

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS E DE
DESEMPENHO EM TILÁPIAS DO NILO UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Autor: Ana Carolina Müller Conti
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira

Maringá
Estado do Paraná
junho – 2013

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS E DE
DESEMPENHO EM TILÁPIAS DO NILO UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Autor: Ana Carolina Müller Conti
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins
Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de concentração Produção Animal

Maringá
Estado do Paraná
junho – 2013



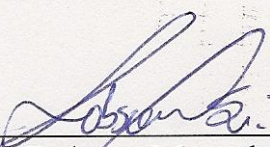
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS E DE
DESEMPENHO EM TILÁPIAS DO NILO UTILIZANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA**

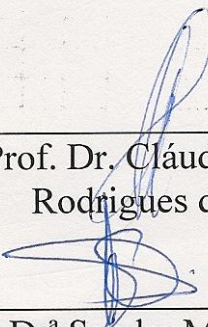
Autora: Ana Carolina Müller Conti
Orientador: Prof. Dr. Elias Nunes Martins

TITULAÇÃO: Doutora em Zootecnia - Área de Concentração Produção
Animal

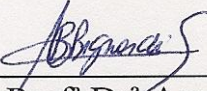
APROVADA em 24 de junho de 2013.



Prof. Dr. Robson Marcelo Rossi



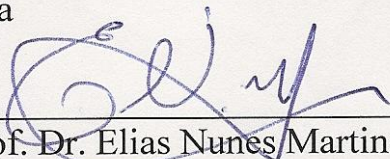
Prof. Dr. Cláudio Manoel
Rodrigues de Melo



Profª Drª Annaiza Braga
Bignardi Santana



Profª Drª Sandra Maria Simonelli



Prof. Dr. Elias Nunes Martins
(Orientador)

A

Deus, pela vida,
pelo que sou e por quem tenho ao meu lado.

Aos

Meus pais,
que sempre estiveram, estão e sempre estarão caminhando
junto de mim me apoiando e amando incondicionalmente.

À

Minha irmã e família,
por ser a melhor irmã e amiga que alguém pode ter.

Ao

Meu irmão e sua família, pelo apoio.

DEDICO...

AGRADECIMENTOS

A Deus, criador, pela força que tem dado para superar os obstáculos do meu caminho e pelas oportunidades concedidas.

À Universidade Estadual de Maringá, pelo suporte para a realização deste trabalho e por todas as oportunidades que me foram proporcionadas por esta instituição;

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e a todos os professores que o compõem, pelos valiosos ensinamentos, em especial à Prof.^a Dr.^a Eliane Gasparino e ao Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo, fundamental para a realização deste curso;

Ao meu orientador Prof. Dr. Elias Nunes Martins, pela oportunidade, orientação, ensinamentos durante todos esses anos;

Ao meu coorientador, Prof. Dr. Carlos Antonio Oliveira Lopes, pela amizade, orientação e ensinamentos;

A Prof.^a Dr.^a. Annaiza Braga Bignardi da Universidade Federal do Mato Grosso-campus Rondonópolis, pelo auxílio com a utilização do programa estatístico e valiosos esclarecimentos sobre a metodologia utilizada no presente estudo;

Ao grupo de pesquisa PeixeGen, pela permissão de utilização de parte do seu banco de dados, em especial aos seus integrantes Grazyella Massako Yoshida, Gabriel S. Rizzato e a queridíssima Sheila Nogueira de Oliveira;

Aos colegas Daniela Lino Lourenço, Edson Paula, Osvaldo Martins de Souza e Kaliane Oliveira pela amizade e estudos compartilhados.

À minha grande amiga e colega de graduação, mestrado e doutorado Emília de Paiva Porto, pela amizade e companheirismo de sempre.

A minha família, por sempre acreditarem em mim me apoiarem e suportarem meu mal humor.

Ao Marco A. T. Costa, pelo companheirismo e incentivo.

Enfim, a todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a condução e realização deste trabalho, o meu muito obrigado.

BIOGRAFIA

ANA CAROLINA MÜLLER CONTI, filha de Antonio Nobel Conti e Marlene Müller Conti, nasceu em Pitangueiras, Estado de São Paulo, no dia 27 de janeiro de 1981.

Em março de 2005, conclui o curso de Zootecnia pela Universidade Estadual de Maringá.

Em fevereiro de 2005, iniciou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de mestrado, área de concentração Produção Animal, na Universidade Estadual de Maringá, realizando estudos em Melhoramento Genético Animal.

No dia 13 de dezembro de 2007, submeteu-se à banca para defesa da Dissertação de Mestrado.

Iniciou os estudos em nível de doutorado no Programa de Pós- Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá em março de 2010, área de concentração Produção Animal, realizando estudos em Melhoramento Genético Animal.

Aos 24 do mês de junho, submeteu-se à banca para defesa da tese de doutorado.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	vii
RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
I-INTRODUÇÃO	1
Tilápias.....	1
Melhoramento de Tilápias.....	4
Regressão Aleatória	5
Funções de covariância.....	7
Polinômios de Legendre	8
Regressão aleatória em peixes	10
LITERATURA CITADA.....	12
II- OBJETIVOS	16
III- Estimaco de parâmetros genéticos para peso corporal, ganho em peso e características morfométricas de tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória.....	17
RESUMO:	17
ABSTRACT:.....	19
1. Introduco.....	20
2. Material e Métodos.....	22
3. Resultados e discusso.....	28
4. Concluses.....	38
IV- Estimaco de parâmetros genéticos e correlaces genéticas para ganho em peso e características morfométricas em tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória em análises bicaracterísticas.	40
RESUMO:	40
ABSTRACT:.....	41
1. Introduco.....	42
2. Material e Métodos.....	43
3. Resultados e discusso.....	49
4. Concluses.....	57
V - CONSIDERAÇES FINAIS	60

LISTA DE TABELAS

Estimação de parâmetros genéticos para peso corporal, ganho em peso e características morfométricas de tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória

- Tabela 1. Número de animais avaliados e idades mínima, média e máxima desses indivíduos em cada uma das cinco biometrias. 23
- Tabela 2. Média e respectivo desvio padrão do peso, ganho em peso diário (GPD), altura, comprimento (CT) e largura em cada uma das cinco biometrias. 23
- Tabela 3. Número de classes da variância residual (σ_e^2) usadas nas análises e seus respectivos intervalos de idade. 27
- Tabela 4. Componentes de (co)variância para os coeficientes intercepto (b_0), linear (b_1), quadrático (b_2) e cúbico (b_3) da regressão aleatória, autovalores em valor absoluto (AV) e relativo (AV%) para os efeitos de genética aditiva, ambiente permanente e de família e número de classes de variância residual (σ_e^2) do modelo ajustado para todas características. 29

Estimação de parâmetros genéticos e correlações genéticas para ganho em peso e características morfométricas em tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória em análises bicaracterísticas

- Tabela 1. Número de animais avaliados e idades mínima, média e máxima desses indivíduos em cada uma das cinco biometrias. 44
- Tabela 2. Média e respectivo desvio padrão do peso, ganho em peso diário (GPD), altura, comprimento (CT) e largura em cada uma das cinco biometrias. 44
- Tabela 3. Classes de variância residual (σ_e^2) usadas nas análises. 49
- Tabela 4. Componentes de (co)variância para os coeficientes intercepto (b_0), linear (b_1), quadrático (b_2) da regressão aleatória, autovalores relativo (AV%) para os efeitos de genética aditiva, ambiente permanente e de família e número de classes de variância(σ_e^2). 51

LISTA DE FIGURAS

Estimação de parâmetros genéticos para peso corporal, ganho em peso e características morfométricas de tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória

- Figura 1. Ilustração das mensurações das características morfométricas em tilápias do Nilo. Oliveira (2011). 23
- Figura 2. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para peso e o ganho em peso em função da idade, estimadas através de modelos de regressão aleatória..... 30
- Figura 3. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para altura e cabeça em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória. 31
- Figura 4. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para comprimento e largura em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória..... 32
- Figura 5. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para peso e ganho em peso em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória. 32
- Figura 6. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para altura e cabeça em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória..... 33
- Figura 7. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para comprimento e largura em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória. 34
- Figura 8. Correlação genética entre as diversas idades para peso e ganho em peso (GPD) estimada por meio de modelos de regressão aleatória..... 36
- Figura 9. Correlação genética entre as diversas idades para altura e tamanho de cabeça estimada por meio de modelos de regressão aleatória..... 37
- Figura 10. Correlação genética entre as diversas idades para comprimento total e largura estimada por meio de modelos de regressão aleatória..... 38
- ### **Estimação de parâmetros genéticos e correlações genéticas para ganho em peso e características morfométricas em tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória em análises bicaracterísticas**
- Figura 1. Ilustração das mensurações das características morfométricas em tilápias do Nilo. Oliveira (2011). 45

- Figura 2. Herdabilidade (h^2) proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para todas as características estimadas por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.. 52
- Figura 3. Comportamento do ganho em peso (GPD) e das demais características quando estimadas por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.. 54
- Figura 4. Comportamento da correlação genética entre o ganho em peso (GPD) e as demais características estimada por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter..... 56

RESUMO

Objetivou-se estimar o comportamento dos parâmetros genéticos para ganho em peso e características morfométricas em tilápias do Nilo, variedade GIFT, por meio de modelos de regressão aleatória em análises uni e bicaracterística, incluindo como efeitos aleatórios: o efeito genético aditivo, de ambiente permanente e de família. Utilizando o software Wombat, testou-se diversas ordens do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios e modelos com 1, 3,6 e 9 classes de variância residual. Para a definição do modelo mais apropriado utilizou-se o teste da razão da Máxima verossimilhança comparando os modelos que apresentassem pelo menos um dos autovalores próximos de zero em cada um dos efeitos. Nas análises unicaracterísticas polinômios de Legendre de terceira ordem foram suficientes para proporcionar ajuste em todas as características, bem como para o efeito genético para peso, ganho em peso (GPD), comprimento e largura. Para o efeito genético na altura e tamanho de cabeça foram necessários polinômios de quarta ordem. Para o ganho em peso, altura e cabeça o melhor modelo foi o que considerou variância residual homogênea, para largura, variância heterogênea com três classes de idade e para peso e comprimento, variância heterogênea com nove classes de idade. A maior herdabilidade (h^2) encontrada para o peso foi 0,34 na faixa de idade que compreende 240 a 311 dias, para o ganho em peso 0,69 (311 dias), para altura 0,2 (254 dias em diante), para a cabeça, 0,27 (270 dias). Para o comprimento 0,21 (270 dias) e 0,54 para largura (311 dias). Uma vez que as maiores herdabilidades encontradas foram para GPD e largura aos 311 dias, seleção baseada nestas características nestas idades levaria a ganho genético mais rápido. Correlações genéticas são maiores entre idades adjacentes e, em geral, correlações genéticas para os 300 dias e outras idades são maiores próximas aos 200 dias de idade, indicando que seleções em idades menores que

200 dias não levarão a ganhos genéticos correlacionados na característica aos 300 dias, a não ser para largura, em que correlações altas foram obtidas entre idades finais e iniciais. Como a largura apresentou herdabilidade de média magnitude na maior parte do período avaliado, a seleção baseada na largura em qualquer idade levaria a ganho genético satisfatório nessa característica no final do período.

Para as análises bicaracterísticas polinômios de Legendre de ordem 2 foram utilizados para modelar os efeitos genético, de ambiente permanente e de família para o peso e cabeça e, de ordem 3 para altura comprimento e largura. Em todas as características, os modelos de melhor ajuste foram aqueles que consideraram heterogeneidade do resíduo, com nove classes para a largura e seis classes de variância residual para as demais características. Para o peso a maior herdabilidade (0,28) foi observada por volta dos 290 dias, para a altura (0,54) aos 204 dias, para cabeça (0,41) aos 150 dias, para o comprimento (0,25) aos 158 dias e aos 211 dias para a largura (0,74). Em geral, a herdabilidade para o ganho em peso superou a herdabilidade das características morfométricas. As correlações entre as características morfométricas e o ganho em peso apresentaram valores maiores que 0,9 após os 120 dias. Apenas a correlação genética entre o peso e o ganho em peso apresentou correlação genética negativa no início do período avaliado, porém apresentou um rápido crescimento e, aos 120 dias a correlação já era superior a 0,9. Conclui-se que a seleção baseada em qualquer uma das características morfométricas avaliadas causaria impacto na mesma direção no ganho em peso, no entanto, como o ganho em peso apresentou as herdabilidades mais altas, seleção fenotípica baseada nessa característica levaria a ganho genético mais rápido.

Palavras-chave: variedade GIFT; herdabilidade; polinômios de Legendre, correlação genética

ABSTRACT

The aim of the current study was to estimate genetic parameters for weight gain and body measurements in Nile tilapia GIFT strain by random regression models. It was tested several orders of Legendre polynomial and models with 1, 3.6 and 9 classes of residual variance. The best fit was defined considering the presence at least one eigenvalues close to zero in each of the random effects, beyond, it was used the ratio test of Maximum Likelihood. For the uni-trait analyses, Legendre polynomial of third order were used to fit effects of permanent environmental and family at all traits, and genetic effect of weight, weight gain, length and width. For genetic effect of height and size head were needed polynomial of fourth order. To gain weight, height and head the best model was the one that considered the residual variance homogeneous for width, heterogeneous variance with 3 age's classes and for weight and length, heterogeneous variance with 9 age's classes. The highest heritability (h^2) for weight was 0.34 at 240-311 days of age. For the weight gain was 0.69 at 311 days, 0.2 from 254 days onwards for height, 0.27 at 270 days for head, 0.21 at 270 days for length and wide was 0.54 at 311 days for width. Since the largest heritability were found for weight gain and width at 311 days, selection at these ages, based on these traits would lead to greater genetic gains. Genetic correlations were higher between adjacent ages and, in general, genetic correlations for 300 days and other ages are higher close to 200 days of age, indicating that selections at ages less than 200 days won't lead to gains correlated with the traits at 300 days, except for width which high correlations were obtained between final and initial ages and also the heritability were median in the most of the period, thus, the selection based on the width at any age would lead to satisfactory genetic gain in this trait at the end of the growing season.

For the bi-trait analyses, Legendre polynomial of second order was used for fitting genetic, permanent environmental and family effects of weight and head and of third order for height, width and length. For all traits the best fit was the one that considered residue heterogeneity with 9 age's classes for width and 6 age's classes for others traits. The highest heritability for weight was 0.34 at 240-311 days. The highest heritability was 0.28 at 290 days for weight, 0.54 at 204 days for height, 0.41 at 150 days for head, 0.25 at 158 days for length and 0.74 at 211 days for width. Generally, heritability for weight gain was greater than for body measurements. The correlations between body measurements and weight gain were higher than 0.9 after 120 days. Only the genetic correlation between weight and weight gain showed a negative genetic correlation in the beginning the period, but showed rapid growth, and at 120 days the correlation was greater than 0.9. Thus, selection based on any traits of evaluated body measurements should cause impact on weight gain, however, as the weight gain showed the highest heritability, phenotypic selection based on that this trait would lead to faster genetic gain.

Key Words: GIFT strain; heritability; Legendre polynomials, genetic correlations

I-INTRODUÇÃO

Tilápias

A demanda por alimentos proteicos apresenta aumento proporcional ao crescimento da população mundial e tem ocorrido a procura por alimentos que possuam melhor qualidade nutricional. Dentre estes alimentos, destaca-se o pescado, que é considerado um alimento facilmente digerível, altamente proteico e de baixo valor calórico, excelente fonte de vitaminas e minerais comparados aos demais alimentos proteicos disponíveis no mercado (Souza, 2001). Para Vila Nova et al. (2005) o pescado é de extrema importância na dieta alimentar por sua riqueza de nutrientes, alto teor proteico, lipídios de excelente qualidade e baixo teor de colesterol. Para Suares Mahecha et al. (2002), dentre os alimentos funcionais, destaca-se a carne de peixe, por seu conteúdo em ácidos graxos altamente insaturados.

Contudo, Silva et al. (2009) relatam que a produtividade se encontra aquém do ideal e, portanto, o estudo das espécies deve ser priorizado para melhoria do desempenho animal. Para Gupta & Acosta (2004a) o aumento na demanda de peixe se deve ao crescimento da população mundial, aumento de renda e maior conhecimento do benefício do consumo de peixes.

Os dados atuais mostram que em 2010, foram produzidos mundialmente 60 milhões de toneladas de pescado, uma produção 7,5% maior que no ano anterior, resultando em 119 bilhões de dólares em divisas. O Brasil, com a produção de 479,4 mil toneladas de pescado, é o terceiro maior produtor das Américas, perdendo para os Estados Unidos e Chile (FAO, 2012).

A produção aquícola nacional de origem continental aumentou de forma significativa no triênio 2008-2010, resultado do incremento de aproximadamente 40%

durante este período. No ano de 2010, a aquicultura continental atingiu a produtividade e 394.340,05t, representando 82,3% da produção aquícola brasileira. Em 2010 o Estado do Paraná produziu 35.811,1t, ocupando o quinto lugar em produção dentre os estados brasileiros. Entre os anos de 2008 a 2010 a produção de tilápia no Brasil cresceu 39,9%, perfazendo, em 2010, 39,4% do total de pescado produzido no país (MPA, 2012).

Segundo Gupta & Acosta (2004b) a tilápia, nativa da África e Meio Oriente, emergiu da obscuridade para ser uma das espécies de peixe mais produtivas e mais comercializadas mundialmente. Estes mesmos autores afirmam que a criação de tilápias data de 4000 anos atrás, no Egito, porém a primeira criação cientificamente registrada ocorreu em 1924 no Quênia e logo se espalhou pela África, alcançando a América na década de 1950.

De acordo com Silva et al. (2009), dentre as espécies de excelente cultivo, a tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) se destaca por apresentar carne branca de textura firme, sabor delicado e fácil filetagem, por não possuir espinhas em 'y' nem odor desagradável. A maioria das espécies de tilápias reúne grande parte das características desejáveis em peixes destinados a produção comercial, ou seja, apresentam boa adaptabilidade as condições ambientais variáveis, apresenta boa conversão alimentar e ganho em peso e alta rusticidade (Ribeiro, 2001).

As diversas espécies de tilápias que pertencem ao gênero *Oreochromis* e *Tilápia* correspondem atualmente ao grupo de peixes que mais expande no mundo e, hoje, são criadas em mais de cem países e esse aumento se deve, além do apreciado sabor de sua carne, às diversas características zootécnicas (Massago et al., 2010).

Moreira et al. (2007) destacam que as tilápias são bastante resistentes as doenças, ao superpovoamento e a baixos níveis de oxigênio dissolvido, estão amplamente distribuídas pelo território brasileiro e são cultivadas nos mais diversos sistemas de produção, além de apresentarem crescimento rápido, rusticidade, carne de excelente qualidade, com boa aceitação no mercado consumidor e mais apropriada para a indústria de filetagem, o que a torna de grande interesse para a piscicultura.

A criação de tilápias no Brasil teve como marco inicial a introdução de um plantel de *Tilápia rendalli*, na década de 1950, seguida de uma nova introdução de tilápia nilótica em 1972 (Moreira et al., 2007). Massago et al. (2010) e Lupchinski Jr. et al. (2011) descreveram o histórico da entrada das tilápias no Brasil, em ordem cronológica:

Variedade Bouake': foi a primeira variedade da nilótica introduzida oficialmente no Brasil, em 1971, proveniente de Bouaké- Costa do Marfim ;

- Variedade Chitralada: trazida em 1996, para Londrina, procedente da Tailândia;
- Variedade Supreme- GST: importada pela piscicultura AQUABEL em 2002;
- Variedade GIFT: trazida no ano de 2005 para Universidade Estadual de Maringá, provenientes da Malásia.

A variedade GIFT (*Genetic Improvement of Farmed*) é uma variedade resultante de um programa de melhoramento genético realizado a partir do cruzamento entre populações "selvagens" de *O. niloticus* coletadas da África (Gana, Egito, Quênia e Senegal) e de *O. niloticus* criadas por agricultores na Ásia (Israel, Singapura, Taiwan e Tailândia), iniciado em 1988 por parceria firmada entre o WorldFish Center (na época chamado ICLARM), o Instituto Norueguês de Pesquisa em Aquicultura (AKVAFORSK) e instituições nacionais de pesca das Filipinas (Gupta & Acosta, 2004a).

Segundo Lupchinski Jr. et al. (2008) a Estação Experimental da Universidade Estadual de Maringá (UEM-CODAPAR) recebeu, no ano de 2005, tilápias representantes de 30 famílias da variedade GIFT, a partir de um projeto elaborado em conjunto com o WorldFish Center e com o apoio da Secretaria Especial de Aquicultura e Pesca (atual Ministério da Pesca e Aquicultura). A partir de então se iniciou o primeiro programa de melhoramento genético, baseado na informação individualizada e no uso de avaliação genética com base em metodologias estatísticas em tilápias do Nilo em condições brasileiras. Neste programa o foco de seleção é a taxa de crescimento, medida a partir do ganho médio diário. Porém, outras características, como medidas corporais e mortalidade à idade comercial, são coletadas para incrementar o número de informações por animal (Resende et al., 2012).

Em diversas espécies utilizadas na produção animal, os valores reportados pela literatura podem ser utilizados com certa facilidade desde que haja conhecimento da base genética das populações e que os ambientes sejam comparáveis, entretanto em peixes isso raramente ocorre, indicando que é muito difícil obter informação específica da base genética de linhagens de tilápia do Nilo e dificilmente os ambientes são comparáveis pelas diferenças na densidade de estocagem, sistema de criação, alimentação, entre outras. (Rutten et al., 2004; Rutten et al., 2005a). Além disso, parâmetros genéticos são parâmetros populacionais e, portanto, a comparação com resultados reportados por outros autores em outras populações devem ser feita com muita cautela.

Melhoramento de Tilápias

Em geral, os programas de melhoramento genético de tilápias utilizam o peso corporal como critério e objetivo de seleção. Segundo Blanck et al. (2009) as características de crescimento são as de maior relevância econômica em programas de melhoramento de tilápias e, Turra et al. (2010) afirma que a taxa de crescimento é o principal objetivo de seleção nos poucos programas de melhoramento de peixe existentes.

Para Contreras-Guzmán (1994) citado por Freato et al. (2005), a forma do corpo tem grande importância no processamento do pescado pela indústria, influenciando nas operações de decapitação, evisceração e, inclusive, no rendimento da carne quando processada na forma de corpo limpo, postas ou filés. Além disso, como citado por Rutten et al. (2005a), no mercado europeu os produtores recebem pelo peso do filé, assim, características relacionadas ao rendimento de filé são importantes.

Características morfométricas, quando geneticamente correlacionadas com rendimento e peso de filé, permitem aos programas de melhoramento genético, sua inclusão como critério para alcançar o objetivo de grande interesse para as indústrias de processamento e, além disso, a utilização dessas características beneficiariam programas que optam por gerar informação a partir de uma estrutura de parentesco, evitando o sacrifício dos animais que poderiam ter alto valor genético (Turra et al., 2010), não seria necessário o abate para obtenção do rendimento do filé, uma vez que as características morfométricas seriam usadas como critério de seleção. Diversos autores comprovam correlação entre características morfométricas com características de rendimento. Nguyen et al. (2010) observaram correlações genéticas superiores a 0,78 entre peso do filé e características morfométricas (peso do corpo, comprimento, altura e largura). Rutten et al (2005b) observaram que a porcentagem de cabeça apresenta correlação negativa com o peso do corpo e comprimento assim, como comprovado por Freato et al. (2005) a porcentagem de cabeça influencia negativamente no peso de abate. Turra et al. (2010) afirmam que alguns autores encontraram valores de herdabilidade considerados moderados a altos para características morfométricas correlacionadas favoravelmente ao rendimento de filé, que apresentou baixa herdabilidade, assim, respostas correlacionadas para rendimento de filé por meio de características morfométricas seriam maiores que a seleção direta

As características morfométricas têm sido o objetivo de diversas pesquisas (Rutten et al., 2004; Rutten et al., 2005b; Leonhardt et al., 2006; Silva et al., 2009) assim como

o peso corporal, podem fornecer parâmetros passíveis de serem explorados em programas de melhoramento genético.

Geralmente, o objetivo da seleção é escolher para pais das próximas gerações indivíduos que ou tenham maior peso ao abate e ou que apresentem a taxa de crescimento acelerada fazendo com que o indivíduo alcance o peso ideal para abate mais rapidamente. No entanto, o critério de seleção não precisa ser necessariamente o mesmo que o objetivo da seleção, desde que as características usadas como critérios sejam correlacionadas favoravelmente com a característica alvo de seleção.

A intenção é selecionar os animais o quanto antes, para que se diminua tanto o intervalo entre gerações quanto o gasto com mensurações ao longo da vida do indivíduo. Para tanto o critério de seleção pode ser mensurado em idades diferentes àquelas que são alvo da seleção. Assim é de fundamental importância o estudo do padrão de crescimento do peso corporal e de características morfométricas em tilápias, para que se identifiquem critérios de seleção alternativos à velocidade de ganho em peso total, a partir da estrutura de correlação genética entre características morfométricas, de peso e de ganho em peso, nas diferentes idades.

Regressão Aleatória

Na produção animal, algumas das características de maior interesse econômico são mensuradas diversas vezes ao longo do tempo, como o peso e características morfométricas, quando o intuito é analisar a evolução dessa característica no decorrer da vida do animal. Dados obtidos por múltiplas mensurações em um animal são chamados de dados longitudinais que segundo Apiolaza & Garrick (2001) são diferentes do termo medidas repetidas, uma vez que este último não se refere apenas às mensurações da característica no decorrer do tempo, mas também as diversas avaliações de características morfológicas ou mensurações sobre diferentes condições. Esse tipo de dado permite modelar a mudança da herdabilidade e das correlações ao longo do tempo, além do que estimativas das correlações genéticas entre o peso corporal em diferentes idades podem fornecer valiosas informações para possibilitar a seleção precoce em Tilápias do Nilo (Rutten et al., 2005a).

Segundo Hand & Crowder (1995), dados longitudinais podem ser considerados uma forma particular de dados multivariados, porque a mesma característica é avaliada em cada momento. Havendo, portanto, a continuidade nos dados, assim, o

sequenciamento natural de mensurações cria um padrão de variação que deve ser considerado no modelo de regressão utilizado.

Os modelos utilizados para análise de dados longitudinais são os modelos univariados, modelos de repetibilidade, modelos multicaracterística e modelos de regressão aleatória (Resende et al., 2001; Assis et al., 2006). Os modelos univariados não contemplam a covariância existente entre as medidas, uma vez que a análise é realizada para cada idade ou mensuração separadamente. Nos modelos de repetibilidade assume que a correlação genética entre as medidas repetidas é igual a 1 (Assis et al., 2006). Os modelos multivariados, que utilizam as diversas idades avaliadas em conjunto e tratam cada idade como uma característica, podem se tornar superparametrizados e, portanto, impraticáveis quando muitas idades são consideradas (Resende et al., 2001). Os modelos de regressão aleatória (MRA) recebem atenção por acomodar de forma satisfatória informações obtidas ao longo da vida produtiva do animal, permitir reduzir o número de medidas por animal e fornecer estimativas mais adequadas de parâmetros genéticos em relação aos demais modelos utilizados na análise de dados longitudinais (Lourenço et al., 2010).

Para obtenção de material genético superior através de seleção é necessária a estimação de parâmetros genéticos precisos e acurados, assim a aplicabilidade de metodologias estatísticas devem ser estudadas e aprimoradas. No entanto, ainda existem poucos trabalhos utilizando regressão aleatória em peixes (Mckay et al., 2002, Rutten et al., 2005a; Turra et al., 2012a e 2012b). Apesar de pouco utilizada em peixes essa metodologia é amplamente explorada em outras espécies animais, principalmente em bovinos leiteiros (Ali & Schaeffer, 1987; Araujo et al., 2006; Biassus et al., 2011; Bignardi et al., 2009; Cobuci et al., 2004 e 2007; Costa et al., 2005; Dias et al., 2006; Wilmink, 1987; Olori et al., 1999; Schaeffer & Dekkers, 1994), bovinos de corte (Legarra et al., 2004; Nobre et al., 2003a e 2003b; Sakaguti et al., 2003; Valente et al., 2008), caprinos e ovinos (Assis et al., 2006; Menezes et al., 2010; Sarmiento et al., 2006; Sarmiento et al., 2008; Souza et al., 2010;) e em menor frequência em pesquisas com suínos (Cavalvante Neto et al., 2011), codornas (Akbas et al., 2004; Dionelo et al., 2008) e perus (Kranis et al., 2006).

A metodologia de regressão aleatória foi inicialmente apresentada por Henderson Junior (1982) e considera que os indivíduos em experimento são amostras aleatórias de uma população, assim, os coeficientes de regressão associados ao indivíduo também deverão ser aleatórios (Henderson, 1984).

Nos modelos gerais de regressão (simples ou múltipla), as covariáveis ou variáveis independentes na realidade não são variáveis, mas sim constantes, ou seja, em hipotética amostragem repetida os valores dessas covariáveis permanecem constantes. Nestes modelos, os coeficientes de regressão são fixos, ou seja, os mesmos coeficientes de regressão estão associados a todos os indivíduos da população. Por outro lado, existem modelos nos quais a suposição adequada referente aos coeficientes de regressão associados às covariáveis é que cada membro possui distribuição aleatória. Estes modelos são denominados modelos de regressão aleatória (Resende et al., 2001).

O modelo de regressão aleatória é composto por dois grupos de regressões: um fixo para todos os indivíduos pertencentes ao mesmo nível de efeito fixo, que descreve a forma geral para um determinado indivíduo, e um aleatório que descreve os desvios da regressão fixa, gerando diferentes curvas para diferentes indivíduos, possibilitando a avaliação individual de desempenho (Lourenço et al., 2010). Os coeficientes da parte aleatória são específicos para cada indivíduo, sendo considerados aleatórios e são tomados como desvios em relação à regressão da parte fixa.

Para Schaeffer (2004), sempre que houver relação entre variáveis no tempo ou idade os modelos de regressão aleatória são potencialmente aplicáveis. Além disso, o mesmo autor afirma que um modelo de regressão aleatória deve conter um conjunto de curvas fixas que descrevam a relação fenotípica para os diversos grupos de indivíduos e regressões aleatórias para o efeito genético aditivo e efeito de ambiente permanente, que de acordo com Apiolaza & Garrick (2001) é o efeito que considera a covariância residual entre as medidas em um indivíduo.

Funções de covariância

Pelo fato de dados longitudinais serem correlacionadas entre si necessitam de ajustes diferenciados que contemplem a relação entre as mensurações. O ajuste de um modelo de regressão aleatória (MRA) implica em assumir determinada estrutura de covariância entre as medidas tomadas no tempo (Lourenço et al., 2010). Essa estrutura é caracterizada como a função de covariância (FC) e advém da covariância entre os coeficientes de regressão aleatórios (Meyer, 1998). De acordo com Van der Werf (2001) a função de covariância permite a mudança gradual na variância ao longo do tempo, permite analisar a relação entre covariância em idades diferentes e prediz variâncias e covariâncias para quaisquer pontos ao longo da trajetória. Para Resende et al. (2011) os modelos de regressão aleatória e as funções de covariância podem expressar, de maneira

mais realística, os fenômenos associados aos dados longitudinais, por assumirem que a característica em questão pode estar mudando continuamente e gradualmente através do tempo.

Sakaguti et al. (2003) apresentam outra propriedade das matrizes de coeficientes das FC, de que as autofunções são funções contínuas, cujos coeficientes são formados pelos elementos dos autovetores das matrizes de coeficientes das FC e, para cada autofunção existe um autovalor representando a proporção da variação total que ela explica, assim, as trajetórias descritas pelas autofunções podem ser utilizadas na avaliação das idades em que a seleção pode ser mais eficiente. Para Akbas et al. (2004) se o autovalor, expresso em porcentagem da soma de todos autovetores for alto, pode-se concluir que a seleção produzirá rápidas mudanças se este tipo de alteração na média da trajetória de crescimento for favorecida, pois o autovalor é proporcional a quantidade de variação genética da população correspondente àquela autofunção. Sarmento et al. (2008) afirmam que cada autovalor da matriz de coeficientes referentes ao efeito genético, quando expresso em porcentagem da soma de todos os autovalores se refere a sua importância na explicação na variação genética total.

Polinômios de Legendre

Nobre et al. (2003a) concluíram que a utilização de modelos de regressão aleatória para predição das diferenças esperadas na progênie para o crescimento em bovinos de corte, podem não ser acuradas pelas propriedades numéricas não adequadas destes modelos e, sugerem que essas propriedades podem ser melhoradas através da ortogonalização da covariável para cada efeito aleatório.

Baseando-se no fato que a regressão polinomial é apropriada e flexível para ajustar funções lineares das médias, ela também pode ser usada para ajustar estruturas de variância. Na maioria dos trabalhos, tem-se utilizado regressões sobre polinômios de Legendre para modelar dados longitudinais. Uma propriedade importantíssima dos polinômios de Legendre é a ortogonalidade. Eles formam o sistema ortogonal no intervalo de -1 a 1, estimam coeficientes com a correlação entre eles reduzida e possuem vantagens computacionais (Lourenço et al., 2010). Para garantir a propriedade de ortogonalidade é necessária a transformação da covariável usando a seguinte expressão: $a_i^* = \frac{2(a_i - a_{min})}{a_{max} - a_{min}} - 1$, tal que a_i^* é a idade padrozinada para a idade a_i

presente no conjunto de dados, a_{min} e a_{max} são, respectivamente, a primeira (menor) e a última (maior) idade do intervalo considerado (Sakaguti et al., 2003).

Cada polinômio k é definido pela seguinte fórmula:

$$\phi_k(a_i^*) = \frac{1}{2^k} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{[k/2]} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a_i^*)^{k-2m}$$

em que k é o k -ésimo polinômio (linear - ordem 2; quadrático - ordem 3; cúbico - ordem 4, e assim, por diante); m inicia-se em zero e termina em $[k/2]$ e os colchetes, indicam que o número em seu interior é arredondado para baixo, admitindo-se o valor inteiro mais próximo (Sakaguti et al., 2003)

Ajuste de ordem

A seleção de ordem não é uma tarefa fácil e para isso os autovalores da matriz de covariância entre os coeficientes aleatórios podem ser a ferramenta útil (Foulley e Robert Granié, 2002 citados por Sarmiento et al., 2008).

Nobre et al. (2003a) afirmam que a presença de autovalores próximos de zero na matriz de covariância entre os coeficientes da regressão aleatória para cada um dos efeitos aleatórios, indicam que não há necessidade de aumento de ordem. Para Legarra et al. (2004) autovalores muito pequenos (<0,01% do maior autovalor em valor absoluto) indicam que não há necessidade de aumento de ordem e que se a redução do *ranking* levar a coeficientes de determinação quase idênticos esses autovalores não são tão importantes.

Para Valente et al. (2008) a existência de pelo menos um autovalor muito pequeno (<0,29% em relação ao maior autovalor) indica que a ordem proporcionou ajuste.

Para Foulley e Robert Granié (2002) citado por Legarra et al. (2004) um ajuste de ordem perfeito não é necessário pois o aumento de ordem leva ao aumento de esforços computacionais e aumenta a susceptibilidade a erros e a melhor predição não viesada (BLUP- *Best Linear Unbiased Prediction*) é robusta à parâmetros ligeiramente incorretos. No entanto, reduzir a dimensionalidade pela eliminação de pequenos autovalores pode resultar em ajuste pobre para as extremidades da trajetória.

Regressão aleatória em peixes

Entre os principais trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória em peixes estão os trabalhos publicados por McKay et al. (2002), Rutten et al. (2005a), e por Turra et al. (2012a e 2012b).

McKay et al. (2012) estudaram a curva de crescimento de três gerações de trutas arco-íris utilizando modelos de regressão aleatória. Neste trabalho, ajustaram polinômios de quarta ordem para os efeitos aleatórios genético e de ambiente permanente, a idade foi padronizada para o intervalo 1 e -1 e os parâmetros genéticos e de ambiente permanente foram estimados através de métodos bayesianos usando amostragem de Gibbs. Os autores afirmam que nessa população, a seleção para aumento de peso seria mais eficiente logo após um ano de idade, uma vez que a herdabilidade é maior neste ponto.

Rutten et al. (2005a) utilizaram modelos univariados e de regressão aleatória para avaliar o peso de tilápias do Nilo de 100 a 326 dias de idade. Avaliou-se 73 famílias de irmãos completos obtidos utilizando fertilização *in vitro* e oriundos de cruzamentos entre quatro variedades de tilápias do Nilo (AIT, GIFT, IDRC, Göttingen). Os parâmetros genéticos foram estimados por máxima verossimilhança restrita em modelo utilizando polinômios ortogonais de ordem três. A herdabilidade permaneceu em torno de 0,2 na maior parte do período avaliado, sendo um pouco menor nas extremidades da trajetória. A participação da variância do efeito de família em relação a variância fenotípica decresceu com o tempo e se apresentou de baixa magnitude ($<0,1$) durante o período avaliado. A proporção da variância devido ao efeito de ambiente permanente aumentou rapidamente até alcançar 0,5 aos 150 dias e, a partir daí, aumentou de maneira mais branda até atingir 0,7 no final do período avaliado. A correlação genética para o peso entre as diversas idades foi maior entre idades mais elevadas, como por exemplo, as correlações entre 100 dias e todas as idades superiores aos 115 dias foram superiores a 0,9. Assim, os autores concluíram que quando a característica alvo é o peso aos 326 dias de idade, a seleção precoce levaria a uma resposta a seleção maior que a seleção direta por causa das herdabilidades pouco maiores em idades mais baixas.

Turra et al. (2005a) estimaram parâmetros genéticos para peso corporal de tilápias da variedade Chitralada por meio de regressão aleatória utilizando dados coletados no período de 106 a 245 dias de idade. Neste trabalho, ajustaram polinômios de Legendre de ordem 3, sendo que o modelo que ofereceu melhor ajuste foi o que incluía o efeito de

família e considerava heterogeneidade de variância foi o que ofereceu melhor ajuste. A herdabilidade variou de 0,2 a 0,52 no período estudado, sendo maior que 0,3 após 190 dias de idade. A proporção da variância em razão do efeito de família em relação à variância fenotípica apresentou aumento inicial (0,7 a 0,8) até os 125 dias de idade e, após declinou até 0,4 no final do período estudado. A participação do efeito de ambiente permanente foi baixa e apresentou queda no decorrer no período avaliado. A correlação genética entre as diversas idades foi maior que 0,6, sugerindo que se pode obter resposta correlacionada no peso do corpo em idades maiores (245 dias) se o peso corporal em idades menores for utilizado como critério de seleção (106 dias).

Turra et al. (2012b) utilizaram modelos de regressão aleatória ajustados por meio de polinômios de Legendre de ordem 3 para estimar parâmetros genéticos de características relacionadas à filetagem, considerando heterogeneidade de variância residual e incluindo o efeito de família. Utilizaram dados de peso corporal, peso de carcaça, peso de filé, rendimento de carcaça e rendimento de filé de tilápias do Nilo da linhagem Chitralada. A correlação genética entre diversas idades para rendimento de carcaça e para o rendimento de filé são maiores ($>0,8$) entre idades compreendidas no período de 140 a 200 dias de idade. Já para o peso de file e de carcaça as correlações entre idades acima de 120 dias foram maiores que 0,6. As herdabilidades para o peso do filé e peso da carcaça foram de moderadas a altas (0,12 a 0,52), sugerindo que essas características podem ser melhoradas através de seleção. Já para peso de carcaça e peso de filé as herdabilidades variaram de altas (0,52) à baixas (0,01), o que, segundo os autores pode ser pela influência do efeito de família. A correlação entre rendimento de filé e rendimento de carcaça passou de 0,8 em todas as idades. Porém, a correlação genética entre rendimento de file e peso do corpo, rendimento de file e peso de carcaça, rendimento de filé e peso de file, variaram de baixa a média magnitude (0,15 a 0,52). As correlações genéticas entre rendimento de carcaça e as demais características foram semelhantes às correlações encontradas para o rendimento de filé, sugerindo que o mesmo conjunto de genes está envolvido na expressão de ambas as características. A correlação entre peso do file e peso corporal, peso do file e peso da carcaça e entre peso da carcaça e peso corporal foram, em geral, maiores que 0,98. Esses resultados indicam que seleção direta utilizando o peso corporal, o peso de carcaça ou o peso do file não é recomendada se o objetivo da seleção for aumentar o rendimento de file como resposta correlacionada. No entanto, as altas correlações genéticas entre peso corporal e peso de filé e peso de carcaça sugerem que o peso corporal pode ser usado como critério de seleção para evitar o abate de potenciais reprodutores.

LITERATURA CITADA

- Akbas, Y.; Takma, C.; Yaylak, E. 2004. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 34, 104-109.
- Ali, T.E.; Schaeffer, L.R. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *J. Anim. Sci.* 67, 637-644.
- Apiolaza, L.A & Garrick, D.J. 2001. Analysis of longitudinal data from progeny tests: some multivariate approaches. *Forest Sci.* 47 (2), 129-140.
- Araújo, C.V.; Torres, R.A.; Costa, C.N.; Torres Filho, A.; Araujo, S.I.; Lopes, P.S.; Regazzi, A.J.; Pereira, C.S.; Cobuci, J.A.; Sarmiento, J.L.R. 2006. Uso de funções ortogonais para descrever a produção de leite no dia de controle por meio de modelos de regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 35(3), 967-974.
- Assis, G. M. L.; Albuquerque, L. G.; Sarmiento, J. L. R. 2006. Estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros por meio de análise de regressão aleatória utilizando-se a Amostragem de Gibbs. *R. Bras. Zootec.* 35(3), 706-714.
- Biassus, I. O.; Cobuci, J. A.; Costa, C. N.; Roberto, P.; Rorato, N.; Neto, J. B.; Cardoso, L. L. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression. *R. Bras. Zootec.* 40, 85-94.
- Bignardi A.B., El Faro L., Cardoso V.L., Machado P.F., Albuquerque L.G. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livest. Prod. Sci.* 123, 1–7
- Blanck, D. V.; Gasparino, E.; Ribeiro, R. P.; Marques, D. S. 2009. Polimorfismo no gene GH1-PstI associado a características corporais de linhagens de tilápia-do-nilo. *Pesq. agropec. bras.* 44(6), 599-604.
- Cavalcante-Neto A.; Tholon P.; Lui J.F.; Lara M.P.C.; Fonseca, C.; Ribeiro, M.N.; Sarmiento, J.L.R. 2011. Random regression models with different residual variance structures for describing litter size in swine. *Rev. Cienc. Agron.* 42, 1043-1050.
- Cobuci, J.A.; Euclides, R. F.; Costa, C.N. Lopes, P.S.; Torres, R.A.; Pereira, C.S. 2004. Análises da persistência na lactação de vacas da raça holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 33(2), 546-554.
- Costa, C.N.; Melo, C.M.R. de; Machado, C.H.C.; Freitas, A.F. de; Packer, I.U.; Cobuci, J.A. 2005. Parâmetros genéticos para a produção de leite de controles individuais de vacas da raça Gir estimados com modelos de repetibilidade e regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 34, 1519-1530.
- Dias L. T., Albuquerque L. G., Tonhati H., Teixeira R. A. 2006. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. *R. Bras. Zootec.* 35, 1915–1935.

- Dionello, N.J.L., Correa, G.S.S., Silva, M.A., Corrêa, A.B., Santos, G.G., 2008. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 60, 454–460.
- FAO 2012. Food and Agriculture Organization. The state of world fisheries and aquaculture 2012. Rome. Available at: <http://www.fao.org/docrep/016/i2727e/i2727e.pdf>. Accessed on: jan. 27, 2012. ISBN 978-92-5-107225-7
- Freato, T.A.; Freitas, R.T.F.; Santos, V.B.; Logato, P.V.R.; Viveiros, A.T.M. 2005. Efeito do peso de abate nos rendimentos do processamento de piracanjuba (*Brycon orbignyanus*, VALENCIENNES, 1849). *Ciênc. Agrotec.* 29(3), 676-682.
- Gupta, M.V.; Acosta, B.O. 2004a. From drawing board to dining table: the success story of the GIFT project. *Naga* 27(3-4), 4-14.
- Gupta, M. V. & Acosta, B. O. 2004b. A review of global tilapia farming practices. *Aquacult. Asia* 9(1), 7-12.
- Hand, D. & Crowder, M. 1996. Practical longitudinal data analysis. Chapman and Hall, London, UK.
- Henderson Jr., C.R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous, and random regressions. *Biometrics*, 38, 623-640.
- Henderson, C.R. 1984. Applications of linear models in animal breeding, third ed. Guelph: University of Guelph, pp 462.
- Kranis, A.; Su, G.; Sorensen, D.; Woolliams, J. 2006. A longitudinal threshold model for genetic analysis of daily egg production in turkeys under a Bayesian framework. In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. pp. Communication 07-06.
- Leonhardt, J.H.; Caetano Filho, M.; Frossard, H.; Moreno, A.M. 2006. Características morfométricas, rendimento e composição do filé de tilápia do Nilo, *Oreochromis niloticus*, da variedade tailandesa, local e do cruzamento de ambas. *Semina Ciênc. Agrar.* 27(1),125-132.
- Legarra, A.; Misztall, I; Bertrand, J.K. 2004. Constructing covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. *J. Anim. Sci.* 82, 1564–1571
- Lourenço, D.A.L.; Maia, F.M.C.; Martins, E.N. 2010. Regressão aleatória: ferramenta quantitativa para uma melhor utilização da genética animal, in: Martin, T. N. et al. (Eds.), *Sistemas de Produção Agropecuária*. UTFPR, Dois Vizinhos, pp. 177-201.
- Lupchinski Jr, E.; Vargas, L.; Povh, J.A.; Ribeiro, R.P.; Mangolin, C.A.; Barrero, N.M.L. 2008. Avaliação da variabilidade das gerações G0 e F1 da variedade GIFT de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) por RAPD. *Acta Sci. Anim. Sci.* 30, 233–240
- Lupchinski Jr., E; Vargas L.; Barrero, N.M.L.; Ribeiro, R.P., Povh, J.A., Gasparino, E.; Gomes, P.C.; Braccini, G.L. 2011. Caracterización genética de tres líneas de tilapia del Nilo (*Oreochromis niloticus*). *Arch Zootec* 60, 985–995.
- Massago, H.; Castagnolli, N., Malheiros, E.B., Kiberstein, T.C.R.D., Santos, M.A.; Ribeiro, R.P. 2010. Crescimento de quatro linhagens de tilápia *Oreochromis niloticus*. *Rev. Acad., Agrár. Ambient.* 8(4), 397-403.
- McKay, L.R., Schaeffer, L.R., McMillan, I., 2002. Analysis of growth curves in rainbow trout using random regression. *Proc. 7th WCGALP*, Communication n° 06–11.
- Menezes, G.R.O; Torres, R.A.; Sarmiento, J.L.R.; Rodrigues, M.T.; Melo, A.L.P.; Silva, F.G.; Brito, L.F. 2010. Avaliação de medidas da persistência da lactação de cabras

- da raça Saanen sob modelo de regressão aleatória. *Rev. Bras. Zootec.* 39, 1691-1698.
- Meyer, K. 1998. Modeling repeated records: covariance functions and random regression models to analyze animal breeding data. In: World congress on genetics applied to livestock production. Armindale, Austrália. Proceedings... Armindale, Austrália, 25, 517-520.
- Moreira, A.A.; Hilsdorf, A.W.S.; Silva, J.V. da; Souza, V.R. 2007. Variabilidade genética de duas variedades de tilápia nilótica por meio de marcadores microssatélites. *Pesq. agropec. bras.*, 42, 521-526.
- MPA. 2012. Ministério da Pesca e Aquicultura. Boletim Estatístico da pesca e aquicultura- Brasil 2010. Available at: <http://www.mpa.gov.br/index.php/topicos/300-boletim-estatistico-da-pesca-e-aquicultura-2010>. Accessed on: march. 12, 2012.
- Nobre, P.R.C., Misztal, I., Tsuruta, S., Bertrand, J.K., Silva, L.O.C., Lopes, P.S., 2003a. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.* 81, 918–926.
- Nobre, P. R. C. ; Misztal, I.; Tsuruta, S.; Bertrand , J. K., Silva, L. O. C; Lopes, P.S. 2003b. Genetic evaluation of growth in Nellore cattle by multiple-trait and random regression. *J. Anim. Sci.* 81, 927-932.
- Olori, V. E.; Hill, W. G.; McGuirk, B. J.; Brotherstone, S. 1999. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livest. Prod. Sci.* 61, 53–63.
- Ribeiro, R.P. 2001. Espécies exóticas, in: Moreira, H.L.M; Vargas, L.; Ribeiro, R.P.; Zimmermann, (Eds.). Fundamentos da moderna Aquicultura. Ed. ULBRA, Canoas, pp. 91-121.
- Resende, M. D. V.; Rezende, G. D. S. P.; Fernandes, J. S. C. 2001. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. *Rev. Mat. Estat.* 19, p 21-40.
- Resende, E.K.; Oliveira, C.A.L.; Legat, A.P.; Ribeiro, R.P. 2012. Melhoramento animal no brasil: uma visão crítica. Espécies aquáticas. Available at: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/24561/1/5.pdf>. Accessed on: march. 15, 2012.
- Rutten, M.J.M., Bovenhui, H., Komen, H., 2004. Modeling fillet traits based on body measurements in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture.* 231, 113–122.
- Rutten, M.J.M.; Komen, H.; Bovenhuis, H. 2005a. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture.* 246, 101–113.
- Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H., Komen, H., 2005b. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture* 246, 125–132.
- Silva, F.V.; Almeida, N.L.S; Vieira, J.S.; Tessitore, A.J.A.; Oliveira, L.L.S.; Saraiva, E.P. 2009. Características morfométricas, rendimentos de carcaça, filé, vísceras e resíduos em tilápias do nilo em diferentes faixas de peso. *R. Bras. Zootec.* 38(8), 1407-1412.
- Sakaguti, E.S.; Silva, M.A.; Quaas, R.L.; Martins, E.N.; Lopes, P.S.; Silva, L.O.C. 2003. Avaliação do Crescimento de Bovinos Jovens da Raça Tabapuã, por Meio de Análises de Funções de Covariâncias. *R. Bras. Zootec.* 32, 864-874.
- Sarmiento, J.L.R.; Torres, R.A; Sousa, W.H; Pereira, C.S; Lopes, P.S; Breda, F.C. 2006. Estimación de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos

- Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., 58, 581-589.
- Sarmiento, J.L.R.; Albuquerque, L.G.; Torres, R.; Rodrigues, M.T.; Lopes, P.S.; Reis Filho, J.C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. R. Bras. Zootec. 37(10), 1788-1796.
- Schaeffer, L.R.; Dekkers, J.C.M. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: World Congress on Genetics Applied To Livestock Production, 5, 1994, Guelf, Proceedings...Guelf, 17, 443-446.
- Schaeffer L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Livest. Prod. Sci., 16, 335-348.
- Souza, M.L.R. 2001. Industrialização, comercialização, e perspectivas, in: Moreira, H.L.M; Vargas, L.;Ribeiro, R.P.; Zimmermann, (Eds.). Fundamentos da moderna Aquicultura. Ed. ULBRA, Canoas, pp 149-190.
- Sousa, J.E.R.; Silva, M.A.; Sarmiento, J.L.R.; Sousa, W.H.;Souza, M.S.M. 2010. Avaliação da trajetória média de crescimento de caprinos em modelos de regressão aleatória. Arch. Zootec. 59 (226), 267-276.
- Suárez-Mahecha, H.; Francisco, A.; Beirão, L.H.;Block, J.M.; Saccol, A.; Pardo-carrasco, S. 2002. A importância de ácidos graxos poliinsaturados presentes em peixes de cultivo e de ambiente natural para a nutrição humana. Bol. Inst. Pesca, 28 (1), 101-110.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Teixeira, S.A.; Prado, S.A.; Melo, D.C.; Souza, A.B. 2010. Uso de características morfométricas no melhoramento genético do rendimento de filé da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Rev. Bras. Reprod. Anim. 34(1), 29-36.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Valente, B.D.; Teixeira, E.A.; Prado, S.A.; Melo, D.C.; Fernandes, A.F.A.; Alvarenga, E.R.; Silva, M.A. 2012a. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. Aquaculture. 354-355, 31-37.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Valente, B.D.; Teixeira, E.A.; Prado, S.A.; Alvarenga, E.R.; Melo, D.C.; Felipe, V.P.S.; Fernandes, A.F.A.; Silva, M.A. 2012b. Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. Aquaculture. 356-357, 381-390.
- Valente, B.D., Silva, M.A., Silva, L.O.C., Bergmann, J.A.G., Pereira, J.C.C., Fridrich, A.B., Ferreira, I.C., Corrêa, G.S., 2008. Estruturas de covariância de peso em função da idade de animais nelore das regiões sudeste e centro-oeste. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec. 60 (2), 389-400.
- Van der Werf, J. 2001. Random regression in animal breeding. Course Notes, Brazil: UNESP Jaboticabal, pp 50.
- Vila nova, C. M. V. M.; Godoy, H. T.; Aldrigue, M. L. 2005. Chemical composition, cholesterol content and characterization of total lipids of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) and pargo (*Lutjanus purpureus*). Cienc. Tecnol. Aliment., 25, (3), 430-436.
- Wilmink, J. B. M. 1987. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. Livest. Prod. Sci., 17, 211-224.

II- OBJETIVOS

Objetivos Gerais

Aplicar a metodologia de regressão aleatória, utilizando os polinômios de Legendre, em dados de peso, ganho em peso e de características morfométricas em tilápias do Nilo da variedade GIFT, de forma a obter estimativas de parâmetros genéticos e avaliar o comportamento dos parâmetros genéticos para as características ao longo da vida do animal, para estudar a possibilidade de seleção precoce em tilápias do Nilo e a utilização de critérios de seleção alternativos a velocidade de ganho em peso e peso.

Objetivos Específicos

I- Estimar parâmetros genéticos e avaliar o comportamento dos parâmetros genéticos ao longo do período estudado para todas as características individualmente por meio de regressão aleatória em análises univariadas.

II- Estimar parâmetros genéticos e avaliar o comportamento dos parâmetros genéticos utilizando análises bivariadas, combinando a característica ganho em peso com as demais.

III- Estimação de parâmetros genéticos para peso corporal, ganho em peso e características morfométricas de tilápias do Nilo utilizando modelos de regressão aleatória

RESUMO: Objetivou-se neste trabalho estimar parâmetros genéticos para peso, ganho em peso diário (GPD) e características morfométricas em tilápias do Nilo da variedade GIFT por meio de modelos de regressão aleatória. Testaram-se diversas ordens do polinômio de Legendre para os efeitos aleatórios e modelos com 1, 3, 6 e 9 classes de variância residual. Para a definição do modelo mais apropriado utilizou-se o teste da razão da máxima verossimilhança comparando somente modelos que apresentassem pelo menos um dos autovalores próximos de zero em cada um dos efeitos aleatórios. Para os efeitos de ambiente permanente e de família, os polinômios de terceira ordem foram suficientes para proporcionar ajuste em todas as características, bem como para o efeito genético para peso, ganho em peso (GPD), comprimento e largura. Para altura e tamanho de cabeça foram necessários polinômios de quarta ordem. Para o ganho em peso, altura e cabeça o melhor modelo foi o que considerou variância residual homogênea, para largura, variância heterogênea com três classes de idade e para peso e comprimento, variância heterogênea com nove classes de idade. A maior herdabilidade encontrada para o peso foi 0,34 na faixa de idade que compreende 240 a 311 dias, para o GPD foi 0,69 aos 311 dias. Para cabeça e comprimento a maior herdabilidade ocorreu por volta dos 270 dias, sendo 0,27 e 0,21, respectivamente. A maior herdabilidade encontrada para o comprimento foi 0,20 e ocorreu por volta dos 254 dias e para largura a maior herdabilidade foi 0,54 aos 311 dias. Uma vez que as maiores herdabilidade encontradas foram para GPD e largura aos 311 dias, seleção baseada nestas características nestas idades levaria a maiores ganhos genéticos. Correlações genéticas são maiores entre idades adjacentes e, em geral, correlações genéticas para os 300 dias e outras idades são maiores próximas aos 200 dias de idade, indicando que seleções em idades menores que 200 dias não levarão a ganhos genéticos correlacionados na característica aos 300 dias, a não ser para largura, em que correlações altas foram obtidas entre idades finais e iniciais. Como a largura apresentou herdabilidade de média magnitude na maior parte do período avaliado, a seleção baseada na largura em qualquer idade levaria ao ganho genético satisfatório nessa característica no final do período de cultivo.

Palavras-chave: variedade GIFT; herdabilidade; polinômios de Legendre, dados longitudinais

III- Genetic parameters for weight gain and body measurements for Nile tilapias by random regression model

ABSTRACT: The aim of the current study was to estimate genetic parameters for weight gain and body measurements. in Nile tilapia GIFT strain by random regression models. It was tested several orders of Legendre polynomial for random effects and models with 1, 3, 6 and 9 classes of residual variance. The best fit was defined considering the presence at least one eigenvalue close to zero in each of the random effects, beyond, it was used the ratio test of Maximum Likelihood. For the effects of permanent environmental and family the third order polynomials were enough to propose adjust in all traits, as well as for the genetic effect of weight, weight gain, length and width orthogonal.. For genetic effect of height and head were needed polynomials of fourth order. To gain weight, height and head the best model was the one that considered the homogenous residual variance for width, heterogeneous variance with 3 age's classes and for weight and length heterogeneous variance with 9 age's classes. The highest heritability for weight was 0.34 at 240-311 days. For the weight gain was 0.69 at 311 days. For head and length the highest heritability was around 270 days, being 0.27 and 0.21, respectively. The highest heritability found for length was 0.20 at 254 days 0,2 at 254 days onwards for height and for width was 0.54 at 311 days., Since the largest heritability were found for wight gain and width at 311 days, selection at these ages, based on these traits, would lead to greater genetic gains. Genetic correlations were higher between adjacent ages and, in general, genetic correlations for 300 days and other ages are higher close to 200 days of age, indicating that selections at ages less than 200 days was not lead to genetic gain correlated with traits at 300 days, except for width, because high correlations were obtained between final and initial ages and the heritability were median in the most part of the period, thus, the selection based on the width at any age would lead to satisfactory genetic gain in this trait at the end of the growing season.

Key Words: GIFT strain; heritability; Legendre polynomials; longitudinal data

1. Introdução

A demanda por alimentos proteicos aumenta proporcionalmente ao crescimento da população mundial e tem ocorrido a procura por alimentos que possuam melhor qualidade nutricional. Dentre estes alimentos se destaca o pescado, pois é considerado um alimento facilmente digerível, altamente proteico e de baixo valor calórico, excelente fonte de vitaminas e minerais (Souza, 2001). Contudo, segundo Silva et al. (2009), a produtividade se encontra aquém do ideal e, portanto, o estudo das espécies deve ser priorizado para melhoria do desempenho animal.

Dados recentes mostram que em 2010, foram produzidos mundialmente 60 milhões de toneladas de pescado, produção 7,5% maior que no ano anterior, resultando em 119 bilhões de dólares em divisas. O Brasil, com a produção de 479,4 mil toneladas de pescado, é o terceiro maior produtor das Américas, perdendo para os Estados Unidos e Chile. (FAO, 2012).

Para Ribeiro (2001) a maioria das espécies de tilápias reúne grande parte das características desejáveis em peixes destinados à exploração comercial, ou seja, apresentam boa adaptabilidade às condições variáveis, apresenta boa conversão alimentar e ganho em peso e alta rusticidade.

No melhoramento genético de tilápias do Nilo é interessante animais que apresentem rápido crescimento (Rutten et al., 2005) e a identificação de animais com valor genético superior para características de importância econômica é crucial para alcançar ganhos genéticos em programas de seleção.

Em programas de melhoramento de tilápia, a idade em que a seleção é praticada é escolhida, muitas vezes, arbitrariamente ou, pode estar diretamente relacionada a idade em que o animal atinge o peso de mercado ou a idade em que o peso seja ótimo para reprodução (Turra et al., 2012b). Portanto, o estudo do comportamento da correção genética e da herdabilidade ao longo da vida do indivíduo para características de interesse econômico é de suma importância para diminuir o intervalo de gerações ou diminuir custos com biometrias em programas de melhoramento genético de tilápias do Nilo.

Se uma característica é mensurada diversas vezes na vida de um animal, os dados gerados são chamados de dados longitudinais e precisam ser analisados considerando

que há estrutura de covariância entre as diversas mensurações. Os modelos mais utilizados para análise desse tipo de dados são os modelos de repetibilidade (que admitem covariância igual a 1 entre as mensurações), os modelos multicaracterística (em que a observação em cada idade é considerada uma característica e nenhuma pressuposição a respeito da covariância entre as mensurações é feita e, portanto, se houver grande número de mensurações realizadas o modelo se torna superparametrizado) e os modelos de regressão aleatória (que admitem funções de covariância entre as mensurações realizadas).

A estimação de parâmetros genéticos utilizando modelos de regressão aleatória apresentam muitas vantagens em relação ao uso de modelos de repetibilidade ou multicaracterísticas, uma vez que permite a identificação da idade em que a herdabilidade é alta o suficiente para garantir a eficiência de um programa de seleção e o conhecimento da trajetória da herdabilidade poderia ajudar a prever a resposta à seleção na faixa de idade avaliada e, assim, prever custos de programas de seleção baseados em idades alternativas (Turra et al., 2012a).

Para Lourenço et al. (2010) os estudos envolvendo modelos de regressão aleatória (MRA) até agora realizados indicam que esta metodologia pode contribuir fortemente com o processo de aceleração do progresso genético em bovinos de corte e leite, aves, suínos, peixes, caprinos, ovinos e outras espécies economicamente importantes, por permitir que estimativas de parâmetros e valores genéticos sejam mais acuradas, ou melhor, mais próximas do valor real e por possibilitar o início do processo de seleção em idades mais precoces.

Poucos trabalhos envolvendo regressão aleatória em dados sobre peixes foram realizados, entre eles os publicados por McKay et al. (2002) em trutas, Rutten et al. (2005) com peso em tilápias do Nilo, Turra et al. (2012a) e Turra et al. (2012b) que utilizaram modelos de regressão aleatória em peso e rendimento de filé em tilápias do Nilo da variedade Chitralada.

O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos utilizando modelos de regressão aleatória em características de desempenho e morfométricas em tilápias do Nilo da Variedade GIFT.

2. Material e Métodos

2.1. Experimento

Utilizou-se um conjunto de dados cedido pelo grupo de pesquisa PeixeGen contendo informações de uma geração de 33 grupos de irmãos completos e meio-irmãos, produzidos na Estação Experimental de Piscicultura de Maringá, UEM/CODAPAR, no município de Floriano – PR. Os indivíduos são provenientes de acasalamento entre 180 tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) da variedade GIFT, sendo 60 machos e 120 fêmeas. Quando a fêmea apresentava sinais de desova eminente, colocava-se o macho junto dela. Após a desova, retirava-se o macho e deixavam os ovos junto a fêmea, até que, quando alevinos, foram transferidos para outro tanque, colocados em hapas em diferentes lugares do tanque. Quando atingiam em média 20 gramas, esses animais eram identificados individualmente com um microchip (*Passive Integrated Transponder Tags*) implantado na cavidade abdominal, e então transportados para um sistema de produção em tanques-rede com 4 m³ de área útil (2,0x2,0x1,7m) no Rio do Corvo, município de Diamante do Norte – PR.

As características morfométricas, de peso e ganho em peso (GPD) são resultantes de cinco biometrias individuais: a primeira realizada no momento da chipagem e as restantes realizadas em intervalos de aproximadamente 30 dias durante o outono e inverno de 2009 (período de produção). As cinco biometrias resultaram em um banco de dados com 8.590 informações provenientes de 1.718 animais e, totalizando 1.815 animais na matriz de parentesco. No momento das medições eram anotadas as informações de sexo, idade, além das informações de identificação individual. Além do peso (gramas), as características morfométricas avaliadas foram:

- Tamanho de cabeça (cm): tomada do início da boca até a abertura do opérculo;
- Largura (cm): medida na inserção da nadadeira dorsal;
- Altura (cm): a distância entre as nadadeiras dorsal e peitoral;
- CT- Comprimento total (cm): correspondente a distância do início da boca até a inserção da nadadeira caudal, como demonstrado na Figura 1.

Foram utilizados ictiômetros para mensurar o comprimento total (CT) e paquímetros para altura, largura e tamanho de cabeça.

As estatísticas descritivas do banco de dados utilizados estão apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

Tabela 1. Número de animais avaliados e idades mínima, média e máxima desses indivíduos em cada uma das cinco biometrias.

Biometria	N° de animais	Idade		
		Mínima	Média	Máxima
1	1718	64	117	142
2	1718	118	171	196
3	1718	158	211	236
4	1718	204	257	282
5	1718	233	286	311

Tabela 2. Média e respectivo desvio padrão do peso, ganho em peso diário (GPD), altura, comprimento (CT) e largura em cada uma das cinco biometrias.

Biometria	Médias					
	Peso (g)	GPD (g/dia)	Altura (cm)	Cabeça (cm)	CT. (cm)	Largura (cm)
1	23,1 ± 7,4	0,2 ± 0,1	2,7 ± 1,1	2,1 ± 0,4	10,1 ± 0,3	1,1 ± 0,4
2	79,2 ± 24,3	1,0 ± 0,4	4,8 ± 1,5	3,9 ± 0,5	15,1 ± 0,3	2,3 ± 0,4
3	126,0 ± 39,6	1,2 ± 0,4	5,7 ± 1,7	4,1 ± 1,1	18,2 ± 0,5	2,3 ± 0,5
4	190,7 ± 60,5	1,4 ± 0,6	6,5 ± 2,1	5,1 ± 0,8	21,0 ± 0,4	3,1 ± 0,6
5	263,01 ± 82,8	2,5 ± 1,0	7,2 ± 2,3	5,8 ± 0,9	23,5 ± 0,4	3,2 ± 0,6

A permanência dos ovos na boca da mãe em espécies de Tilápias do Nilo (Gênero *Oreochromis*) caracteriza o primeiro efeito comum de ambiente, usualmente chamado de efeito de família. Mais tarde esse efeito pode ser a fase de criação até a identificação do indivíduo ou o período de criação até que sejam coletados números iguais de representantes por família. Em famílias de irmãos completos, possivelmente a variância devido a efeitos maternos pode ser absorvida pelo efeito aleatório de família (Rutten et al., 2005a). Portanto, é necessário considerar tal efeito, pois compreende o período desde que as larvas permanecessem com a progenitora até serem levados para o sistema de criação em tanques-rede, que em alguns casos chegou a quatro meses de idade.

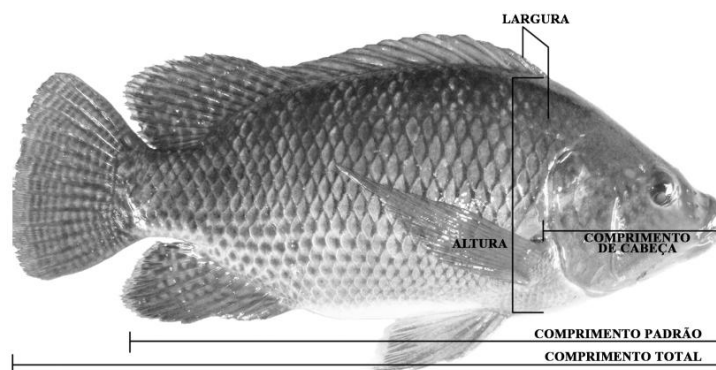


Figura 1. Ilustração das mensurações das características morfométricas em tilápias do Nilo. Oliveira (2011).

2.2. Regressão aleatória

Seguindo a metodologia de modelos de regressão aleatória (MRA) no contexto de modelos lineares mistos, o modelo adotado foi:

$$Y_{ijl} = F_l + \sum_{m=0}^{k-1} b_m \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} a_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} p_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} c_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + e$$

em que:

Y_{ijl} é a característica (peso, ganho em peso, altura, cabeça comprimento ou largura) mensurada no animal i na idade j ;

F_l são os efeitos fixos de sexo e tanque -rede;

b_m é o m -ésimo coeficiente de regressão fixo;

a_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatória do efeito genético aditivo;

p_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente no animal i ;

c_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatória do efeito comum de família;

e é o erro associado a cada observação,

ϕ_k é o k -ésimo polinômio de Legendre de ordem k , e

$idade_{ij}^*$ é a j -ésima idade padronizada em que o peso foi observado no animal i .

O k -ésimo polinômio de Legendre de ordem k apresenta a seguinte fórmula:

$$\phi_k(idade_{ij}^*) = \frac{1}{2^k} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{[k/2]} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (idade_{ij}^*)^{k-2m}$$

em que:

$idade_{ij}^*$ é a j -ésima idade padronizada (necessária para manter a propriedade de ortogonalidade entre -1 e 1) em que a característica foi observado no animal i , sendo:

$$idade_{ij}^* = \frac{2(idade_i - idade_{min})}{idade_{max} - idade_{min}} - 1;$$

Em que $idade_i$ é idade na ocasião da observação, $idade_{min}$ e $idade_{max}$ são as idades mínimas e máximas, existentes nos dados e os colchetes, [..], sobre o somatório indicam que o número em seu interior é arredondado para baixo, admitindo-se o valor inteiro mais próximo (Sakaguti et al., 2003).

Em notação matricial, o modelo de regressão aleatória, pode ser representado por:

$$Y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2p + Z_3c + \varepsilon$$

em que:

Y é o vetor dos valores observados para peso, ganho em peso, altura, cabeça comprimento ou largura;

X é a matriz dos efeitos fixos de sexo e tanque-rede (4 níveis);

α é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético;

p é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente no indivíduo;

c é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito comum de família (105 níveis);

Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência do efeito genético, de ambiente permanente e de família, respectivamente e

ε é o vetor dos erros aleatórios.

Foram assumidas as pressuposições de que $E(Y) = X\beta$, $E(a) = E(p) = E(\varepsilon) = 0$ e $Var(a) = A \otimes K_a$, $Var(p) = I \otimes K_p$, $Var(c) = I \otimes K_c$ e $Var(\varepsilon) = R$, sendo K_a a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória da parte genética, A a matriz de parentesco, K_p a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente, K_c a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito de família, I uma matriz identidade e \otimes o produto de Kronecker.

Os efeitos aleatórios de genética aditiva, de ambiente permanente e de família possuem diferentes estruturas de covariância. A estimação de covariâncias entre os coeficientes da regressão aleatória produz estimativas de funções de covariâncias. As funções de covariância para o efeito genético são calculadas por:

$$f(idade_l^* idade_m^*) = \sum_{l=0}^{k-1} \sum_{m=0}^{k-1} \phi_l(idade_l^*) \phi_m(idade_m^*) K_{a_{ij}}$$

em que:

$f(idade_l^* idade_m^*)$ é a função de covariância para peso ou medida morfométrica medida entre as idades l e m ;

K é a ordem de ajuste do polinômio;

ϕ_l, ϕ_m são os k polinômios de Legendre para as idades l e m , respectivamente;

$K_{a_{ij}}$ são os elementos da matriz K_a das (co)variâncias entre os coeficientes da parte genética aditiva da função de (co)variância, estimados pela regressão aleatória.

$idade_l^* idade_m^*$ são as l -ésima e m -ésima idades padronizadas para o intervalo em que o polinômio foi definido.

Em notação matricial a FC pode ser descrita como:

$$\hat{G} = \Phi K_a \Phi'$$

em que:

\hat{G} é a matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios da parte genética aditiva;

Φ é matriz com os polinômios ortogonais e

K_a é a matriz das covariâncias entre os coeficientes da parte genética aditiva da FC, estimados pela regressão aleatória.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias foram obtidas usando o software WOMBAT (Meyer, 2006) que utiliza o método da máxima verossimilhança restrita (REML).

2.3. Escolha do modelo

Foram testados modelos com ordens 2, 3 e 4 do polinômio de Legendre para o efeito genético aditivo, e ordens 2 e 3 para a idade, efeitos de ambiente permanente e de família. Testou-se ainda modelos com variância residual homogênea e heterogênea,

para idades em classes, conforme descrito na Tabela 3. As classes foram formadas de forma que cada classe tivesse o mesmo tamanho em número de dias.

Tabela 3. Número de classes da variância residual (σ_e^2) usadas nas análises e seus respectivos intervalos de idade.

Nº de classes de σ_e^2	Idade (dias)
1	60 – 330
3	60 - 150
	151 - 240
	241 - 330
6	60 – 105
	106 – 151
	152 – 197
	198 – 243
	244 – 289
	290 - 330
9	60 – 90
	91 – 120
	121 – 150
	151 - 180
	181 – 210
	211 – 240
	241 - 270
	271 – 300
	301 – 330

Para a definição do modelo mais apropriado, foram utilizados dois critérios:

1º- presença de pelo menos um dos autovalores próximos de zero em valores absolutos (Nobres et al., 2003) ou menores que 1,2% em valores relativos na matriz de covariância dos coeficientes de regressão aleatória, em cada um dos efeitos aleatórios;

2º- os modelos que atendiam o 1º requisito eram comparados pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LR), em que o aumento de ordem, ou o aumento no número de parâmetros, foi considerado expressivo quando a sua inclusão causava aumento significativo no log de L (Sarmiento et al., 2006). A estatística teste (LR) é dada por:

$$LR_{ij} = 2\text{Log}L_i - 2\text{Log}L_j,$$

em que i e j são os modelos a serem comparados. A estimativa LR foi comparada ao valor do qui-quadrado (χ^2 tabelado), com o grau de liberdade sendo a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados e nível de significância a 0,01.

3. Resultados e discussão

3.1. Modelos

Considerando as características peso, comprimento total e largura os modelos mais adequados foram os que consideraram variância residual heterogênea com nove classes para o peso e comprimento e, com três classes de variância residual para a largura (Tabela 4).

Para as demais características, modelos considerando variância residual homogênea foram os que apresentaram melhor ajuste. Turra et al. (2012a) também encontraram melhor ajuste para o peso em tilápias da variedade Chitralada em modelos considerando variância residual heterogênea com 10 classes em intervalos de 14 dias.

Em todas as características estudadas, os efeitos de ambiente permanente e de família apresentaram autovalores iguais a zero nas análises de ordem três, denotando a não necessidade de aumento de ordem (Tabela 4).

Para o efeito genético, considerando apenas as características GPD e largura, mostram que o ajuste com polinômios de Legendre de ordem 3 foi suficiente, uma vez que apresentaram pelo menos um autovalor igual a zero.

Para peso, comprimento, altura e tamanho de cabeça, foi necessário aumento de ordem, sendo que para peso e comprimento o aumento para 4ª ordem, apesar de diminuir os autovalores da matriz de covariância entre os coeficientes aleatórios, não levou a aumento significativo no LogL, então, optou-se pelo modelo de ordem três. Já para altura e tamanho de cabeça o aumento para 4ª ordem no polinômio de Legendre levou a aumento significativo no LogL sendo, portanto, a ordem de ajuste mais adequada para o efeito genético para essas características (Tabela 4).

Tabela 4. Componentes de (co)variância para os coeficientes intercepto (b_0), linear (b_1), quadrático (b_2) e cúbico (b_3) da regressão aleatória, autovalores em valor absoluto (AV) e relativo (AV%) para os efeitos de genética aditiva, ambiente permanente e de família e número de classes de variância residual (σ_e^2) do modelo ajustado para todas características.

Característica	Coeficiente	Efeito									Classes de σ_e^2	
		Genético				Ambiente permanente			Família			
		b_0	b_1	b_2	b_3	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1		b_2
Peso	b_0	1061,7				1430,6			1237,2			9
	b_1	838,58	718,05			1190,2	1005,5		197,28	36,721		
	b_2	218,37	188,00	74,508		266,77	244,96	84,312	530,32	36,721	247,87	
	b_3											
	AV	1794,15	38,5	21,64		2481,68	38,74	0	1498,04	23,72	0	
	AV(%)	96,76	2,08	1,17		98,46	1,54	0	98,44	1,56	0	
Ganho em peso	b_0	0,20908				0,30869			0,1398			1
	b_1	0,32912	0,54111			0,21060	0,14428		-0,18838	0,25391		
	b_2	0,32912	0,25284	0,18522		0,070318	0,04456	0,03583	0,19065	-0,25680	0,26019	
	b_3											
	AV	0,88	0,05	0,00		0,47	0,02	0	0,65	0	0	
	AV(%)	93,73	5,78	0,49		95,86	4,14	0	99,96	0,04	0	
Altura	b_0	0,15543				0,029267			0,34504			1
	b_1	-0,004044	0,018667			0,017202	0,010197		-0,22277	0,17327		
	b_2	-0,001623	-0,000879	0,0011759		-0,003765	-0,001944	0,001339	0,092593	-0,06878	0,029128	
	b_3	-0,014278	-0,001246	0,00082118	0,002777							
	AV	0,16	0,02	0	0	0,04	0	0	0,52	0,02	0	
	AV(%)	88,11	10,54	1	0,35	97,7	2,3	0	98,85	3,9	0,25	
Cabeça	b_0	0,012072				0,097031			0,56347			1
	b_1	0,033112	0,038434			0,052559	0,032454		-0,18676	0,0063014		
	b_2	0,055551	0,016032	0,044928		-0,025935	0,0076583	0,0172	0,35857	-0,11837	0,235	
	b_3	-0,011806	-0,009869	-0,0018703	0,0033777							
	AV	0,16	0,03	0,02	0	0,13	0,01	0	0,86	0,01	0	
	AV(%)	78,22	14,0	7,72	0	90,31	9,68	0	99,28	0,61	0,11	
Comprimento	b_0	2,5616				1,8081			4,2394			9
	b_1	0,87305	0,78897			0,79467	0,38261		-1,1322	0,33195		
	b_2	-0,006841	0,079	0,00605		-0,10465	-0,0294	0,017569	1,4857	-4,40785	0,52711	
	b_3											
	AV	2,92	0,45	0,05		2,17	0,04	0	5,07	0,03	0	
	AV(%)	85,59	13,08	1,33		98,18	1,82	0	99,38	0,59	0,04	
Largura	b_0	1,1379				0,52388			0,40547			3
	b_1	0,33605	0,14350			0,17131	0,056451		-0,012812	0,082865		
	b_2	0,32699	0,066283	0,11821		0,13253	0,042675	0,03454	0,19335	-0,060491	0,12802	
	b_3											
	AV	1,33	0,07	0		0,61	0	0	0,51	0,11	0	
	AV(%)	95,15	4,7	0,14		99,76	0,23	0	82,47	17,53	0	

3.2. Componentes de (co)variância dos coeficientes da regressão aleatória

Quando os interceptos (b_0) apresentam variância genética alta, significa que há grande variabilidade genética para a característica na idade intermediária no caso, 188 dias (o intercepto de um polinômio de Legendre está no meio da escala de -1 a +1 e, portanto, é a idade que quando padronizada retorna o valor zero, sendo então o ponto médio entre a idade máxima e mínima presente no conjunto de dados). Além disso, quando o autovalor relativo (AV%) é alto, uma seleção baseada nesse coeficiente levaria a mudanças mais rápidas que se baseada em outro coeficiente, pois representa grande parte da variação genética total. Como, para todas as características, o intercepto foi responsável por mais de 78% da variância genética total (AV, Tabela 4), mudanças baseadas em alteração nesse coeficiente para todas as características levariam as mudanças mais rápidas que baseadas nos demais coeficientes.

Se os coeficientes linear e quadrático são relacionados positivamente e, portanto, a covariância entre eles é positiva, animais com maior coeficiente linear apresentam maior inclinação na trajetória de crescimento. No presente estudo, a relação entre b_0 e b_1 foi positiva para maioria das características, com exceção para o tamanho de cabeça, indicando que animais com maior tamanho de cabeça, aos 188 dias, apresentam menor aceleração no crescimento do tamanho da cabeça.

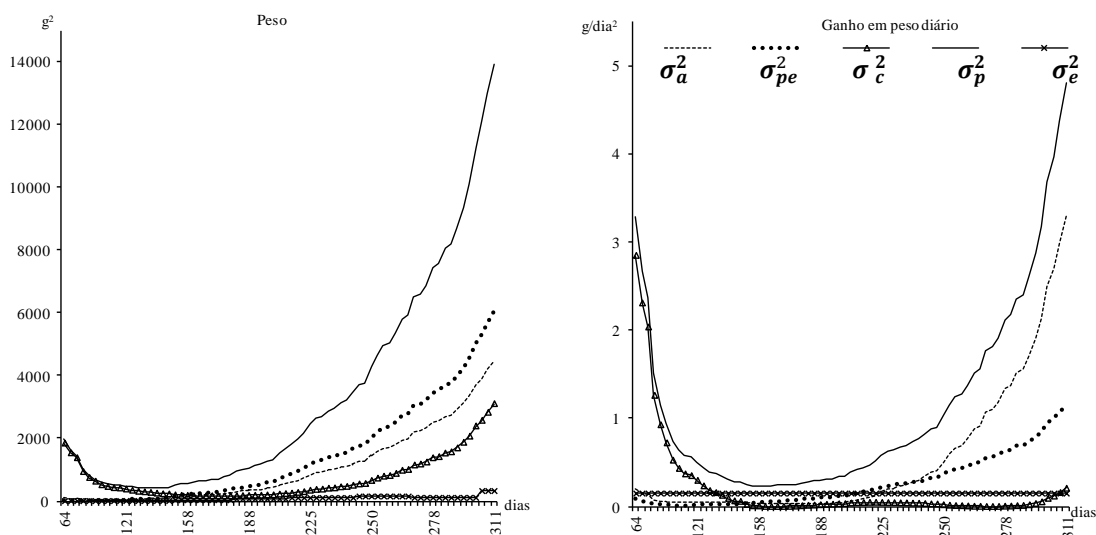


Figura 2. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para peso e o ganho em peso em função da idade, estimadas através de modelos de regressão aleatória.

3.3. Componentes de (co)variância dos efeitos aleatórios

As Figuras 2, 3 e 4 apresentam o comportamento das variâncias genético aditiva, de ambiente permanente e de família no decorrer da idade. Em geral, a variância fenotípica sofre a queda inicial até os 120 – 150 dias de idade, então, estabiliza e volta a aumentar por volta dos 220 dias.

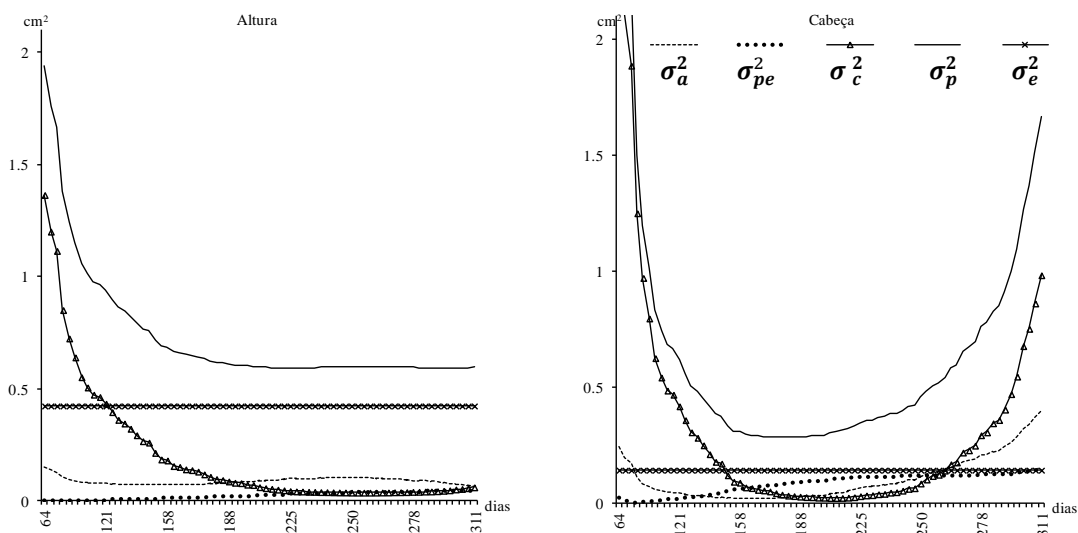


Figura 3. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para altura e cabeça em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória.

Para o peso (Figura 2), o mesmo comportamento foi observado por Rutten et al. (2005) e por Turra et al. (20012a). O comportamento da variância fenotípica para altura não seguiu esse padrão, já que há maior variação inicial, que é estabilizada aos 120 dias. Para o comprimento e largura (Figura 4), apesar de seguirem esse padrão (declínio inicial e aumento no final), há abrupta alteração na variância genética e fenotípica entre os 150 e 180 dias e entre os 150 – 250 dias, respectivamente. Possivelmente, esse aumento na variância fenotípica é causado pela entrada na maturidade sexual, que ocorre entre o 4º e 6º mês de vida, ou pela entrada e saída do inverno.

A variância residual (Figuras 2, 3 e 4) foi menor que as outras variâncias na maior parte do período avaliado, exceto a variância residual para o comprimento (Figura 4), que inicialmente foi maior que a variância genética, de família e de ambiente permanente. Essa menor variância residual possivelmente se deve ao adequado controle experimental (Turra et al., 2012a).

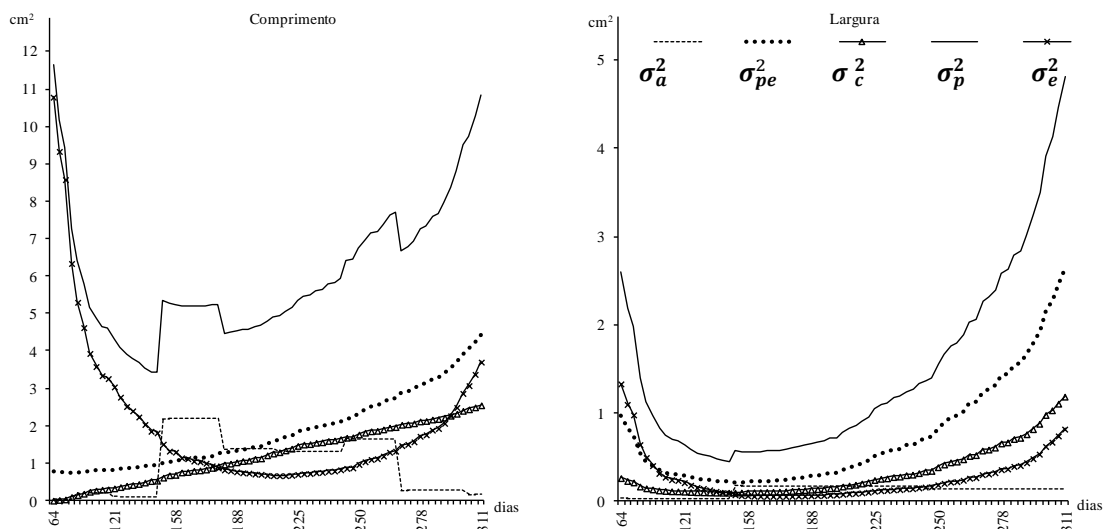


Figura 4. Variância fenotípica (σ_p^2), genética aditiva (σ_a^2), de ambiente permanente (σ_{pe}^2), de família (σ_c^2) e residual (σ_e^2) para comprimento e largura em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória.

O comportamento da variância de ambiente permanente, de família e de genética aditiva é melhor visualizado quando expressas em relação à variação fenotípica. As Figuras 5, 6 e 7 apresentam as razões entre a variância genética (h^2), de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variância fenotípica.

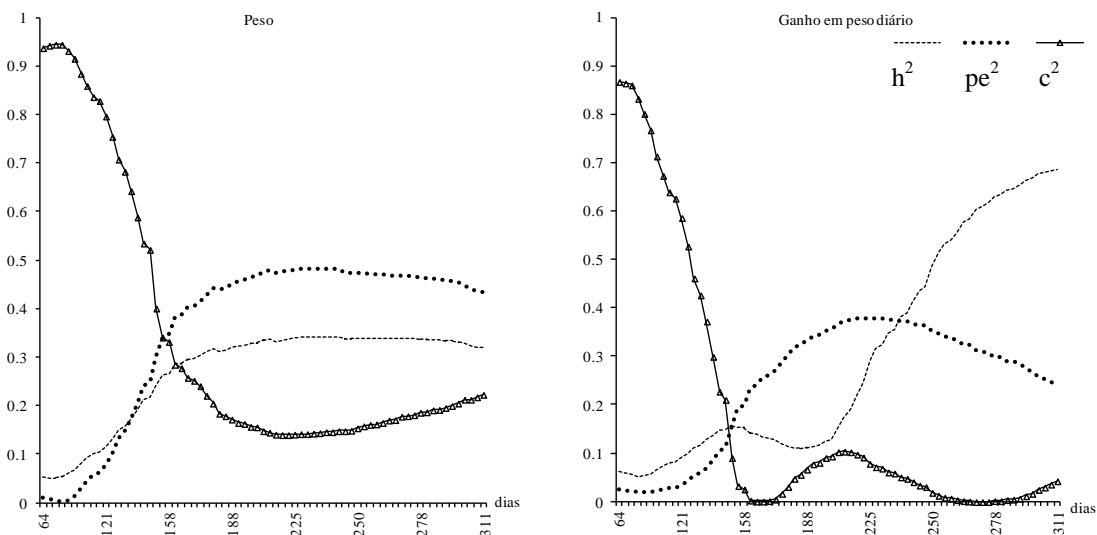


Figura 5. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para peso e ganho em peso em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória.

Observou-se que variância do efeito de família decai ao longo da vida do indivíduo em todas as características, como esperado. Para o peso (Figura 5), tal comportamento

difere do reportado por Rutten et al., (2005), que utilizando quatro linhagens de tilápias, estimaram que a variação por causa do efeito de família permanece baixa durante todo o período avaliado. Talvez por utilizar reprodução *in vitro*, tenham conseguido diminuir a variação em virtude da não permanência com a progenitora no período de incubação. Nos resultados de Turra et al. (2012a), trabalhando com a variedade Chitralada, a c^2 variou de 0,7 a 0,4 apresentando, portanto, comportamento semelhante ao obtido no presente trabalho.

Para cabeça (Figura 6), comprimento e largura (Figura 7) houve aumento da c^2 no final do período avaliado, provavelmente devido à ordem de ajuste, pois não há justificativa biológica para aumento da contribuição da variância pelo efeito de família nesse período da vida do indivíduo e, além disso, segundo Rutten et al. (2005) e Sakaguti et al. (2003), os polinômios são conhecidos por mudar a direção das estimativas nas extremidades dos dados.

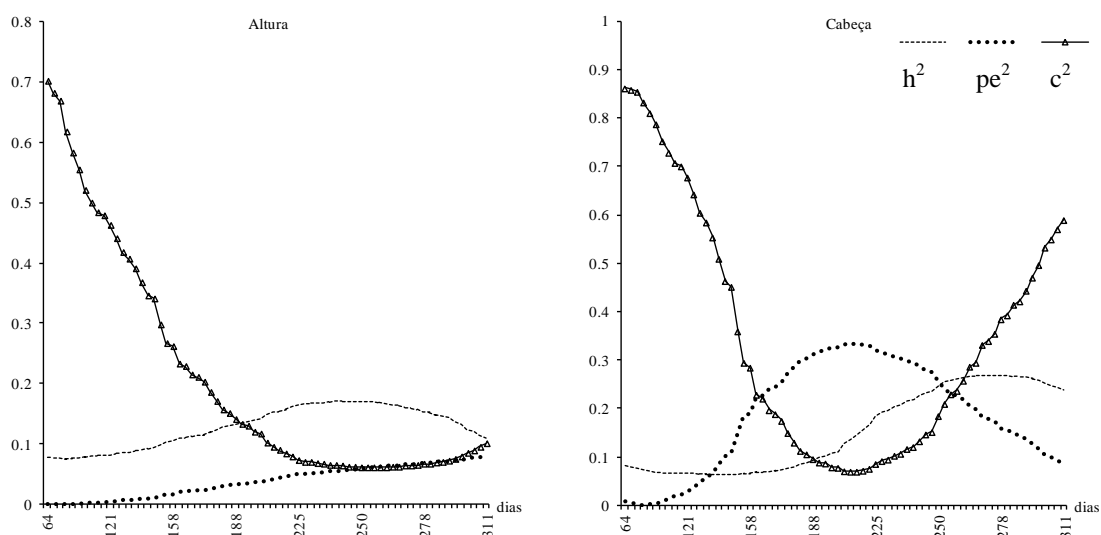


Figura 6. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para altura e cabeça em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória.

Em geral, a proporção da variância do efeito de ambiente permanente (5, 6 e 7) aumentou até os 170 dias de idade do animal, para as características avaliadas e decaindo no final do período avaliado, a não ser para o comprimento (Figura 7), em que não houve esse decréscimo. Rutten et al. (2005) encontraram esse mesmo comportamento para importância da proporção da variância de ambiente permanente em relação a variância fenotípica para o peso em tilápias. De acordo com esses autores, esforços para diminuir os efeitos ambientais precocemente são necessários, quando as

decisões sobre seleção são tomadas com base no desempenho dos animais, pois os efeitos não genéticos e/ou de ambiente comum podem causar impacto por um longo período na vida do animal.

A herdabilidade apresentou valores iniciais muito pequenos para a maioria das características ($h^2 < 0,10$). Para o peso (Figura 5), a h^2 aumentou até 0,30 aos 170 dias e então cresceu muito pouco, até chegar a 0,34 aos 240 dias e se manteve nesse patamar até o final do período avaliado. Tais resultados indicam que a seleção para peso deve ser baseada em idades superiores a 170 dias para que a resposta à seleção seja satisfatória. Resultados não muito diferentes foram reportados por Rutten et al. (2005), em que a h^2 aumentou até chegar a 0,20 aos 140 dias, alcançando seu valor máximo aos 250 dias (0,24) e decaindo até o final do período avaliado (0,15), contudo, no trabalho de et al. (2012a), a h^2 chegou a 0,52 no final do período avaliado. Para Turra et al. (2012a) esse valor de herdabilidade se deve a diminuição do efeito de família e, assim, os grupos de irmãos e meio irmãos devem ser separados o quanto antes, para que as diferenças genéticas se manifestem precocemente.

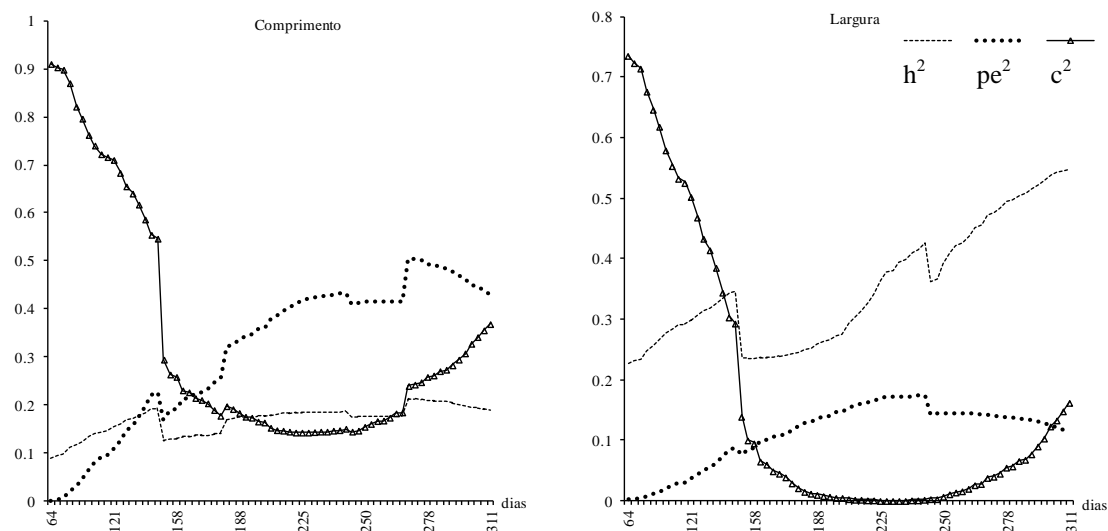


Figura 7. Herdabilidade (h^2), proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para comprimento e largura em função da idade, estimadas por meio de modelos de regressão aleatória.

Entre as características avaliadas, a maior h^2 foi encontrada para o ganho em peso (Figura 5), que aumentou até os 150 dias (0,15), apresentou então, leve queda (0,11) e cresceu linearmente até o final do período avaliado, alcançando o valor de 0,69 aos 311 dias de idade.

Para a altura (Figura 6), a h^2 foi baixa durante todo período avaliado, atingindo 0,2 aos 254 dias. Para a cabeça, a h^2 cresce discretamente até os 190 dias (0,09) e alcança 0,27 aos 270 dias, decaindo levemente até o final do período avaliado.

As variâncias fenotípica e genética, para comprimento, aumentaram por volta dos 150 aos 180 dias, no entanto, a variância genética não aumentou na mesma proporção que a fenotípica e portanto, a h^2 cai nesse período, voltando a aumentar após tal período, alcançando 0,21 aos 270 dias (Figura 7).

Dentre as características avaliadas, a largura foi a que apresentou maior valor inicial de h^2 (0,24) aumentando até os 140 dias (0,34), quando cai e só volta a atingir o mesmo valor aos 240 dias, apresentando então nova queda e, após se eleva até alcançar seu valor máximo (0,54) aos 311 dias. Esse comportamento é por causa do aumento na variância fenotípica (Figura 7), provavelmente pela chegada da maturidade sexual ou entrada e saída de inverno (150 -250 dias de idade).

De acordo com esses resultados, as características que apresentariam melhor resposta a seleção são o peso, o ganho em peso e a largura, que apresentaram valores de h^2 superiores a 0,30. A herdabilidade é em geral, usada para inferir a respeito de ganho genético, no entanto, é um preditor do valor genético e, portanto, se a seleção for baseada no valor fenotípico dos indivíduos (seleção fenotípica), ela é importante, pois expressa a confiabilidade do valor fenotípico como indicação do valor genético. Mas, se a seleção for baseada diretamente no valor genético da característica, a variabilidade genética em si é quem determina se há ou não possibilidade de ganho genético e não a sua proporção em relação à variância fenotípica total. A presença de variância genética indica que ganho genético pode ser alcançado (Ponzoni et al., 2005). Assim, mesmo que a herdabilidade seja baixa, como na maioria das características avaliadas no presente estudo, a variabilidade genética que aumenta no final do período avaliado para a maioria das características pode ser indicativo de que ganhos genéticos são possíveis.

3.4. Correlações genéticas

As Figuras 8, 9 e 10, apresentam as correlações genéticas entre as diversas idades. Observa-se que a correlação aumenta com a proximidade, ou seja, idades mais próximas são mais correlacionadas. Em geral, correlações genéticas para os 300 dias e outras idades são maiores quando próximas aos 200 dias de idade, indicando que seleções em idades menores que 200 dias não levarão a ganhos genéticos correlacionados na

característica aos 300 dias, a não ser para largura, em que correlações altas foram obtidas entre idades finais e iniciais.

Para o peso (Figura 8), idades acima de 160 dias, apresentam correlação genética maiores com idades mais avançadas, sugerindo que, se o objetivo da seleção for peso ao final do período de cultivo, a seleção deve se basear como critério em idades superiores a 160 dias. Resultados semelhantes foram obtidos por Turra et al. (2012a), no entanto, como o período que eles avaliaram foi menor (106 – 245) que o utilizado no presente trabalho (64 – 311), as correlações por eles encontradas foram maiores. Rutten et al. (2005) utilizaram um período mais parecido com o do presente trabalho (100 – 325) e reportaram que a correlação genética com os 325 dias passa a ser maior que 0,8 aos 175 dias.

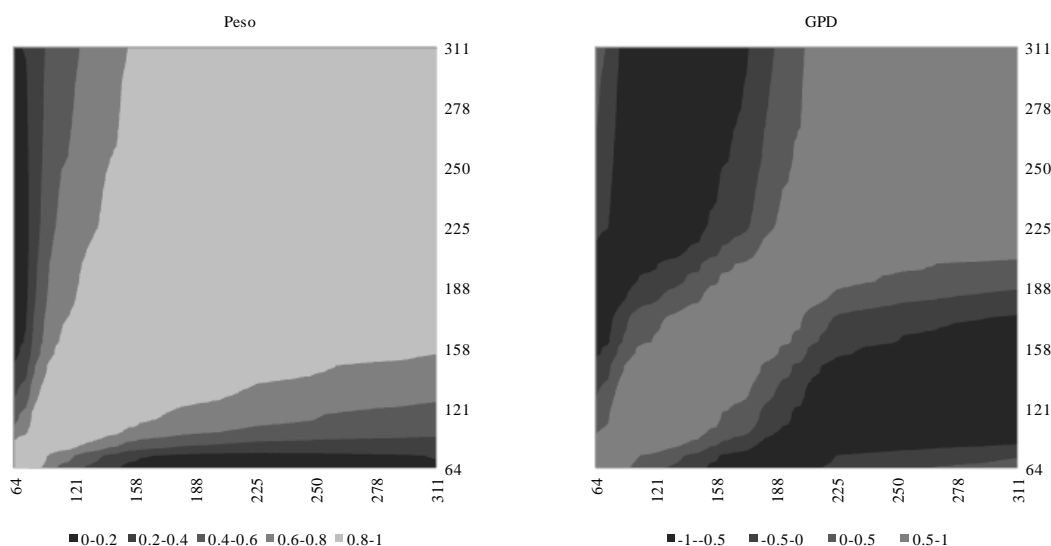


Figura 8. Correlação genética entre as diversas idades para peso e ganho em peso (GPD) estimada por meio de modelos de regressão aleatória.

O peso comercial da tilápia está entre 500 g (Paiva et. al., 2008) e 600 g (Rutten et al., 2005) apesar de haver mercado para animais maiores (600-850g) (Nogueira & Rodrigues, 2007). Uma vez que os indivíduos estão aptos a se reproduzirem por volta do 4º e 6º mês de vida (120 e 180 dias de idade) (Kubtza, 2000), os pais da próxima geração poderiam ser escolhidos ao entrarem na maturidade sexual, diminuindo o intervalo entre gerações e os custos com biometrias posteriores. Em regiões de clima temperado, como no sul do Brasil, onde os animais foram criados, a seleção precoce não diminuiria o intervalo entre gerações, uma vez que temperaturas frias são limitantes à

reprodução da tilápia. Nesses locais, seleção precoce seria útil apenas para diminuir gastos com biometrias posteriores.

Como a herdabilidade para o peso é maior após os 160 dias de idade e a correlação entre o peso aos 300 dias e peso aos 160 dias é maior que 0,80, conclui-se que o peso em idades superiores aos 160 dias, pode ser critério de seleção quando o objetivo da seleção é peso aos 300 dias.

Para o ganho em peso (Figura 8), correlações genéticas positivas foram encontradas entre 300 dias e idades superiores a 200 dias, porém, como a h^2 é maior no final do período avaliado, seleção em idades inferiores não são tão vantajosas quanto se realizada aos 300 dias.

Para altura (Figura 9) e comprimento (Figura 10), as correlações genéticas para 300 dias de idade passam ser maiores que 0,80 após 190 – 200 dias de idade. Assim, a seleção em idades superiores aos 200 dias levaria a ganho genético semelhante ao obtido se a seleção fosse baseada na característica aos 300 dias, no entanto, seriam ganhos discretos, uma vez que as h^2 foram de baixa magnitude em todo período avaliado.

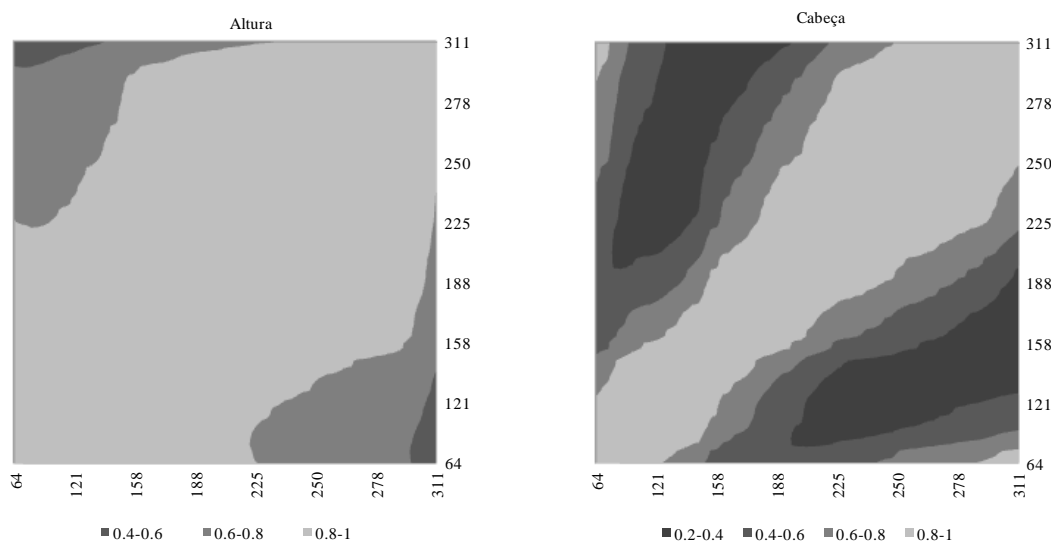


Figura 9. Correlação genética entre as diversas idades para altura e tamanho de cabeça estimada por meio de modelos de regressão aleatória.

As correlações genéticas para o tamanho de cabeça aos 300 dias são maiores que 0,8 para idades acima de 250 dias (Figura 9). Caso a intenção em processo de seleção fosse diminuir o tamanho de cabeça e, sendo a maior h^2 encontrada aos 270 dias, a

seleção baseada nessa idade é a que levaria a maior ganho genético no tamanho de cabeça aos 300 dias.

Para a largura (Figura 10), as correlações genéticas obtidas foram altas entre todas as idades, menos para as idades entre 160 - 260 e 60 - 70 dias de idade. Como a h^2 para a largura é moderada a alta em todo período estudado, a seleção baseada em qualquer idade também levaria a ganho genético na largura aos 300 dias.

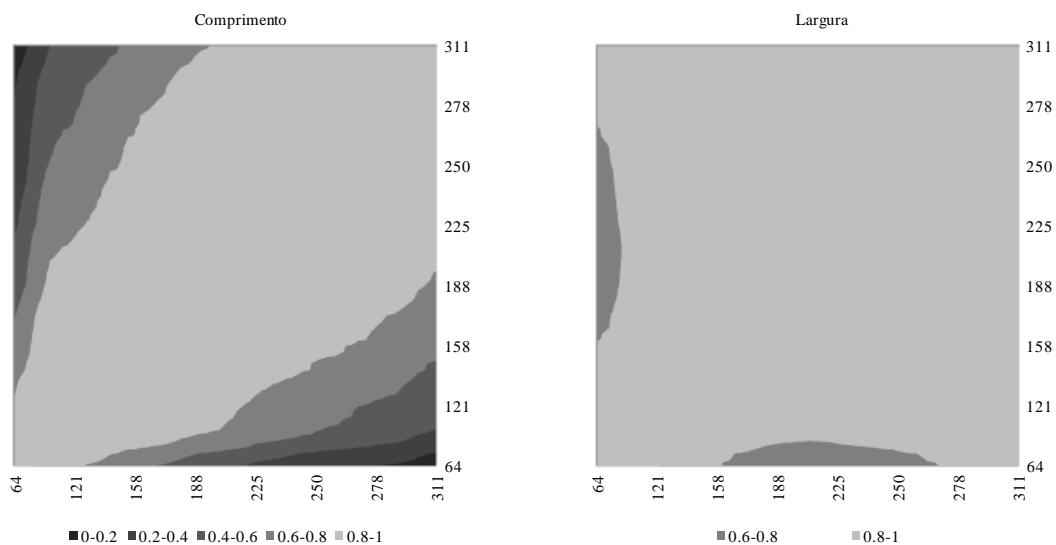


Figura 10. Correlação genética entre as diversas idades para comprimento total e largura estimada por meio de modelos de regressão aleatória.

4. Conclusões

As estimativas de herdabilidade foram de baixa a moderada magnitude e aumentaram ao longo do período avaliado, sugerindo que seleção em maiores idades proporciona maiores ganhos genéticos. As maiores herdabilidades foram para ganho em peso e largura, indicando que os maiores ganhos seriam obtidos se essas características fossem utilizadas como critério de seleção. As altas correlações genéticas entre idades superiores aos 200 dias de idade denotam a possibilidade de se utilizar como critério de seleção, idades pouco menores que as usuais (300 dias) sem diminuir o ganho genético.

Referências

- FAO 2012. Food and Agriculture Organization. The state of world fisheries and aquaculture 2012. Rome, 2012. ISBN 978-92-5-107225-7.
- KUBITZA, F. 2000. Tilápia: tecnologia e planejamento na produção comercial. Jundiaí. pp 285
- Lourenço, D.A.L.; Maia, F.M.C.; Martins, E.N. 2010. Regressão aleatória: ferramenta quantitativa para uma melhor utilização da genética animal, in: Martin, T. N. et al. (Eds.), Sistemas de Produção Agropecuária. UTFPR, Dois Vizinhos, pp.177-201.
- McKay, L.R., Schaeffer, L.R., McMillan, I., 2002. Analysis of growth curves in rainbow trout using random regression. Proc. 7th WCGALP, Communication n° 06–11.
- Meyer, K. 2006. WOMBAT—A Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. User Notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale.
- Nobre, P.R.C., Misztal, I., Tsuruta, S., Bertrand, J.K., Silva, L.O.C., Lopes, P.S., 2003. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. J. Anim. Sci. 81, 918–926.
- Nogueira, A. C.; Rodrigues, T. 2007. Criação de tilápias em tanques-rede. Sebrae, Salvador-Bahia. pp 23.
- Oliveira, N.S. 2011 Parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*). Dissertação (Mestrado em Produção Animal)- Universidade Estadual de Maringá. Maringá. March, 2011. pp 45.
- Paiva, P.; Pinto, C.S.R.M.; Verani, J.R.; Silva, A.L. 2008. Produção da tilápia tailandesa *Oreochromis niloticus*, estocada em diferentes densidades em tanques-rede de pequeno volume instalados em viveiros de piscicultura povoados ou não com a mesma espécie. Bol. Inst. Pesca 34(1), 79 – 88.
- Ribeiro, R.P. 2001. Espécies exóticas, in: Moreira, H.L.M; Vargas, L.;Ribeiro, R.P.; Zimmermann, (Eds.). Fundamentos da moderna Aquicultura. Ed. ULBRA, Canoas, pp 91-121.
- Rutten, M.J.M.; Komen, H.; Bovenhuis, H. 2005. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. Aquaculture. 246, 101–113.
- Sakaguti, E.S.; Silva, M.A.; Quaas, R.L.; Martins, E.N.; Lopes, P.S.; Silva, L.O.C. 2003. Avaliação do Crescimento de Bovinos Jovens da Raça Tabapuã, por Meio de Análises de Funções de Covariâncias. R. Bras. Zootec. 32, 864-874.
- Sarmiento, J.L.R.; Torres, R.A; Sousa, W.H; Pereira, C.S; Lopes, P.S; Breda, F.C. 2006. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., 58, 581-589.
- Souza, M.L.R. 2001. Industrialização, comercialização, e perspectivas, in: Moreira, H.L.M; Vargas, L.;Ribeiro, R.P.; Zimmermann, (Eds.). Fundamentos da moderna Aquicultura. Ed. ULBRA, Canoas, pp 200.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Valente, B.D.; Teixeira, E.A.; Prado, S.A.; Melo, D.C.; Fernandes, A.F.A.; Alvarenga, E.R.; Silva, M.A. 2012a. Estimation of genetic parameters for body weights of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* using random regression models. Aquaculture. 354–355, 31–37.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Valente, B.D.; Teixeira, E.A.; Prado, S.A.; Alvarenga, E.R.; Melo, D.C.; Felipe, V.P.S.; Fernandes, A.F.A.; Silva, M.A. 2012b. Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. Aquaculture. 356-357, 381–390.

IV- Estimaco de parâmetros genéticos e correlaces genéticas para ganho em peso e características morfométricas em tilápias do Nilo utilizando modelos de regresso aleatria em análises bicaracterísticas.

RESUMO: Objetivou-se neste trabalho, estimar parâmetros genéticos para peso, ganho em peso diário (GPD) e características morfométricas em tilápias do Nilo da variedade GIFT através de análises bicaracterísticas por meio de modelos de regresso aleatria. Testou-se diversas ordens do polinmio de Legendre, para os efeitos aleatrios e modelos com 1, 3,6 e 9 classes de variância residual. Para a definio do modelo mais apropriado, utilizou-se o teste da razo da Mxima verossimilhana comparando os modelos que apresentassem pelo menos um dos autovalores prximos de zero em cada um dos efeitos. Polinmios de Legendre de ordem 2 foram utilizados para modelar os efeitos genético, de ambiente permanente e de famlia para o peso e cabea. Para altura, comprimento e largura os melhores modelos foram os de ordem 3 para todos efeitos aleatrios. Os modelos de melhor ajuste foram aqueles que consideraram heterogeneidade do resduo, com nove classes para a largura e seis classes de variância residual para as demais características Para o peso a maior herdabilidade foi observada por volta dos 290 dias (0,28), para a altura aos 204 dias (0,54), para cabea aos 150 dias (0,41), para o comprimento aos 158 dias (0,25) e aos 211 dias para a largura (0,74). Em geral, a herdabilidade para o ganho em peso superou a herdabilidade das características morfométricas. As correlaces entre as características morfométricas e o ganho em peso apresentaram valores maiores que 0,9 aps os 120 dias. Apenas a correlaco genética entre o peso e o ganho em peso apresentou valor negativo no incio do perodo avaliado, porm apresentou um rpido crescimento e, aos 120 dias a correlaco j era superior a 0,9. Conclui-se que a seleo baseada em qualquer uma das características morfométricas avaliadas, causaria impacto na mesma direo no ganho em peso. No entanto, no caso de seleo fenotpica, se a característica ganho em peso fosse utilizada como critrio de seleo levaria a ganho genético mais rpido, sendo a característica que apresentou as herdabilidades mais altas.

Palavras-chave: variedade GIFT; herdabilidade; polinmios de Legendre; dados longitudinais

IV- Genetic parameters for body weight gain and body measurements for Nile tilapias by bi character analysis in random regression models

ABSTRACT: The aim of the current study was to estimate genetic parameters for weight gain and body measurements. in Nile tilapia-GIFT strain by g random regression models. It was tested several orders of Legendre polynomial for random effects and models with 1, 3, 6 and 9 classes of residual variance. The best fit was defined considering the presence at least one eigenvalue close to zero in each of the random effects, beyond, it was used the ratio test of Maximum Likelihood. Legendre polynomial of second order was used for fitting genetic, permanent environmental and family effects of weight and head and third order polynomials were used to fit all the effect for the other traits. For all traits the best fit was the one that considered residue heterogeneity with 9 age's classes for width and 6 age's classes for others traits. The highest heritability was 0.28 at 290 days for weight, 0.54 at 204 days for height, 0.41 at 150 days for head, 0.25 at 158 days for length and 0.74 at 211 days for width. Generally, heritability for weight gain was greater than for body measurements. The correlations between body measurements and weight gain were higher than 0.9 after 120 days. Just genetic correlation between weight and weight gain showed a negative genetic correlation in the beginning of the period, but showed rapid growth, and at 120 days the correlation was greater than 0.9. Thus, selection based on any evaluated body measurements traits should cause impact on weight gain, however, as the weight gain showed the highest heritability, the selection based on gain weight would lead to faster genetic gain.

Key Words: GIFT strain; genetic correlation; Legendre polynomials; longitudinal data

1. Introdução

Características morfométricas, quando geneticamente correlacionadas com rendimento e peso de filé, permitem aos programas de melhoramento genético, sua inclusão como critério para alcançar o objetivo de grande interesse para as indústrias de processamento e, além disso, a utilização dessas características beneficiaria programas que optam por gerar informação a partir de estrutura de parentesco, evitando o sacrifício dos animais que poderiam ter alto valor genético (Turra et al., 2010), pois não seria necessário o abate para obtenção do rendimento do filé, uma vez que as características morfométricas seriam usadas como critério de seleção.

As características morfométricas tem sido o objetivo de diversas pesquisas (Rutten et al., 2004; Rutten et al., 2005b; Leonhardt et al., 2006; Silva et al., 2009) pois, assim como o peso corporal, podem fornecer parâmetros passíveis de serem explorados em programas de melhoramento genético.

Geralmente, o objetivo da seleção é escolher para pais das próximas gerações indivíduos que, ou tenham maior peso ao abate ou que apresentem taxa de crescimento acelerada fazendo com que o indivíduo alcance o peso ideal para abate mais rapidamente. No entanto, o critério de seleção não precisa ser necessariamente o mesmo que o objetivo da seleção, desde que as características usadas como critérios sejam correlacionadas favoravelmente com a característica alvo de seleção. Diversos autores comprovam correlação entre características morfométricas com características de rendimento. Nguyen et al. (2010) observaram correlações genéticas superiores a 0,78 entre peso do filé e características morfométricas (peso do corpo, comprimento, altura e largura). Rutten et al (2005b) observaram que a porcentagem de cabeça apresenta correlação negativa com o peso do corpo e comprimento assim, como comprovado por Freato et al. (2005) a porcentagem de cabeça influencia negativamente no peso de abate. Assim, é de fundamental importância avaliar a correlação entre características de desempenho que possam vir a ser utilizadas como critério de seleção. Segundo Schaeffer (2004)

Dados mensurados diversas vezes em um mesmo indivíduo são chamados de dados longitudinais, e devem ser avaliados de forma que as (co)variâncias entre as diversas mensurações sejam consideradas. Para Lourenço et al. (2010) os estudos envolvendo

modelos de regressão aleatória (MRA) até agora realizados indicam que esta metodologia pode contribuir fortemente com o processo de aceleração do progresso genético em bovinos de corte e leite, aves, suínos, peixes, caprinos, ovinos e outras espécies economicamente importantes, por permitir que estimativas de parâmetros e valores genéticos sejam mais acuradas, ou melhor, mais próximas do valor real e por possibilitar o início do processo de seleção em idades mais precoces.

Segundo Schaeffer (2004) um modelo de regressão aleatória multicaracterística poderia explicar as mudanças na variância genética e residual em cada característica permitindo que ambas as características e a relação entre elas variem ao longo do tempo.

Assim, objetivou-se relacionar o peso e características morfométricas com o ganho em peso, a fim de se estimar parâmetros genéticos e a correlação entre o ganho em peso diário e as demais características ao longo do tempo por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.

2. Material e Métodos

2.1. Experimento

Utilizou-se um conjunto de dados cedido pelo grupo de pesquisa PeixeGen contendo informações de uma geração de 33 grupos de irmãos completos e meio-irmãos, produzidos na Estação Experimental de Piscicultura de Maringá, UEM/CODAPAR, no município de Floriano – PR. Os indivíduos são provenientes de acasalamento entre 180 tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) da variedade GIFT, sendo 60 machos e 120 fêmeas. Quando a fêmea apresentava sinais de desova eminente, colocava-se o macho junto dela. Após a desova, retirava-se o macho e deixavam os ovos junto a fêmea, até que, quando alevinos, foram transferidos para outro tanque, colocados em hapas em diferentes lugares do tanque. Quando atingiam em média 20 gramas, esses animais eram identificados individualmente com microchip (*Passive Integrated Transponder Tags*) implantado na cavidade abdominal, e então transportados para um sistema de produção em tanques-rede com 4 m³ de área útil (2,0x2,0x1,7m) no Rio do Corvo, município de Diamante do Norte – PR.

As características morfométricas, de peso e ganho em peso (GPD) são resultantes de cinco biometrias individuais: a primeira realizada no momento da chipagem e as

restantes realizadas em intervalos de aproximadamente 30 dias durante o outono e inverno de 2009 (período de produção). As cinco biometrias resultaram em um banco de dados com 8.590 informações provenientes de 1.718 animais e, totalizando 1.815 animais na matriz de parentesco. No momento das medições eram anotadas as informações de sexo, idade, além das informações de identificação individual. Além do peso (gramas), as características morfométricas avaliadas foram:

- Tamanho de cabeça (cm): tomada do início da boca até a abertura do opérculo;
- Largura (cm): medida na inserção da nadadeira dorsal;
- Altura (cm): a distância entre as nadadeiras dorsal e peitoral;
- CT- Comprimento total (cm): correspondente a distância do início da boca até a inserção da nadadeira caudal, como demonstrado na Figura 1.

Foram utilizados ictiômetros para mensurar o comprimento total (CT) e paquímetros para altura, largura e tamanho de cabeça.

As estatísticas descritivas do banco de dados utilizados estão apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

Tabela1. Número de animais avaliados e idades mínima, média e máxima desses indivíduos em cada uma das cinco biometrias

Biometria	N° de animais	Idade		
		Mínima	Média	Máxima
1	1718	64	117	142
2	1718	118	171	196
3	1718	158	211	236
4	1718	204	257	282
5	1718	233	286	311

Tabela2. Média e respectivo desvio padrão do peso, ganho em peso diário (GPD), altura, comprimento (CT) e largura em cada uma das cinco biometrias.

Biometria	Médias					
	Peso (g)	GPD (g/dia)	Altura (cm)	Cabeça (cm)	CT. (cm)	Largura (cm)
1	23,1 ± 7,4	0,2 ± 0,1	2,7 ± 1,1	2,1 ± 0,4	10,1 ± 0,3	1,1 ± 0,4
2	79,2 ± 24,3	1,0 ± 0,4	4,8 ± 1,5	3,9 ± 0,5	15,1 ± 0,3	2,3 ± 0,4
3	126,0 ± 39,6	1,2 ± 0,4	5,7 ± 1,7	4,1 ± 1,1	18,2 ± 0,5	2,3 ± 0,5
4	190,7 ± 60,5	1,4 ± 0,6	6,5 ± 2,1	5,1 ± 0,8	21,0 ± 0,4	3,1 ± 0,6
5	263,01 ± 82,8	2,5 ± 1,0	7,2 ± 2,3	5,8 ± 0,9	23,5 ± 0,4	3,2 ± 0,6

A permanência dos ovos na boca da mãe em espécies de Tilápias do Nilo (Gênero *Oreochromis*) caracteriza o primeiro efeito comum de ambiente, usualmente chamado

de efeito de família. Mais tarde esse efeito pode ser a fase de criação até a identificação do indivíduo ou o período de criação até que sejam coletados números iguais de representantes por família. Em famílias de irmãos completos, possivelmente a variância devido a efeitos maternos pode ser absorvida pelo efeito aleatório de família (Rutten et al., 2005a). Portanto, é necessário considerar tal efeito, pois compreende o período desde que as larvas permaneciam com a progenitora até serem levados para o sistema de criação em tanques-rede, o que em alguns casos chegou a quatro meses de idade.

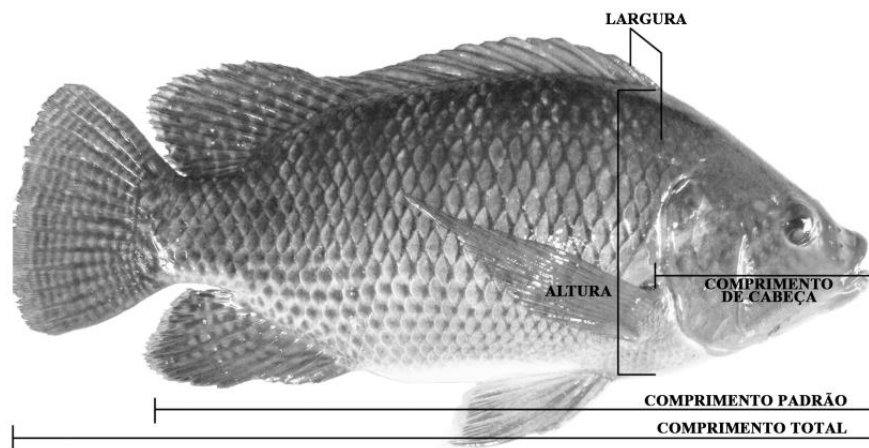


Figura 11. Ilustração das mensurações das características morfológicas em tilápias do Nilo. Oliveira (2011).

4.1. Regressão aleatória

Seguindo a metodologia de modelos de regressão aleatória (MRA) no contexto de modelos lineares mistos, o modelo adotado foi:

$$Y_{ijl} = F_l + \sum_{m=0}^{k-1} b_m \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} a_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} p_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k-1} c_{im} \phi_m(idade_{ij}^*) + e$$

em que:

Y_{ijl} é a característica (peso, ganho em peso, altura, cabeça comprimento ou largura) mensurada no animal i na idade j ;

F_l são os efeitos fixos de sexo e tanque-rede;

b_m é o m -ésimo coeficiente de regressão fixo;

a_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatório do efeito genético aditivo;

p_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatório do efeito de ambiente permanente no animal i ;

c_{im} é o m -ésimo coeficiente de regressão aleatório do efeito comum de família;

e é o erro associado a cada observação,

ϕ_k é o k -ésimo polinômio de Legendre de ordem k , e

$idade_{ij}^*$ é a j -ésima idade padronizada em que o peso foi observado no animal i .

O k -ésimo polinômio de Legendre de ordem k apresenta a seguinte fórmula

$$\phi_k(idade_{ij}^*) = \frac{1}{2^k} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{[k/2]} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (idade_{ij}^*)^{k-2m}$$

em que:

$idade_{ij}^*$ é a j -ésima idade padronizada (necessária para manter a propriedade de ortogonalidade entre -1 e 1) em que a característica foi observado no animal i , sendo:

$$idade_{ij}^* = \frac{2(idade_i - idade_{min})}{idade_{max} - idade_{min}} - 1;$$

Em que $idade_i$ é idade na ocasião da observação, $idade_{min}$ e $idade_{max}$ são as idades mínimas e máximas, existentes nos dados e os colchetes, $[.]$, sobre o somatório indicam que o número em seu interior é arredondado para baixo, admitindo-se o valor inteiro mais próximo (Sakaguti et al., 2003).

Em notação matricial, o modelo de regressão aleatória, pode ser representado por:

$$Y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2p + Z_3c + \varepsilon$$

em que:

Y é o vetor dos valores observados para peso, ganho em peso, altura, cabeça comprimento ou largura;

X é a matriz dos efeitos fixos de sexo e tanque-rede (4 níveis);

α é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito genético;

p é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente no indivíduo;

c é o vetor dos coeficientes de regressão aleatória do efeito comum de família (105 níveis);

Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência do efeito genético, de ambiente permanente e de família, respectivamente e

ε é o vetor dos erros aleatórios.

Foram assumidas as pressuposições de que $E(Y) = X\beta$, $E(a) = E(p) = E(\varepsilon) = 0$ e $Var(a) = A \otimes K_a$, $Var(p) = I \otimes K_p$, $Var(c) = I \otimes K_c$ e $Var(e) = R$, sendo K_a a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória da parte genética, A a matriz de parentesco, K_p a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito de ambiente permanente, K_c a matriz de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatória do efeito de família, I uma matriz identidade e \otimes o produto de Kronecker.

Os efeitos aleatórios de genética aditiva, de ambiente permanente e de família possuem diferentes estruturas de covariância. A estimação de covariâncias entre os coeficientes da regressão aleatória produz estimativas de funções de covariâncias. As funções de covariância para o efeito genético são calculadas por:

$$f(idade_l^* idade_m^*) = \sum_{l=0}^{k-1} \sum_{m=0}^{k-1} \phi_l(idade_l^*) \phi_m(idade_m^*) K_{a_{ij}}$$

em que:

$f(idade_l^* idade_m^*)$ é a função de covariância para peso ou medida morfométrica medida entre as idades l e m ;

K é a ordem de ajuste do polinômio;

ϕ_l , ϕ_m são os k polinômios de Legendre para as idades l e m , respectivamente;

$K_{a_{ij}}$ são os elementos da matriz K_a das (co)variâncias entre os coeficientes da parte genética aditiva da função de (co)variância, estimados pela regressão aleatória.

$idade_l^* idade_m^*$ são as l -ésima e m -ésima idades padronizadas para o intervalo em que o polinômio foi definido.

Em notação matricial a FC pode ser descrita como:

$$\hat{G} = \Phi K_a \Phi'$$

em que:

\hat{G} é a matriz de covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios da parte genética aditiva;

Φ é matriz com os polinômios ortogonais e

K_a é a matriz das covariâncias entre os coeficientes da parte genética aditiva da FC, estimados pela regressão aleatória.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias foram obtidas em análises bicaráter combinando o ganho em peso com as demais características e usando o software WOMBAT (Meyer, 2006) que utiliza o método da máxima verossimilhança restrita (REML).

2.2. Escolha do modelo

Foram testados modelos com ordens 2, 3 e 4 do polinômio de Legendre para o efeito genético aditivo, e ordens 2 e 3 para a idade, efeitos de ambiente permanente e de família. Testou-se ainda modelos com variância residual homogênea e heterogênea, para idades em classes, conforme descrito na Tabela 3. As classes foram formadas de forma que cada classe tivesse o mesmo tamanho em número de dias.

Para a definição do modelo mais apropriado, foram utilizados dois critérios:

1º- presença de pelo menos um dos autovalores próximos de zero em valores absolutos (Nobres et al., 2003) ou menores que 1,2% em valores relativos na matriz de covariância dos coeficientes de regressão aleatória, em cada um dos efeitos aleatórios.

2º- os modelos que atendiam o 1º requisito eram comparados pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LR), em que o aumento de ordem, ou o aumento no número de parâmetros, foi considerado expressivo quando a sua inclusão causava aumento significativo no log de L (Sarmiento et al., 2006). A estatística teste (LR) é dada por:

$$LR_{ij} = 2\text{Log}L_i - 2\text{Log}L_j,$$

em que i e j são os modelos a serem comparados. A estimativa LR foi comparada ao valor do qui-quadrado (χ^2 tabelado), com o grau de liberdade sendo a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados e nível de significância a 0,01.

Tabela 3. Classes de variância residual (σ_e^2) usadas nas análises.

Nº de classes de σ_e^2	Idade (dias)
1	60 – 330
	60 – 150
3	151 – 240
	241 – 330
	60 – 105
6	106 – 151
	152 – 197
	198 – 243
	244 – 289
	290 - 330
	60 – 90
9	91 – 120
	121 – 150
	151 - 180
	181 – 210
	211 – 240
	241 - 270
	271 – 300
	301 – 330

3. Resultados e discussão

3.1. Modelos

Para todas as análises, a covariável ajustada com ordem de polinômio de Legendre de ordem 3, apresentou aumento significativo no LogL quando comparado a modelos

com ordem 2. Nas matrizes de (co)variância entre os coeficientes em todos os efeitos aleatórios utilizando polinômios de Legendre de ordem 2 ou 3, observou-se autovalores muito próximos de zero, denotando a não necessidade de aumento na ordem (Nobre et al., 2003).

No entanto, o aumento de ordem de 2 para 3, causou um aumento significativo no LogL para as características altura, comprimento e largura. Assim, considerando análises bicaráter combinando o ganho em peso diário com altura, comprimento e largura, polinômios de ordem 3 para os efeitos aleatórios foram os que apresentaram melhor ajuste.

Os melhores ajustes foram obtidos em modelos considerando variância heterogênea com nove classes para largura e seis classes para altura e comprimento. Para o peso e cabeça polinômios de ordem 2 foram suficientes para ajustar os efeitos aleatórios e ambas as características apresentaram melhor ajuste considerando variância residual heterogênea com seis classes de idade (Tabela 4).

3.2. Componentes de (co)variância dos efeitos aleatórios

Em geral, a proporção da participação da variância de ambiente permanente (pe^2) na variância fenotípica total aumenta com o tempo, com exceção para o peso, em que a proporção da variância de ambiente permanente se apresentou quase que constante e de pequena magnitude durante todo o tempo avaliado (Figura 2). O comportamento da proporção da variância de ambiente permanente sofre queda brusca aos 197 dias e volta a aumentar por volta dos 250 dias. Enquanto há essa queda na variância de ambiente permanente, há aumento na herdabilidade. Essa idade coincide com a entrada e saída do inverno e pode ser que essa variação ambiental permita que as diferenças genéticas sejam melhor observadas nesse período.

A proporção da variância de família em relação a variância fenotípica, exceto para o peso, foi muito pequena em todas as características. Rutten et al. (2005b) e Nguyen et al. (2010) encontraram valores muito próximos aos aqui reportados (0,04 a 0,08), para a proporção da variância de família para peso e características morfométricas em tilápias com idade média de 426 dias e 180 dias, respectivamente.

Comparando a herdabilidade de todas as características, exceto a largura, em análises bicaráter com o ganho em peso, a herdabilidade do ganho em peso foi, em geral, maior que as demais características (Figura 3).

Tabela 4. Componentes de (co)variância para os coeficientes intercepto (b_0), linear (b_1), quadrático (b_2) da regressão aleatória, autovalores relativo (AV%) para os efeitos de genética aditiva, ambiente permanente e de família e número de classes de variância(σ_e^2).

Característica.	Coeficiente	Efeito																		Classes de σ_e^2
		Genético						Ambiente permanente						Família						
		GPD		Característica.				GPD		Característica				GPD		Característica .				
	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1	b_2	b_0	b_1	b_2		
GPD	b_0	0,02					0,16						0,07							
	b_1	0,01	0,02				0,07	0,05					0,05	0,04						
	b_2																			
Peso	b_0	1,92	0,69		208		13,10	5,30		1154,0			6,32			520,4				
	b_1	1,94	0,64		161	193	11,20	5,40		935,8	823,1		2,11			169,3	107,1			
	b_2																			
	AV(%)	90,2	9,7		0	0	98,0	1,9		0	0		92,6	7,4		0	0			
GPD	b_0	0,32					0,006						0,56							
	b_1	0,26	0,22				0,004	0,003					-0,008	0,03						
	b_2	0,04	0,03	0,02			0,001	0,001	0,0008				0,56	-0,1	0,56					
Altura	b_0	0,48	0,38	0,05	0,77		0,004	0,003	0,0008	0,004			0,66	-0,02	0,65	0,80				
	b_1	0,26	0,23	0,02	0,40	0,25	0,005	0,004	0,001	0,003	0,006		-0,33	0,05	-0,33	-0,41	0,263			
	b_2	0,007	0,01	0,01	-0,003	0,0002	0,01	0,003	0,002	0,0009	0,002	0,003	0,002	0,31	-0,01	0,31	0,375	-0,207	0,18	
	AV(%)	94,9	2,9	2	0,08	0,04	0	88,8	5,4	3,6	1,0	0,7	0,3	94,3	4,0	0,8	0,6	0,11	0,01	
GPD	b_0	0,21					0,005						0,07							
	b_1	0,15	0,12				0,004	0,0046					-0,03	0,03						
	b_2																			
Cabeça	b_0	0,24	0,18		0,29		0,003	0,003		0,036			0,15	-0,08		0,33				
	b_1	0,11	0,09		0,13	0,07	0,009	0,008		0,007	0,017		-0,07	0,04		-0,14	0,07			
	b_2																			
	AV(%)	96,6	3,0		0,24	0,08	96,61	1,88		1,3	0,21		96,39	3,07		0,44	0,11			
GPD	b_0	0,3					0,009						0,31							
	b_1	0,25	0,22				0,007	0,006					0,07	0,051						
	b_2	0,04	0,03	0,015			0,001	0,0015	0,0013				0,31	0,06	0,33					
CT	b_0	1,32	1,07	0,120	6,28		0,005	0,006	-0,0001	0,04			1,21	0,26	1,21	4,755				
	b_1	0,66	0,57	0,078	2,74	1,64	0,013	0,0012	0,002	0,003	0,02		-0,32	-0,02	-0,34	-1,28	0,45			
	b_2	0,02	0,03	0,029	-0,537	0,026	0,078	0,009	0,007	0,001	0,02	0,013	0,009	0,448	0,08	0,46	1,722	-0,5	0,65	
	AV(%)	94,1	4,6	1,12	0,05	0,01	0,01	58,1	39,25	1,58	0,88	0,13	0,06	97,1	2,1	0,56	0,13	0,09	0	
GPD	b_0	0,26					0,009						0,43							
	b_1	0,21	0,19				0,005	0,003					-0,03	0,03						
	b_2	0,04	0,37	0,015			0,003	0,002	0,002				0,41	-0,03	0,38					
Largura	b_0	0,17	0,14	0,029	0,12		0,005	0,003	0,001	0,003			0,32	-0,029	0,29	0,23				
	b_1	-0,07	0,07	0,01	0,049	0,028	0,003	0,002	0,0015	0,001	0,002		-0,2	0,032	-0,19	-0,15	0,1			
	b_2	0,006	0,0025	0,004	0,004	-0,013	0,0027	-0,0001	-0,00008	-0,0001	-0,0001	-0,0001	-0,0001	0,23	-0,023	0,22	0,17	-0,111	0,13,	
	AV(%)	95,6	2,8	1,5	0,09	0,02	0,01	89,0	4,8	3,4	1,9	0,54	0,33	96,5	2,8	0,52	0,09	0,04	0,01	

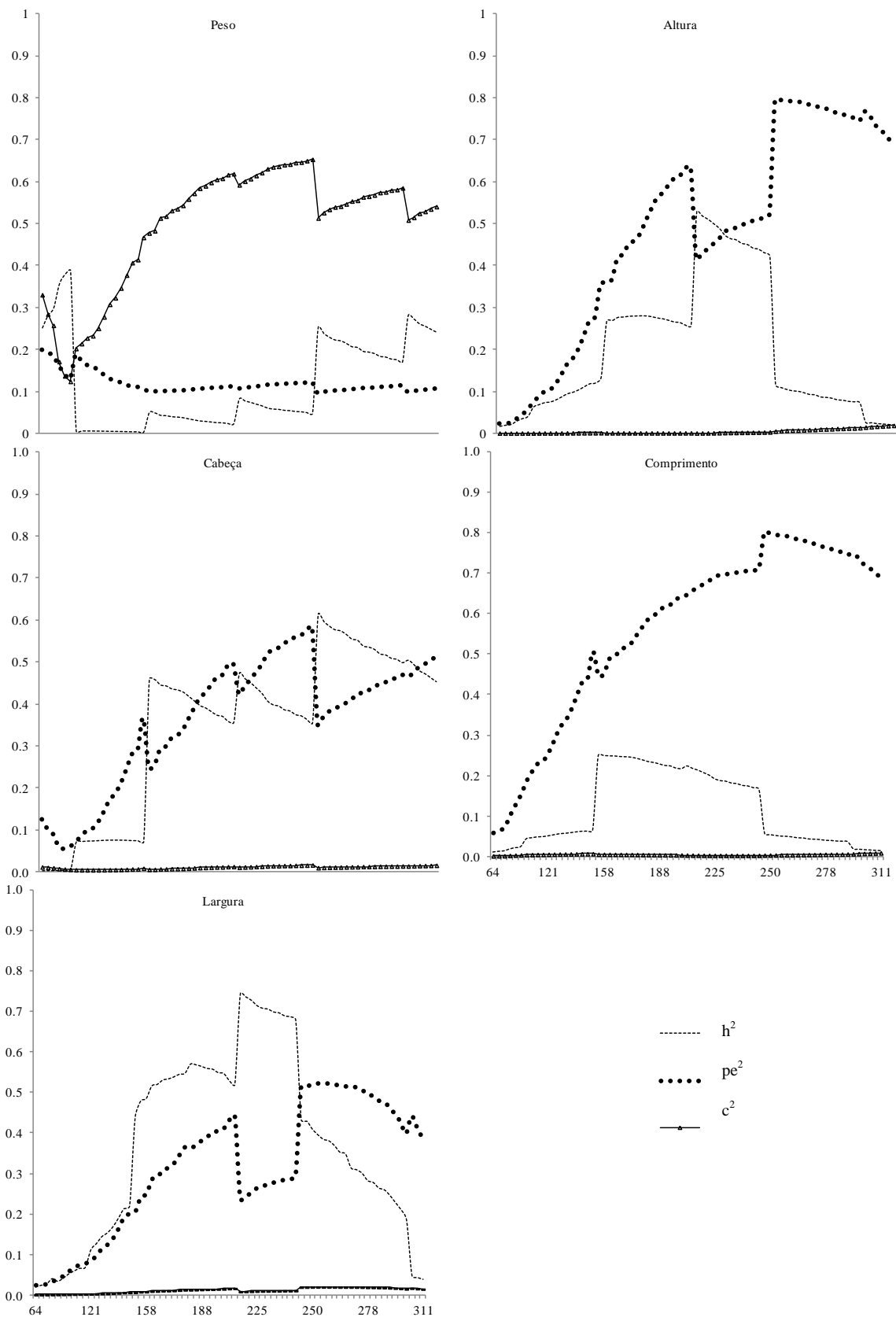


Figura 12. Herdabilidade (h^2) proporção da variância de ambiente permanente (pe^2) e de família (c^2) em relação à variação fenotípica para todas as características estimadas por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.

Entre GPD e altura, a altura apresentou o maior valor de h^2 , observada aos 204 dias (0,54). Após h^2 apresentou queda, até 0,02 no final do período. Resultado corroborado por Nguyen et al. (2010) que encontraram valores de herdabilidade para altura de 0,32 aos 180 dias para tilápias GIFT. Por volta dos 250 dias a herdabilidade chegou a 0,2, valor pouco menor que o encontrado por Reis Neto (2012) (0,28 aos 260 dias) em análises bicaráter em dados de tilápias GIFT.

A herdabilidade do GPD e da cabeça apresentaram comportamentos parecidos até os 250 dias, quando do GPD aumenta até 0,60 e a da cabeça cai até 0,20 (aos 260 dias). Já para o final do período avaliado a h^2 é 0,46, enquanto a da cabeça é de apenas 0,09, valor muito abaixo do reportado por Rutten et al. (2005b), que estimaram h^2 para cabeça em animais com idade média de 426 dias em 0,27. Aos 150 dias a herdabilidade da cabeça atinge o valor mais alto (0,41), um pouco mais alto que o reportado pelo autor citado anteriormente.

Entre GPD e comprimento, a h^2 do GPD foi maior em todo período, atingindo pico aos 158 dias (0,70) e, após decai (0,12). O maior valor para o comprimento também foi observado próximo aos 158 dias (0,25) permanecendo nesse mesmo patamar até 250 dias, quando e atinge valores muito próximos a zero no final do período. Rutten et al, (2005b) reportaram herdabilidade de 0,25 (média de idade de 426 dias) para comprimento, valor que nesse trabalho foi observado em idades menores que 250 dias. Nguyen et al. (2010) estimaram valores de herdabilidade para comprimento em 0,31 (180 dias) portanto, valor maior que as encontradas no presente trabalho. Dentre as características morfométricas avaliadas, a largura foi a que alcançou maior valor de herdabilidade (0,74 aos 211 dias), mas decai até o final do período (0,04) avaliado, sendo, no final do período avaliado, menor que a h^2 para o GPD (0,11). Na literatura foram reportados valores de h^2 para largura de média magnitude: 0,20 (Nguyen et al., 2010), 0,29 (Reis Neto, 2012) e 0,39 (Rutten et al., 2005b).

Poucos trabalhos estão disponíveis para se discutir a relação entre o ganho em peso e características morfométricas, pois a maioria dos trabalhos correlaciona o peso corporal com características morfométricas, ao invés de correlacionar o ganho em peso com características morfométricas. No entanto, sendo a seleção no sentido de velocidade do crescimento faz mais sentido averiguar a correlação genética entre o ganho em peso e as características morfométricas. Alguns trabalhos utilizam, além do peso, características de carcaça para estimar sua correlação com características morfométricas. (Nguyen et al., 2010; Rutten et al., 2005b; Turra et al., 2012).

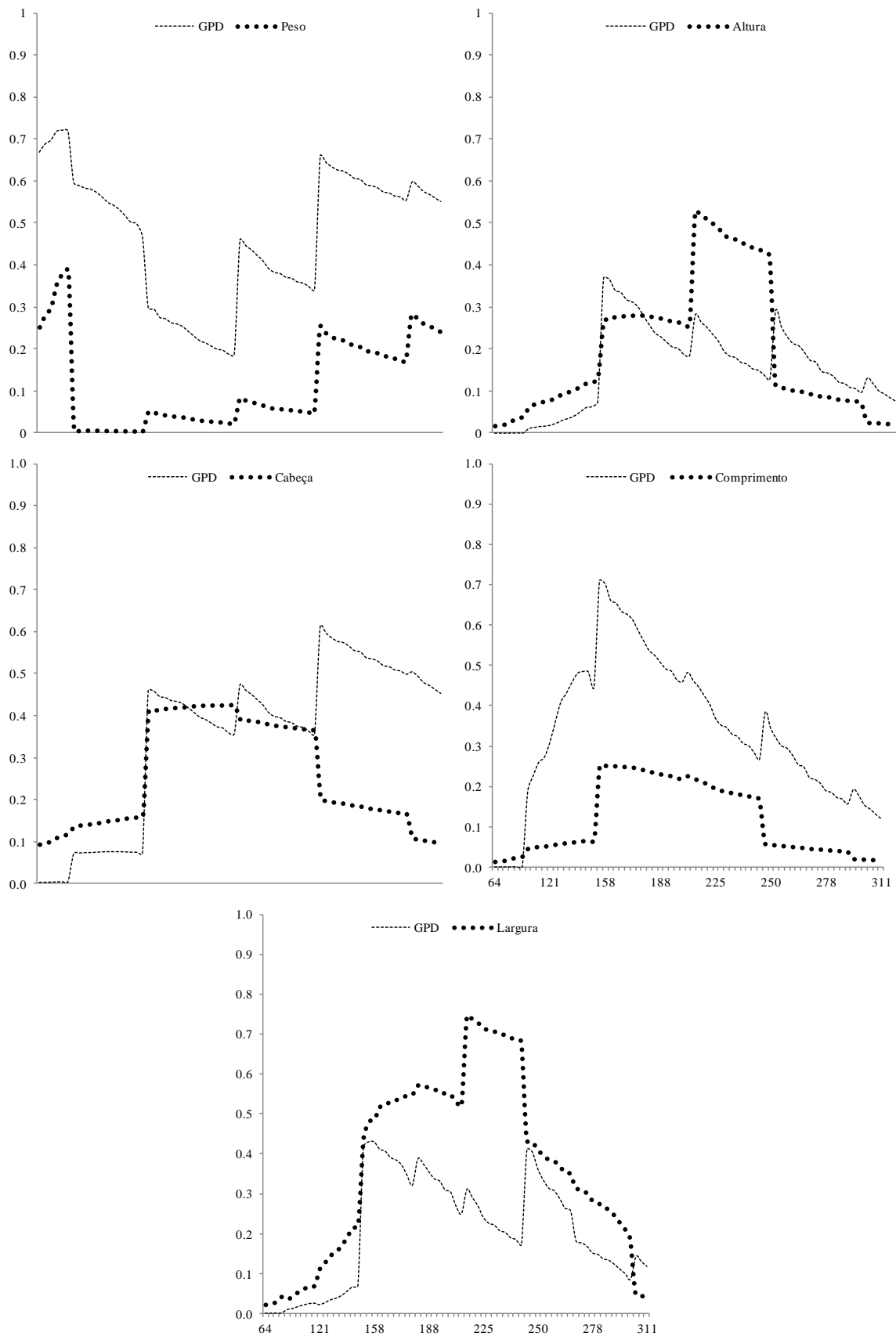


Figura 13. Comportamento do ganho em peso (GPD) e das demais características quando estimadas por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.

3.3. Correlações genéticas

As correlações genéticas entre o ganho em peso e medias morfométricas foram, em geral, de alta magnitude e positivas, na maior parte do período avaliado (Figura 4). Entre GPD e peso a correlação começa negativa (-0,26), e aumenta quase linearmente até os 193 dias de idade, quando é estimada em 0,85. Após essa idade, a correlação cai até 0,64 no final do período avaliado. Assim, é possível que os animais que apresentam menor valor genético para peso no início da vida, são os mesmos que apresentam maior valor genético para ganho em peso. A partir dos 110 dias, a correlação entre peso e GPD é positiva e, portanto, animais de maior valor genético para peso, também apresentam maior valor genético para ganho em peso. No entanto, como os polinômios são conhecidos por mudar a direção das estimativas nas extremidades dos dados (Rutten et al., 2005 e Sakaguti et al., 2003) pode ser que esses valores de correlação genética negativa não sejam confiáveis e, portanto, é necessário cautela ao utilizá-los.

Essa correlação negativa no começo da vida possivelmente se deve a maior agilidade de animais pequenos em se locomover em hapas e tanques menores (locais onde os animais são acondicionados no início da vida) e, portanto, conseguem se alimentar em maior quantidade que os peixes mais pesados e maiores. Ou ainda, existe limite fisiológico para o peso, assim, peixes com maior peso não precisam se alimentar mais que o necessário para o seu crescimento natural, enquanto animais mais leves precisam se alimentar mais para que ganhem mais peso.

A correlação entre GPD e altura e, entre o GPD e largura apresentam o mesmo comportamento. No início a correlação entre o ganho de peso e altura decai até 0,70 e até 0,75 entre ganho em peso e largura (aos 89 dias), após essa idade sobe para 0,99 (125 dias) e se estabiliza nesse valor para ambas correlações.

As correlações entre GPD e cabeça e entre GPD e comprimento são inicialmente baixas, respectivamente 0,38 e 0,20. Por volta dos 115 dias de idade a correlação entre GPD e comprimento alcança 0,86 e aumenta rapidamente até 0,92, valor que permanece inalterado até o final do período avaliado. Considerando a cabeça, a correlação chega a seu patamar máximo por volta dos 120 dias, valor que, também permanece inalterado até o final do período avaliado.

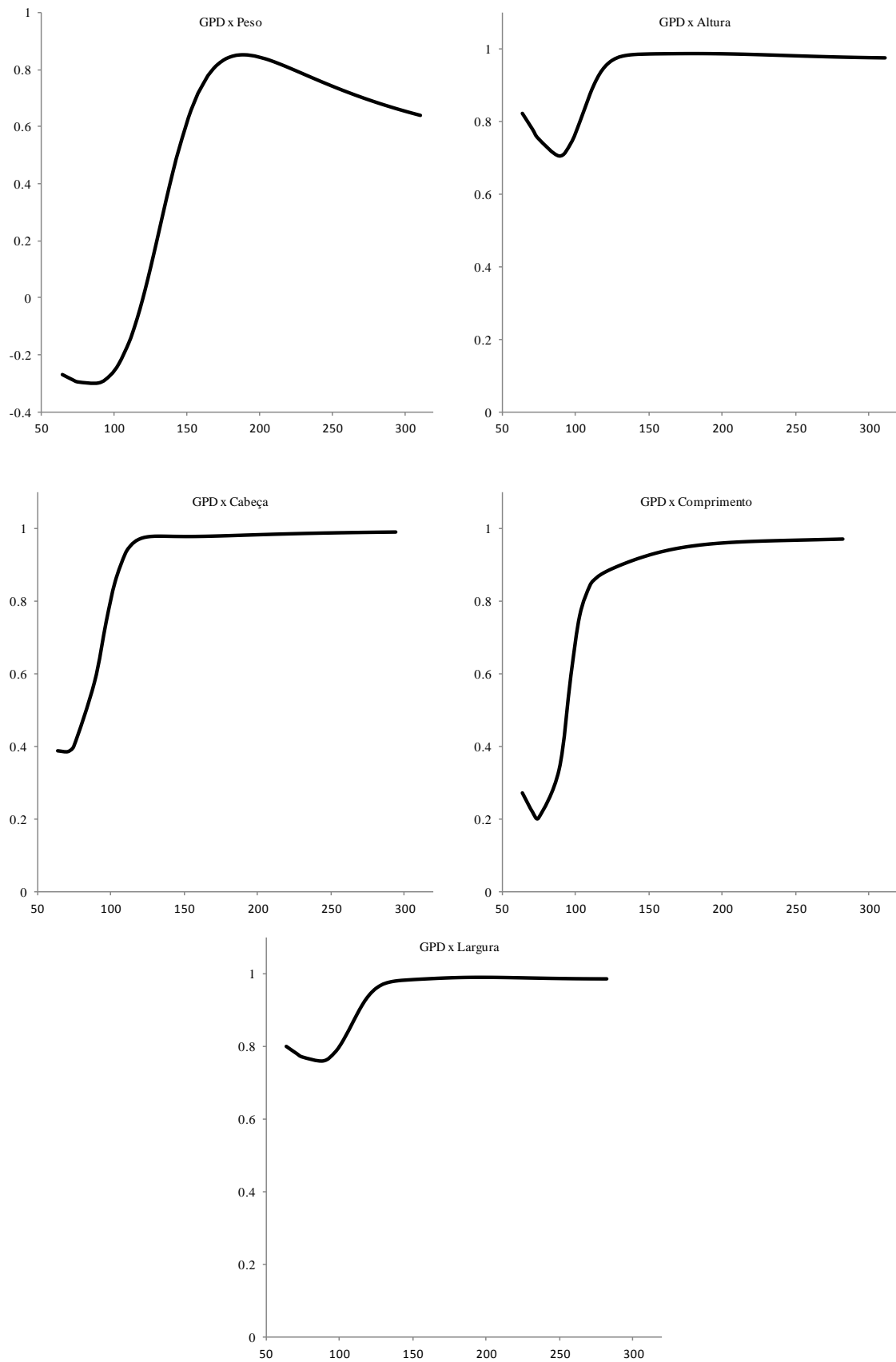


Figura 14. Comportamento da correlação genética entre o ganho em peso (GPD) e as demais características estimada por meio de modelos de regressão aleatória em análises bicaráter.

4. Conclusões

As correlações entre ganho em peso e demais características após os 100 dias foram altas e positivas, sugerindo que tais características morfométricas após essa idade são passíveis de serem utilizadas como critérios de seleção quando o ganho em peso é o objetivo. No entanto, a herdabilidade do ganho em peso é maior que a herdabilidade da maioria das características morfométricas a maior parte do tempo e, portanto, a seleção fenotípica baseada no ganho em peso levaria a ganhos genéticos mais rápidos.

Referências

- Freato, T.A.; Freitas, R.T.F.; Santos, V.B.; Logato, P.V.R.; Viveiros, A.T.M. 2005. Efeito do peso de abate nos rendimentos do processamento de piracanjuba (*Brycon orbignyanus*, VALENCIENNES, 1849). *Ciênc. Agrotec.* 29(3), 676-682.
- Leonhardt, J.H.; Caetano Filho, M.; Frossard, H.; Moreno, A.M. 2006. Características morfométricas, rendimento e composição do filé de tilápia do Nilo, *Oreochromis niloticus*, da variedade tailandesa, local e do cruzamento de ambas. *Semina ciênc. Agrar.* 27(1),125-132.
- Lourenço, D.A.L.; Maia, F.M.C.; Martins, E.N. 2010. Regressão aleatória: ferramenta quantitativa para uma melhor utilização da genética animal, in: Martin, T. N. et al. (Eds.), *Sistemas de Produção Agropecuária*. UTFPR, Dois Vizinhos, pp. 177-201.
- Meyer, K. 2006. WOMBAT—A Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. User Notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale.
- Nguyen, N.H., Ponzoni, R.W., Abu-Bakar, K.R., Hamzah, A., Khaw, H.L., Yee, H.Y., 2010. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture* 305, 1–5.
- Nobre, P.R.C., Misztal, I., Tsuruta, S., Bertrand, J.K., Silva, L.O.C., Lopes, P.S., 2003. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.* 81, 918–926.
- Oliveira, N.S. 2011 Parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*). Dissertação (Mestrado em Produção Animal)- Universidade Estadual de Maringá. Maringá. March, 2011. pp 45.
- Reis Neto, R.V. 2012. Avaliação genética das características morfométricas de tilápias do Nilo, variedade GIFT, sob seleção para ganho em peso. Tese (Doutorado em Produção Animal)- Universidade Federal de Lavras. Lavras. April, 2012. pp 77.
- Rutten, M.J.M.; Komen, H.; Bovenhuis, H. 2005a. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture.* 246, 101–113.
- Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H., Komen, H., 2005b. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture* 246, 125–132.
- Silva, F.V.; Almeida, N.L.S; Vieira, J.S.; Tessitore, A.J.A.; Oliveira, L.L.S.; Saraiva, E.P. 2009. Características morfométricas, rendimentos de carcaça, filé, vísceras e resíduos em tilápias do nilo em diferentes faixas de peso. *R. Bras. Zootec.* 38(8), pp 1407-1412.
- Sakaguti, E.S.; Silva, M.A.; Quaas, R.L.; Martins, E.N.; Lopes, P.S.; Silva, L.O.C. 2003. Avaliação do Crescimento de Bovinos Jovens da Raça Tabapuã, por Meio de Análises de Funções de Covariâncias. *R. Bras. Zootec.* 32, 864-874.
- Sarmiento, J.L.R.; Torres, R.A; Sousa, W.H; Pereira, C.S; Lopes, P.S; Breda, F.C. 2006. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 58, 581-589.
- Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Teixeira, S.A.; Prado, S.A.; Melo, D.C.; Souza, A.B. 2010. Uso de características morfométricas no melhoramento genético do rendimento de filé da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). *Rev. bras. Reprod. Anim.* 34(1), 29-36.

Turra, E.M.; Oliveira, D.A.A.; Valente, B.D.; Teixeira, E.A.; Prado, S.A.; Alvarenga, E.R.; Melo, D.C.; Felipe, V.P.S.; Fernandes, A.F.A.; Silva, M.A. 2012. Longitudinal genetic analyses of fillet traits in Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*. 356-357, 381–390.

V - CONSIDERAÇÕES FINAIS

As estimativas oriundas de modelos de regressão aleatória são muito susceptíveis a qualquer mudança nas ordens dos polinômios empregados e a consideração ou não de variância heterogênea. Por tal motivo, quando são empregadas análises bicaracterística e se altera a ordem em relação às análises unicaracterísticas os resultados diferem tanto. As análises bicaracterísticas tenderam a superestimar a herdabilidade e subestimar a proporção da variância de família. Em tilápias, o modelo de regressão aleatória em análises unicaracterísticas produzem melhores estimativas dos componentes de (co)variância que as análises bicaracterísticas. As análises bicaracterísticas são importantes por fornecer informações para que se possa avaliar o comportamento da correlação genética entre as características ao longo do tempo.