et al., 2016).

REFERÊNCIAS

- ANUÁRIO PEIXEBR DA PISCICULTURA 2020. Pinheiros, SP: Associação Brasileira da Piscicultura, 2020.
- Barroso, R. M. 2017. O mercado da tilápia - 2º trimestre de 2017 e Análise da estrutura do preço da tilápia no varejo. Informativo Mercado da Tilápia - 11. Embrapa Pesca e Aquicultura. Palmas -TO.
- Coradini, M. F; Oliveira, G. G; Junior, F. C. A; Raniero, L. S. R. O; Mikcha, J. M. G; Souza, M. L. R. 2019. Rendimento e Caracterização Química de Carcaça sem Cabeça, Filé e Subprodutos da Filetagem de Tilápia Do Nilo (*Oreochromis niloticus*). 8pp. Tese (doutorado) - Universidade Estadual de Maringá - UEM, Maringá.
- Chierigatti, A. C. 2007. Reconciliação pro-ativa em empreendimentos mineiros. 205pp. Tese (doutorado) - Escola politécnica da Universidade de São Paulo, São Paulo.
- Filho, J. A. C. 2002. Matrizes de variância e covariâncias e seleção de modelos. 85p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. São Paulo.
- Garrido, G. L. M. A.; Kageuama, P. Y. 1993. Evolução com a idade de parâmetros genéticos de *Pinus elliottii* var. *elliottii* engelm., selecionado para a produção de resina. Rev. Inst. Flor. São Paulo, v. 5, p. 21-37.
- Godinho, H. P. 2007. Estratégias reprodutivas de peixes aplicadas à aquicultura: bases para o desenvolvimento de tecnologias de produção. Ver. Bras. Reprod. Anim., Belo Horizonte, v.31, p.351-360.
- Gutierrez, J. P. Nieto, B., Piqueras, P., Ibáñez, N., & Salgado, C. 2006. Genetic parameters for canalisation analysis of litter size and litter weight traits at birth in mice. Genetics Selection Evolution, v. 38, p. 445–462.
- Hicks, C. R. 1973 Fundamental concepts in the design of experiment. New York, Holt, Rinehart and Winston, 349p.
- Hill, W. G; Mulder, H. A. 2010. Genetic analysis of environmental variation. Genet. Res. Camb, v. 92, p. 381–395.
- Hoaglin, D. C. & Welsch, R. E. 1978. The hat matrix in regression and ANOVA. American Statistician, v. 32, p. 17–22.
- Khaw, H. L. 2015. Interações sociais e variabilidade no peso corporal vivo no Cepa GIFT (tilápia do Nilo, *Oreochromis niloticus*) na Malásia. Tese (doutorado) - Universidade de Wageningen, Holanda.

- Lima, A. F. 2008. Crescimento heterogêneo em tilápias cultivadas em tanques-rede e submetidas a classificações periódicas. Revista Brasileira de Engenharia de Pesca, v. 3, p. 3.
- Lung, L. H. S.; Neves, H. H. R.; Mulder, H. A.; Carvalheiro, R. 2017. Genetic control of residual. *Journal of Animal Science*, V. 95, n. 4.
- Marjanovic, J; Mulder, H. A; Khaw, H. L; Bijma, P. 2016. Genetic parameters for uniformity of harvest weight and body size traits in the GIFT strain of Nile tilapia. *Genetics Selection Evolution*. 48:41
- Melo, C. C. V.; Neto, R. V. R.; Costa, A. C.; Freitas, R. T. F.; Freato, T. A.; Souza, U. N. 2013. Direct and indirect effects of measures and reasons morphometric on the body yield of Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*. *Acta Scientiarum. Animal Sciences.*, Maringá, v. 35, n. 4, p. 357-363.
- Morais, B. G.; Saldanha, G. B.; Sousa, R. B. M. 2017. Melhoramento genético aplicado á aquicultura: atividades e perspectivas futuras nos programas de melhoramento de tilápia (*Oreochromis niloticus*) no Brasil. *Sinapse múltipla.*, Betim, Minas Gerais, p. 336-340.
- Moreira, A. A.; Hilsdorf, A. W. S.; Silva, J. V.; Souza, V. R. 2007. Variabilidade genética de duas variedades de tilápias nilóticas por meio de marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária brasileira*, Brasília, v.42, p. 521-526.
- Mulder, H. A.; Hill, W. G.; Vereijken, A.; Veerkamp, R. F. 2009. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broilers. *Animal*, 3:12, pp 1673–1680. DOI: 10.1017/S1751731109990668
- Oliveira, C. A. L.; Ribeiro, R. P.; Barbosa, J. V.; Souza, R. M. R.; Resende, E. K. 2013. Melhoramento Genético: Uma ferramenta para aumentar a competitividade da piscicultura brasileira. *Informe Agropecuário*. Belo Horizonte. v. 34, p. 7-13.
- Oliveira, S. N.; Ribeiro, R. P.; Oliveira, C. A. L.; Filho, L. A.; Oliveira, A. M. S.; Barrero, N. M. L.; Santander, V. F. A.; Santana, R. A. C. 2015. Interactive effects of genotype x environment on the live weight of GIFT Nile tilapias. *Anais da academia brasileira de ciências*. v. 89, p. 2931-2943. DOI: 10.1590/0001-3765201720150629
- Ribeiro, R. P.; Vargas, L.; Oliveira, C. A. L. 2016. Dez anos da tilápia Gift no Brasil. *Aquaculture Brasil (Online)*.
- Rowe, S. J.; White, I. M. S.; Avendano, S.; Hill, W. G. 2006. Genetic heterogeneity of residual variance in broiler chickens. *Genetics, Selection Evolution*. v. 38, p. 617–635.

Silva, R. F. Avaliação genética do crescimento de tilápia do Nilo. 2007. 49 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Sancristobal-Gaudy, M.; Bodin, L.; Elsen, J. M.; Chevalet, C. 2001. Genetic components of litter size variability in sheep. *Genet. Sel. Evol.* V. 33, p. 249–271.

Sorensen, D.; Waagepetersen, R. 2003. Normal linear models with genetically structured residual variance heterogeneity: a case study. *Genetics Research, Cambridge, United Kingdom*, v. 82, p. 207–222.

Turra, E. M.; Fernandes, A. F. A.; Alvarenga, É. R. Ferramentas para o melhoramento genético de peixes em água interiores. 2013. X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. Uberaba, MG.

Turra, E. M.; Andrade, D. A. O.; Valente, B. D.; Teixeira, E. A. Prado, S. A.; Melo, D. C.; Fernandes, A. F. A.; Alvarenga, É. R. Silva, M. A. 2012. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. *Aquaculture*, v. 354-355, p.31-37.

Turra, E, M. 2010. Estudos genéticos longitudinais de peso, Rendimento de filé e medidas morfométricas em tilápias do nilo (*oreochromis niloticus*). Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte – MG.

Velasco, A. J. L. Ferramentas de Seleção para Uniformidade de Produção em Tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). 2017. 35 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista – UNESP, Jaboticabal.

Yoshida, G.M.; Oliveira, C. A. L.; Oliveira, S. N.; Kunita, N. M.; Resende, E. K.; Filho, L. A.; Ribeiro, R. P. 2013. Associação entre características de desempenho de tilápias do Nilo ao longo do período de cultivo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* (1977. Impressa), v. 48, p. 121.

Capítulo II

UNIFORMIDADE EM TILÁPIAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

RESUMO

A tilápia-do-Nilo (*Oreochromis Niloticus*) devido as características sensoriais e nutricionais de sua carne, bem como os índices zootécnicos, é amplamente difundida em diversos países. Além das características produtivas tradicionais, um importante aspecto a ser considerado é a seleção para uniformidade dos animais, por facilitar tomadas de decisão no manejo e minimizar as perdas na industrialização do pescado. Em vista do exposto, o estudo foi realizado para avaliar o efeito genético sobre a uniformidade de características de importância econômica, utilizando a análise genética da variância residual. Foram utilizados 1880 animais pertencentes a 46 famílias e criados em tanque-rede durante 190 dias. Foram registradas as seguintes características: peso corporal, peso eviscerado e descamado, peso da cabeça, peso do filé, peso do couro, peso no toilette do filé, peso do file bruto, peso do resíduo e peso do tronco. Para este estudo foi utilizada uma abordagem em duas etapas: a) a primeira consiste na análise genética unicaracterística dos fenótipos, como tradicionalmente realizados e; b) a segunda etapa consiste na análise genética da variação, tendo como variável resposta os resíduos obtidos na primeira etapa. Foram estimados em cada etapa os coeficientes de herdabilidade, proporção do efeito familiar e coeficiente de variância genética (indicadora da **evolvabilidade**) rever a palavra. Utilizando os valores de sire-dam obtidos nas duas etapas, também foi estimada a correlação entre produção e uniformidade para todas as características em estudo. Para a etapa 1, verificados valores de herdabilidade variando entre 0.251 (PCO) a 0.342 (PC), e para o coeficiente de variação genético foram encontrados valores entre 0.136 (PAS) e 0.190 (PCO). Na etapa 2, verificados valores de herdabilidade variando entre 0.008 (PF) a 0.037 (PC), e para o coeficiente de variação genético foram encontrados valores entre 0.145 (PF) e 0.325 (PC). Com

relação a correlação entre as DEP estimadas nas etapas 1 e 2, obtem valores moderados entre 0.431 (PAS) e 0.652 (PT). Os resultados encontrados no estudo sugerem a presença de um componente genético influenciando a variância residual para características de interesse econômico.

Palavras-chave: heterogeneidade, animal breeding, residual variance, genetic variance.

INTRODUÇÃO

A tilápia *Oreochromis Niloticus* está entre as espécies de animais com maior importância econômica devido ao seu volume de produção mundial e transações comerciais, bem como sua utilização como fonte de alimento em pequenas propriedades. Principalmente por possuir aceitação do mercado consumidor e a sua ampla tolerância às variações ambientais que possibilitou seu cultivo em diversos locais do mundo (Allaman et al., 2013, Orlando et al., 2017; Dias et al., 2018; Santos et al., 2020; Peixe BR 2020).

O principal critério de seleção empregado em programas de melhoramento da espécie é o peso corporal a despesca, sendo este o produto negociado entre a indústria de processamento e os produtores (Mourad et al., 2018; Fernandes et al., 2019). Entretanto, produtos gerados com o processamento (tais como o filé, cabeça, couro e resíduos) também possuem relevância para indústria de processamento (Costa et al., 2018, Ribeiro et al., 2019, Botelho et al., 2019).

Os programas de melhoramento de genético para maioria das espécies de peixes bem como os trabalhos publicados em revistas relevantes vem direcionando a seleção para a maior expressão do caráter (Campos et al., 2020; Workagegn et al., 2020; Araujo et al., 2020), e pouca atenção tem sido dada a variação fenotípica do caráter, tanto do ponto de vista econômico como científico.

A exigência do mercado consumidor pela uniformidade dos produtos vem crescendo cada vez mais, e tem abrangido as mais diversas áreas do setor produtivo (Lung, Neves & Mulder 2017). No sistema de cultivo de peixes maior uniformidade possibilita reduzir as interações competitivas entre os animais melhorando o bem-estar dos peixes, maior proporção dos animais com peso comercial e menor necessidade de classificação (Baras & Jobling 2002; Gilmour, DiBattista, Thomas 2005; Janhunen et al., 2012, Sae-Lim 2017).

Menor uniformidade de lotes ocasiona impacto negativo no processamento industrial, visto que os equipamentos de beneficiamento são regulados para determinados tamanhos ou pesos dos produtos. Desta forma, verificam-se perdas nos rendimentos dos cortes nobres e menor lucratividade da atividade.

Algumas pesquisas sobre estimação de parâmetros genéticos para uniformidade em tilápias foram realizadas em determinados ambientes utilizando apenas o peso corporal. Estudos em regiões tropicais e com outras características de importância econômica (como o peso dos produtos gerados com o processamento) são escassos na literatura científica. Portanto o objetivo desta pesquisa foi avaliar os aspectos genéticos da variância residual como possível critério de seleção para produtos gerados em processamentos de tilápias criadas nos trópicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Material biológico e procedimentos experimentais

Os dados utilizados para o projeto foram coletados após aprovação do Comitê de Ética no uso de animais (CEUA – IF Goiano), sobre o protocolo n° 8241291117, na Fazenda Bacupari, coordenadas geográficas lat.14°05'59.70" e log.48°28'15,81", município de Niquelândia (Goiás), sendo utilizados 1880 alevinos de Tilápia-do-Nilo *Oreochromis niloticus*, pertencentes a 46 famílias de irmãos completos e meios-irmãos. As famílias foram formadas usando o acasalamento aninhado, em que um macho foi acasalado com duas fêmeas. Para isto os acasalamentos foram feitos em hapas com a proporção de um macho para uma fêmea. Após a desova da fêmea, o macho foi alocado em outra hapa com outra fêmea para formação de outra família e obtenção de irmãos completos e meios-irmãos.

Cento e cinquenta pós-larvas de cada família foram amostradas aleatoriamente e cultivadas em hapas identificadas por famílias de irmãos completos até 50 dias de idade para marcação individual, com diferença máxima de 35 dias de idade entre a família mais nova e a mais velha. Os animais foram identificados individualmente utilizando PIT tags (Passive Integrated Transponder tags) e alocados em um tanque-rede de 9,3m³ (3 m x 2,5 m x 1,8 m), sendo separados após 93 dias de cultivos, em dois tanques-rede com as mesmas dimensões e densidades de peixes e cultivados por 190 dias. A alimentação foi realizada de acordo a biomassa e temperatura da água.

Processamento final do experimento

Ao final do período experimental os animais foram submetidos ao jejum alimentar de 24 horas e transportados para o frigorífico. Os animais foram processados sob as normas do Serviço de Inspeção Federal. Na área de recepção, os peixes foram abatidos por choque térmico com uso de água e gelo, na proporção de 2:1 e secção da medula, pesados e submetidos a sangria individualmente. Posteriormente realizou-se a descamação automática (lotes de 100 kg), limpeza contínua e conduzidos até a área limpa.

Na área limpa, cada animal foi pesado novamente, e levado a linha de processamento, composta por decapitação, evisceração, filetagem, retirada de pele mecanicamente, toilette (retirada das aparas) e pesagem. O processamento foi realizado por uma equipe treinada, sendo utilizada para as pesagens uma balança digital, com precisão de 0.1 grama. Os dados referentes aos seguintes pesos foram registrados:

- Peso corporal (PAS), obtido na área suja antes da escamação;
- Peso eviscerado e descamado (PEE);
- Peso da cabeça (PC);
- Peso do filé (PF);
- Peso do couro (PCO);
- Peso no toilette do filé (PT);
- Peso do file bruto (PFB) = PF + PCO + PT;
- Peso do resíduo (PR), composto pela coluna vertebral dos peixes, costelas e as nadadeiras dorsal, anal e caudal;
- Peso do tronco (PTR) = PFB + PR.

Análises Estatísticas

Inicialmente, foi realizada a consistência do banco de dados, sendo considerados “*outliers*” valores extremos apresentados em análises “boxplot”. As estatísticas descritivas dos registros para as características utilizadas neste estudo estão descritas na Tabela 1.

TABELA1 – Estatística descritiva para as características.

Características	Média	Mediana	Desvio-padrão	Máximo	Mínimo	Coefficiente de variação
PC	245.7	235.0	68.82177	490.0	95.0	28.0122
PF	269.8	265.0	84.23929	530.0	70.0	31.22758
PCO	61.31	60.00	19.05872	125.00	25.00	31.08749
PFB	41.13	41.22	2.04996	47.20	34.15	4.984302
PT	43.69	40.00	16.7893	110.00	5.00	38.4278
PR	170.7	165.0	51.29132	335.0	55.0	30.04616

PAS	906.8	895.0	265.5019	1785.0	275.0	29.2792
PEE	791.1	780.0	232.2987	1540.0	250.0	29.2792
PTR	59.96	60.23	2.177046	65.69	51.22	3.630983

*PC: peso da cabeça; PF: peso do filé; PCO: peso do couro; PFB: peso do file bruto; PT: peso no toilette; PR: peso do resíduo; PAS: peso na área suja; PEE: peso eviscerado e descamado; PTR: peso do tronco.

A abordagem utilizada para análise genética da uniformidade consiste em um procedimento de duas etapas: a) análise genética do nível, tendo como variável dependente o fenótipo (PC: peso da cabeça; PF: peso do filé; PCO: peso do couro; PFB: peso do file bruto; PT: peso no toilette; PR: peso do resíduo; PAS: peso na área suja; PEE: peso eviscerado e descamado; PTR: peso do tronco) do animal e; b) análise genética da variação, tendo como variável resposta o resíduo originado da primeira etapa. Tendo em vista que o banco de dados consiste em informações simples dos animais e da espécie ser múltipara, um sire-dam model será utilizado para minimizar o viés da análise.

Na primeira etapa, um modelo linear misto foi considerado, com os efeitos de sire-dam, família, sexo e tanque:

$$y = Xb + Za + Wf + e$$

sendo y , b , a , f e e , representam nesta ordem, o vetor de fenótipos, de efeitos fixos (sexo e tanque), de efeito aleatórios de sire-dam (diferenças esperadas de progênie - DEP), efeito aleatório de família e resíduo; X , Z e W são matrizes de incidência que associam os fenótipos aos efeitos fixos, sire-dam e família, respectivamente.

Na segunda etapa, um modelo generalizado misto foi considerado, com os efeitos de sire-dam, família, sexo e tanque:

$$\delta = X_{S2}b_{S2} + Z_{S2}a_{S2} + W_{S2}f_{S2} + \varepsilon$$

sendo δ , b_{S2} , a_{S2} , f_{S2} e ε , representam nesta ordem, o vetor de resíduos (e^2) obtidos na primeira etapa, de efeitos fixos (sexo e tanque), de efeito aleatórios

de sire-dam (diferenças esperadas de progênie - DEP), efeito aleatório de família e resíduo da segunda etapa; X_{S2} , Z_{S2} e W_{S2} são matrizes de incidência que associam os resíduos aos efeitos fixos, progenitor-progenitora e família, respectivamente. Todas as análises foram realizadas utilizando o pacote hglm (Rönnegård et al., 2020) disponível no programa R. O pacote é fundamentado na teoria dos modelos lineares generalizados (McCullagh e Nelder, 1989) com efeitos aleatórios, e o efeito aleatório pode vir de uma distribuição familiar exponencial conjugada (normal, gama, beta ou gama inversa).

Para facilitar a interpretação dos resultados foi utilizado os subscritos S1 e S2, para designar parâmetros estimados nas etapas 1 e 2, respectivamente. Foi calculado o coeficiente de herdabilidade:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

onde a variância sire-dam é igual a um quarto da variância aditiva ($\sigma_{sire-dam}^2 = \frac{1}{4}\sigma_a^2$).

O coeficiente de variação genético (CV), como, representado como:

$$CV = \frac{\sigma_a}{\mu}$$

sendo σ_a e μ , representam o desvio-padrão aditivo e a média da característica. Para a segunda etapa, como foi utilizada a escala logarítmica, a fórmula acima pode ser simplificada como (Mulder et al., 2010):

$$CV = \sqrt{\sigma_a^2}$$

Para verificar a associação genética entre nível e variação, foi calculada a correlação de Pearson entre as DEP's dos animais obtidas para o nível e para a variação residual (etapa 1 e 2, respectivamente).

RESULTADOS

Os componentes de variâncias e os parâmetros genéticos herdabilidade h_{S1}^2 , efeito materno (c_{S1}^2) e o coeficiente de variação genética da variância residual - evolvability (CV_{S1}^2) preditas através de modelo sire-dam para a primeira etapa são apresentadas na Tabela 2. Verificou-se que entre as variâncias, que a residual apresentou maior valor e a de família o menor para todas as características avaliadas, resultando em maior herdabilidade para as características em relação ao efeito de família.

TABELA 2 – Componentes de variância estimados para a primeira etapa das análises genéticas para características para as características avaliadas.

Carac.*	Parâmetros Genéticos**					
	σ_{aVS1}^2	σ_{fVS1}^2	σ_{rVS1}^2	h_{S1}^2	c_{S1}^2	CV_{S1}^2
PC	1270.313	593.531	1855.343	0.342	0.160	0.147
PF	2209.898	1032.34	3229.461	0.341	0.160	0.176
PCO	77.089	58.246	171.335	0.251	0.190	0.145
PFB	4077.591	2125.289	5989.891	0.334	0.174	0.172
PT	77.00	36.170	144.810	0.298	0.140	0.203
PR	619.036	289.925	1132.018	0.303	0.142	0.148
PAS	14955.980	10391.860	54516.730	0.275	0.191	0.136
PEE	15901.78	7265.435	22530.81	0.348	0.159	0.161
PTR	7869.935	3957.837	11992.05	0.330	0.166	0.164

*PC: peso da cabeça; PF: peso do filé; PCO: peso do couro; PFB: peso do file bruto; PT: peso no toilette; PR: peso do resíduo; PAS: peso na área suja; PEE: peso eviscerado e descamado; PTR: peso do tronco.

** σ_{aVS1}^2 : variância genética; σ_{fVS1}^2 : variância de família; σ_{rVS1}^2 : variância residual; h_{S1}^2 : herdabilidade; c_{S1}^2 : proporção da variância pelo efeito de família; CV_{S1}^2 : coeficiente de variação genético.

A herdabilidade foi moderada para as características peso corporal na área suja e para o peso do couro ($0,10 \leq h_{S1}^2 < 0,30$). Já para as demais características verificou-se herdabilidade alta ($h_{S1}^2 \geq 0,30$). O coeficiente de variação genética que expressa a magnitude da variação genética em relação à

média do caráter variou de 0,136 a 0,203 para as características, sendo estes valores considerados altos ($CV_{S1}^2 > 7\%$).

Na tabela 3 são apresentados os componentes de variâncias das análises da segunda etapa, em que foi realizada com base no resíduo. Verificou-se coerência com a análise realizada no primeiro passo, e a variância residual (σ_{rVS1}^2) foi a maior e a de família a menor para todas as características, exceto para o peso do file e peso do filé bruto, em que a variância genética (σ_{aVS2}^2) foi igual a de família. Pode-se verificar que a herdabilidade e o efeito materno foram bem próximos de zero. Já o coeficiente de variação genético residual CV_{S1}^2 variou de 0.145 a 0.325.

TABELA 3 – Componentes de variância estimados para a segunda etapa das análises genéticas para características morfológicas e ponderais em tilápia.

Carac.*	Parâmetros Genéticos**					
	σ_{aVS2}^2	σ_{fVS2}^2	σ_{rVS2}^2	h_{S2}^2	c_{S2}^2	CV_{S2}^2
PC	0.105	0.024	2.753	0.037	0.008	0.325
PF	0.020	0.020	2.491	0.008	0.008	0.145
PCO	0.060	0.056	2.721	0.021	0.020	0.243
PFB	0.029	0.029	2.482	0.011	0.011	0.170
PT	0.052	0.052	2.551	0.020	0.020	0.228
PR	0.030	0.012	2.646	0.011	0.004	0.174
PAS	0.030	0.016	2.619	0.011	0.006	0.173
PEE	0.048	0.022	2.627	0.018	0.008	0.218
PTR	0.028	0.021	2.640	0.010	0.008	0.167

*PC: peso da cabeça; PF: peso do filé; PCO: peso do couro; PFB: peso do file bruto; PT: peso no toilette; PR: peso do resíduo; PAS: peso na área suja; PEE: peso eviscerado e descamado; PTR: peso do tronco.

** σ_{aVS2}^2 : variância genética; σ_{fVS2}^2 : variância de família; σ_{rVS2}^2 : variância residual; h_{S2}^2 : herdabilidade; c_{S2}^2 : proporção da variância pelo efeito de família; CV_{S2}^2 : coeficiente de variação genético.

Na tabela 4 são apresentadas as correlações entre as DEP obtidas no primeiro passo com a do segundo passo para todas as características fenotípicas

avaliadas, sendo verificado que todas foram positivas e moderadas ($0,30 > r > 0,70$).

TABELA 4 – Estimativas de correlação entre as DEP nas duas etapas de análise utilizando o modelo com sire-dam e de família.

CARACTERISTICA*	EFEITO SIRE-DAM	EFEITO FAMILIA
PC	0.498	0.428
PF	0.531	0.550
PCO	0.627	0.672
PFB	0.564	0.579
PT	0.652	0.658
PR	0.485	0.464
PAS	0.431	0.445
PEE	0.525	0.502
PTR	0.542	0.541

*PC: peso da cabeça; PF: peso do filé; PCO: peso do couro; PFB: peso do file bruto; PT: peso no toilette; PR: peso do resíduo; PAS: peso na área suja; PEE: peso eviscerado e descamado; PTR: peso do tronco.

DISCUSSÕES

Os coeficientes de variação fenotípica observados no trabalho (TABELA 1) foram acima de 20% para a maioria das características, indicando variabilidade para estes caracteres. Os resultados estão de acordo com outros trabalhos com tilápias avaliando características de importância econômica (Khaw et al., 2015)

A grande variabilidade fenotípica fica bem evidente ao comparar o peixe com menor valor e o com o maior valor observado dentro de cada característica. Para a característica peso corporal o menor peixe representa 15% do maior, o para o filé 19% e para o peso do toilette 5%, ou seja, o menor valor para esses caracteres é 6.67, 5.23 e 20 vezes inferior ao maior valor, respectivamente.

As estimativas de herdabilidade moderadas a alta (0,25 a 0,34) para as características de importância econômica no primeiro passo, indicam que é possível através da seleção melhorar estes caracteres em virtude da influência dos efeitos aditivos dos genes. Oliveira et al. (2015) encontraram estimativas de herdabilidade similares para as características em estudo como por exemplo o peso corporal a despesca com $h^2 = 0.28$ em tilápias cultivadas em tanque rede. Em características morfométricas (largura, altura e comprimento) que são correlacionadas com os produtos gerados com o processamento também foram verificadas herdabilidades de moderada a alta variando de 0.27 e 0.32 em tilápias (Porto et al., 2015, Costa et al., 2017).

O coeficiente de variação genético expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Os altos valores observados no primeiro passo, ou seja, acima de 7% proposto por Sobbenn et al. (1988) evidenciam que a parte aditiva obtida no primeiro passo é responsável por grande parte na explicação da média fenotípica, com potencial de maiores ganhos genéticos com a seleção para o PT e menor para PAS. Os valores estão de acordo com os observados para a linhagem de tilápia-do-Nilo Gift (Marjanovic et al., 2016)

Com relação ao efeito de família, os valores observados neste estudo estão de acordo com os observados em outros trabalhos em tilápia (Conti et al., 2014). O efeito de família em peixes é maior nas fases iniciais, apresentando valores até maiores que a herdabilidade. Com o crescimento há decréscimo desse efeito conforme observado por Conti et al. (2014) para o peso corporal em

diferentes idades ou modelos de regressão aleatória em tilápias (Conti et al., 2014).

Valores de herdabilidade na segunda etapa $h_{S_2}^2$ foram próximos a zero como os descritos nos resultados na Tabela 3, tem sido frequentes nos estudos que avaliam a genética da uniformidade em diversas espécies, utilizando a análise do resíduo como metodologia. Em estudo com peso ao sobreano em bovinos Nelore, verificou-se estimativas de herdabilidade de 0.002 (Lung et al., 2017). Em salmão avaliando a uniformidade do peso utilizando diversas abordagens, verificou-se valores de herdabilidade entre 0.014 e 0.036 (Sae-Lim et al., 2017).

De acordo com Lung et al., (2017) uma razão para as baixas estimativas do $h_{S_2}^2$ está na definição da herdabilidade no nível do registro individual. A estimativa de uma variância baseada em um único fenótipo deve ser, por definição, muito imprecisa, já que a variância de amostragem de uma estimativa de variância é tipicamente maior do que a variância de amostragem de uma média. Esses efeitos de amostragem são incluídos como "efeitos ambientais" na variabilidade. Além disso, as funções dos resíduos estimados considerados como variável resposta no modelo de variância residual podem fornecer informações limitadas sobre a verdadeira variação ambiental, possivelmente resultando em $h_{S_2}^2$ ainda menor.

Os valores de $h_{S_2}^2$ próximo de zero para as características avaliadas não indicam pequena resposta a seleção. O coeficiente de variação genética $CV_{S_2}^2$, também conhecido como evolvability é o parâmetro genético mais associado com a oportunidade de seleção para uniformidade (Houle, 1992).

Os valores altos de $CV_{S_2}^2$ ($CV_{S_2}^2 > 7\%$ - Sebbenn et al., 1998) encontrados para as características em estudo mostram que há variação genética suficiente para permitir modificação na variância residual das características em comparação com seu valor médio. Comparados a outros estudos com características produtivas em peixes verificou-se menores valores, e é verificado valores de $CV_{S_2}^2$ superiores a 0.299 (Marjonovic et al., 2016; Sae-Lim et al., 2017), exceto para peso da cabeça ($CV_{S_2}^2=0.32$). Entretanto, deve-se notar que a precisão para seleção depende dos níveis das características e que as

expressões para resposta a seleção na variabilidade ambiental não dependem somente do $CV_{S_2}^2$ (Mulder et al., 2009).

Os resultados observados no presente estudo evidenciam que há mudança de uma unidade do desvio padrão da variância genética aditiva da variação residual, causaria uma alteração da variação residual esperada de 4.65, 8.01, 9.19, 9.92, 15.47, 15.47, 15.97, 16.49, 22.47% para as seguintes características PC, PCO, PT, PEE, PR, PAS, PFB, PRT e PF, respectivamente.

Em termos de atividade econômica, um programa de melhoramento genético para a espécie deve promover o incremento do peso dos animais e conseqüentemente de seus componentes, como o file, file bruto e tronco que apresentam importância econômica, assim como a uniformidade (Marjonovic et al., 2016). Entretanto, a relação sinérgica apresentada entre as *DEP's* para a média e variância verificadas pelas estimativas de correlação na Tabela 4, estabelece impasse de grande importância: a seleção de animais mais pesados promove também a diminuição da uniformidade dos produtos. Assim, para poder utilizar os critérios de seleção indicadores de uniformidade em um programa, deve-se estabelecer esquemas de seleção que possibilitem minimizar o problema estabelecido. Em primeiro momento, pode ser estabelecido um esquema de seleção utilizando níveis de rejeição, que seria limite máximo para a variabilidade da característica seria definido. Entretanto, podem considerar que a abordagem mais interessante consiste na utilização de índices seleção, utilizando ponderadores econômicos ou empíricos.

CONCLUSÃO

As respostas encontradas sugerem a presença de um componente genético influenciando a variância residual para características de interesse econômico.

Através da metodologia em dois passos verifica-se que há possibilidades de aprimorar as características de pesos corporais, incrementando os pesos dos animais da mesma forma seus componentes, como foi observado através dos valores encontrados de $CV_{S_2}^2$ para as características em estudo.

Confirmando que há variação genética suficiente para permitir uma alteração na variância residual das características em comparação com seu valor médio, gerando perspectivas promissoras para o melhoramento genético de uniformidade por meio de seleção.

REFERÊNCIAS

Allaman, I.B., Reis Neto, R.V., Freitas, R.T.F., Freato, T.A., Lalo, A.A, Costa, A.C., Lima, R.R., 2013. Weight and morphometric growth of different strains of tilapia (*Oreochromis* sp). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42 (5), 305-311. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982013000500001>.

Araújo, F.C.T., Oliveira, C.A.L., Campos, E.C., Yoshida, G.M., Lewandowsk, V., Todesco, H., Nguyen, N.H., Ribeiro, R.P., 2020. Effects of genotype x environment interaction on the estimation of genetic parameters and gains in Nile tilapia. 61 (4), 575–580. <https://doi.org/10.1007/s13353-020-00576-2>.

Baras E., Jobling M., 2002. Dynamics of intracohort cannibalism in cultured fish. *Aquaculture research*, 33 (7), 461-479. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2109.2002.00732.x>.

Botelho, H., A., Lago, A.A., Costa, A.C., Reis Neto, R.V., Silva, Z., Ribeiro, .M., Barcelos, C.M., Freitas, R.T.F., 2019. Application of morphometric measures in estimation of body weight and discrimination of *Astyanax lacustris* and *Astyanax fasciatus*. *Aquaculture Research*, 50 (9), 2429-2436. <https://doi.org/10.1111/are.14196>.

Campos, E.C., Oliveira, C.A.L., Araújo, F.C.T., Todesco, H., Souza, F.N., Rossi, R.M., Fornari, D.C., Ribeiro, R.P., 2020. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. *Animal*, 14 (9), 1777-1785. <https://doi.org/10.1017/S1751731120000488>.

Costa, A.C., Balestre, M., Botelho, H.A., Freitas, R.T.F.D., Gomes, R.C.D.S., Campos, S.A.D.S., Foresti, F.P., Hashimoto, D.T., Martins, D.G. Prado, F.D., Mendonça, M.A.C., 2017. Imputation of genetic composition for missing pedigree data in *Serrasalminidae* using morphometric data. *Scientia Agricola*, 74 (6), 443-449. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-992x-2016-0251>.

Costa, A.C., Botelho, H.A., Gomes, R.C.D.S., de Sousa Campos, S.A., Reis Neto, R.V., Balestre, M., Prado, F.D., Hashimoto, D.T., Martins, D.G., Porto'Foresti, F., Lima, M., Freitas, R.T.F., 2018. General and specific combining ability in Serrasalminae. *Aquaculture Research*, 50 (3), 717-724. <https://doi.org/10.1111/are.13913>

Conti, A.C.M., de Oliveira, C.A.L., Martins, E.N., Ribeiro, R.P., Bignardi, A.B., Porto, E.P., de Oliveira, S.N., 2014. Estimação de parâmetros genéticos para peso corporal, ganho em peso e características morfométricas de tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória. *Semina: Ciências Agrárias*, 35 (5), 2843-2858. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2014v35n5p2843>.

Dias, M.A.D., Neto, R.V.R., de Sousa Bueno Filho, J.S., Jaser, S.K.K., de Assis Lago, A., Hilsdorf, A.W.S., 2019. Growth hormone gene polymorphism associated with grow-out performance of *Oreochromis niloticus* strains. *Aquaculture*, 503, 105-110. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.12.069>.

Fernandes, F.A., Fernandes, T.J., Pereira, A.A., Meirelles, S.L.C., Costa, A.C., 2019. Growth curves of meat-producing mammals by von Bertalanffy's model. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 54, 1-8. <http://dx.doi.org/10.1590/s1678-3921.pab2019.v54.01162>.

Gilmour, K.M., DiBattista, J.D., Thomas, J.B., 2005. Physiological causes and consequences of social status in salmonid fish. *Integrative and comparative biology*, 45 (2), 263-273. <https://doi.org/10.1093/icb/45.2.263>.

Houle, D., 1992. Comparando a evolucionabilidade e a variabilidade de características quantitativas. *Genetics*, 130 (1), 195-204.

lung, L.H.S., Neves, H.H.R., Mulder, H.A., Carvalheiro, R. 2017. Genetic control of residual variance of yearling weight in Nelore beef cattle. *Journal of animal science*, 95 (4), 1425-1433. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.1326>.

Janhunen, M., Kause, A., Vehviläinen, H., Järvisalo, O., 2012. Genetics of microenvironmental sensitivity of body weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) selected for improved growth. *PloS one*, 7 (6), e38766. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038766>.

Khaw, H. L. Interações sociais e variabilidade no peso corporal vivo no Cepa GIFT (tilápia do Nilo, *Oreochromis niloticus*) na Malásia. Tese de doutorado, Universidade de Wageningen. 2015.

Marjanovic, J., Mulder, H.A, Khaw, HL, Bijma, P., 2016. Parâmetros genéticos para uniformidade de características de peso à colheita e tamanho corporal na linhagem GIFT de tilápia do Nilo. *Evolução da Seleção Genética*, 48 (1), 1-10. DOI 10.1186/s12711-016-0218-9

McCullagh, P.; Nelder, J. A. (1989) *Generalized Linear Models*. 2nd Edition, Chapman and Hall, London. <http://dx.doi.org/10.1007/978-1-4899-3242-6>

Mourad, N., Costa, A.C., Freitas, R.T., Serafini, M.A., Reis Neto, R.V., Felizardo, V.O., 2018. Weight and morphometric growth of Pacu (*Piaractus mesopotamicus*), Tambaqui (*Colossoma macropomum*) and their hybrids from spring to winter. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 38 (3), 544-550. <https://doi.org/10.1590/1678-5150-pvb-4808>.

Mulder, H.A., Hill, W.G., Vereijken, A., Veerkamp, R.F., 2009. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. *Animal*, 3 (12), 1673-1680. <https://doi.org/10.1017/S1751731109990668>.

Orlando, T.M., Oliveira, M.M.D., Paulino, R.R., Costa, A.C., Allaman, I.B., Rosa, P.V., 2017. Reproductive performance of female Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) fed diets with different digestible energy levels. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 46 (1), 1-7. <https://doi.org/10.1590/s1806-92902017000100001>.

Oliveira, C.A.L.D., Yoshida, G.M., Oliveira, S.N.D., Kunita, N.M., Santos, A.I.D., Alexandre Filho, L., Ribeiro, R.P., 2015. Avaliação genética de tilápias-do-nilo

durante cinco anos de seleção. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50 (10), 871-877. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015001000002>.

Porto, E.D.P., Oliveira, C.A.L.D., Martins, E.N., Ribeiro, R.P., Conti, A.C.M., Kunita, N.M., Oliveira, S.N., Porto, P.P., 2015. Respostas à seleção de características de desempenho em tilápia-do-nilo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50 (9), 745-752. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000900002>.

Ribeiro, F.M., Lima, M., Costa, P.A.T.D., Pereira, D.M., Carvalho, T.A., de Souza, T.V., Botelho, H.A. Silva, F.F. Costa, A.C. 2019. Associations between morphometric variables and weight and yields carcass in Pirapitinga *Piaractus brachyomus*. *Aquaculture Research*, 50 (7), 2004-2011. <https://doi.org/10.1111/are.14099>.

Rönnegård, L.; Hansson, I.; Fikse, W. F. 2020. Heritability of social interactions in dairy cattle. Swedish University of Agricultural Sciences. Dalarna University, Falun.

Rowe, S.J., White, I.M., Avendaño, S., Hill, W.G., 2006. Genetic heterogeneity of residual variance in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 38 (6), 617-635. <https://doi.org/10.1051/gse:2006025>.

Sae-Lim, P., Kause, A., Lillehammer, M., Mulder, H.A., 2017. Estimation of breeding values for uniformity of growth in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using pedigree relationships or single-step genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution*, 49 (1), 1-12. DOI 10.1186/s12711-017-0308-3.

Santos, W.M., Costa, L.S., López-Olmeda, J.F., Costa, N.C.S., Santos, F.A., Gamarano, P.G., Silva, W.J., Rosa, P.V., Luz, R.K., Ribeiro, P.A., 2020. Effects and protein digestion-related genes in Nile tilapia juveniles. *Aquaculture Research*, 51 (7), 2973-2984. <https://doi.org/10.1111/are.14635>.

Sebbenn, A.M., Siqueira, A.D.F., Kageyama, P.Y., Machado, J.A.R., 1998. Genetic parameters for the conservation of cabreuva *Myroxylon peruiferum* LF Allemão. *Scientia Forestalis*, (53), 31-38.

Sorensen, D., Waagepetersen, R., 2003. Normal linear models with genetically structured residual variance heterogeneity: a case study. *Genetics Research*, 82 (3), 207-222. <https://doi.org/10.1017/S0016672303006426>.

Workagegn, K.B., Natarajan, P., Gedebo, A. 2020. Parâmetros genéticos e interação genótipo por ambiente da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) criada em dois ambientes de teste. *Aquaculture International*, 28 (6), 2263-2273. <https://doi.org/10.1007/s10499-020-00593-2>

