

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE E ESTIMATIVAS
DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TILÁPIAS**

Autor: Alexandra Inês dos Santos
Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro
Co-Orientador: Dr. Raul Walter Ponzoni

"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

dezembro – 2009

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TILÁPIAS

Autor: Alexandra Inês dos Santos
Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro
Co-Orientador: Dr. Raul Walter Ponzoni

"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
dezembro – 2009

Aos meus pais Nabor dos Santos e M^a Angélica dos Santos, e **irmãos** Rafael dos Santos, Rodrigo Nereu dos Santos, e Victória Gomes dos Santos **por todo amor, carinho e dedicação incondicionais e pelo imenso apoio e estímulo para o andamento dos meus estudos e em todos os momentos da minha vida.**

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Professor Dr. **Ricardo Pereira Ribeiro**, pela dedicada orientação, pela incrível paciência durante tempo de convívio, pelo exemplo de profissional, e pela amizade.

Ao Dr **Raul W. Ponzoni**, pela co-orientação, pelos incentivos, conselhos e profissionalismo.

Ao professor Dr. **Lauro Vargas**, pelo tempo de orientação, ajuda e amizade.

Ao professor Dr. **Elias Nunes Martins**, pela ajuda de sempre, pelo tempo de orientação, pelos valiosos ensinamentos.

Aos professores membros da banca de defesa de qualificação e de defesa de tese, pelos conselhos para o melhoramento desta pesquisa.

Aos funcionários da PPZ e da estação de piscicultura, **Vitor, Geraldo e Cleiton**, que muito ajudaram para tornar este trabalho possível.

Aos amigos da pós-graduação **Daniela Andressa Lino, Danielly Veloso Blanck, Darci Carlos Fornari, Freddy Luiz Mora Poblete, Juliana, Luiz Alexandre Filho e Melanie**, pelo companheirismo, amizade e por toda grande ajuda e tempo despendido apoiando a realização do presente trabalho.

A todos os alunos de graduação que trabalharam apoiando na execução dos experimentos.

Aos amigos que indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, por tornarem esse período mais agradável. Aos grandes companheiros **Cathiane, Camila, Carlos Eduardo, João e Marcia**, pela amizade e troca de experiências de vida.

Ao meu tio **Geraldo Tadeu dos Santos**, pelo constante incentivo, pelos conselhos, ajuda e amizade.

Aos meus queridos irmãos, **Rodrigo Nereu dos Santos, Rafael dos Santos e Victoria Gomes dos Santos**, por todo amor, amizade e carinho. À minha querida madrastra, **Rosimeri Gomes**, que sempre foi uma grande amiga para mim.

Aos meus pais **Nabor dos Santos e M^a Angélica dos Santos**, pela minha vida, por todo amor, valores, educação, e pelo exemplo de luta e coragem perante as dificuldades, ensinando que a vida tem sempre algo a nos ensinar e que vale a pena se lutarmos por nossos sonhos.

Muito Obrigada!!!

BIOGRAFIA DO AUTOR

Alexandra Inês dos Santos, filha de Nabor dos Santos e M^a Angélica dos Santos, nasceu na cidade de Tubarão, Santa Catarina, no dia 30 de abril de 1980.

Em março de 1998, ingressou no Curso de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, em Maringá, Paraná. Concluiu o curso no ano letivo de 2002 e a colação de grau para a obtenção do título de Zootecnista foi realizada em julho de 2003.

Em junho de 2006, obteve o título de mestrado pela mesma Universidade, na área de concentração em Produção Animal, realizando estudos na área de Melhoramento genético animal, que em junho de 2006 submeteu-se a banca para defesa da Dissertação.

Em 2006, iniciou o Programa de Pós-graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, área de concentração em Produção Animal, realizando estudos na área de Melhoramento genético de peixes.

Em dezembro de 2009, submeteu-se aos exames finais de defesa de Tese.

ÍNDICE

Lista de tabelas.....	vi
Resumo.....	
Abstract.....	
I – INTRODUÇÃO GERAL.....	1
Referências bibliográficas.....	8
OBJETIVOS GERAIS.....	11
II - Predição Bayesiana de parâmetros genéticos para o peso corporal e sobrevivência da linhagem GIFT de tilápias do Nilo cultivadas em tanques-rede e viveiros de terra no Brasil.....	12
Resumo.....	12
Abstract.....	13
1 - Introdução.....	14
2 - Material e métodos.....	16
2.1 – Material Genético.....	
2.2 – Experimento de campo.....	
2.3 - Características de interesse para o programa de melhoramento.....	
2.4 - Análises estatísticas.....	
2.5 - Parâmetros genéticos.....	
3 - Resultados e discussão.....	21
4 - Conclusões.....	27
Referências.....	28
III - Interação genótipo ambiente para peso corporal na despesca de tilápias do Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) em tanques-rede e viveiros de terra.....	33
Resumo.....	33
Abstract.....	34
1 - Introdução.....	35
2 - Material e métodos.....	36
2.1 – Peixes experimentais.....	
2.2 – Ambientes no teste de desempenho e estrutura dos dados.....	
2.3 - Despesca e dados avaliados.....	
2.4 - Análise dos dados.....	
2.5 - Estimacão de parâmetros genéticos.....	
3 – Resultados.....	38
3.1. Estatística descritiva.....	
3.2. Estimativas de parâmetros genéticos.....	
4 - Discussão.....	44

5 - Conclusões.....	45
Referências.....	46
IV - Interação grupo genético x nível protéico em tilápias vermelha, nilótica e melhoradas GIFT: uma abordagem com modelos lineares generalizados.....	49
Resumo.....	49
Abstract.....	50
1 - Introdução.....	51
2 - Material e métodos.....	53
2.1-Local dos experimentos.....	
2.2 – Populações dos experimentos.....	
2.3- Obtenção e identificação dos peixes.....	
2.4 - Dieta e sistema de crescimento.....	
2.5 - Despesca e colheita de dados.....	40
2.6 - Análises estatísticas.....	40
2.6.1. Peso corporal à despesca.....	
2.6.2. Sobrevivência.....	
2.6.3. Deviance.....	
2.6.4. Regressão linear generalizada para estimação do fator de condição.....	
3 – Resultados e Discussão.....	60
3.1. Estatísticas descritivas.....	
3.2. Métodos.....	
3.3. Peso corporal à despesca.....	
3.4. Fator de condição.....	
3.5. Sobrevivência.....	
4. Conclusões.....	71
Referências.....	73
CONCLUSÕES GERAIS.....	78

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 – Estimativas unicaracter de variância genética aditiva σ_a^2 , variância de efeito de ambiente comum materno σ_c^2 , variância residual σ_e^2 , herdabilidade (h^2) e efeito de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para o peso corporal à identificação e à despesca e sobrevivência em Tilápias GIFT cultivadas no Brasil..... 23
- Tabela 2 – Estimativas tricaracter de variância genética aditiva σ_a^2 , variância de efeito de ambiente comum materno σ_c^2 , variância residual σ_e^2 , herdabilidade (h^2) e efeito de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para o peso corporal à identificação e à despesca e sobrevivência em Tilápias GIFT cultivadas no Brasil.....
- Tabela 3 - Estimativas de correlação genética (r_g) entre as características de peso à identificação (1), peso corporal à despesca (2) e sobrevivência (3), e respectivas medidas de tendência central, com intervalos de credibilidade a 95% de probabilidade..... 25
- Tabela 4 - Estrutura dos dados: número de progenitores, quantidade (%) de famílias originais que estes representam, e quantidade de progênies, por geração..... 38
- Tabela 5 -Número de dados (N), médias de quadrados mínimos e coeficientes de variação (C.V.) de peso à identificação e à despesca no conjunto de dados completo, assim como por sexo e nos diferentes ambientes avaliados..... 41
- Tabela 6 - Valores estimados e erros padrão (E.P.) dos componentes de variância, herdabilidade e efeito de ambiente comum materno para o

peso corporal à	
despesca.....	42
Tabela 7 - Estimativas de correlações genéticas (E.P.) para peso corporal entre os pares de ambientes avaliados (abaixo da diagonal) e correlações de Spearman entre as classificações dos peixes de tilápias do Nilo, com base em seus valores genéticos (acima da diagonal).....	43
Tabela 8 -Número de peixes estocados (N), sobrevivência (%Vivos), proporção de fêmeas (%♀), médias e desvios padrão (entre parênteses) para peso inicial, peso corporal à despesca e comprimento padrão, por grupo genético e por ambiente avaliado e combinando grupo genético e ambiente.....	61
Tabela 9 -Variâncias do peso corporal à despesca e resumo dos testes de <i>Levene</i> de homogeneidade de variâncias entre grupos genéticos (Controle, GIFT e Vermelha), entre ambientes de cultivo (dietas protéicas de 34 e 28%) e, dentro de grupo genético, entre ambientes.....	64
Tabela 10 - ANODEV I - Análise de deviance do modelo linear generalizado para peso corporal à despesca de tilápias Controle, GIFT e Vermelha, em dois ambientes de cultivo (34 e 28% de proteína).....	64
Tabela 11 - Estimativas de peso corporal à despesca para machos e fêmeas de tilápias Controle, GIFT e Vermelha, sob dois ambientes de cultivo (34 e 28% de proteína), e análise de contrastes para o efeito de grupo genético, dentro de sexo e ambiente; e para o efeito de ambiente, dentro de sexo e grupo genético.....	66
Tabela 12 - ANODEV II - Análise de deviance para a regressão linear generalizada do peso corporal à despesca em função do comprimento padrão.....	67
Tabela 13 - Estimativas e intervalos de confiança (95%) dos coeficientes da	

regressão linear generalizada para o intercepto (β_0) e as covariáveis viveiro (β_1) e comprimento padrão (β_2) de cada modelo, nas combinações grupo genético (Controle, GIFT, Vermelha) x ambiente (dietas de 28 e 34% de proteína) x sexo, com respectivos R^2 ajustados.....	68
Tabela 14 - Proporção de fatores de condição positivos de cada modelo, nas combinações grupo genético (Controle, GIFT, Vermelha) x ambiente (dietas de 28 e 34% de proteína) x sexo.....	69
Tabela 15 - Análise de deviance (ANODEV III) para a sobrevivência em tilápias dos grupos genéticos Controle, GIFT e Vermelha, avaliadas sob dois níveis de proteína na dieta.....	70
Tabela 16 - Estimativas de sobrevivência dos grupos genéticos de tilápia Controle, GIFT e Vermelha, avaliados sob diferentes níveis de proteína e análise de contrastes para o efeito grupo genético.....	71

Resumo

Experimentos foram conduzidos para avaliar o desempenho da linhagem GIFT e o controle genético de características de importância econômica da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Além disso, seu desempenho também foi comparado aos de sua linhagem Controle e à tilápia Vermelha. Todos os peixes utilizados são provenientes de populações de melhoramento do *WorldFish Center* (Malásia). Parte deles foi cultivada na Malásia e uma amostra da linhagem melhorada veio para o Brasil em 2005. Nos peixes cultivados nas condições de cultivo do sul do Brasil foi avaliada a relação genética do peso do peixe em diferentes ambientes e com sobrevivência. Na Malásia, uma avaliação geral foi realizada para verificar indicativos de interação genótipo x ambiente. O teste de desempenho, com controle individual de pedigree, foi realizado no Brasil em tanques-rede, sob dietas de 28% e 32% de proteína bruta, e em viveiros de terra sob dieta de 28% de proteína bruta. Mediu-se a sobrevivência como uma característica binária (peixe vivo ou morto, durante o período até a despesca, na estação de desova de 2008). A sobrevivência foi envolvida com o peso à identificação e peso corporal à despesca em uma análise tri-carater. Paralelamente, nestes ambientes, foram realizadas análises considerando o peso corporal à despesca como diferentes características nos diferentes ambientes de cultivo, para a avaliação de interação genótipo x ambiente. As avaliações comparativas entre os grupos genéticos Controle, GIFT e Vermelha também foram realizadas em dois níveis de proteína na dieta (28 e 34%) e, sendo avaliada a presença de interação grupo genético x dieta protéica. As características avaliadas foram peso corporal, uniformidade do peso, condição corporal e sobrevivência. Como estes conjuntos de dados não apresentaram distribuição normal, a abordagem de modelos lineares generalizados foi empregada. A obtenção dos parâmetros genéticos e predição de valores genéticos para o peso e sobrevivência foram realizadas usando uma abordagem Bayesiana e a análise de interação genótipo x ambiente em análise multicaracter foi usando o método freqüentista REML. O peso à identificação e peso corporal à despesca apresentaram-se com baixa herdabilidade, mas a sobrevivência foi uma característica moderadamente herdável, indicando que essas características são, em grande parte, influenciadas por fatores ambientais. Os valores de correlação genética entre o peso à despesca e a sobrevivência foram altos, sugerindo que a seleção para peso terá impacto sobre a sobrevivência. As estimativas de herdabilidade para o peso à despesca foram moderadas em todos os ambientes. As correlações genéticas para o peso corporal à despesca entre os ambientes avaliados foram

moderadas e significativas, indicando a presença de interação genótipo x ambiente. Foram encontradas variâncias genéticas aditivas substanciais para as características avaliadas, a qual pode ser explorada por meio de programas de seleção. As comparações entre grupos genéticos mostraram que a linhagem melhorada GIFT apresentou maior peso e sobrevivência que os outros grupos; porém, a uniformidade de peso do lote foi menor. Atenção deve ser dada à característica de sobrevivência das tilápias Vermelha no desenvolvimento de seu programa de melhoramento genético. Os níveis de proteína não influenciaram em diferenças de peso dos grupos genéticos avaliados, mas foi fator determinante para a obtenção de maior sobrevivência. A interação grupo genético x dieta protéica foi significativa e envolveu mudança na classificação do peso dos grupos genéticos Controle e Vermelha. No Brasil, é possível concluir que a sobrevivência poderá ser melhorada indiretamente, por meio da seleção no peso dos peixes, mas deve haver um monitoramento contínuo dessa característica, já que diferentes fatores que causam a mortalidade podem não dividir determinação genética comum. Além disso, a interação genótipo x ambiente para peso à despesca entre os ambientes avaliados foi significativa. Os resultados obtidos confirmam o enorme potencial do cultivo da população GIFT estabelecida no Brasil, tanto em viveiros de terra, quanto em tanques-rede, e sob qualquer dos dois níveis de proteína avaliados. A abordagem de Modelos Lineares Generalizados foi particularmente útil quando a pressuposição de normalidade no conjunto de dados de peixes não foi satisfeita. O método REML resultou em estimativas consideravelmente precisas para o peso corporal, apesar de não possibilitar a inferência intervalar. A análise Bayesiana foi ferramenta útil na avaliação genética da sobrevivência de tilápias, viabilizando a inferência por meio de regiões de credibilidade para os parâmetros estimados.

Palavras chave: Parâmetros genéticos, Peso, Inferência bayesiana, Interação GxA, Melhoramento genético de peixes, Modelos lineares generalizados, REML, Sobrevivência

Abstract

Experiments were conducted to evaluate the performance of the GIFT strain and the genetic control of the traits of economic importance of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Moreover, their performance was compared to the Control line and Red tilapia. All the fishes used were from genetic improvement populations of the The World Fish Center (Malaysia). Part of the fishes were cultivated in Malaysia and a sample of the improved line GIFT was brought to Brazil in 2005. In the south Brazilian farm condition, we evaluated the genetic relationship of weight of the fish in different environments and also, related it to survival. In Malaysia, a general evaluation was carried out to verify genotype x environment indication. The fishes, with individual control of pedigree, were evaluated in cages, under 28% and 32% of crude protein diet, and in earthen ponds. In the earthen ponds, the survival was recorded as binary response (dead or alive, over the harvest time in spawning seasons of 2008). Survival was involved with body weight at identification and at harvest in a tri-carater analysis. Parallel to this, an analysis was carried out for harvest body weight considered as different traits in the different test environments, aiming the evaluation of the genotype by environment interaction. Comparative evaluations of the genetic groups Control, GIFT and Red were also performed under two levels of protein (28 and 34%) and the presence genetic group x protein diet was also considered. The traits analysed were body weight, weight uniformity, body condition and survival. As these data sets did not present normal distribution, the generalized linear models approach was used. The estimation of the genetic parameters and prediction of the breeding values were performed by a Bayesian approach for the survival assessment and by the frequentist REML method for the evaluation of the genotype by environment interaction. Tagging weight and harvest weight showed low heritability, but survival obtained moderated heritability, indicating that there they are greatly influenced by environmental factors. The values of genetic correlation between harvest weight and survival were high, suggesting that selection for weight will have impact on survival. The heritability estimates for harvest weight in all test environments were moderate. The genetic correlations of harvest body weight between the environments were moderate, and significant, indicating genotype by environment interaction. A substantial additive genetic variance for the trait was found in all environments, which can be exploited through selective breeding program. The comparative evaluation between the genetic groups showed that the improved strain GIFT had the best growth performance and

survival, however, the uniformity of the weight was lower. Care should be taken with survival in Red tilapias during their genetic improvement program. The levels of protein did not influence the weight of the genetic group evaluated, but it was determinant factor for obtaining higher survival. The genetic group x protein diet interaction was significant and implicated in change of ranking of the weight of the genetic groups Control and Red. In Brazil, it is possible to conclude that survival can be indirectly improved, selecting for weight of the fishes, but it is important to monitor this trait, as different factors that cause mortality could not share genetic determination. Moreover, the genotype x environment interaction for harvest weight was significant. The results obtained confirmed a tremendous potential for farming the GIFT population established in Brazil in both ponds and cages, and under the two protein levels appraised. The approach of Generalized Linear Models was particularly useful where the assumption of normality of the fishes data set was not satisfied. The REML method resulted in considerably precise estimatives for body weight, but did not permit the interval inference. The Bayesian approach, was useful in the genetic evaluation for survival in tilapias, providing the inference by the credibility region for the estimated parameters.

Key words: Bayesian inference, Fish genetic improvement, Generalized linear models Genetic parameters, GxE interaction, REML, survival, weight

I - INTRODUÇÃO GERAL

A aquicultura é um dos sistemas de produção de alimentos que mais cresce no mundo. A demanda por peixes tem aumentado devido a diversos fatores, assim como ao aumento da população mundial, ao maior conhecimento a respeito dos benefícios nutricionais dos peixes para a alimentação humana e devido a preocupações relativas à super-exploração das reservas naturais de peixes, degradação e poluição desses habitats.

Um conjunto de espécies herbívoras do gênero *Oreochromis* (família *Cichlidae*), comumente denominadas tilápias, têm sido amplamente cultivadas. Estes peixes são de espécies tropicais de água doce, muito tolerantes a baixa qualidade do meio de cultivo, de crescimento rápido, fácil reprodução e podem ser alimentados com subprodutos agrícolas. Acredita-se que as tilápias já tenham sido cultivadas no Egito 2000 anos antes de Cristo, mas sua exploração tem o primeiro registro de cultivo cientificamente orientado datado de 1924, no Quênia (África), sendo, a partir deste momento disseminado para o resto do continente (Lopes-Fanjul & Toro, 1990; Wagner, 2002). Ainda segundo este último autor, dentro da grande variedade de espécies de tilápias existentes, a Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) tem se destacado na aquicultura. Esta espécie é considerada a segunda espécie de peixe mais cultivada no mundo, tendo sido cultivada na China, nas Filipinas, Tailândia, Indonésia e Egito; sendo que a China é o principal produtor mundial, com uma produção correspondendo à 60% de toda a produção mundial.

O. niloticus é uma espécie importante em muitos países por possuir características desejáveis (rusticidade, tolera águas turvas e rasas; razoável resistência a doenças e a parasitas; crescimento rápido, grande adaptação alimentar, boa conversão alimentar e ganho em peso; carne de bom paladar, textura e facilidade na filetagem), e por serem adaptáveis a uma larga extensão de sistemas de cultivo; desde tanques de pequena escala com alimentação deficiente até sistemas de cultivo intensivos. Esta adaptabilidade e tolerância das tilápias tem resultado em uma rápida expansão do seu cultivo na América Latina, principalmente nos últimos quarenta anos.

Atualmente o Brasil é o sexto maior produtor de tilápia cultivada do mundo (Kubitza, 2007). Em 2006, do total de produção aquícola continental (191.183,5 t), a produção de tilápias foi a mais expressiva, representando aproximadamente 37%, com

um total de 71.253,5 t. (IBAMA, 2007). A região Sul do Brasil contribui com a maior parcela na produção de pescado nacional (62.823,5 t com 32,9%).

Apesar de todo o destaque pelas inúmeras qualidades zootécnicas, a tilápia cultivada comercialmente sofre por falta de esquema de seleção adequado; o que tem resultado em intensa consangüinidade devido a utilização de um número muito escasso de indivíduos para sua propagação. Além disso, nenhum esforço sistemático tem sido feito para controlar a endogamia. Por esta razão, a taxa de crescimento tem diminuído consideravelmente; em muitos casos, as variedades comercialmente cultivadas chegam a apresentar piores performances do que as populações selvagens.

As pesquisas genéticas e a aplicação de programas de melhoramento genético têm sido grandemente responsáveis pela maior eficiência de produção e aumento da produtividade das lavouras e pecuária tradicionais. Na produção animal, o sucesso das aplicações genéticas tem sido mais aparentes no gado leiteiro, na avicultura, bovinocultura de corte e suinocultura. Mais recentemente, programas de melhoramento genético de salmonídeos têm obtido sucesso, provando serem similares aos ganhos obtidos nas culturas tradicionais. Por outro lado, pouco esforço tem sido feito para o melhoramento genético de peixes de espécies tropicais. Faltam pesquisas para conferir se àqueles ganhos genéticos obtidos em outras espécies de animais e de plantas possam ser também obtidos em espécies de peixes tropicais (os quais contribuem com 90% da produção aquícola global) (Gupta & Acosta, 2004).

Gall & Bakar, (2002) citam que a predição do valor genético por BLUP (*'Best Linear Unbiased Prediction'*), desenvolvida por Henderson para o melhoramento genético de espécies terrestres, oferece uma tremenda oportunidade para atingir o rápido ganho genético também em peixes. Além disso, as características encontradas nos peixes de alta fecundidade, curto intervalo de gerações, ampla variação genética e relativa facilidade de manipulação da reprodução e acasalamentos são os requisitos para se conseguir um elevado progresso genético.

A necessidade de um esforço sistemático para manter a variabilidade genética e permitir uma posterior melhoria das variedades cultivadas de Tilápia do Nilo é amplamente reconhecida. Neste sentido, o *WorldFish Center* tem trabalhado desde 1988, com o objetivo de contribuir com o crescimento da aquíicultura como uma alternativa de diminuir a captura de peixes nos ambientes naturais, melhorar a segurança alimentar e erradicar a pobreza da população em países em desenvolvimento, por meio de desenvolvimento sustentável. Assim, com a colaboração de outras instituições

governamentais e não governamentais, foi desenvolvido um projeto para o desenvolvimento de métodos de melhoramento genético de peixes tropicais, utilizando a Tilápia do Nilo (WorldFish Center, 2004). Este projeto foi denominado '*Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT)*' e teve um significativo papel na história do melhoramento de peixes tropicais, contribuindo recentemente com vários artigos publicados na área.

Nesse ínterim, Bentsen *et al.* (1998) desenvolveram um estudo para avaliar oito variedades de tilápias da Ásia e África por meio de combinações de puros e cruzados em um cruzamento dialélico completo. Neste trabalho, os autores encontraram baixos níveis de heterose, indicando que o ganho em peso corporal e taxa de sobrevivência para as variedades cruzadas foi marginal e de baixa significância em termos de um programa de melhoramento. Em vista disto, um programa de melhoramento genético baseado na variância genética aditiva foi identificado como a estratégia apropriada.

Para que se proceda a seleção, os animais precisam ser avaliados quanto aos seus valores genéticos. Um bom conhecimento a respeito da magnitude dos parâmetros genéticos como a herdabilidade, as variâncias genéticas e correlações entre as características objeto de seleção, torna possível uma estimação acurada do valor genético dos candidatos à seleção na população, assim como a predição da potencial resposta de seleção.

Tipicamente, na avaliação genética, as estimativas de parâmetros genéticos utilizados na estimação dos valores genéticos não derivam do mesmo conjunto de dados no qual serão estimados os valores genéticos. Estudos amplos anteriores dos parâmetros genéticos e fenotípicos para a característica em questão são desejáveis. Segundo o manual WorldFish Center (2004), no caso dos peixes tropicais, a falta de estimativas prévias é tão freqüente ao ponto de pesquisadores recorrerem a estimativas de herdabilidades do mesmo conjunto de dados do qual os valores genéticos estão sendo estimados. Porém, deve haver cautela, no sentido que estimativas de herdabilidade de um conjunto de dados pequenos podem ter grande erro padrão e serem sujeitos à viés na avaliação genética. Ainda assim, Gjedrem (2000) citou que ganhos genéticos por geração para espécies de animais aquáticos podem alcançar entre 10 e 20%.

De acordo com Lopes-Fanjul & Toro (1990), grande parte das herdabilidades citadas para características de interesse econômico em peixes não têm resultado significativamente diferentes de zero, apesar de que em outros casos, seus valores são

altos. Esta condição pode estar refletindo a insuficiência dos desenhos experimentais utilizados que, muitas vezes envolvem poucas famílias.

Em tilápias o foco de seleção tem sido quase sempre exclusivamente restrito a características de crescimento, como o ganho em peso e peso corporal à despesca. As estimativas encontradas para variabilidade genética de peso corporal para espécies aquáticas tem sido maiores (Gjedrem, 2000; Hallerman, 2003) que as encontradas em animais domésticos terrestres. Ponzoni *et al.* (2005) e Gall & Bakar, (2002) encontraram valores da mesma magnitude trabalhando com Tilápias do Nilo. No trabalho de Ponzoni *et al.*, 2005, que envolveu 63 famílias, o valor de herdabilidade encontrado foi de 0,34. Estes valores estão em concordância com os encontrados por Gall & Bakar, de 0,26 para a população base utilizada (com 42 famílias) e de 0,20 após a seleção (duas variedades selecionadas de 25 famílias cada); e em discordância com estimativas de herdabilidade encontradas para a mesma espécie, de 0,04, em um trabalho envolvendo apenas 16 famílias (Lopes-Fanjul & Toro, 1990). Estes dados reforçam a idéia de que a insuficiência do desenho experimental pode resultar em subestimação dos parâmetros genéticos, e demonstram que a herdabilidade para peso corporal na espécie de Tilápia do Nilo pode ser considerada de baixa a moderada (ainda que, na melhor das hipóteses, o design de acasalamentos não tenha estado dentro do ótimo para a estimação de parâmetros).

É importante lembrar que os parâmetros genéticos encontrados são aplicáveis apenas na população e no ambiente onde eles foram obtidos. Além disso, os parâmetros podem mudar todo o tempo, particularmente em populações relativamente pequenas sob seleção. Assim, torna-se imprescindível para o estabelecimento de um programa de seleção um delineamento experimental para o estudo prévio das características em questão, mesmo que sejam características já estudadas em outro momento (sob outras condições).

Além do peso corporal, outras características de importância econômica devem ser avaliadas para sua aplicação em programas de seleção. A sobrevivência à idade comercial determina o número de peixes disponíveis para o mercado e, portanto, o lucro no cultivo. Por isso é um problema de relevância no cultivo de tilápias. Bentsen *et al.* (1998) encontraram mortalidades variando entre 15 e 40% em Tilápia do Nilo, valores que indicam prejuízos econômicos preocupantes.

No melhoramento de peixes, alguns estudos já têm mostrado a importância da sobrevivência nos sistemas de produção aquícolas (Andrade *et al.* 2006; Fessehaye,

2007; Hamzah *et al.*, 2008; Slembrouck *et al.*, 2009), porém, estudos acerca do controle genético da sobrevivência em tilápia ainda não têm sido documentados no Brasil.

A sobrevivência à idade comercial é uma característica de herdabilidade considerada baixa a moderada (Lopes-Fanjul & Toro, 1990; Charo-Karisa *et al.*; 2006; Luan *et al.*, 2008 e Rezk *et al.* (2009).

Como a correlação entre o valor fenotípico e o mérito genético diminui com a redução da herdabilidade, a superioridade de métodos de avaliação genética baseados tanto no valor fenotípico do indivíduo, quanto em informações de pedigree completo vai sendo cada vez maior que o método de avaliação baseado apenas na performance individual, na medida em que diminui a herdabilidade. Quando os dados são medidos nos candidatos a seleção e os animais são identificados individualmente, dispondo de informações de pedigree completo, é possível proceder-se a seleção combinando essas informações, aumentando a acurácia das estimativas dos valores genéticos e, conseqüentemente, atingindo uma melhor resposta de seleção.

Segundo Gall & Bakar (2002) os custos adicionais de obtenção de informações de pedigree completo deve ser mais que compensado pelo ganho em seleção.

Uma identificação deficiente dos animais pode dificultar no acasalamento de amostras aleatóreas de pais, resultando em acasalamentos de amostras selecionadas, o qual pode resultar em subestimação da variância genética da população. Para evitar este problema, têm sido utilizados os microchips implantáveis (*Passive Integrated Transponders - PIT-tag*), que apesar de terem um alto custo, podem ser recuperados no abate dos peixes.

Outro problema enfrentado é que para manter os dados de pedigree completo é necessário manter irmãos completos juntos até que eles tenham um tamanho suficiente para serem fisicamente identificados (por meio de brinco ou microchip). Isto cria um efeito de ambiente comum (c^2), que pode complicar a estimação. Para evitar que este efeito não seja confundido com o efeito genético, é necessário incluir grupos de meio irmãos no planejamento dos acasalamentos (Gall & Bakar, 2002). No entanto, não é tão simples conseguir famílias de meio irmãos, pois há dificuldade de se conseguir mais que um acasalamento controlado com sucesso por macho em um curto período de tempo (Ponzoni *et al.*, 2005).

Procedimentos para a estimação de componentes de (co)variância vêm sendo apresentados há décadas. A princípio, o método ANOVA era o único disponível para se estimar os componentes, porém, requeria balanceamento de dados; em 1953, Henderson

apresentou modificações para o método, tornando possível a análise de dados não balanceados (método I), modelos que incluíam efeitos fixos e aleatórios (método II) e situações onde era plausível a interação entre efeitos fixos e aleatórios (método III). Na década de 80, o método da máxima verossimilhança (ML), proposto por Hartley e Rao em 1967, passou a ser empregado nas análises; algumas adaptações foram feitas de forma a tornar este método mais eficiente, resultando nos procedimentos de ML restrita e ML restrita livre de processos derivativos.

Os modelos lineares mistos são os mais freqüentemente utilizados na estimação de componentes de (co)variância. Entretanto, para algumas características (assim como mortalidade) a suposição de resposta linear, variância uniforme e normalidade são questionáveis. Uma alternativa de análise para características de distribuição não normal é a abordagem de modelos lineares generalizados (fixos ou mistos). Outro método utilizado é o modelo de limiar proposto por Sorensen et al. (1995) e Wang *et al.* (1997).

Por outro lado, a inferência bayesiana é um método que vem sendo cada vez mais utilizado para a estimação de componentes de (co)variância, implementado por meio da amostragem de Gibbs. A amostragem de Gibbs faz parte de um conjunto de processos iterativos, referentes ao método Monte Carlo, em propriedade das cadeias de Markov. Estes métodos MCMC (Markov Chain Monte Carlo) constituem uma família de processos de iteração para aproximar a geração de amostras de distribuições multivariadas.

A inferência bayesiana possui uma forma de inferência na qual os parâmetros tratados como variáveis aleatórias e possuidores de distribuições *a priori*, que refletem o estágio de conhecimento acumulado sobre tais parâmetros (Gianola & Fernando, 1986). Dentro da abordagem bayesiana, não há distinção entre estimação de efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios ou estimação de componentes de variância, como na abordagem freqüentista, pois todo e qualquer parâmetro do modelo é tratado como uma variável aleatória.

A amostragem de Gibbs é um procedimento de integração numérica, usado na estimação das distribuições conjuntas e marginais de todos os parâmetros do modelo. Consiste na criação de vetores aleatórios pela amostragem das distribuições condicionais posteriores conjuntas de todos os parâmetros não fixos do modelo, sendo que o vetor de observações obtido a cada iteração, após alcançar a convergência, constitui uma amostra aleatória da distribuição conjunta de interesse. Assim, a idéia

básica da amostragem de Gibbs é construir cadeias de Markov que convirjam para uma distribuição de interesse, a partir de alguns valores iniciais, após muitas iterações.

Segundo os princípios, na inferência Bayesiana os parâmetros, tratados como variáveis aleatórias, possuidores de distribuição *a priori*, refletem o estágio de conhecimento acumulado sobre eles. Em se tratando de populações, a estimação dos parâmetros dá-se pelo método de probabilidade inversa. Tendo base em probabilidades, o teorema de Bayes geralmente é apresentado da seguinte forma:

$$p(\theta|Y) \propto p(\theta) p(Y|\theta)$$

sendo:

$p(\theta|Y)$ a densidade de probabilidade *a posteriori* (ou posterior) de θ ,

$p(\theta)$ a densidade de probabilidade *a priori* de θ ,

$p(Y|\theta)$ é a função de verossimilhança.

De acordo com Magnabosco (1997), a idéia geral deste processo é que, após considerar os dados Y , a confiança inicial sobre um determinado parâmetro θ irá depender da confiança que se coloca na distribuição $p(\theta)$ adicionada da informação revelada pelos dados sobre cada valor possível de θ , ou seja, $p(\theta)$. Sendo que, a relação: Posterior \propto Inicial \times Verossimilhança, sumariza a aplicação do Teorema de Bayes mostrando que se pode atualizar conhecimento, levando-se em conta os dados disponíveis.

As principais vantagens em se estimar componentes de (co)variâncias via amostrador de Gibbs são: estimação acurada e direta dos componentes de (co)variância, valores genéticos e intervalos de credibilidade para tais estimativas; análise de grandes bancos de dados; precisão de estimativas, sem o uso de aproximações ou de suposições de normalidade geralmente utilizadas quando a estimação é feita por métodos que utilizam BLUP.

Um convênio entre a Universidade Estadual de Maringá e o *WorldFish Center* resultou (em 2005) na transferência de uma amostra da linhagem melhorada de tilápias GIFT (cuja história é encontrada em Gupta & Acosta, 2004 e por Bentsen *et al.*, 1998) vindas da Malásia, onde atualmente é conduzido o programa GIFT. Um núcleo de melhoramento dessa linhagem foi estabelecido para o desenvolvimento de uma variedade melhorada, adaptada às condições brasileiras de cultivo. Os resultados até o momento obtidos fazem parte da presente tese. Além disso, produto desse mesmo

convênio, os resultados de um experimento conduzido na Malásia são adicionalmente apresentados.

Referências bibliográficas

- Bentsen, H.B.; Eknath, A.E.; Palada-de Vera, M.S. *et al.* Genétic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v.160, p. 145-173, 1998.
- Charo-Karisa, H.; Komen, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Van Arendonk, J.A.M.; Bovenhuis, H., 2006. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture* 261: 479–486.
- Cowles, M. K.; Best, N.; Vines, K. Convergence diagnostics and output analysis. MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40, 1995.
- Falconer, D.S. Introdução à genética quantitativa. Trad. Martinho de Almeida e Silve e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279p.
- Gall, G.A.E.; Bakar, Y. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. *Aquaculture*. v.212, p. 93-113, 2002.
- Gianola, D.; Fernando, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.*, 63:217-44, 1986.
- Gjedrem, T. Genetic improvement of cold-water species. *Aquaculture*. v.31, p. 25-33, 2000.
- Gjoen, M.V.; Acosta, B.O. Past, present and future of genetic improvement in salmon aquaculture. *ICES. J. Mar. Sci.* v.54, p. 1009-1014, 1997.
- Gupta, M.V.; Acosta, B.O. From drawing board to dining table: The success story of the GIFT project. *Naga. WorldFish Center Quarterly*. v.27, nº3&4, p. 4-12 , 2004.
- Heidelberger, P.; Welch, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations research*. v.31, p.1109-1144, 1983.
- Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA), 2008. Estatística da Pesca 2006 Brasil: Grandes regiões e unidades de federação. Brasília:Ibama, 180p.

- Kubitza, F. 2007. O mar está prá peixe... prá peixe cultivado. Panorama da Aqüicultura, março/abril, 2007.
- Lopez-Fanjul, C.; Toro, M.A. Mejora genética de peces y moluscos. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa.,1990. 107p.
- Luan, T.D.; Olesen, I.; Ødegård, J.; Kolstad, K.; Dan, N.C., 2008. Genotype by environment interaction for harvest body weight and survival of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in brackish and fresh water ponds. In: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings... Cairo, Egypt.
- Madsen, C.K.; Buchmann, K.; Møllergaard, S. Treatment of trichodiniasis in eel (*Anguilla anguilla*) reared in recirculation systems in Denmark: alternatives to formaldehyde. Aquaculture. v.186, p. 221-231, 2000.
- Magnabosco, C.D.U. Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento em animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem de gibbs. Ribeirão Preto, 1997. 83p. Tese (Doutorado em Ciências) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, 1997.
- Martins, E.N.; Lopes, P.S.; Silva, M.A.; Regazzi, A.J. Modelo linear misto. Viçosa, MG, UFV, Imprensa Universitária. 46p., 1993.
- Nieto, L. M. *et al.* Utilização de um modelo de limiar na estimação da herdabilidade de resistência dos ovinos aos endoparasitos. Acta Scientiarum, Animal Sciences, Maringá, v.25, p. 151-155, 2003.
- Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; TAN, S.; Kamaruzzaman, N. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*). Aquaculture, v.247, p. 203-210, 2005.
- Razani-Paiva, M.J.T.; Takemoto, R.M.; Lizama, M.A.P. Sanidade de Organismos Aquáticos. São Paulo: Editora Varela, 2004. 426p.
- Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Khaw, H.L.; Kamel, E.; Dawood, T.; Rezk, G.J., 2009. Selective breeding for increased body weight in a synthetic breed of Egyptian Nile tilapia *Oreochromis niloticus*: Response to selection and genetic parameters. Aquaculture 293: 187–194.
- Sakaguti, E. S. Estimação Bayesiana de componentes de variância – Artigo não publicado. Maringá,2004.
- SAS Institute. SAS/STAT®. User's guide: statistics, versão 8.1. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.

- Sorensen, D.A. *et al.* Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, Paris, v.27, p.229-249, 1995.
- Sorensen, D. Gibbs sampling in quantitative genetics. Intern report, n.82, Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996.
- Van Tassel, C.P.; Van Vleck, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995.
- Van Tassel, C.P.; Van Vleck, L.D. Multiple-trait gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. *J. Anim. Sci.*, v.74, p.2586-2597, 1996.
- Van Tassel, C.P. *et al.* Bayesian analisys of twinning and ovolution rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *J. Anim. Sci.*, Savoy, v.76, p.2048-2061, 1998.
- Wagner, P.M. Avaliação de linhagens de Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em diferentes fases de criação. Maringá, 2002. 51p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2002.
- Wang, C.S. *et al.* Bayesian analyses of calving ease score and bith weighted. *Genet. Sel. Evol.*, Paris, v.29, p.117-143, 1997.
- WorldFish Center. GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding. Penang, Malaysia: 2004. 46p.

OBJETIVOS GERAIS

O presente estudo foi realizado com o objetivo de avaliar características de desempenho e sobrevivência em tilápias cultivadas na Malásia. Estimar parâmetros genéticos para essas características de importância econômica em peixes cultivados no Brasil. Melhorar o entendimento a respeito dos parâmetros genéticos e fenotípicos dessas características. Avaliar a relação genética do peso do peixe em diferentes ambientes e com sobrevivência, assim como também verificar a presença de interação genótipo - ambiente e identificar genótipos úteis para o programa de melhoramento conduzido no Brasil.

II - Estimação Bayesiana de parâmetros genéticos para o peso corporal e sobrevivência da linhagem GIFT de tilápias do Nilo cultivadas em tanques-rede e viveiros de terra no Brasil

Resumo

O presente estudo teve como objetivos: examinar o controle genético das características de peso e sobrevivência em famílias da linhagem GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) cultivadas no Brasil, e determinar a relação genética da sobrevivência com o peso do peixe. Utilizou-se uma abordagem Bayesiana para a predição de valores genéticos e para a obtenção de componentes de variância. Mediu-se a sobrevivência como uma característica binária (peixe vivo ou morto, durante o período até a despesca, na estação de desova de 2008). A população total avaliada consistiu em 2.912 peixes individuais, que foram analisados juntamente com o pedigree de 5.394 peixes, todos provenientes da população base vinda do *WorldFish Center* (Malásia). As herdabilidades obtidas para a característica de peso à identificação ($h^2 = 0,17$ e IC 0,09 – 0,27) foram de baixas a moderadas, e geralmente inferiores aos valores obtidos para peso corporal à despesca ($h^2 = 0,21$ e IC 0,12 – 0,32), a qual se mostrou ser uma característica moderadamente herdável. As estimativas de herdabilidades para a sobrevivência ($h^2 = 0,32$; IC 0,22 – 0,44) foram também moderadas, porém maiores que as herdabilidades das características de peso. A estimativa de média *a posteriori* da correlação genética entre o peso à identificação e o peso à despesca foi moderada ($r_g = 0,40$; I.C. 0,04 – 0,69). Porém, essa estimativa não foi obtida com precisão e deve-se ter em conta que essa relação tende a diminuir com o prolongamento do cultivo. As estimativas de correlação genética entre o peso à despesca e a sobrevivência foram também moderadas e sempre positivas ($r_g = 0,50$; I.C. 0,19 - 0,75), indicando que a seleção para peso terá impacto sobre a sobrevivência (no ponto de vista do melhoramento genético). A análise Bayesiana, conduzida por meio do algoritmo de Gibbs, foi ferramenta útil na avaliação genética de famílias de irmãos completos de tilápia, baseado em um modelo de limiar.

Palavras chave: Amostrador de Gibbs, *Oreochromis niloticus*, herdabilidade, melhoramento genético de peixes, peso corporal, sobrevivência.

I - Bayesian estimation of genetic parameters for body weight and survival of the GIFT strain of Nile tilapia cultivated in cages and ponds in Brazil

Abstract

The objectives of the present study were: to examine the genetic control of weight traits and survival in families of the Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT) strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) cultivated in Brazil, and to determine the genetic association between the survival and the weight of the fish. A Bayesian approach was used for predicting breeding values and estimating variance components. Survival was recorded as a binary response (dead or alive, over the harvest time in spawning seasons of 2008). The total population evaluated consisted of 2,912 individual fishes which were analyzed together with the pedigree of 5,394 fishes, all derived from The WorldFish Center base population collection (Malaysia). The heritabilities obtained for tagging weight ($h^2 = 0.17$ e IC 0.09 – 0.27) were from low to moderate, and mostly lower than the values obtained for harvest weight ($h^2 = 0.21$ e IC 0.12 – 0.32), which indicated to be a trait with moderate heritability. The estimates of heritability for survival ($h^2 = 0.32$; IC 0.22 – 0.44) were also moderate, but higher than the heritabilities for the weight traits. The estimate of *a posteriori* mean for the genetic correlation between the tagging weight and the harvest weight was moderate ($r_g = 0.40$; I.C. 0.04 – 0.69). However, this estimate was not obtained with high precision, and this relationship tends to further reduce with longer duration of the grow-out period. The estimates of genetic correlation between survival and body weight at harvest were also moderate and all positive ($r_g = 0.50$; I.C. 0.19 – 0.75), indicating that the selection for weight will have an impact on survival (from a breeding viewpoint). The Bayesian approach, using Gibbs algorithm, was useful in the genetic evaluation of tilapia full sib families, based on a threshold model.

Key words: body weight, gibbs sampling, *Oreochromis niloticus*, survival, heritability, fish genetic improvement.

1. Introdução

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) está entre os sete mais importantes peixes tropicais produzidos pela aquicultura, dos quais cinco deles são espécies de carpas (FAO, 2009). Recentemente, um artigo da Nature (Cressey, 2009) comenta ainda que a tilápia é a espécie “mais próxima do ideal” para a aquicultura, por ser mais palatável ao gosto dos ocidentais, além de ocupar uma posição baixa na cadeia alimentar, necessitando baixo investimento e reduzindo a pressão nos estoques naturais. Por estes motivos, esta espécie, que é originária da África (Fryer & Iles, 1972), vem se tornando cada vez mais popular por todo o mundo, tendo já recebido apelidos carinhosos como “a galinha aquática” (Maclean, 1984), e também “a comida das massas” (ADB, 2005).

Dada a existência de uma ampla variabilidade disponível nas populações existentes de tilápia, o principal desafio dos produtores interessados em melhorar a produtividade, é a acumulação de genes de interesse em genótipos ou linhagens específicas (Ponzoni *et al.*, 2008). No Brasil, um aspecto importante para a maximização da produtividade em peixes, tem sido selecionar linhagens que respondem bem a condições ambientais específicas (Wagner *et al.*, 2004), tomando em consideração sua produtividade e sobrevivência por unidade de área. Diversas pesquisas têm sido realizadas estudando o controle genético dos componentes de produtividade em tilápia, (Eknath, & Acosta, 1998; Khaw *et al.*, 2008; Nguyen, *et al.*, 2007; Ponzoni *et al.*, 2005; Rutten *et al.*, 2005). Porém, não existem trabalhos deste tipo realizado sob as condições agroclimáticas do Brasil. Além disso, como em qualquer outro cultivo aquícola, a mortalidade também é um componente importante no sistema de produção de peixe, e pode ter implicações diretas na produtividade e no sucesso do cultivo (Hamzah *et al.*, 2008).

A sobrevivência em tilápias pode ser afetada por uma grande variedade de fatores, sejam eles idade (Wagner *et al.*, 2004), qualidade de água (Yi & Lin, 2001), densidade (Yi *et al.*, 1996), salinidade (Kamal & Mair, 2005), temperatura (Atwood *et al.*, 2003), dieta (Furuya *et al.*, 1998) e possivelmente também seja afetada pelo fator de origem genética. No melhoramento de peixes, alguns estudos já têm mostrado a importância da sobrevivência nos sistemas de produção aquícolas (Andrade *et al.*, 2006; Fessehaye, 2007; Hamzah *et al.*, 2008; Slembrouck *et al.*, 2009), porém, estudos acerca

do controle genético da sobrevivência em tilápia ainda não têm sido documentados no Brasil.

A herdabilidade é um dos parâmetros mais importantes no melhoramento genético, sendo uma medida do grau de controle genético associado à característica de interesse. A herdabilidade indica quanto da variabilidade fenotípica é de origem genética aditiva e fornece informações objetivas no processo de seleção genética (Falconer *et al.*, 1987). Para estimar esse parâmetro com precisão, a teoria de modelos lineares mistos tem sido extensamente aplicada na avaliação genética animal (Gall & Bakar, 2002; Martins *et al.*, 1997; Sölkner *et al.*, 2008). Em geral, a predição do valor genético dos animais e a identificação dos geneticamente superiores, dependem da correta estimação dos parâmetros genéticos.

Os modelos mistos podem ser aplicados de forma eficiente por meio da inferência Bayesiana (Blasco, 2001; Henryon *et al.*, 2005; Luo *et al.*, 2001; Wang *et al.*, 1994; Santos, 2006). O uso dessa teoria se justifica principalmente porque aumenta o poder de inferência sobre os parâmetros estimados (Nogueira *et al.*, 2003). Isso é possível porque os parâmetros são tratados como variáveis aleatórias; então se pode quantificar a incerteza existente sobre eles (Gianola & Fernando, 1986) e visualizá-la por meio de intervalos de credibilidade. Na prática, a análise bayesiana, para a estimação dos componentes de variância e suas distribuições *a posteriori*, tem sido viabilizada por meio dos métodos conhecidos por Cadeias de Markov Monte Carlo (MCMC). Devido as vantagens na sua aplicação, Walsh (2001) afirmou que, nas próximas décadas, existirá uma forte tendência na utilização de tais procedimentos, substituindo a sua contraparte baseada apenas na função de verossimilhança.

O presente estudo teve como objetivos: examinar o controle genético do peso e sobrevivência em famílias da linhagem GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) cultivadas em viveiros de terra no Brasil; identificar genótipos úteis para o programa de melhoramento conduzido no Brasil; e determinar a relação genética da sobrevivência com o peso corporal desses peixes. Para tal, utilizou-se uma abordagem Bayesiana para a predição de valores genéticos e para a obtenção de componentes de variância. A população avaliada é descendente de peixes introduzidos da população de melhoramento do *WorldFish Center* (Malásia). Os resultados deste estudo permitirão melhorar o conhecimento acerca do controle genético do peso e sobrevivência em tilápias, e permitirá o avanço eficiente do programa de melhoramento iniciado no Brasil.

2. Materiais e métodos

2.1. Material genético

A população de melhoramento considerada neste estudo, consistiu de 33 famílias de tilápia do Nilo da linhagem GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) as quais são provenientes da população base do *WorldFish Center* (Malásia). O programa de melhoramento começou no ano de 2005, no Estado do Paraná, Brasil, o qual contempla a avaliação de uma ampla base de material genético de tilápia do Nilo (Eknath & Acosta, 1998; Khaw et al., 2008; Ponzoni *et al.*, 2005).

2.2. Experimento de campo

Parte do experimento foi conduzida na estação experimental de piscicultura da Universidade Estadual de Maringá, no Estado do Paraná, Brasil (coordenadas 23°31' S e 52° 2' W). A temperatura da água dos viveiros de terra neste local variou entre 13 e 30 °C. Outra parte do experimento se deu no reservatório da Usina Hidrelétrica de Rosana (baixo Paranapanema), onde os peixes foram cultivados em tanques-rede. Este local é situado na região dos Municípios de Diamante do Norte - Paraná e Porto Primavera – São Paulo, Brasil (coordenadas 22°36' S e 52°50' W). Nos tanques-rede, as temperaturas mínimas e máximas variaram entre 17 °C a 28°C, durante o experimento.

Os acasalamentos foram realizados na proporção 1 macho : 1 fêmea para obtenção dos genitores e em planejamento hierárquico (1 macho : 2 fêmeas) para gerar a progênie avaliada. Na reprodução, as fêmeas (matrizes) utilizadas foram condicionadas, individualmente, em hapas de acasalamentos (1m³), avaliadas quanto à condição de maturidade para a desova e acasaladas com o respectivo macho. O método de incubação foi o natural, sendo anotada apenas a data de desova e removidos os machos (reprodutores). A coleta dos alevinos foi realizada somente após a absorção completa do saco vitelínico (*swimming fries*). Alguns acasalamentos não tiveram sucesso e, além disso, o produto de algumas desovas foi perdido antes mesmo da coleta dos alevinos, provavelmente por motivo de deglutição intencional ou não dos ovos pelas fêmeas, ou ainda rejeição, por estresse.

Os alevinos coletados de cada par acasalado foram transferidos para três hapas de recria, com densidade padrão. As hapas foram dispostas no mesmo viveiro e os alevinos receberam dieta de ração de 32% de proteína. A identificação foi efetuada quando os peixes estavam com média de peso de 35g, sendo que 88 peixes de cada

grupo de irmãos completos foram individualmente identificados, por meio de microchips implantáveis, e foi realizada uma biometria inicial.

Os peixes identificados de cada grupo (provenientes da mesma hapa) foram, então, distribuídos em três tanques-rede e um viveiro de terra. Durante a fase de crescimento, a principal dieta usada foi com 28% de proteína bruta. Contudo, parte dos peixes da progênie, os quais foram cultivados em um mesmo tanque-rede, receberam ração com 32% de proteína bruta. Sendo assim, esses se constituem em distintos ambientes de cultivo, porém, a possível existência de interação genótipo – ambiente será examinada em outro artigo. A despesca foi realizada após cinco meses de cultivo.

2.3. Características de interesse para o programa de melhoramento

Procedeu-se a colheita de dados de peso à identificação, peso corporal à despesca e sobrevivência, em uma análise de animais individuais, correspondendo a 150 dias de crescimento da estação de desova de 2008, compreendendo os meses de março a agosto. Aliadas às medidas das características avaliadas, todas as informações relevantes, como sexo, data de desova, local de cultivo, dieta usada e data da despesca foram anotadas, individualmente. A idade foi calculada considerando o período entre as datas de desova e de despesca. O total de peixes avaliados correspondeu a 2.912, mas para as análises foram incluídos dados de pedigree de um total de 5.394 peixes na matriz de parentesco. O peso foi avaliado em gramas, enquanto a sobrevivência, medida durante o período da identificação à despesca, foi avaliada como uma resposta binária, considerando dois possíveis eventos biológicos: 1 - peixe vivo (identificado), 2- peixe morto (incluindo também possibilidade de peixes sem identificação). Subseqüentemente, para a sobrevivência dos peixes, considerou-se uma distribuição Bernoulli, a qual tomou dois possíveis valores: 0 (zero) ou 1 (um); em que 0 corresponde ao valor designado para um peixe morto e 1 em caso contrário.

As medidas de desempenho produtivo (peso à identificação e peso à despesca) e sobrevivência, avaliados em todos os peixes individualmente, permitiram examinar a associação genética entre a sobrevivência e as características de produção.

2.4. Análises estatísticas

Uma análise exploratória dos dados foi realizada inicialmente, juntamente com uma estatística descritiva e avaliação dos efeitos fixos a serem incluídos no modelo (os quais são denominados efeitos de ambiente identificáveis na abordagem bayesiana, pois

todas as variáveis são tratadas como aleatórias). Estas análises foram realizadas por meio do procedimento MIXED para o peso à identificação e peso corporal à despesa, e a macro %GLIMMIX (modelo logit; função de ligação canônica), para a taxa de sobrevivência (SAS Institute Inc., 2005).

Para a análise genética, o peso à identificação e o peso à despesa foram analisados em modelo linear unicaracter e a sobrevivência, fazendo uso do modelo de limiar (*threshold*) proposto por Sorensen *et al.* (1995) e Wang *et al.* (1997). As três características também foram envolvidas em uma abordagem multicaracter para a estimação das correlações genéticas. Isso implicou em correlação residual entre sobrevivência e peso corporal à despesa considerada como sendo zero, já que apenas os sobreviventes tiveram medidas de peso corporal à despesa.

Em todos os modelos, foram incluídos os efeitos genéticos aditivos (valores genéticos; a) e de ambiente comum materno (c) dos peixes individuais.

Para as análises unicaracter, foi utilizado o modelo animal descrito a seguir:

$$y = X\beta + Za + Wc + \varepsilon$$

onde y é o vetor de observações; X , Z e W são matrizes de incidência conhecidas dos efeitos considerados no modelo; β é o vetor de efeitos de ambiente identificáveis (sexo, ambiente de cultivo e idade); a , c e ε são os vetores de efeito genético aditivo, de ambiente comum materno e efeitos residuais, respectivamente.

Para as análises tricaracter, o modelo animal utilizado foi:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ c_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \end{bmatrix}$$

onde y_1 é o vetor dos valores fenotípicos de peso à identificação dos peixes; y_2 o vetor dos valores fenotípicos de peso à despesa; y_3 é o vetor de uma variável aleatória contínua subjacente, normalmente distribuída, chamada de *liability* (predisposição) e correspondente à variável observável sobrevivência; β_1 , β_2 e β_3 são os vetores de efeitos de ambiente identificáveis (sexo, ambiente de cultivo e idade); a_1 , a_2 e a_3 são vetores de valores genéticos; c_1 , c_2 e c_3 são vetores de efeitos de ambiente comum materno; ε_1 , ε_2 e ε_3 são vetores de efeitos residuais; 0 são vetores ou matrizes de valores nulos; X_1 , X_2 , X_3 , Z_1 , Z_2 , Z_3 e W_1 , W_2 , W_3 são matrizes de incidência conhecidas dos efeitos considerados no modelo.

A distribuição conjunta de y , a , c e ε foi assumida como sendo normal multivariada, inclusive para a sobrevivência na escala contínua (*liability*), sendo como segue:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2C & R \\ GZ_1' & G & \phi & \phi \\ CZ_2' & \phi & C & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:

$$V = Z_1GZ_1' + Z_2CZ_2' + R,$$

Para as análises unicaracter:

G é a matriz de (co)variância dos valores genéticos,

$$G = A\sigma_a^2,$$

sendo que:

A é a matriz de parentesco;

σ_a^2 é o componente de variância genética aditiva;

C é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum materno,

$$C = I_m\sigma_c^2,$$

sendo que:

I_m é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos inteiros;

σ_c^2 é o componente de variância que combina o efeito de ambiente comum, com o efeito materno e com $1/4$ do efeito não aditivo;

R é a matriz de (co)variância residual,

sendo

$$R = I_n\sigma_e^2,$$

sendo que:

I_n é a matriz identidade, de ordem igual ao número de observações;

σ_e^2 é o componente de variância residual.

Para a análise multicaracter:

$$G = G_0 \otimes A,$$

em que:

A é a matriz de parentesco;

\otimes é o produto de Kronecker;

G_0 é a matriz de (co)variâncias genéticas, dada a seguir:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_1a_3} \\ \sigma_{a_1a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \sigma_{a_2a_3} \\ \sigma_{a_1a_3} & \sigma_{a_2a_3} & \sigma_{a_3}^2 \end{bmatrix}$$

$$C = I_m \otimes C_0$$

em que:

I_m é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos inteiros;

C_0 é a matriz de (co)variâncias do efeito de ambiente comum materno, dada a seguir:

$$C_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{c_1}^2 & \sigma_{c_1c_2} & \sigma_{c_1c_3} \\ \sigma_{c_1c_2} & \sigma_{c_2}^2 & \sigma_{c_2c_3} \\ \sigma_{c_1c_3} & \sigma_{c_2c_3} & \sigma_{c_3}^2 \end{bmatrix}$$

$$R = R_0 \otimes I$$

em que:

I_n é a matriz identidade, de ordem n , igual ao número de animais;

R_0 é a matriz de (co)variâncias residuais, dada a seguir:

$$R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} \\ \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_2}^2 & 0 \\ \sigma_{e_1e_3} & 0 & \sigma_{e_3}^2 \end{bmatrix}$$

Para a estimação dos componentes de (co)variância e valores genéticos, foi usada a abordagem Bayesiana, via algoritmo de Gibbs, pertencente aos métodos de Monte Carlo – Cadeias de Markov (MCMC).

O programa MTGSAM (Van-Tassell e Van-Vleck, 1996; Van-Tassell *et al.*, 1998), foi utilizado para conformar as distribuições *a posteriori* dos parâmetros, baseado no modelo tri-carater com as variáveis binária, ou classificatória, e contínuas. Embora o MTGSAM seja um programa flexível quanto aos modelos de análise que podem ser utilizados, as distribuições *a priori* dos efeitos considerados no modelo são

definidas pelo programa, sendo necessário definir apenas alguns parâmetros da distribuição dos componentes de variância (LÔBO *et al.*, 1997).

As distribuições *a priori* dos efeitos são definidas pelo próprio programa, sendo assumido que, para os efeitos de ambiente identificáveis, não existe nenhum conhecimento inicial, com uma distribuição inicial uniforme, e que a distribuição dos efeitos genéticos e dos resíduos é normal multivariada. Em se tratando dos valores genéticos, a estrutura de (co)variâncias é considerada conhecida e proporcional a matriz de parentesco. Para os componentes de variância genética direta, de ambiente comum materno e residual da análise unicaracter, foi admitida distribuição de Gama Invertida (Γ) para σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 , na forma:

$$\sigma_a^2 \sim \Gamma(g_0, v_g), \sigma_p^2 \sim \Gamma(p_0, v_p) \text{ e } \sigma_e^2 \sim \Gamma(s_0, v_e),$$

em que:

$$f(\sigma_a^2 | g_0, v_g) \propto (\sigma_a^2)^{-\frac{1}{2}(v_g+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(g_0\sigma_a^{-2})}$$

$$f(\sigma_c^2 | c_0, v_c) \propto (\sigma_c^2)^{-\frac{1}{2}(v_c+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(c_0\sigma_c^{-2})}$$

$$f(\sigma_e^2 | r_0, v_e) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(v_e+2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(r_0\sigma_e^{-2})}$$

sendo que:

v_g , v_c e v_e são os graus de liberdade das distribuições, que equivalem ao grau de crença que se tem acerca dos parâmetros σ_a^2 , σ_c^2 e σ_e^2 , respectivamente; g_0 , c_0 e r_0 são os parâmetros escala das distribuições de σ_a^2 , σ_c^2 e σ_e^2 , respectivamente.

Para os componentes de variância da análise multicaracter foi considerado que G_0 , C_0 e R_0 possuem distribuição de Wishart Invertida (IW) na forma:

$$G_0 \sim IW(G^*, v_g), C_0 \sim IW(C^*, v_c) \text{ e } R_0 \sim IW(R^*, v_e),$$

tal que:

$$f(G_0 | G^*, v_g) \propto |G|^{-1/2(v_g+m_g+1)} \cdot e^{-1/2tr(G^*{}^{-1}G^{-1})}$$

$$f(C_0 | C^*, v_c) \propto |C|^{-1/2(v_c+m_c+1)} \cdot e^{-1/2tr(C^*{}^{-1}C^{-1})}$$

$$f(R_0 | R^*, v_e) \propto |R|^{-1/2(v_e+m_r+1)} \cdot e^{-1/2tr(R^*{}^{-1}R^{-1})},$$

onde m_g , m_c e m_r são as ordens das matrizes G_0 , C_0 e R_0 , respectivamente, e G^* , C^* e R^* são as matrizes de parâmetro escala das distribuições G_0 , C_0 e R_0 , respectivamente.

A função densidade de probabilidade conjunta posterior dos parâmetros, dados os hiperparâmetros, foi obtida por meio do produto das distribuições *a priori* pela função de verossimilhança, conforme descrito por Van Tassel & Van Vleck (1998). Para implementar a amostragem de Gibbs, foram obtidas as funções densidade de probabilidade condicionais completas, para cada parâmetro, por meio da derivação da função de densidade posterior conjunta, considerando como constantes os valores dos outros parâmetros contidos no modelo, o que gerou a distribuição do parâmetro de interesse. As estimativas das médias *posteriores* para os componentes de (co)variância foram dadas pelo valor esperado de suas distribuições condicionais completas.

O amostrador de Gibbs gerou 10.000 amostras de cada um dos componentes de (co)variância a partir de uma cadeia de 1.005.000 amostras, incluindo a queima inicial de 5.000. A estacionalidade (convergência) das cadeias geradas foi checada por meio do método de Heidelberger & Welch (1983) disponível na biblioteca CODA, incorporada no programa **R** 2.6.2 (R Development Core Team, 2007).

2.5. Parâmetros genéticos

Foram obtidas amostras *a posteriori* da herdabilidade (h^2) para as características de produção e sobrevivência, calculadas a partir das amostras *a posteriori* dos componentes de variância, usando a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2},$$

em que σ_g^2 e σ_p^2 , são as variâncias genotípica e fenotípica, respectivamente; σ_a^2 e σ_c^2 , são as variâncias aditiva e de efeito comum materno (hapa), respectivamente; σ_e^2 , corresponde à variância residual.

As estimativas de efeito de ambiente comum materno envolveram uma combinação do efeito de ambiente comum da progênie, com $\frac{1}{4}$ do efeito não aditivo e com o efeito materno, sem a estrutura genética. O cálculo para a obtenção de suas amostras a partir das amostras dos componentes de variância *a posteriori* foi realizado por:

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

A associação genética aditiva entre as duas características medidas em um mesmo peixe foi calculada como:

$$r_g = \frac{\sigma_{a_{XY}}}{\sigma_{a_X} \times \sigma_{a_Y}}$$

em que $\sigma_{a_{XY}}$ corresponde aos valores *a posteriori* de covariância aditiva das amostras, calculada entre as características de peso à identificação, peso corporal à despesca e sobrevivência, duas à duas (X e Y) e ; $\sigma_{a_X}^2$ e $\sigma_{a_Y}^2$ são as amostras das distribuições *a posteriori* das variâncias aditivas para as características X e Y .

Com posse de todas as amostras dos componentes de variância, herdabilidade, efeito comum materno e correlações, foram calculadas medidas de tendência central, com respectivos intervalos de credibilidade destes parâmetros.

3. Resultados e Discussão

Ao final do experimento, os 2.735 peixes sobreviventes possuíam média de peso de 325,81g, com desvio padrão de 131,82. Durante esse tempo de cultivo, a sobrevivência atingiu um valor médio de 90% entre as famílias, que está de acordo com as altas taxas de sobrevivência encontradas na fase de crescimento em tilápias (Luan *et al.*, 2008; Ponzoni *et al.*, 2008; Wagner *et al.*, 2004) e demonstra a adaptabilidade da linhagem, assim como o grande potencial deste recurso genético no país.

Apesar de não ter sido possível o controle de perda de identificação por peixes vivos durante todo o crescimento, estima-se que a perda deve ter sido muito pequena, se não nula, devido ao fato de que foram controladas perdas nos primeiros dias de recuperação, com substituição desses peixes e também devido ao tamanho relativamente grande dos peixes à identificação. Alguns experimentos têm sido realizados na África e Ásia, na tentativa de entender o controle genético da sobrevivência em tilápias. Em tais experimentos foi realizada a identificação dos peixes em tamanho bastante menor do que no presente trabalho (2 – 5g em Charo-Karisa *et al.*, 2006 e Rezk, *et al.*, 2009) e, provavelmente devido a este fato, as taxas de sobrevivência foram menores, variando entre 35 a 81%. Já Luan *et al.*, (2008) efetuaram a identificação em peixes de 12 a 15g, obtendo até mais de 90% de sobrevivência.

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidade obtidas do modelo unicarater são apresentadas na Tabela 1, e as obtidas do modelo tricarater estão na Tabela 2. As estimativas de médias *a posteriori* das herdabilidades foram similares à moda, indicando tendência à simetria das distribuições *a posteriori* em todas as análises. Porém, leve assimetria à esquerda pode ser observada nos resultados das análises

unicaracter. O teste estatístico de Heidelberger e Welch (1983) indicou convergência da cadeia de Gibbs de cada parâmetro.

Tabela 1

Estimativas unicaracter de variância genética aditiva σ_a^2 , variância de efeito de ambiente comum materno σ_c^2 , variância residual σ_e^2 , herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para o peso corporal à identificação e à despesa e sobrevivência em Tilápias GIFT cultivadas no Brasil

Característica/ Parâmetro	Média	Mediana	Moda*	DP	IC	
					2,5%	97,5%
Peso à identificação						
σ_a^2	117,04	113,30	108,14	45,74	48,97	199,51
σ_c^2	172,61	170,47	166,67	29,42	128,19	223,77
σ_e^2	285,97	287,67	292,17	23,58	244,31	321,62
h^2	0,20	0,20	0,18	0,07	0,09	0,33
c^2	0,30	0,30	0,29	0,04	0,23	0,37
Peso à despesa						
σ_a^2	2.216,68	2.156,12	2.079,60	688,83	1.204,23	3.453,76
σ_c^2	1.147,64	1.129,30	1.115,22	223,57	818,84	1.541,52
σ_e^2	5.965,53	5.985,52	6.013,76	384,03	5.289,81	6.564,93
h^2	0,24	0,23	0,23	0,07	0,13	0,35
c^2	0,12	0,12	0,12	0,02	0,09	0,16
Sobrevivência						
σ_a^2	0,04	0,04	0,04	0,01	0,03	0,05
σ_c^2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
σ_e^2	0,06	0,06	0,06	0,01	0,05	0,06
h^2	0,40	0,40	0,33	0,08	0,33	0,55
c^2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

* Kernel Density Estimation; DP: Desvio Padrão; IC: Intervalo de Credibilidade.

Comparando-se os componentes estimados das análises unicaracter (Tabela 1) com a tricaracter (Tabela 2), observam-se poucas alterações. Entretanto, as estimativas de moda *a posteriori* encontram-se mais próximas entre as análises, enquanto que as estimativas de média *a posteriori* se distanciam mais.

Tomando como base a análise tricaracter, observa-se que as estimativas de herdabilidade para peso à identificação ($h^2 = 0,17$ e IC 0,09 – 0,27) foram inferiores às estimativas para peso à despesa ($h^2 = 0,21$ e IC 0,12 – 0,32) e similares às obtidas por Bolivar & Newkirk (2002), Rezk *et al.* (2009) e por Rutten *et al.* (2005). Entretanto,

essas estimativas foram mais baixas que às encontradas por Ponzoni *et al.* (2005) e Charo-Karisa *et al.* (2006).

Tabela 2

Estimativas tricaracter de variância genética aditiva σ_a^2 , de efeito de ambiente comum materno σ_c^2 , residual σ_e^2 , herdabilidades (h^2) e efeitos de ambiente comum materno (c^2), com respectivas medidas de tendência central e intervalos de credibilidade, ao nível de 95%, para o peso corporal à identificação e à despesca e sobrevivência em Tilápias GIFT cultivadas no Brasil

Característica/ Parâmetro	Média	Mediana	Moda*	DP	IC	
					2,5%	97,5%
Peso à identificação						
σ_a^2	96,81	92,68	85,65	33,22	50,24	157,06
σ_c^2	180,86	179,07	176,37	27,13	139,39	228,59
σ_e^2	288,39	290,07	294,26	17,85	256,63	314,76
h^2	0,17	0,16	0,15	0,06	0,09	0,27
c^2	0,32	0,32	0,32	0,04	0,26	0,38
Peso à despesca						
σ_a^2	2.194,61	2.132,06	2.141,53	707,94	1.160,17	3.479,63
σ_c^2	1.171,82	1.152,89	1.127,51	240,16	813,20	1.592,28
σ_e^2	6.880,10	6.903,07	6.934,89	414,83	6.149,30	7.516,86
h^2	0,21	0,21	0,21	0,06	0,12	0,32
c^2	0,11	0,11	0,11	0,02	0,08	0,15
Sobrevivência						
σ_a^2	0,03	0,03	0,03	0,01	0,02	0,04
σ_c^2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
σ_e^2	0,06	0,06	0,06	0,00	0,05	0,07
h^2	0,32	0,33	0,33	0,07	0,22	0,44
c^2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

* Kernel Density Estimation; DP: Desvio Padrão; IC: Intervalo de Credibilidade.

O peso corporal é a característica mais importante dentro dos programas de melhoramento de tilápia e já bastante avaliado por diversos autores (Charo-Karisa *et al.*, 2006; Khaw *et al.*, 2008; Ponzoni *et al.*, 2005; Rutten *et al.*, 2005). Mesmo com as gerações de seleção praticadas na tilápia GIFT, as variâncias genéticas são indicativas de que ganho genético pode ser alcançado posteriormente (Ponzoni *et al.*, 2005). Rutten *et al.* (2005), por exemplo, encontraram variâncias genéticas aditivas entre 1.481g² e 2.778g² em descendentes de tilápias GIFT com três outras linhagens, possuindo médias de peso à despesca de 286,1g e 403,6g No presente trabalho, os resultados de herdabilidade para o peso à despesca, juntamente com os de variância genética aditiva

(2.194,61g²; IC 1160,17g² – 3.479,63g²) foram significativos e indicando boas possibilidades de progresso genético nas circunstâncias de cultivo do Brasil.

A sobrevivência mostrou ser uma característica moderadamente herdável, com valores de herdabilidades *a posteriori* geralmente maiores que os de peso corporal, obtendo média e intervalo de credibilidade de $h^2 = 0,32$ e I.C. (0,22 – 0,44), respectivamente. Herdabilidades resultantes de estudos de sobrevivência em tilápia realizados por Charo-Karisa *et al.* (2006) e Rezk *et al.* (2009) foram inferiores (0,03 – 0,14) ao presente trabalho; porém, em Luan *et al.* (2008), foram maiores que às aqui obtidas (Tabelas 1 e 2).

Outros estudos de sobrevivência resultaram em valores de herdabilidade semelhantes e, principalmente, mais altos (0,3 – 0,74) do que os encontrados aqui; tais estudos avaliaram também tilápias (em diferentes temperaturas, Chiayvareesajja *et al.*, 1999 e em água salobra, Luan *et al.*, 2008) e trutas (submetidas à diferente enfermidades, Henryon *et al.*, 2005), porém, nesses experimentos os peixes foram submetidos à desafio. Neste caso em que a sobrevivência é tida como a resistência do animal a determinado desafio, o progresso genético deve ser maior quando o desafio for maior, porque permite detectar mais facilmente diferenças genéticas (Campbell, 1986; Nieto *et al.*, 2001); entretanto, os genes que controlam a característica podem ser outros.

No melhoramento genético animal, um objetivo comum é selecionar aqueles animais com resistência genérica, ou robustez contra fatores ambientais de distúrbio, estresse e mortalidade múltiplos. Isso poderia contribuir enormemente para melhorar o bem estar animal e a facilidade de manejá-los em uma grande variedade de ambientes possíveis (Mulder & Bijma, 2005). No experimento aqui avaliado, os peixes não foram submetidos a algum desafio específico. Porém, é possível que o fato do período de cultivo tenha se passado durante o período de inverno possa ter agido como fator desafiante da sobrevivência e contribuído para sua expressão.

O controle genético das características de produção e sobrevivência em populações de melhoramento de tilápia ainda não tem sido documentado no Brasil. Além disso, de um modo geral, os estudos em tilápias têm focado seus esforços principalmente no conhecimento de características de produção. Ponzoni *et al.* (2005) encontraram uma moderada ação dos efeitos aditivos para o peso quando a despesca foi realizada com aproximadamente 230g.

O entendimento das contribuições relativas dos componentes genéticos e ambientais no controle da variação de características de interesse é um aspecto crucial

para os programas de melhoramento de peixes (Khaw *et al.*, 2008). A quantificação da variância genética é também importante nos programas de seleção de tilápia, porque revela a estrutura genética da característica de interesse nas populações de melhoramento (Ponzoni *et al.*, 2005). As estimativas de herdabilidade encontradas, de magnitude baixa a moderada, revelam uma forte influência dos fatores ambientais não identificáveis nas características de peso e taxa de sobrevivência.

A baixa herdabilidade encontrada para o peso à despesca sugere que o valor fenotípico dos peixes não é um bom preditor dos seus potenciais genéticos. Assim, a seleção praticada com base nos valores genéticos estimados por BLUP é a alternativa indicada para obtenção de maior precisão, portanto, maior será o progresso genético da população.

Em princípio, a sobrevivência deveria ser incluída como objetivo de seleção, pois determina o número de peixes disponíveis para o mercado e, portanto, o lucro no cultivo. Contudo, torna-se necessário ponderar o fato de que a sobrevivência é influenciada por várias outras características componentes adjacentes, nas quais a expressão pode variar em tempo e espaço (Vehviläinen *et al.*, 2008). Esses últimos autores mostraram que correlações genéticas da sobrevivência, quando tratada como diferentes características em diferentes gerações de peixes cultivados sob diferentes ambientes, poderiam ser até mesmo negativas. Esses resultados indicam que deve-se haver cautela ao usar essa característica como um critério de seleção e, ao mesmo tempo, mais importante se torna monitorá-la ao longo de um programa de melhoramento. No nível dos sistemas de produção, essa característica deve ser melhorada por meio da modificação dos fatores ambientais como melhor manejo, dieta e qualidade da água.

O efeito de ambiente comum materno foi moderado para o peso à identificação e, como era de se esperar, diminuiu com o tempo de cultivo, sendo menor para o peso à despesca (Tabelas 1 e 2). Este resultado é uma consequência do inevitável isolamento de grupos de irmãos completos em hapas por períodos de tempo prolongados, até atingirem o tamanho de identificação. O período de cultivo se deu durante o inverno (com queda nas temperaturas da água), o qual iniciou imediatamente após a identificação dos peixes. O efeito de ambiente comum materno tende a diminuir com o tempo de crescimento; principalmente se o período de cultivo for prolongado.

Para a sobrevivência, não houve efeito de ambiente comum materno (as estimativas foram zero), fato provavelmente decorrente da identificação tardia dos peixes, aos 35g.

Foram obtidas correlações genéticas com altos desvios padrão e grande amplitude de valores, indicando que não foram estimadas com precisão (Tabela 3). Entretanto, os valores de média *a posteriori* sugerem uma relação genética positiva entre as características avaliadas. Esses resultados são consistentes com os valores indicados por Gjedrem (2005) e Rezk *et al.* (2009).

Tabela 3

Estimativas de correlação genética (r_g) entre as características de peso à identificação (1), peso corporal à despesca (2) e sobrevivência (3), e respectivas medidas de tendência central, com intervalos de credibilidade a 95% de probabilidade

Parâmetro	Média	Mediana	Moda*	DP	IC	
					Lower	Upper
$r_{g_{1x2}}$	0,40	0,42	0,45	0,20	0,04	0,69
$r_{g_{1x3}}$	0,14	0,14	0,14	0,29	-0,35	0,61
$r_{g_{2x3}}$	0,50	0,51	0,56	0,17	0,19	0,75

* Kernel Density Estimation; DP: Desvio Padrão; IC: Intervalo de Credibilidade.

A estimativa de correlação genética entre o peso à identificação e o peso à despesca foi positiva ($r_g = 0,40$; I.C. 0,04 – 0,69) e maior que a encontrada por Rezk *et al.* (2009). Essa relação tende a diminuir com o prolongamento do cultivo. Portanto, a prática de usar a informação de peso inicial como critério de seleção para melhorar o peso à despesca em tilápias poderia ser duvidosa, principalmente tendo em vista o intervalo de credibilidade das correlações entre essas características.

A correlação genética entre o peso à identificação e a sobrevivência não obteve estimativa significativamente diferente de zero, pois seu intervalo de credibilidade passa pelo valor zero ($r_g = 0,14$; I.C. -0,35 - 0,61). Porém, os valores de correlação genética entre o peso à despesca e a sobrevivência foram de moderado a alto ($r_g = 0,50$; I.C. 0,19 - 0,75), indicando uma relação genética positiva entre essas duas características. Tal resultado evidencia a possibilidade de melhoramento simultâneo para as duas características.

Outros autores que avaliaram o controle genético do peso corporal e da sobrevivência em tilápias, ou não tiveram sucesso em estimar essas correlações, devido aos altos valores de erros padrões maiores que as próprias estimativas (Charo-Karisa *et*

al., 2006; Luan *et al.*, 2008), ou também estimaram esse parâmetro com grande imprecisão (Rezk *et al.*, 2009). No trabalho realizado por Henryon *et al.* (2005) também foi usada abordagem bayesiana para a estimação da sobrevivência, porém, esta foi tida como uma medida de resistência em diferentes idades (e pesos), sendo avaliada a associação entre a sobrevivência e o peso por meio de um estudo longitudinal, não obtendo correlações genéticas entre essas características.

Segundo Wright *et al.* (2000), a análise Bayesiana é importante na avaliação genética, já que leva em consideração a variabilidade existente nos parâmetros do modelo e os valores de predição dos efeitos genéticos. Estes podem ser caracterizados não apenas pela média da distribuição *a posteriori*, mas também por meio dos intervalos ou regiões de credibilidade (ou intervalos de confiança na análise clássica de avaliação genético-estatística).

Os parâmetros genéticos estimados forneceram o conhecimento necessário para determinar a melhor estratégia adotada no programa de melhoramento, que possa permitir um bom avanço genético dessa população. A ampla variância genética aditiva encontrada tanto para as características de produção, como de sobrevivência, somada à manutenção da variabilidade genética, poderá garantir que os avanços sejam contínuos nas futuras gerações de seleção.

4. Conclusões

As características avaliadas de produção e sobrevivência apresentaram variâncias genéticas e herdabilidades indicando boas possibilidades de progresso genético nas circunstâncias de cultivo do Brasil.

Além do peso corporal, a sobrevivência dos peixes deveria ser considerada uma característica relevante dentro do contexto do melhoramento genético de tilápia, pelo ponto de vista comercial. Os valores positivos de correlação genética entre peso à despesca e sobrevivência indicaram que a sobrevivência poderá ser melhorada indiretamente, por meio da seleção no peso dos peixes. Este resultado pode ser relevante dentro do programa de melhoramento conduzido no Brasil. Por outro lado, essa relação significativa também implica na necessidade de um monitoramento contínuo dessa característica, já que diferentes fatores que causam a mortalidade podem não dividir determinação genética comum.

Referências

- Asian Development Bank (ADB). An impact evaluation of the development of genetically improved farmed tilapia and their dissemination in selected countries. Asian Development Bank publication, 2005.
- Andrade, L.S.; Andrade, R.L.B.; Becker, A.G.; Baldisserotto, B., 2006. Survival and behavior of silver catfish, *Rhamdia quelen*, submitted to antibiotics and sodium chloride treatments. *Cienc. Rural* 36(3):1004-1007.
- Arango, J.; Misztal, I.; Tsuruta, S.; Culbertson, M.; Herring, W., 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *J Anim Sci.* 83:499-506.
- Atwood, H.L.; Tomasso, J.R.; Webb, K.; Gatlin, D.M., 2003. Low-temperature tolerance of Nile tilapia, (*Oreochromis niloticus*): effects of environmental and dietary factors. *Aquaculture Research*, 34: 241 – 251.
- Blasco, A., 2001. The Bayesian controversy in animal breeding. *J Anim Sci.*, 79, 2023-2046.
- Cadena-Meneses, J.A., and Castillo-Morales, A., 2000. Variance component estimation, a comparison supported by simulation. *Agrociencia* 34:343-352.
- Campbell, A. G., 1986. Selection strategies for animal disease resistance. *New Zealand Agr. Sci.* 20: 169- 171.
- Charo-Karisa, H.; Komen, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Van Arendonk, J.A.M.; Bovenhuis, H., 2006. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture* 261: 479–486.
- Chiayvareesajja, J., Røed, K.H.; Eknath, A.E.; Danting, J.C.; De Vera, M.P.; Bentsen, H.B., 1999. Genetic variation in lytic activities of blood serum from Nile tilapia and genetic associations with survival and body weight. *Aquaculture* 175: 49–62.
- Cressey, D., 2009. Future fish: The only way to meet the increasing demand for fish is through aquaculture. *Nature*, vol. 458.
- Damgaard, L.H. and Korsgaard, I.R., 2006. A bivariate quantitative genetic model for a threshold trait and a survival trait. *Genet. Sel. Evol.* 38: 565–581.
- Eknath, A.E. and Acosta, B.O., 1998. Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: Final Report, March 1988 to December 1997. International Center for Living Aquatic Resources Management, Makati City, Philippines.

- Falconer, D.S., 1987. Introdução a genética quantitativa. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa. 279p.
- FAO, 2009. The state of world fisheries and aquaculture 2008.
- Fessehaye, Y.; Komen, H.; Rezk, M.A.; Van Arendonk, J.A.M.; Bovenhuis, H., 2007. Effects of inbreeding on survival, body weight and fluctuating asymmetry (FA) in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture* 264: 27–35.
- Fryer, G. & Iles, T.D. The Cichlid Fishes of the Great Lakes of Africa, their Biology and Distribution, Oliver and Boyd; Edinburgh, Scotland, 641pp. 1972.
- Furuya, W.M.; Sandra, R.S.; Furuya, V.R.B.; Hayashi, C.; Ribeiro, P.R., 1998. Pelletized and extruded diets for reversed Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) males in finishing phase. *Ciência Rural*, 28: 483 – 487.
- Gall, G.A.E.; Bakar, Y., 2002. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. *Aquaculture* 212, 93-113.
- Gianola, D. and Fernando, R.L., 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *Journal of Animal Science* 63:217-244.
- Gjedrem, T., 2005. Selection and Breeding Programs in Aquaculture. Springer, The Netherlands. 364 pp.
- Hamzah, A.; Nguyen, H.N.; Ponzoni, R.W.; Kamaruzzaman N.; Subha, B., 2008. Performance and survival of three red tilapia strains (*Oreochromis spp*) in pond environment in Kedah State, Malaysia. In: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings... Cairo, Egypt. vol.1, p.199-211.
- Heidelberger, P., and Welch, P.D., 1983. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research* 31:1109-1114.
- Henryon, M ; Berg, P.; Olesen, N. J.; Kjaer, T.E.; Slierendrecht, W.J.; Jokumsen, A.; Lund, I., 2005. Selective breeding provides an approach to increase resistance of rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) to the diseases, enteric redmouth disease, rainbow trout fry syndrome, and viral haemorrhagic septicaemia *Aquaculture* 250: 621– 636.
- Kamal, A.H.M. and Mair, G.C., 2005. Salinity tolerance in superior genotypes of tilapia, *Oreochromis niloticus*, *Oreochromis mossambicus* and their hybrids. *Aquaculture* 247: 189– 201.

- Khaw, H.L., Ponzoni, R. W. and Danting, M. J. C., 2008. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. *Aquaculture*, 275:64-69.
- Lôbo, R.B.; Oliveira, H.N.; Bezerra, L.F. *et al.*, 1997. Estimativa de componentes de (co)variância herdabilidade para o peso aos 120 dias de idade na raça Nelore usando estatística bayesiana. *In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, 34, 1997, Juiz de Fora – MG. Anais... Juiz de Fora: SBZ, p. 186 – 189.
- Luan, T.D.; Olesen, I.; Ødegård, J.; Kolstad, K.; Dan, N.C., 2008. Genotype by environment interaction for harvest body weight and survival of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in brackish and fresh water ponds. *In: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings... Cairo, Egypt.*
- Luo, M. F.; Boettcher, P. J.; Schaeffer, L. R.; Dekkers, J.C.M., 2001. Bayesian Inference for Categorical Traits with an Application to Variance Component Estimation. *J. Dairy Sci.* 84:694–704.
- Maclean, J.L. Tilapia – the aquatic chicken. *ICLARM Newsletter*, 7(1):17, 1984.
- Martins, E.N.; Lopes, P.S.; Silva, M.A.; Torres Junior, R.A.A., 1997. Uso de modelos mistos na avaliação genética animal. Viçosa, MG, UFV, Imprensa Universitária, 100p.
- Mulder, H. A.; Bijma, P., 2005. Effects of genotype x environment interaction on genetic gain in breeding programs. *J. Anim. Sci.* 83: 49–61.
- Nguyen, H.N.; Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2007. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture* 272 S1, S38–S46.
- Nieto, L.M.; Martins, E.N.; Macedo, F.A.F.; Santos, A.I., 2001. Variance components estimate for the genetic resilience on ovine endoparasites. *Revista de Ciencia y Tecnología*, 4a: 60 – 64.
- Nogueira, D.A.; Sáfyadi, T.; Bearzoti, E.; Bueno Filho, J.S.S. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciênc. Agrotec. Lavras**. Edição Especial, p.1614-1624, dez., 2003.
- Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247, 203–210.

- Ponzoni, R.W.; Nguyen, H.N.; Khaw, H.L. et al., 2008. Genetic improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) -present and future. In: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings... Cairo, Egypt. vol.1, p.33-52.
- R development core team, 2007. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. <http://www.R-project.org>.
- Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Khaw, H.L.; Kamel, E.; Dawood, T.; Rezk, G.J., 2009. Selective breeding for increased body weight in a synthetic breed of Egyptian Nile tilapia *Oreochromis niloticus*: Response to selection and genetic parameters. *Aquaculture* 293: 187–194.
- Romana-Eguia, M. I., Basiao, Z.U.; Taniguchi, N., 2004. Genetic diversity in farmed Asian Nile and red hybrid tilapia stocks evaluated from microsatellite and mitochondrial DNA analysis, *Aquaculture* 236:131–150.
- 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.
- Santos, A.I., 2006. Heterogeneity of (co)variance structures. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá. 68p.
- SAS Institute Inc., 2005. SAS/STAT[®] user's guide, version 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Slembrouck, J.; Baras, E.; Subagja, J.; Hung, L.T.; Legendre, M., 2009. Survival, growth and food conversion of cultured larvae of *Pangasianodon hypophthalmus*, depending on feeding level, prey density and fish density. *Aquaculture* 294: 52–59.
- Sölkner, J.; Grausgruber, H.; Okeyo, A.M.; Ruckebauer, P., Wurzinger, M., 2008. Breeding objectives and the relative importance of traits in plant and animal breeding: a comparative review. *Euphytica* 161:273–282.
- Sorensen, D. A.; Anderson, S.; Gianola, D.; Korsgaard, I., 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27:229-249.
- Thrower, F. P.; Hard, J.J.; Joyce, J. E., 2004. Genetic architecture of growth and early life-history transitions in anadromous and derived freshwater populations of steelhead. *Journal of Fish Biology*, 65 (Supplement A): 286–307.
- Wagner, P.M.; Ribeiro, P.R.; Moreira, H.L.M.; Vargas, L.; Povh, J.A., 2004. Evaluation of Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus*) in different phases of rearing. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 26: 187 – 196.

- Wang, C.S.; Rutledge, J.J.; Gianola, D., 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 26, 91-115.
- Wang, C.S. *et al.*, 1997. Bayesian analyses of calving ease score and birth weight. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 117-143.
- Walsh, B. 2001. Quantitative genetics in the age of genomics. *Theoret Pop Biol* 59:175–184.
- WorldFish Center, 2004. GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding. Penang, Malaysia. 46p.
- Wright, D.R.; Stern, H.S.; Berger, P.J., 2000. Comparing traditional and Bayesian Analyses of selection experiments in animal breeding. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 5:240-256.
- Van Tassell, C.P., and L.D. Van Vleck., 1996. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *Journal of Animal Science* 74:2586-2597.
- Van Tassell, C.P., Van Vleck, L.D.; Gregory, K.E., 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *Journal of Animal Science* 76:2048-2061.
- Vehviläinen, H.; Kaune, A.; Quinton, C.; Koskinen, H.; Paananen, T., 2008. Survival of the Currently Fittest: Genetics of Rainbow Trout Survival Across Time and Space. *Genetics* 180, 507–516.
- Yi, Y.; Lin, C.K.; Diana, J.S., 1996. Influence of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) stocking density in cages on their growth and yield in cages and in ponds containing the cages. *Aquaculture* 146: 205-215
- Yi, Y. and Lin, C. K., 2001. Effects of biomass of caged Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) and aeration on the growth and yields in an integrated cage-cum-pond system. *Aquaculture* 195: 253 - 267.

III - Interação genótipo ambiente para peso corporal na despesca de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) em tanques-rede e viveiros de terra

Resumo

No sul do Brasil foram conduzidos experimentos para avaliar o desempenho da linhagem GIFT e correlações genéticas da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) durante três anos, a partir de 2006. Os peixes foram reproduzidos, criados e individualmente avaliados em tanques-rede, sob dietas de 28% (A1) e 32% (A2) de proteína bruta, e em viveiros de terra com 28% de proteína bruta (A3). Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para o peso corporal à despesca foram obtidas de 2.735 progênies de 33 famílias de irmãos completos, sendo conduzida avaliação genética. As estimativas de herdabilidade para o peso à despesca foram moderadas em todos os ambientes 0,39 (0,11), 0,46 (0,12) e 0,14 (0,09) para A1, A2 e A3, respectivamente. As correlações genéticas para o peso corporal à despesca entre os ambientes avaliados A1 e A3, de 0,68 (0,30) e A2 e A3, de 0,58 (0,29) foram consideravelmente altas, e entre A1 e A2, de 0,88 (0,08) foi a maior, e em todos foi significativa. Foram encontradas variâncias genéticas aditivas substanciais para a característica, a qual pode ser explorada por meio de programas de seleção genética. Os resultados indicam diferenças em sensibilidade da linhagem aos diferentes ambientes e, portanto, a presença de interação genótipo - ambiente para peso à despesca entre os ambientes avaliados. Isso sugere que programas de seleção separados deveriam ser considerados para melhorar o peso corporal à despesca nos diferentes ambientes estudados. Entretanto, herdabilidades e correlações genéticas mais confiáveis nos diferentes ambientes testados deveriam ser obtidas, usando viveiros de terra e tanques-rede replicados e maior número de grupos de irmãos completos, antes que conclusões sejam traçadas no desenvolvimento deste programa de melhoramento almejando os ambientes particulares da aquicultura brasileira semi-intensiva.

Palavras chave: Correlação genética; Dieta protéica; Linhagem GIFT; Tanque-rede; Valor genético; Viveiro de terra

II - Genotype by environment interaction for harvest body weight of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in cages and ponds

Abstract

Experiments to evaluate the GIFT strain performance and genetic correlation of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) were conducted in southern Brazil during three years from 2006. The fishes were reproduced, stocked and individually evaluated in cages, under 28% (A1) and 32% (A2) of crude protein diet, and in earthen ponds (A3). Heritability and genetic correlation estimates for harvest body weight of Nile tilapia were obtained from 2,735 offspring of 33 full-sib families and genetic evaluation was conducted. The heritability estimates for harvest weight in all test environments was moderate 0.39 (0.11), 0.46 (0.12) and 0.14 (0.09) for A1, A2 and A3, respectively. The genetic correlations of harvest body weight between the test environments A1 and A3, of 0.68 (0.30) and A2 and A3, of 0.58 (0.29) were moderate, and between A1 and A2, of 0.88 (0.08) was high, but they were all significant. Based on achievements, a substantial additive genetics variance for the trait was found and it can be exploited through selective breeding program. The results indicate differences in sensitivity of the line to the different environments and, therefore, a genotype by environment interaction for harvest weight between the test environments. It suggests that two separate selection programs should be considered for improving these traits in the two environments. Nevertheless, more reliable heritabilities and genetic correlations at the different test environments should be obtained replicating ponds and cages and including more full-sib groups in the development course of this breeding program, aiming particular environments of the Brazilian semi-intensive aquaculture.

Key words: Breeding value; Cage; Genetic correlation; GIFT strain; Pond; Protein diet

1. Introdução

A seleção genética começou a ser aplicada em peixes somente a partir do início da década de 1970, inicialmente com salmões e trutas (Gall & Gross, 1978; Gjerde & Gjedrem, 1984; Gjeren & Bentsen, 1997; Kinghorn, 1983; Refstie, 1980) e ainda mais recentemente em espécies tropicais como a tilápia e a carpa (Bentsen *et al.*, 1998; Eknath *et al.*, 1993; Eknath & Acosta, 1998; ICLARM, 2001; Ponzoni *et al.*, 2007). Entretanto, até recentemente ainda não havia no Brasil nenhum programa de melhoramento genético de peixes bem estruturado, baseado em métodos quantitativos consolidados, com controle individual de pedigree e avaliação genética por BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). O sistema de produção aquícola deste país está principalmente baseado no uso de espécies e linhagens não melhoradas, ou melhoradas por meio de seleção massal e sem discriminação de acasalamentos endogâmicos, o que acaba por prejudicar o potencial genético desses estoques.

Um convênio entre a Universidade Estadual de Maringá e o WorldFish Center resultou na transferência de uma amostra da linhagem melhorada de tilápias GIFT, cuja história pode ser conferida em Eknath & Acosta (1998) e Ponzoni *et al.* (2008), e um núcleo de melhoramento dessa linhagem foi estabelecido. Tendo em vista a grande variedade de sistemas em que são cultivadas as tilápias no Brasil, se tornam necessários estudos a respeito do desempenho e adaptabilidade dessa linhagem e o controle genético dessas características nesses ambientes almejados.

De acordo com Falconer (1987), os genes que controlam uma característica em determinado ambiente podem não ser os mesmos que a controlam em outro ambiente, o que poderia implicar na interação genótipo - ambiente (GxA). Em tilápias, alguns estudos têm sido conduzidos em diferentes países. Na Malásia, o desempenho da GIFT foi avaliado em viveiros de terra e tanques-rede (Ponzoni *et al.*, 2008), e nas Filipinas em sete diferentes ambientes, constituindo diferentes regiões agro-climáticas e sistemas de produção (Eknath *et al.*, 2007); ambos estudos resultaram em correlações para peso entre ambientes inferiores (ou igual) a um, variando entre 0,36 e 1,00, sendo que, quanto maior a diferença entre ambientes, maior foi a magnitude da interação GxA.

Na presença de interação genótipo - ambiente, as diferenças na capacidade adaptativa alteram o desempenho dos animais e, por conseguinte, o mérito relativo de seus genótipos de acordo com o ambiente no qual estão sendo criados. Dependendo da magnitude da diferença entre os ambientes, essa interação pode ser tal que reduza a

efetividade dos procedimentos de avaliação e seleção convencionais por alterar a classificação dos animais.

Para examinar a existência de interação GxA na avaliação genética, pode-se considerar o desempenho dos animais em cada ambiente como uma característica diferente e utilizar a teoria multicausal (Falconer, 1987; Gianola, 1992; Maluwa *et al.*, 2006; Martins, 2002; Nguyen *et al.*, 2007; Santos, 2006).

Existe uma grande variedade de sistemas de cultivo de tilápias no Brasil e os produtores anseiam melhorar a produtividade em todos esses ambientes possíveis. Portanto, para o sucesso do programa de melhoramento que está sendo implantado, se torna imprescindível a investigação da magnitude da interação genótipo – ambiente. Assim, o presente estudo objetivou realizar um primeiro exame dessa interação para o peso corporal de tilápias do Nilo (*O. niloticus*) no Brasil.

2. Materiais e métodos

2.1. Peixes experimentais

Os peixes da linhagem GIFT utilizados neste estudo derivam de uma população de 30 famílias de irmãos completos da 8ª geração selecionada para taxa de crescimento, do projeto “Genetically Improvement of Farmed Tilapia” (GIFT), sendo conduzido na Malásia. Os peixes foram importados para a Universidade Estadual de Maringá (UEM) em 2005 e posteriormente mantidos e reproduzidos por duas gerações (aqui referidas como G1 e G2) em viveiros de terra dessa instituição.

A primeira estação de reprodução, referida aqui como 1ª geração (G1), ocorreu no período do verão de 2005/2006, sendo que os peixes foram acasalados na proporção de um macho para uma fêmea. Na estação seguinte, os acasalamentos dessa geração foram repetidos, com o objetivo de obter mais pares acasalados. Entretanto, os dados dessas progênes não se encontram no presente trabalho, pois ainda não haviam alcançado o peso de despesca, devido às baixas temperaturas do inverno naquele ano, assim esses dados serão apresentados em outro artigo.

Na terceira estação de reprodução, referida como 2ª geração (G2), o planejamento dos acasalamentos foi modificado para hierárquico, sendo cada macho acasalado com duas fêmeas em hapas de acasalamentos (1m³), para a coleta dos alevinos. Porém, nem todos os machos tiveram sucesso em acasalar com mais de uma fêmea. Após o condicionamento das fêmeas nessas hapas, essas eram avaliadas quanto à

condição de maturidade para a desova e acasaladas individualmente com o respectivo macho. O método de incubação natural dos ovos na boca das fêmeas, com coleta de alevinos somente após a absorção completa do saco vitelínico (na fase em que os alevinos já estão nadando), prejudicou bastante a obtenção do número planejado.

Os alevinos obtidos foram coletados separadamente de cada unidade de reprodução, sendo anotados os dados de desova por par acasalado e transferidas para três hapas de recria, para cada grupo de irmãos completos, com densidade padrão. Todos os alevinos receberam o mesmo regime de alimentação e foram dispostos em hapas no mesmo viveiro.

Por motivo de baixa temperatura e baixa qualidade de água no viveiro, a identificação somente foi realizada quando os peixes estavam com média de peso de 35g. Neste momento, 88 peixes de cada família de irmãos completos da G2 foram individualmente identificados por meio de microchips implantáveis. Cada grupo de irmãos completos foi dividido aleatoriamente para compor os três diferentes ambientes teste. Após uma semana de recuperação em hapas de condicionamento, todos os peixes identificados foram transferidos para os ambientes para a avaliação.

2.2. Ambientes no teste de desempenho e estrutura dos dados

Para o teste de desempenho, um grupo de peixes foi estocado em viveiro de terra, na Estação Experimental de Piscicultura da Universidade Estadual de Maringá (CODAPAR/ UEM), situada no distrito de Floriano/Maringá – Paraná, Brasil (coordenadas 23°31' S e 52° 2' W); e os demais peixes foram estocados em três tanques-rede, no rio Corvo, localizados no reservatório da Usina Hidrelétrica de Rosana (baixo Paranapanema), na região dos Municípios de Diamante do Norte - Paraná e Porto Primavera – São Paulo, Brasil (coordenadas 22°36' S e 52°50' W).

A região onde se realizaram os experimentos é caracterizada por clima subtropical temperado, com chuvas concentradas no verão, entre o período de novembro a janeiro, com média pluviométrica anual de 1.500 milímetros. As temperaturas médias variam entre 10°C e 34°C. Na CODAPAR (viveiros de terra) a temperatura da água fica entre 13°C e 30 °C; e no rio Corvo (tanques-rede) as temperaturas máximas e mínimas variam menos, ficando entre 17°C a 28°C. Os parâmetros de qualidade da água foram aferidos semanalmente.

A dieta dos peixes foi fornecida em função da biomassa total do ambiente cultivado e da temperatura da água, e ajustada para o fornecimento *ad libitum*. A ração

comercial extrusada foi utilizada com diferentes níveis de proteína bruta (PB), sendo 28% e 32% PB.

A distribuição dos peixes nos ambientes foi realizada de maneira que fossem conectados genealogicamente entre todos os tanques-rede e o viveiro de terra, da seguinte forma:

Ambiente 1 → Cultivo em tanque-rede de 6m³ - peixes alimentados com dieta de 28% PB;

Ambiente 2 → Cultivo em dois tanques-rede (um de 4m³ e outro de 6m³)- peixes alimentados com dieta de 32% PB;

Ambiente 3 → Cultivo em viveiro de terra (140m²) - peixes alimentados com dieta de 28% PB.

A estrutura dos dados é ilustrada na Tabela 1, indicando o número de progenitores (reprodutores e matrizes) em cada geração acasalada e o número de famílias, das 30 originais da Malásia que eles representam, assim como a quantidade de progênes que foram obtidas.

Tabela 1

Estrutura dos dados: número de progenitores, quantidade (%) de famílias originais que estes representam, e quantidade de progênes, por geração.

Estação de desova	Progenitores			Progênie testada			Total
				Tanques-rede		Viveiro de terra	
	Machos	Fêmeas	%Qfo ¹	28%PB	32%PB	28%PB	
G1 (2006)	32	32	93,33	-	-	1118	1118
G2 (2008)	24	33	83,33	862	1395	478	2735

¹ Qfo, Quantidade (%) de famílias originais (das 30 provenientes da Malásia) que os animais progenitores representam

2.3. Despesca e dados avaliados

A despesca foi realizada após cinco meses de crescimento. Para isso, os tanques-rede foram suspensos e os peixes capturados com ajuda de puçás e imediatamente realizada a biometria, sendo então transferidos para outro tanque reserva. Nos viveiros de terra, os peixes foram dragados por meio de rede de despesca e posteriormente o viveiro foi drenado para capturar todos os peixes remanescentes; sendo todos transferidos para hapas de condicionamento.

No momento da despesca foi realizada a biometria de todos os peixes identificados, sendo anotado, individualmente, o peso, juntamente com as informações de sexo, data de desova e data de pesagem. A idade individual dos peixes (em dias) foi calculada considerando o período entre as datas de desova e de despesca.

2.4. Análise dos dados

Os dados foram preliminarmente editados, eliminando informações inconsistentes, e conduzidos a uma seleção dos modelos estatísticos ajustados, por meio do programa computacional SAS Institute Inc. (2000). O procedimento PROC MIXED (SAS Institute Inc., 2000) foi utilizado para o ajuste dos efeitos fixos e estimação dos valores iniciais dos componentes de variância dos efeitos aleatórios, neste caso, reprodutor, matriz (aninhada dentro de reprodutor) e hapa de recria (aninhada dentro de matriz e de reprodutor). A hapa de recria é incluída como efeito aleatório, devido à permanência de grupos de irmãos completos em hapas separadas até a identificação dos peixes. O procedimento PROC MIXED, também foi usado para a realização de uma análise descritiva dos dados.

2.5. Estimação de parâmetros genéticos e ganho genético predito

A posse de informações de pedigree completo permitiu a estimação de componentes de variância e dos valores genéticos individuais para peso corporal à despesca, ajustando-se o modelo animal e, para essas análises, foi utilizado o programa computacional ASReml (Gilmour *et al.*, 2002).

Os modelos ajustados que resultaram no maior valor de log. de verossimilhança, incluíram efeitos fixos de sexo e ambiente de cultivo (A1, A2 e A3); e como covariáveis, a idade e o peso à identificação. Os efeitos aleatórios ajustados foram animal e hapa de recria (efeito de ambiente comum materno). Os componentes de variância que foram inicialmente obtidos no SAS foram usados como valores iniciais.

A herdabilidade e as correlações genéticas entre o peso corporal à despesca, medido nos três diferentes ambientes, foram estimadas usando o modelo animal linear multicaracter, na seguinte forma matricial:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + e,$$

em que y é o vetor de observações do peso corporal (g) à despesca; X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência dos efeitos fixos; efeitos genéticos diretos e de ambiente comum

materno, respectivamente; β é o vetor de efeitos fixos; e a , c e e são, respectivamente, os vetores de efeitos aleatórios genéticos diretos, de ambiente comum materno e de resíduos.

O modelo multicaracter foi utilizado para avaliar a interação GxA, sendo que o peso corporal à despesca foi considerado como uma característica diferente em cada ambiente; envolvendo assim, três características. A covariância residual foi considerada como sendo zero entre ambientes, pois os resíduos não são conectados entre eles.

A variância genética aditiva foi obtida do componente de variância de animal. A herdabilidade e o efeito comum materno para o peso corporal foram calculados como:

$$h^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2),$$

$$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2),$$

respectivamente, onde σ_a^2 é a variância genética aditiva, σ_c^2 é a variância do efeito de ambiente comum materno (combinação do efeito de ambiente comum da progênie, com ¼ do efeito não aditivo e com o efeito materno, sem a estrutura genética), e σ_e^2 a variância residual.

A correlação genética entre peso corporal medido nos ambientes A1, A2 e A3, como características distintas, foram estimados da seguinte forma:

$$r_{aiaj} = \sigma_{a,a_j} / \sqrt{\sigma_{a(i)}^2 \cdot \sigma_{a(j)}^2},$$

onde σ_{a,a_j} é a covariância genética entre o peso corporal nos ambientes i e j , i e $j = A1, A2$ e $A3$, $\sigma_{a(i)}^2$ e $\sigma_{a(j)}^2$ são as variâncias genéticas aditivas para o peso corporal no ambiente i ou j , i ou $j = A1, A2$ e $A3$.

Esses valores de correlações genéticas foram usados para avaliar a existência de interação genótipo - ambiente. Além disso, correlações de Spearman entre a classificação dos peixes, com base nos seus valores genéticos, foram usadas para verificar possíveis alterações na classificação dos peixes nos diferentes ambientes avaliados.

3. Resultados

3.1. Estatística descritiva

Estatísticas descritivas para o peso corporal da identificação até a despesca podem ser encontradas na Tabela 2, indicando o número de observações, a média de quadrados mínimos e o coeficiente de variação no conjunto de dados completo, assim como por sexo e em cada ambiente avaliado. A média de peso à identificação variou de 31,38 a 39,60g. Os coeficientes de variação do peso à identificação foram mais altos que na despesca, provavelmente devido a diferenças em idade à identificação entre famílias de irmãos completos (245 a 284 dias). A diferença de idades acontece porque não houve possibilidade de reprodução sincronizada, o que é comum na espécie. As médias de quadrados mínimos de peso corporal à identificação não diferiu entre ambientes, mas para peso à despesca estas variaram substancialmente ($P < 0,001$) entre ambientes. A maior média obtida foi dos peixes cultivados em tanques-rede e alimentados com 32% de proteína (A2) e a menor média foi dos peixes cultivados em viveiros de terra (A3). Comparando os dados de crescimento em tanques-rede (A1+A2) e viveiro de terra (A3), a diferença de peso foi de 220g ($P < 0,001$).

Desavisadamente, foram alocados maiores quantidades de machos que de fêmeas nos ambientes A1 e A2, mas isso provavelmente não prejudicou as avaliações, a não ser que houvesse diferenças entre os efeitos de interação social dentro desses ambientes, os quais não puderam ser identificados. Tanto na identificação, como na despesca, os machos foram mais pesados que as fêmeas, sendo que na despesca essa diferença foi de 69g (17,12%) ($P < 0,001$), refletindo o conhecido dimorfismo sexual da espécie. A magnitude dessa diferença foi de 17,81% e 15,78% para A1 e A2, respectivamente; porém, não houve diferença significativa entre o peso à despesca de machos e fêmeas em viveiros de terra.

Tabela 2

Número de dados (N), médias de quadrados mínimos e coeficientes de variação (C.V.) de peso à identificação e à despesa no conjunto de dados completo, assim como por sexo e nos diferentes ambientes avaliados

Conjunto de dados		N	Peso identificação		Peso Final	
			Média (g)	C.V. (%)	Média (g)	C.V. (%)
Completo		2.735	35,55	33,42	325,81	40,46
Viveiro de terra		478	35,52 ^{ns}	35,1	133,7 ^b	33,79
Tanque-rede		2.257	35,00 ^{ns}	33,06	353,52 ^a	30,4
Sexo	Machos	1.747	37,69 ^a	32,03	304,22 ^a	28,7
	Fêmeas	988	32,74 ^b	32,78	252,13 ^b	21,27
Ambientes						
(A1) Tanque-rede 28%PB	Machos	584	37,52 ^a	32,12	366,22 ^b	30,04
	Fêmeas	278	33,60 ^b	34,69	300,99 ^d	26,32
	Todos	862	35,38^{NS}	33,33	336,04^B	31,8
(A2) Tanque-rede 32%PB	Machos	921	36,98 ^a	31,94	394,2 ^a	29,3
	Fêmeas	474	32,69 ^b	33,1	331,99 ^c	20,48
	Todos	1.395	34,73^{NS}	32,53	364,78^A	29,13
(A3) Viveiro de terra 28%PB	Machos	242	39,60 ^a	32,97	162,54 ^e	28,18
	Fêmeas	236	31,38 ^b	32,77	112,50 ^e	28,16
	Todos	478	35,54^{NS}	35,1	138,85^C	33,79

Médias (de mínimos quadrados), dentro de efeito fixo, com diferentes letras são estatisticamente diferentes. Médias em negrito da população de ambos os sexos são comparadas entre ambientes com letras maiúsculas

3.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Estimativas REML de componentes de variância, herdabilidade e efeito de ambiente comum materno, baseadas na abordagem multicaracter, envolvendo os três ambientes, encontram-se na Tabela 3. Os resultados indicam a presença de variância genética aditiva na população, resultando em valores de herdabilidade moderados nos três ambientes avaliados. A presença significativa do efeito aditivo foi confirmada por meio de testes de razão de verossimilhança. As estimativas de variância genética aditiva para peso em tanques-rede foram $2077,78 \pm 2,91$ e $3333,16 \pm 3,07$ para A1 e A2 e $1008,41 \pm 1,56$, para A3. A herdabilidade seguiu o mesmo padrão de comportamento da variância genética ($0,39 \pm 0,11$; $0,46 \pm 0,12$ e $0,14 \pm 0,09$, para os ambientes A1, A2 e A3, respectivamente).

Resultados preliminares, aqui não publicados, dos testes de razão de verossimilhanças, indicam que o modelo animal multicaracter teve melhor ajuste dos dados que o unicaracter. Isso poderia sugerir que o modelo multivariado deveria ser indicado para a avaliação do peso nos diferentes ambientes. Esses resultados são freqüentemente encontrados na presença de heterogeneidade de variâncias e interação GxA (Maluwa *et al.*, 2006; Castillo-Juárez, 2007; Santos, 2006). Porém, no presente trabalho, esse fato pode ser, em parte, decorrente da inclusão de informações de peso dos peixes da G1, que foram somente cultivados em viveiros de terra, sendo consideradas nas análises multicaracter, e na abordagem unicaracter essas informações somente foram incluídas para A3.

Há evidências de efeito de ambiente comum materno, indicada pelo teste de razão de verossimilhanças. Em geral, a magnitude deste efeito foi baixa, porém significativa, demonstrando a necessidade de envolvê-lo no modelo, visando obter estimativas de herdabilidade não viesadas.

Tabela 3

Valores estimados e erros padrão (E.P.) dos componentes de variância, herdabilidade e efeito de ambiente comum materno para o peso corporal à despesca

Ambiente	σ_a^2		σ_c^2		σ_e^2		h^2		c^2	
	Valor	E.P.	Valor	E.P.	Valor	E.P.	Valor	E.P.	Valor	E.P.
(A1) TR-										
28%PB	2077,78	2,91	248,51	1,83	2949,86	7,19	0,39	0,11	0,05	0,03
(A2) TR-										
32%PB	3333,16	3,07	712,21	3,48	3276,84	5,67	0,46	0,12	0,10	0,03
(A3) VT-										
28%PB	1008,41	1,56	1366,27	3,46	4619,62	11,72	0,14	0,09	0,20	0,05

PB, proteína bruta; TR, tanque-rede; VT, viveiro de terra

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas de correlação genética do peso corporal entre os ambientes avaliados, assim como correlações de Spearman entre as classificações dos peixes nesses ambientes, com base em seus valores genéticos preditos. As correlações genéticas foram consideravelmente altas entre os ambientes A1 e A3 ($0,65 \pm 0,28$) e entre A2 e A3 ($0,58 \pm 0,27$); sendo que entre A1 e A2 ($0,89 \pm 0,08$) essa estimativa resultou ser maior. Os erros padrões obtidos para essas estimativas foram altos, porém as estimativas foram significativas, de acordo com o teste de razão

de verossimilhanças. Correlações de Spearman indicaram mudança na classificação dos peixes, dependendo do ambiente avaliado. Suas magnitudes seguiram os valores de correlações genéticas entre os ambientes.

Tabela 4

Estimativas de correlações genéticas e erros-padrão, entre parênteses, para peso corporal entre os pares de ambientes avaliados (abaixo da diagonal) e correlações de Spearman entre as classificações dos peixes de tilápias do Nilo, com base em seus valores genéticos (acima da diagonal)

	(A1) TR - 28%PB	(A2) TR - 32%PB	(A3) VT - 28%PB
(A1) TR - 28%PB		0,96	0,84
(A2) TR - 32%PB	0,89 (0,08)		0,75
(A3) VT - 28%PB	0,65 (0,28)	0,58 (0,27)	

PB, proteína bruta; TR, tanque-rede; VT, viveiro de terra.

4. Discussão

As estimativas de herdabilidade encontradas no presente trabalho, para peso corporal em tilápias do Nilo, usando o modelo animal, são as primeiras obtidas para peixes no Brasil. Tais estimativas indicam que a avaliação genética deve contribuir para a obtenção de maior avanço genético na população introduzida da linhagem GIFT no país.

As estimativas de herdabilidade para peso corporal são similares às encontradas para *O. niloticus* (Kronert *et al.*, 1989; Bolivar & Newkirk, 2002; Ponzoni *et al.*, 2005), e *O. shiramus* (Maluwa *et al.*, 2006), porém superiores às encontradas por outros autores em *O. niloticus* (Gall & Bakar, 2002 e Rutten *et al.*, 2005). Charo-Karisa *et al.* (2007) encontraram valores de herdabilidade muito mais altos para esta mesma espécie cultivada em viveiros de terra fertilizados, e sem ração suplementar. Não foram encontradas publicações com estimativas de herdabilidades para o peso corporal de tilápias do Nilo sendo avaliadas em diferentes níveis de proteína e tão pouco em tanques-rede. Ponzoni *et al.* (2005) avaliaram tilápias do Nilo em viveiros de terra e tanques-rede, entretanto nesse trabalho os ambientes foram tratados como efeitos fixos em análise unicaracter para o peso corporal, por isso, não foram obtidos parâmetros genéticos para os ambientes em separado. Assim sendo, a discussão aqui se baseia principalmente em informações disponíveis nas avaliações em viveiros de terra, sob dietas rotineiramente utilizadas na produção de tilápias.

No viveiro de terra, não houve utilização de aeradores e, como os tanques-rede foram instalados em rio com água corrente, nestes foi possível manter melhor qualidade de água. Portanto, a maior estimativa de herdabilidade encontrada no ambiente A2 poderia estar sugerindo que a expressão do potencial genético dos animais deve requerer melhor qualidade de água e de dieta (em proteína).

Marengoni (2006) comenta que, apesar do enorme potencial para tornar o Brasil um dos maiores produtores mundiais, os seis milhões de hectares de águas represadas nos açudes de grandes reservatórios ainda não estão sendo explorados e a produção comercial de peixes em tanques-rede está apenas começando.

Quando os fenótipos mudam gradualmente e continuamente em uma gradiente de ambientes, a GxA poderia ser descrita por um modelo de norma de reação. Esse modelo descreve o fenótipo expressado por um genótipo como uma função do ambiente (Charo-Karisa *et al.*, XXXX). O presente estudo tratou apenas de três ambientes distintos, entretanto, baseado nos valores de correlação genética encontrados, foram encontradas evidências de diferenças em sensibilidade da linhagem aos diferentes ambientes. Quando os genótipos diferem em sensibilidade a diferentes influências ambientais, ocorre a interação genótipo – ambiente (Falconer, 1990).

A maioria dos estudos em GxA baseados em correlações genéticas entre o peso corporal de tilápias em diferentes ambientes citam estimativas significativas, de magnitude moderada a alta. Alguns estudos não resultaram em estimativas diferentes de um (Eknath *et al.*, 2007; Maluwa *et al.*, 2006), e alguns foram baixos, porém significativamente diferentes de zero (Bentsen *et al.*, 1998).

As correlações genéticas obtidas entre o peso nos diferentes ambientes indicam que ganho genético em um ambiente pode ser obtido procedendo-se a seleção para o peso em outro ambiente. Entretanto, sendo as estimativas de correlações genéticas significativas e inferiores à unidade, isso indica a presença de interação GxA e sugere que o peso nos diferentes ambientes avaliados se caracteriza como diferentes características, afetadas por diferentes conjuntos de genes. Além disso, os resultados de correlação de Spearman mostram que eficiência deverá ser perdida, e que o progresso genético será tanto menor, quanto menor for a correlação genética entre o peso nos ambientes de seleção e de produção.

Ao examinar os parâmetros genéticos obtidos pelo presente trabalho, é preciso considerar que os resultados dos ambientes-teste não replicados para peso corporal podem ter sido confundidos com as condições ambientais não controladas, dificultando

resultados mais conclusivos. Assim, herdabilidades e correlações genéticas mais confiáveis nos diferentes ambientes testados devem ser obtidas, usando viveiros de terra e tanques-rede replicados e maior número de grupos de irmãos completos, antes que conclusões sejam traçadas no desenvolvimento deste programa de melhoramento, almejando os ambientes particulares da aquicultura brasileira semi-intensiva.

5. Conclusões

Os resultados de herdabilidade sugerem que o ambiente com melhor qualidade de água e de dieta deve revelar melhor o potencial genético da linhagem GIFT. Estimativas de correlação genética moderadas entre o peso corporal à despesca em viveiros de terra e tanques-rede, com dietas de 28% e 32% de proteína bruta indicam a presença de interação genótipo - ambiente para o peso corporal. Ganho genético em um ambiente pode ser alcançado procedendo-se a seleção em qualquer outro ambiente, por meio de resposta correlacionada. Entretanto, deve haver perda na eficiência de seleção e menor progresso genético da população, que será tanto menor, quanto menor for a correlação genética entre o peso nos ambientes de seleção e de produção. Assim, os resultados sugerem que programas de seleção separados deveriam ser considerados para melhorar o peso corporal à despesca nos diferentes ambientes estudados.

Referências

- Bentsen, H.B.; Eknath, A.E.; Palada-de Vera, M.S. *et al.*, 1998. Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v.160, p. 145-173.
- Bentsen, H.B. and Olesen, I., 2002. Designing aquaculture mass selection programs to avoid high inbreeding rates. *Aquaculture* 204: 349–359.
- Castillo-Juárez, H.; Casares, J.C.Q.; Campos-Montes, G.; Villela, C.C.; Ortega, A.M.; Montaldo, H.H., 2007. Heritability for body weight at harvest size in the Pacific white shrimp, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*, from a multi-environment experiment using univariate and multivariate animal models. *Aquaculture*, v.273, p. 42-49.
- Charo-Karisa, H.; Bovenhuis, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; van Arendonk, J.A.M.; Komen, H., 2007. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds *Aquaculture* 273: 15 – 23.
- Charo-Karisa, H.; Bovenhuis, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; van Arendonk, J.A.M.; Komen, H., 2007. Genotype by environment interaction in two lines of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) divergently selected for growth in different pond environments. *Aquaculture* XXX: XX – XX.
- Dupont-Nivet, M.; Vandeputte, M.; Haffray, P.; Chevassus, B., 2006. Effect of different mating designs on inbreeding, genetic variance and response to selection when applying individual selection in fish breeding programs. *Aquaculture* 252: 161– 170.
- Eknath, A.E. and Acosta, B.O., 1998. Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: Final Report, March 1988 to December 1997. International Center for Living Aquatic Resources Management, Makati City, Philippines.
- Eknath, A. E., H. B. Bentsen, R. W. Ponzoni, M. Rye, N. H. Nguyen, J. Thodesen; B. Gjerde. 2007. Genetic improvement of farmed tilapias: Composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture* 273: 1-14.
- Eknath, A.E.; Tayamen M.M.; Palada-de Vera, M.S. *et al.*, 1993. Genetic improvement of farmed tilapias: the growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture*, v.111, p. 171-188.

- Falconer, D.S., 1987. Introdução a genética quantitativa. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa. 279p.
- Falconer, D.S., 1990. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. *Genet. Res. Camb.* 56, 57-70.
- Gall, G.A.E. and Bakar, Y., 2002. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. *Aquaculture* 212, 93-113.
- Gall, G.A.E. and Gross, S.J., 1978. Genetic studies of growth in domesticated rainbow trout. *Aquaculture*, 13: 225-234.
- Gjerde, B. and Gjedrem, T., 1984. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. *Aquaculture*, 36: 97-110.
- Gjerde, B.; Gjoen, H.M.; Villanueva, B., 1996. Optimum designs for fish breeding programmes with constrained inbreeding - Mass selection for a normally distributed trait. *Livestock Production Science* 47: 59-72.
- Gianola, D.; Foulley, J.L.; Fernando, R.L. *et al.* 1992 Estimation of Heterogeneous Variances Using Empirical Bayes Methods: Theoretical Considerations. *Journal of Dairy Science*, v.75, p.2805-2823.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Welham, S.J., Thompson, R., 2002. ASReml User Guide Release 1.0 VSN International Ltd. Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Gjeren, H. M. and Bentsen, H. B., 1997. Past, present, and future of genetic improvement in salmon aquaculture. *Journal of Marine Science*, 54: 1009-1014.
- ICLARM (2001) Genetic Improvement of Carp Species in Asia: Final Report, Asian Development Bank Regional Technical Assistance No. 5711, WorldFish Center, Penang, Malaysia.
- Khaw, H.L., Ponzoni, R. W. and Danting, M. J. C., 2008. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. *Aquaculture*, 275:64-69.
- Kinghorn, B.P., 1983. A review of quantitative genetics in fish breeding. *Aquaculture*, 31: 283-304.
- Kronert, U., Horstgen-Schwark, G., Langholz, H.J., 1989. Prospects of selecting for late maturity in tilapia (*Oreochromis niloticus*) : I. Family studies under laboratory conditions. *Aquaculture* 77, 113-121.

- Maluwa, A.O.; Gjerde, B.; Ponzoni, R.W., 2006. Genetic parameters and genotype by environment interaction for body weight of *Oreochromis shiranus*. *Aquaculture* 259: 47–55.
- Marengoni, N.G., 2006. Production of the Nile tilapia *Oreochromis niloticus* (Chitralada strain) reared in cages with different stocking densities. *Archivos de Zootecnia*, 55 (210): 127 – 138.
- Martins, E.N. 2002. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: Reunião anual da sociedade brasileira de zootecnia, 39, Recife-PB. Anais... Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2002]. CD-ROM. Melhoramento genético animal.
- Nguyen, H.N.; Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2007. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture* 272 S1, S38–S46.
- Ponzoni, R.W., Hamzah, A., Tan, S., Kamaruzzaman, N., 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247, 203–210.
- Ponzoni, R.W., Nguyen, N.H., Nguyen, H. N. and Khaw, H.L., 2007. Economic appraisal of genetic improvement programs in carps: An Example in Common Carp, *Cyprinus carpio*, WorldFish Center, Penang, Malaysia.
- Ponzoni, R.W.; Nguyen, H.N.; Khaw, H.L. *et al.*, 2008. Genetic improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) -present and future. In: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings... Cairo, Egypt. vol.1, p.33-52.
- Quinton, M. and Smith, C., 1995. Comparison of evaluation-selection systems for maximizing genetic response at the same level of inbreeding *J Anim Sci* 73:2208-2212.
- Quinton, M.; Smith, C.; Goddard, M. E., 1992. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 70:1060-1067.
- Refstie, T., 1980. Genetic and environmental sources of variation of body weight and length of rainbow trout fingerlings. *Aquaculture*, 19: 351-357.
- 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.
- WorldFish Center, 2004. GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding. Penang, Malaysia. 46p.

Santos, A.I., 2006. Heterogeneity of (Co)Variance Structures.. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá. 68p.

SAS Institute Inc., 2005. SAS/STAT[®] user's guide, version 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

III - Interação grupo genético - nível protéico em tilápias vermelha, nilótica e melhoradas GIFT: uma abordagem com modelos lineares generalizados

Resumo

Os grupos genéticos de tilápia Controle, Gift e Vermelha foram avaliados em dois ambientes teste de 28 e 34% de proteína na dieta. A abordagem de Modelos Lineares Generalizados foi usada devido à não normalidade nas distribuições das características avaliadas. O desempenho foi significativamente diferente entre os grupos. O nível de proteína afetou apenas o peso de machos dos grupos Controle e Vermelha, e houve mudança na classificação desses grupos. Os resultados indicam interação genótipo - ambiente. No presente estudo, a uniformidade do peso e a sobrevivência estavam relacionadas ao nível de proteína e grupos genéticos, mas, em geral, a condição corporal não estava. Os peixes GIFT tiveram maior peso e sobrevivência, mas a uniformidade foi menor. Por outro lado, as tilápias Controle e Vermelha não diferiram muito em desempenho. Entretanto, a tilápia Vermelha teve a pior sobrevivência nos experimentos e atenção deve ser dada a este fato. A abordagem de Modelos Lineares Generalizados foi particularmente útil quando a pressuposição de normalidade não foi satisfeita. A seleção dos grupos genéticos avaliados deve ser capaz de obter melhor desempenho, e os resultados sugerem que o sucesso dependerá da seleção de genótipos bem adaptados a um ambiente particular.

Palavras chave: Condição corporal, Dieta protéica, Grupos genéticos; Modelos lineares generalizados; Peso corporal; Sobrevivência; Tilápia, Uniformidade do peso

III – Genetic group by protein level interaction in red, Nile and improved GIFT tilapias: a generalized linear models approach

Abstract

The genetic groups of tilapia Control, GIFT and Red were evaluated in two test environments of 28% and 34% protein diet. A generalized linear modeling approach was used in view of the non-normal distribution of the traits evaluated. The growth performance was significantly different between groups. The level of protein only affected the weight of males of the groups Control and Red, and there was rank change of these lines. The results indicated genotype by environment interaction. In this study, uniformity of weight and survival was related to the level of protein and genetic group, but body condition was generally not related to them. The GIFT fishes had better weight and survival, but the uniformity was lower. On the other hand, Control and Red tilapias were not very different in performance. However, the Red tilapia had the worst survival in the experiments and concern should be taken to this fact. The approach of Generalized Linear Models was particularly useful where the assumption of normality was not satisfied. The selection of the genetic groups evaluated should be capable to obtain better performance, while it seems that the success will depend on the selection of well-adapted genotypes to a particular environment.

Key words: Body condition; Body weight; Genetic groups; Generalized linear models; Protein diet; Survival; Tilapia; Weight uniformity

1. Introdução

A crescente demanda por peixes tornou a aquicultura o setor alimentício mais próspero do mundo atualmente. Destaca-se a produção da tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), que saiu de próximo a zero nos anos 70 e 80, para mais de 2 milhões de toneladas em 2007 (Cressey, 2009). Para atender a essa demanda e garantir a lucratividade do negócio é imprescindível a escolha de linhagens de crescimento mais rápido e eficiente, sem perder de vista as preferências do mercado consumidor por um alimento palatável, seguro e ambientalmente correto.

Desde a formação da sua população base em 1991, a tilápia do Nilo da linhagem GIFT tem sido melhorada para taxa de crescimento, acumulando um ganho genético de pelo menos 64% (Khaw *et al.*, 2008). Devido ao seu elevado desempenho, essa linhagem tem sido disseminada e produzida em vários países da Ásia e Américas contribuindo para o aumento da produção de pescado, lucratividade de pequenos produtores, aumento do consumo e a diminuição do preço da tilápia desses países (Dey, 2000; Gupta & Acosta, 2004). Outro grupo genético preconizado é um mutante selecionado de espécies de tilápia do gênero *Oreochromis*, a tilápia vermelha (*Oreochromis spp.*). Apesar de não melhorada, essa tilápia é preferida por mercados consumidores de países como Colômbia, Filipinas, Jamaica, Malásia e Tailândia, principalmente pelo atrativo da sua cor (Hamzah *et al.*, 2008; Lovshin, 2000; Romana-Eguia & Eguia, 1999). Para suprir a demanda por esse peixe, um programa de melhoramento genético está sendo iniciado, envolvendo linhagens de tilápia vermelha da Tailândia, Taiwan e Malásia e a tecnologia GIFT de reprodução seletiva será empregada (Hamzah *et al.*, 2008).

O desenvolvimento adequado de programas de seleção de peixes que contribuam para melhorar o rendimento do sistema de produção envolve vários passos (Ponzoni, 2006; Ponzoni *et al.*, 2006c), e análises de experimentos bem delineados são mandatórios tanto no seu estabelecimento, quanto no seu monitoramento e avaliação comparativa.

Ao examinar diferentes populações de melhoramento, é preciso ter em mente que pode haver mudança na classificação dos grupos em questão, de acordo com o ambiente (Falconer, 1990). Apesar de recente, várias pesquisas no melhoramento genético de peixes têm demonstrado a importância da interação genótipo - ambiente (GXA), principalmente em características produtivas (Bentsen *et al.*, 1998; Fishback *et al.*, 2002; Khaw *et al.*, 2009; Maluwa *et al.*, 2006; Saillant *et al.*, 2006), mas também

reprodutivas (Kause *et al.*, 2003; Wild *et al.* 1994) e de sobrevivência (Luan *et al.*, 2008; Vehviläinen *et al.*, 2008). Assim, um tema importante é a escolha do ambiente no qual se pretende estabelecer o programa de melhoramento (Nguyen & Ponzoni, 2006; Ponzoni *et al.*, 2006b), e isso necessariamente implica na escolha da alimentação suplementar a ser utilizada, já que, apesar de vantajosa, é a que representa a maior parte dos custos de produção da tilápia, além de ser potencialmente danosa ao ambiente (Furuya *et al.*, 1998; Green, 1992; Yi & Lin, 2000).

O peso à despesca é sem dúvida a característica de maior importância em programas de melhoramento de peixes, entretanto, outras características de relevância também precisam ser monitoradas e poderiam ser incluídas em algum momento (Nguyen & Ponzoni, 2006). A análise de qualquer característica em experimento é geralmente realizada por meio dos métodos estatísticos clássicos, onde são requeridas as pressuposições de normalidade, homocedasticidade e independência no seu conjunto de dados, além de aditividade dos efeitos (McCulloch & Searle, 2000; Myers *et al.*, 2002). Para algumas características importantes como a sobrevivência, a qual assume resposta binária (vivo ou morto), assumir a pressuposição de normalidade é claramente irreal. Em outros casos, esse problema pode não ser tão facilmente visualizado, sendo necessária adequada avaliação dos resíduos do modelo utilizado. Um caso peculiar se trata justamente da característica mais avaliada em tilápias, pois diversos trabalhos têm relatado a ausência de distribuição normal em conjuntos de dados de peso à despesca (Fessehaye *et al.*, 2007; Ponzoni *et al.*, 2005; Rezk *et al.*, 2009). A transformação de dados tem sido muito usada na prática e funciona razoavelmente bem. Alguns estudos em peixes têm utilizado transformação logarítmica para o peso e morfometria, e transformação arco-seno em análises de sobrevivência. Entretanto, em alguns casos, pode não ser possível atingir a normalização dos erros, estabilizar a variância ou conduzir a um modelo linear. Em Myers *et al.*, (2002) pode ser encontrado um bom exemplo com a transformação logarítmica dos dados, e demonstrando que esta pode não ser capaz de revelar efeitos que seriam significativos no modelo.

Tratando-se de dados com distribuição discreta, já existem artigos publicados na aquíicultura fazendo uso dos modelos lineares generalizados – GLM's (ex.: Fessehaye *et al.*, 2007; Hamzah *et al.*, 2008; Ribeiro *et al.*, 2008). Segundo Acuña *et al.* (2007), essa abordagem é uma ferramenta estatística moderna, com resultados robustos e poderosos também para variáveis biológicas quantitativas (contínuas) como peso e tamanho do corpo. Nos GLM's a distribuição natural dos dados é explorada, sendo que uma função

de ligação é utilizada não para a transformação dos dados, mas para transformação da média populacional (Ribeiro *et al.*, 2008). Portanto, nessa abordagem, a presença de variâncias constantes não é um problema. Finalmente, com o uso dos GLM's, nenhum dos elementos principais de estratégia dos modelos lineares clássicos é perdido, pois os métodos utilizados são análogos (Dobson, 2001; Nelder & Wedderburn, 1972; McCulloch & Searle, 2000; Myers *et al.*, 2002).

No presente estudo, foram avaliados o peso corporal, a uniformização do peso, o fator de condição e a sobrevivência em tilápias melhoradas GIFT, sua linhagem subjacente mantida sem seleção como Controle, e a nova população de melhoramento de tilápias Vermelhas. Para essas características, foi realizado um exame da presença de interação GXA em ambientes de cultivo com dietas de diferentes níveis protéicos. Para contornar problemas com pressuposições estatísticas, foi proposta uma abordagem de modelos lineares generalizados para avaliação das características, tanto de distribuição discreta, como contínua.

2. Materiais e métodos

2.1. Local dos experimentos

O estudo foi conduzido no “Aquaculture Extension Center” do Departamento de Aquicultura e Pesca da Malásia, localizado na cidade de Jitra, Estado de Kedah (latitude 6° N, longitude 100° E, altitude 23 m). A temperatura média diária fica entre 24 e 32°C, com média de 27°C e pouca variação durante o ano. A temperatura da água no sistema de incubação foi mantida entre 26 e 30°C e nos viveiros de terra variou entre 24° a 36 °C. A precipitação anual é de 2057 mm, com chuvas durante todo o ano, sendo mais concentradas em Setembro e Outubro. Porém, os experimentos iniciaram no final da época mais seca (meses de Dezembro, Janeiro e Fevereiro), com metade da quantidade de chuvas.

2.2. Populações dos experimentos

As três populações de tilápia (aqui referenciados grupos genéticos Controle, GIFT e Vermelha) utilizados nos experimentos são provenientes de programas de melhoramento genético mantidos pelo WorldFish Center na Malásia.

Tilápias GIFT e Controle: O programa de seleção da linhagem GIFT ‘Genetically Improved Farmed Tilapia’ teve seu início nas Filipinas em 1988 (Bentsen *et al.*, 1998; Eknath & Acosta, 1998). Após seis gerações de seleção, a população de

melhoramento foi transferida para a Malásia, sendo dividida em duas linhas. Desde então, quatro gerações de seleção transcorreram, com uma das linhas sendo selecionada para valores genéticos elevados (GIFT) e a outra selecionada apenas pelos valores genéticos médios (nomeada de Controle). Todos os procedimentos de seleção, manejo reprodutivo e de acasalamentos dessas linhagens são descritos em WorldFish Center (2004) e Ponzoni *et al.*, (2005).

Tilápia vermelha: três linhagens de diferentes procedências dessa tilápia foram recebidas na estação de melhoramento em Jitra, no ano de 2007 (Hamzah *et al.*, 2008). As linhagens ainda estão em fase de avaliação em cruzamento dialélico no estabelecimento do seu programa de melhoramento, porém uma amostra aleatória entre as três foi tomada para estabelecer as comparações no presente trabalho.

2.3. Obtenção e identificação dos peixes

Sete machos e vinte e uma fêmeas de cada grupo genético (GIFT, Controle e Vermelha) foram acondicionados em hapas de 2x1x1m e acasalados. Dez dias após os acasalamentos foram coletados os ovos na boca das fêmeas, separadamente para cada grupo, sendo incubados artificialmente durante onze dias e posteriormente transferidos para hapas de recria. Todas as hapas foram instaladas no mesmo viveiro para padronizar os efeitos ambientais. A densidade de estocagem nessas hapas foi de 80 alevinos por m².

Quando os peixes atingiram cerca de 4cm, foi realizada a identificação apenas do grupo genético Controle, por meio de um corte na nadadeira ventral, para diferenciar dos peixes GIFT.

2.4. Dieta e sistema de crescimento

A alimentação suplementar utilizada na fase de recria foi de 34% de proteína, em uma quantidade calculada em 5% da biomassa e fornecida duas vezes ao dia.

Após a identificação, pouco mais de 2000 peixes de cada grupo genético foram pesados e transferidos para dois viveiros de crescimento comunal (V1 e V2) de 30x30x1,1m, em uma densidade de estocagem inicial de 3,4 peixes por metro quadrado.

Na fase de crescimento, metade dos peixes de cada grupo continuou recebendo ração com 34% de proteína e a outra metade passou a receber ração contendo 28% de proteína. Para isso, em cada viveiro de terra, foi instalada uma repartição dividindo-os na metade. Assim, foi possível alocar os dois tratamentos em um mesmo viveiro, com o

propósito de distinguir o efeito de nível protéico do efeito de viveiro. Portanto, cada partição, em cada viveiro, continha cerca de 500 peixes de cada grupo genético, recebendo um diferente nível protéico.

A ração comercial peletizada foi fornecida durante o crescimento duas vezes ao dia, sendo calculada em uma quantidade de 3-5% do peso vivo. As amostragens para determinação da biomassa dos peixes foram realizadas mensalmente e a quantidade de ração fornecida era reajustada.

Os parâmetros de qualidade da água (temperatura, pH e oxigênio dissolvido) foram monitorados semanalmente.

2.5. Despesca e colheita de dados

Após 130 dias de crescimento, foi realizada a despesca de todos os peixes para avaliação do desempenho. Dois dias antes, a alimentação foi interrompida para reduzir estresse e a rede de despesca foi disposta no fundo do viveiro de terra. Durante a despesca, os peixes foram dragados com a rede previamente preparada e o viveiro foi completamente seco para colheita dos peixes remanescentes. Todos os peixes foram transferidos para hapas de condicionamento (3x3x1m) instaladas em outro viveiro.

Na biometria, foram anotadas as medidas de peso e comprimento padrão, juntamente com as informações de sexo (por avaliação visual das papilas genitais), grupo genético, nível de proteína e viveiro do cultivo. A sobrevivência no período de crescimento foi calculada com a diferença entre o número de peixes entre a estocagem e a despesca.

2.6. Análises estatísticas

Todas as análises foram efetuadas usando o programa SAS Institute Inc. (2005). Os dados foram previamente examinados para eliminação de informações inconsistentes. Estatísticas descritivas foram calculadas para as variáveis estudadas, em cada grupo genético, em cada nível protéico e também combinando grupo genético com nível protéico.

Assumindo que as características avaliadas nos peixes possuem distribuição pertencente à família exponencial, sua função densidade de probabilidade pôde ser descrita na seguinte forma:

$$f(y; \theta, \phi) = \exp\left\{\frac{y\theta - b(\theta)}{a(\phi)} + c(y, \phi)\right\},$$

em que $a(\cdot)$, $b(\cdot)$ e $c(\cdot)$ são funções conhecidas; θ denota um parâmetro de locação natural que caracteriza a distribuição; e ϕ um parâmetro de dispersão.

Dado essa definição, foi possível aplicar a abordagem de modelos lineares generalizados (GLM's) proposta por Nelder & Wedderburn (1972) nas avaliações experimentais. Portanto, o modelo linear geral para as variáveis estudadas ficou o seguinte:

$$y = \eta + \varepsilon,$$

em que y é o vetor de observações; η é a parte sistemática das observações, ou a esperança matemática de y , dada por $X\beta$ (sendo X a matriz de delineamento do modelo e β o vetor de parâmetros); e ε é a parte residual aleatória.

No GLM, a estimação dos parâmetros de β é realizada por meio de processos iterativos que maximizam a log-verossimilhança da distribuição em questão (Nelder & Wedderburn, 1972). A média de y não é dada diretamente por $X\beta$ como no modelo clássico, mas por uma função linear deste, denominada $g(\cdot)$ função de ligação:

$$\mu_i = g^{-1}(\eta_i), \quad i=1, \dots, n$$

onde μ_i se torna a estimativa de média da observação i , obtida a partir do vetor estimado β .

2.6.1. Peso corporal à despesca

Um modelo assumindo distribuição normal foi ajustado previamente como segue:

$$y_{ijklm} = \mu + VIVEIRO_i + SEXO_j + GEN_k + AMB_l + GEN_k * AMB_l + GEN_k * AMB_l (SEXO_j) + e_{ijklm},$$

onde y_{ijklm} é o peso corporal à despesca para o indivíduo m ; μ é a média geral; $VIVEIRO_i$ é o efeito fixo do viveiro de terra sob cultivo ($i=1,2$); $SEXO_j$ é o efeito fixo de sexo ($j=1,2$); GEN_k é o efeito fixo do grupo genético k ($k=1,2,3$); AMB_l é o efeito fixo de nível protéico na dieta como ambiente de cultivo l ($l=1,2$); $GEN_k * AMB_l (SEXO_j)$ é o efeito de interação entre grupo genético e ambiente de cultivo aninhado dentro de sexo. Interações não significativas ou sem sentido foram deletadas do modelo. A interação de primeira ordem de grupo genético por nível protéico foi incluída no modelo para investigar a existência de interação GXA; e essa foi aninhada em sexo com intuito de estudar a interação, separadamente, para cada sexo.

Neste modelo, foi examinada a hipótese de normalidade na distribuição dos dados e resíduos por uma análise visual gráfica de suas distribuições com o procedimento SAS Insight e por meio de testes de normalidade no procedimento UNIVARIATE. Adicionalmente, também foram realizados testes *Levene* de homogeneidade de variâncias entre grupos genéticos e entre níveis protéicos, usando a opção HOVTEST no procedimento GLM do SAS®.

Descartada a hipótese de distribuição normal para o peso corporal, um modelo gama foi admitido. Assim, a função de densidade probabilidade para y é dada por:

$$f(y; \mu, \phi) = \frac{y^{\phi-1} \phi^\phi \exp[-\phi y / \mu]}{\mu^\phi \Gamma(\phi)}, \quad y \geq 0, \phi > 0, \mu > 0$$

onde $\Gamma(\phi)$ é a função gama, μ é o parâmetro escala e ϕ determina a forma da distribuição. Como a distribuição Gama pertence à família exponencial de distribuições, ela pôde ser expressa na forma:

$$f(y; \theta, \phi) = \exp\left\{\left(-\frac{y}{\mu} - \log \mu\right)\phi - \log \Gamma(\phi) + \phi \log \phi + (\phi - 1) \log y\right\},$$

onde $\theta = -\frac{1}{\mu}$; $b(\theta) = -\ln(-\theta)$; $a(\phi) = \frac{1}{\phi}$; e $c(\cdot) = \phi \ln \phi - \ln \Gamma(\phi) + (\phi - 1) \ln y$.

Portanto, na análise de dados, foi empregado um modelo linear generalizado; relacionando a média μ aos efeitos considerados, para a observação i , da seguinte maneira:

$$\begin{aligned} \eta_i = \log(\mu) = & \beta_0 + \\ & \beta_1 \text{viveiro}_{i(1)} + \beta_2 \text{viveiro}_{i(2)} + \beta_3 \text{sexo}_{i(1)} + \beta_4 \text{sexo}_{i(2)} + \\ & \beta_5 \text{gen}_{i(1)} + \beta_6 \text{gen}_{i(2)} + \beta_7 \text{gen}_{i(3)} + \beta_8 \text{amb}_{i(1)} + \beta_9 \text{amb}_{i(2)} + \\ & \beta_{10...15} [\text{gen}_k * \text{amb}_{i(kt)}]_i + \beta_{16...27} [\text{gen}_k * \text{amb}_{i(\text{sexo}_j)(klj)}]_i, \end{aligned}$$

onde os β 's são os parâmetros deste modelo classificatório. Uma relação linear logarítmica entre a média e os fatores foi escolhida, sendo especificada pela função de ligação logarítmica.

2.6.2. Sobrevivência

A característica de sobrevivência foi avaliada como uma resposta binária, sendo codificada com valores 0 (zero) ou 1 (um); em que 0 corresponde ao valor designado

para um peixe morto e 1 em caso contrário. Portanto, foi assumida distribuição Binomial, com a seguinte função de probabilidade:

$$f(y; P) = \binom{m}{y} P^y (1-P)^{m-y}, \quad y = 0, 1, \dots, m,$$

com índice m , que representa o limite máximo de contagens, sendo no presente caso $m = 1$; e parâmetro P , que representa a probabilidade do evento de interesse ocorrer. Essa distribuição também pôde ser expressa na forma da família exponencial por:

$$f(y; P) = \exp \left\{ y \ln \left(\frac{P}{1-P} \right) + m \ln(1-P) + \ln \binom{m}{y} \right\},$$

onde $\theta = \ln \left(\frac{P}{1-P} \right) \rightarrow P = \frac{e^\theta}{1+e^\theta}$, $b(\theta) = m \ln(1+e^\theta)$, $\phi = 1$, $a(\phi) = 1$, e $c(\cdot) = \ln \binom{m}{y}$.

Portanto, no modelo linear generalizado para a análise de sobrevivência, a média foi transformada da seguinte forma:

$$\eta_i = \log \left(\frac{\mu}{1-\mu} \right) = \beta_0 + \beta_1 \text{viveiro}_{i(1)} + \beta_2 \text{viveiro}_{i(2)} + \beta_3 \text{gen}_{i(1)} + \beta_4 \text{gen}_{i(2)} + \beta_5 \text{gen}_{i(3)} + \beta_6 \text{amb}_{i(1)} + \beta_7 \text{amb}_{i(2)} + \beta_{8\dots 13} [\text{gen}_k * \text{amb}_{l(kl)}]_i.$$

Neste caso, a função de ligação logística que foi empregada é a canônica para esta distribuição. O efeito de sexo não pôde ser incluído no modelo para sobrevivência, pela impossibilidade de determinar o sexo dos animais que morreram.

2.6.3. Deviance

Para medir a qualidade do ajustamento dos modelos foi usada a *deviance* (Nelder & Wedderburn, 1972). Ela indica quão distante o modelo proposto está de explicar perfeitamente os dados; ou seja, é uma medida de distância entre os valores ajustados do modelo saturado (contendo um parâmetro para cada observação em y e reproduzindo perfeitamente os dados) e do modelo sob pesquisa (μ sob a hipótese alternativa). Sua expressão é dada pela diferença de suas log-verossimilhanças maximizadas, na seguinte forma:

$$D(y; \mu) = 2(\hat{\lambda}(y, y) - \hat{\lambda}(y, \mu)),$$

a qual possui assintoticamente distribuição χ^2 com $n-k$ graus de liberdade.

Assim como na análise de variância clássica, os efeitos foram incluídos no modelo a partir de uma sequência de modelos encaixados, usando, porém, as diferenças de deviance entre eles. Tal método tem sido denominado análise de deviance ou ANODEV (Cordeiro & Demétrio, 2007), sendo dada pela expressão:

$$\frac{D(y; \mu_1) - D(y; \mu_0)}{\phi},$$

a qual é uma estatística de razão de verossimilhanças que compara dois modelos encaixados; sendo que quando $\phi=1$ (na Binomial e Poisson), se distribui assintoticamente à χ^2 , porém, quando ϕ deve ser estimado (na Gama e Normal), ela assume distribuição F. Essas análises de deviance, para verificação dos efeitos incluídos e ajuste do modelo, foram efetuadas usando a opção TYPE 1 no procedimento GENMOD do SAS[®]. Além disso, gráficos dos resíduos da deviance com os valores ajustados também foram utilizados como ferramenta adicional de diagnóstico.

2.6.4. Regressão linear generalizada para estimação do fator de condição

A relação massa corporal x tamanho do corpo dos peixes foi avaliada por meio de regressões lineares generalizadas do peso em função do comprimento padrão (Acuña *et al.*, 2007; Rossi *et al.*, 2007). Como uma medida da condição corporal dos grupos de peixes, nos diferentes ambientes, o fator de condição foi calculado a partir dos resíduos (de deviance) dessas regressões (Schulte-Hostedde *et al.*, 2005). O ajuste do modelo de regressão foi realizado também por meio de análises de deviance, e usando uma modificação do modelo classificatório gama previamente indicado. A regressão ajustada incluiu o efeito de viveiro de terra sob cultivo como variável *dummy* (classificatória) e, assim, a relação massa corporal (Y) e tamanho do corpo (X) foi avaliada, em cada combinação grupo genético x ambiente x sexo, pelo seguinte modelo:

$$\hat{Y}_i = \exp(\beta_0 + \beta_1 \text{viveiro}_{i(1)} + \beta_2 \text{viveiro}_{i(2)} + \beta_3 X_i)$$

Comparações estatísticas dos coeficientes β 's da regressão, entre as combinações grupo genético x ambiente x sexo, foram realizadas por meio de intervalos de confiança (I.C. - 95%), baseados em máxima verossimilhança. Esse tipo de estimador foi escolhido por obter intervalos mais curtos para a distribuição gama, almejando estimativas mais precisas (Myers *et al.*, 2002).

Adicionalmente, também foram calculados $R^2_{ajustado}$ definidos de acordo com Mittlböck & Heinzl (2002), no contexto dos modelos lineares generalizados para modelos de regressão gama:

$$R^2_{ajustado} = 1 - \frac{D(y; \hat{\mu}) + k/v}{D(y; \bar{\mu})},$$

onde $D(y; \hat{\mu})$ é a deviance do modelo completo, quando todas as covariáveis foram ajustadas, e $D(y; \bar{\mu})$ é a deviance do modelo nulo, quando apenas o intercepto foi ajustado. Os valores de R^2 foram usados como uma indicação geral da magnitude dos valores de fator de condição.

3. Resultados e Discussão

3.1. Estatísticas descritivas

A média de peso à identificação variou muito pouco entre os efeitos estudados (1,73 a 2,23g) e com baixos desvios padrão (0,03 a 0,25g), portanto seus coeficientes de variação também não variaram muito (Tabela 1). Os valores de peso à identificação e respectivos desvios padrão indicam que os sistemas de acasalamentos e recria proporcionaram um ambiente uniformizado o suficiente para manter os peixes com peso padronizado ao início do experimento. Após 130 dias de cultivo, os grupos genéticos Controle, GIFT e Vermelha atingiram pesos médios à despesca de 129, 173 e 141g, respectivamente. Portanto, a média de ganho de peso diária ficou em 0,99g para o grupo Controle, 1,33g para a GIFT e 1,09g para a tilápia Vermelha. A sobrevivência foi de 68 a 87% (média 77%) nas tilápias Controle, de 76 a 93% (média 84%) na GIFT e de 38 a 71% (média 54%) nas tilápias Vermelhas, nos ambientes de baixo e alto nível de proteína na dieta (28 e 34%), respectivamente.

3.2. Métodos

Este trabalho propôs a aplicação de uma teoria unificadora da modelagem estatística, baseada na família geral de distribuições exponencial: os modelos lineares generalizados. Muitas características de interesse científico, econômico e com herança quantitativa têm distribuição diferente da normal, e que podem ser incluídas nessa família; como exemplo citam-se a gama, a normal inversa e a exponencial, como contínuas, e as distribuições poisson, binomial e binomial negativa, como discretas (Mora *et al.*, 2008). Portanto, muitas características importantes em peixes, que não

atingem os pressupostos da estatística clássica, poderiam ser avaliadas por meio dessa ferramenta moderna.

Tabela 1

Número de peixes estocados (N), sobrevivência (%Vivos), proporção de fêmeas (%♀), médias e desvios padrão (entre parênteses) para peso inicial, peso corporal à despesca e comprimento padrão, por grupo genético e por ambiente avaliado e combinando grupo genético e ambiente

Conjunto de dados	N	Peso Inicial (g)	% Vivos	%♀	Peso Corporal (g)				Comprimento Padrão (cm)			
					♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
<i>Por grupo genético</i>												
Controle (G1)	2003	1,79 (0,09)	77	51	128,8 (39,1)	133,5 (42,4)	124,1 (35,0)	14,5 (1,4)	14,6 (1,4)	14,3 (1,3)		
GIFT (G2)	2005	2,20 (0,17)	84	42	172,9 (48,8)	184,3 (51,3)	157,0 (40,0)	15,7 (1,5)	16,1 (1,5)	15,2 (1,3)		
Vermelha (G3)	2025	2,05 (0,17)	54	21	141,0 (45,4)	145,3 (46,5)	125,0 (37,1)	14,9 (1,6)	15,1 (1,6)	14,4 (1,4)		
<i>Por ambiente teste</i>												
34% Proteína (A1)	3023	2,03 (0,25)	83	40	148,7 (46,2)	156,1 (48,9)	137,4 (39,1)	15,1 (1,5)	15,4 (1,6)	14,8 (1,3)		
28% Proteína (A2)	3010	2,00 (0,21)	60	39	149,5 (52,2)	157,1 (56,2)	137,9 (42,8)	15,0 (1,7)	15,2 (1,7)	14,6 (1,5)		
<i>Combinado</i>												
G1 x A1	1002	1,73 (0,03)	87	53	126,3 (34,0)	130,5 (37,0)	122,6 (30,7)	14,5 (1,2)	14,6 (1,3)	14,3 (1,2)		
G1 x A2	1001	1,86 (0,09)	68	48	131,9 (44,6)	137,0 (47,6)	126,3 (40,3)	14,5 (1,5)	14,7 (1,6)	14,3 (1,4)		
G2 x A1	1000	2,18 (0,21)	93	41	173,9 (45,9)	184,0 (47,7)	159,6 (39,1)	15,8 (1,4)	16,2 (1,4)	15,4 (1,2)		
G2 x A2	1005	2,23 (0,21)	76	42	171,8 (52,1)	184,7 (55,4)	153,8 (40,9)	15,6 (1,6)	16,0 (1,6)	15,0 (1,4)		
G3 x A1	1021	2,18 (0,03)	71	21	143,4 (43,6)	147,9 (44,4)	126,9 (36,1)	15,1 (1,5)	15,2 (1,5)	14,5 (1,4)		
G3 x A2	1004	1,91 (0,11)	38	20	136,5 (48,5)	140,4 (49,9)	121,1 (39,0)	14,7 (1,7)	14,8 (1,7)	14,1 (1,5)		

Todas as avaliações comparativas aqui estabelecidas foram baseadas em métodos paramétricos, mesmo na ausência de normalidade nos dados. Com a abordagem utilizada, o presente estudo permitiu avaliar as características de peso corporal à despesca, uniformidade do lote, fator de condição corporal e sobrevivência dos peixes de maneira satisfatória. Essas características, por sua vez, foram avaliadas

com o intuito de comparar os grupos genéticos em questão, os quais possuem histórias diferentes. Foi possível esclarecer questões que podem amparar o desenvolvimento do novo programa de melhoramento que está se iniciando da tilápia Vermelha, assim como verificar o atual estado de desempenho do grupo genético de tilápias melhoradas GIFT, em contraste com sua linhagem adjacente, mantida sem seleção, dita Controle. Como mencionado anteriormente, os programas de melhoramento são realizados em um ambiente específico e objetivado apenas um peso maior à despesca, contudo, se torna essencial saber como isso afeta outras características de interesse e se o mesmo resultado pode ser obtido sob diferentes condições de cultivo.

Nas avaliações, a verificação dos efeitos influenciando nas variáveis resposta foi realizada principalmente por meio de análises de deviance (ANODEV), a qual é uma generalização da análise da variância para os modelos lineares generalizados, e usa valores de deviance para comparar os modelos. Sabe-se que a deviance possui resultados assintóticos, porém, nas análises presente trabalho, o tamanho amostral foi substancialmente grande ($n=6033$) tornando o teste robusto (Dobson, 2001; McCulloch & Searle, 2000; Myers *et al.*, 2002). Além disso, todas as informações pertinentes à bondade de ajustamento, incluindo *Deviance/(n-k)*, *Scaled Deviance* e *Scaled Pearson χ^2* , indicaram resultados satisfatórios em todas as análises, assim como também um bom ajustamento da função de ligação logarítmica para o modelo gama. Essa função de ligação não é a considerada a canônica para a gama, porém foi usada, pois assegura que a média de peso corporal para cada um dos efeitos considerados seja positiva (Myers *et al.*, 2002).

3.3. Peso corporal à despesca

A análise gráfica conduzida no SAS Insight indicou que a distribuição dos dados de peso dos peixes possui uma cauda direita mais longa do que a distribuição normal. A assimetria foi de 0,59, com média e moda diferindo em 32g. Tal efeito, mesmo que acanhado, refletiu na rejeição da hipótese de normalidade tanto para a distribuição dos dados, quanto dos resíduos.

Homogeneidade de variâncias. As avaliações da hipótese de homogeneidade de variâncias entre grupos genéticos e entre níveis protéicos para peso corporal encontram-se na Tabela 2. Similarmente a outros estudos em tilápias (Fessehaye *et al.*, 2007; Ponzoni *et al.*, 2005; Rezk *et al.*, 2009), o peso revelou ter variâncias proporcionais às

médias, tornando o coeficiente de variação constante. Em decorrência de mais este fato, a avaliação dessa característica com os modelos lineares clássicos foi impossibilitada.

Tabela 2

Variâncias do peso corporal à despesca e resumo dos testes de *Levene* de homogeneidade de variâncias entre grupos genéticos (Controle, GIFT e Vermelha), entre ambientes de cultivo (dietas protéicas de 34 e 28%) e, dentro de grupo genético, entre ambientes

Fonte de Variação	GL	F	Variância do peso corporal (g ²)	
			34% Proteína	28% Proteína
Grupo genético (G)	2	29.6**	-	-
Ambiente (A)	1	29.7**	-	-
Controle (A1xA2)	1	41.7**	1158.66Bb	1989.21Ab
GIFT (A1xA2)	1	11.9**	2107.06Ba	2713.99Aa
Vermelha (A1xA2)	1	4.8*	1899.58Ba	2349.95Aab

Letras maiúsculas diferentes na mesma linha indicam diferenças significativas entre níveis protéicos, dentro de um mesmo grupo genético; letras minúsculas diferentes na mesma coluna indicam diferenças significativas entre grupos genéticos comparados dois a dois, em um mesmo ambiente (*P<0,05, **P<0,01).

Este mesmo teste de *Levene* também foi utilizado para comparar variâncias entre os grupos. Neste caso, a abordagem é robusta quando os dados não seguem exatamente a distribuição normal, pois o teste transforma os valores originais da variável dependente em uma variável de dispersão $(y_{ij} - \bar{y}_{ij})^2$ (Levene, 1960). Essa análise foi realizada com o objetivo de avaliar a uniformização no peso dos grupos avaliados. Os resultados indicaram a presença de heterogeneidade de variâncias tanto entre os ambientes de dietas protéicas, quanto entre grupos genéticos (P<0,01). Indicando que tanto os genótipos, quanto os ambientes avaliados influenciaram na uniformização dos lotes. Segundo vários autores (Doupe & Lymbery, 2003; Gardeur et al., 2001; McCarthy et al., 1993), a variação do peso corporal em grupos de peixes inicialmente homogêneos e sob mesmas condições ambientais é muito afetada por interações sociais, que dependem dos indivíduos presentes no grupo e suas próprias capacidades de competição e agressão. Quando as variâncias foram comparadas dentro de grupo genético, verificou-se que o peso dos peixes dos grupos genéticos Controle e GIFT possuem variâncias heterogêneas significativas entre níveis protéicos, ao nível de 1% de significância. Para os peixes da tilápia Vermelha, as variâncias de peso corporal foram significativamente heterogêneas entre as dietas somente ao nível de 5% de significância. Nos resultados, as maiores variâncias de peso corporal foram encontradas para os peixes alimentados com a dieta de menor nível protéico (Controle=1989,21g²;

GIFT=2713,99g²; e Vermelha=2349,95g²) e variâncias menores no maior nível protéico (Controle=1158,66g²; GIFT=2107,06g²; e Vermelha=1899,58g²); o que indicou maior uniformização do peso destas tilápias, quando foram alimentadas com a dieta de 34% de proteína. Diferenças de variâncias entre os grupos genéticos GIFT e Vermelha não foram significativas em nenhum dos ambientes, mostrando que nos dois grupos a uniformização resultou a mesma. Comparando as variâncias entre os grupos Controle e Vermelha, diferenças significativas foram encontradas apenas no cultivo sob a dieta de 28%; no qual o grupo Vermelha obteve peso mais uniformizado. Por outro lado, as variâncias de peso dos grupos Controle e GIFT foram diferentes significativamente, nos dois ambientes; sendo que o grupo Controle teve maior uniformização do peso.

Deviance. Devido à violação nas pressuposições estatísticas, o peso corporal foi avaliado por meio de modelos lineares generalizados, com distribuição gama e função de ligação log. Resultados da análise de deviance (ANODEV I) do modelo classificatório ajustado encontram-se ilustrados na Tabela 3. O ajuste desse modelo também foi confirmado por gráficos dos resíduos da deviance com os valores ajustados. Os efeitos de viveiro de terra, sexo e grupo genético foram altamente significativos (P<0,01). Indicando que são fatores causantes da variação encontrada no peso nos peixes. A inclusão do efeito de ambiente no modelo, representado pelos níveis de proteína de 28 e 34%, praticamente não reduziu o valor de deviance, portanto, não foi significativo, e indicando que não contribuiu para explicar a variação no peso. Por outro lado, foi significativo o efeito de interação entre os grupos genéticos e ambientes avaliados, assim como a interação foi diferente de acordo com o sexo.

Tabela 3

ANODEV I - Análise de deviance do modelo linear generalizado para peso corporal à despesca de tilápias Controle, GIFT e Vermelha, em dois ambientes de cultivo (34 e 28% de proteína)

Modelo/Causa de variação ¹	GL ¹	Log L	Deviance	χ^2 ¹
Nulo		-22818,4	470,09	
Viveiro (V)	1	-22760,9	458,0	114,9 **
V+Sexo(S)	1	-22686,0	442,68	149,9 **
V+S+Grupo genético (G)	2	-22295,5	370,67	780,9 **
V+S+G+Ambiente (A)	1	-22295,5	370,66	0,1
V+S+G+A+G*A	2	-22286,0	369,07	19,0**
V+S+G+A+G*A+G*A(S)	5	-22277,6	367,66	16,8**

GL: Graus de liberdade; Log L: Logaritmo de verossimilhança; χ^2 Qui-quadrado; (**P<0,01).

¹ Referente ao efeito sendo ajustado, em negrito no modelo.

Análise de Contrastes. Com o objetivo de desdobrar esse efeito, análises de contrastes foram aplicadas para determinar diferenças específicas entre grupos genéticos e ambientes, de acordo com o sexo. Resultados dessas análises e estimativas de peso corporal à despesca para machos e fêmeas, de cada grupo genético, em cada ambiente de cultivo, encontram-se na Tabela 4.

Tabela 4

Estimativas de peso corporal à despesca para machos e fêmeas de tilápias Controle, GIFT e Vermelha, sob dois ambientes de cultivo (34 e 28% de proteína), e análise de contrastes para o efeito de grupo genético, dentro de sexo e ambiente; e para o efeito de ambiente, dentro de sexo e grupo genético

	GL	Machos		Fêmeas	
		34% (A1)	28% (A2)	34% (A1)	28% (A2)
<i>Contrastes</i>			χ^2		χ^2
<i>Entre grupos genéticos</i>					
Controle x GIFT	1	289,1**	144,8**	205,4**	68,6**
Controle x Vermelha	1	31,9**	0,1	1,7	1,5
Vermelha x GIFT	1	172,8**	121,8**	86,7**	38,2**
<i>Entre ambientes teste</i>					
Controle → A1 x A2	1		4,3*		1,9
GIFT → A1 x A2	1		0,3		0,8
Vermelha → A1 x A2	1		14,3**		3,5
<i>Peso corporal estimado (g)</i>					
Controle		131,4 Bc	138,5 Ab	122,8 Ab	127,0 Ab
GIFT		183,2 Aa	184,5 Aa	159,8 Aa	155,8 Aa
Vermelha		146,8 Ab	137,6 Bb	126,6 Ab	119,8 Ab

Letras maiúsculas diferentes na mesma linha indicam diferenças significativas entre níveis protéicos, dentro de um mesmo sexo; letras minúsculas diferentes na mesma coluna indicam diferenças significativas entre grupos genéticos (*P<0,05, **P<0,01).

Machos foram significativamente mais pesados que fêmeas, em todos os grupos genéticos e dietas avaliadas (P<0,01). Os pesos corporais estimados de machos das tilápias Controle variaram entre 131,4 a 138,5g e, para fêmeas, entre 122,8 a 127,0g, entre os ambientes de 34 e 28% de proteína na dieta, respectivamente. As tilápias GIFT apresentaram médias de peso de 183,2 a 184,5g nos machos e de 159,8 a 155,8g nas fêmeas; para tilápias Vermelhas, os pesos variaram entre 146,8 a 137,6g para machos e de 126,6 a 119,8g para fêmeas, respectivamente, nos dois ambientes. Quando comparados os grupos genéticos, a maior média de peso foi para as tilápias do grupo GIFT (P<0,01), independente de sexo e dietas usadas nos experimentos. Em dietas de 34% de proteína, machos da tilápia Vermelha apresentaram maior média de peso corporal que machos da tilápia Controle (P<0,01), porém, o mesmo não ocorreu no

ambiente de dieta com 28% de proteína. Além disso, as fêmeas destes dois grupos também não apresentaram diferenças significativas de peso. Quando comparados os ambientes de cultivo (34 e 28% de proteína), as diferenças de peso foram significativas apenas nos machos da tilápia Vermelha ($P < 0,01$) e Controle ($P < 0,05$). Enquanto os machos do grupo genético Vermelha apresentaram maior peso no ambiente com 34% de proteína, os machos do grupo Controle tiveram maior peso no ambiente de 28% de proteína. Nos machos da tilápia GIFT, como também nas fêmeas de todos os grupos genéticos, o peso corporal não diferiu significativamente entre ambientes.

Os dados do presente estudo não permitiram a estimação de herdabilidade ou correlação genética entre os ambientes avaliados, no entanto, o fato de ter havido alteração da classificação dos grupos genéticos nos ambientes avaliados é forte indicativo da presença de interação genótipo x ambiente. Portanto, necessário se torna uma avaliação posterior mais satisfatória para investigação desse assunto.

3.4. Fator de condição

Deviance. Análises prévias para determinar o modelo ajustado para a regressão linear generalizada incluíram todos os efeitos do modelo classificatório para peso, ajustado na ANODEV I, mais os efeitos quantitativos de regressão. Como pode ser constatado na Tabela 5, o efeito da regressão do peso em função do comprimento padrão foi significativo ($P < 0,01$) dentro da interação grupo genético x ambiente x sexo. Diferenças nessa relação peso x comprimento (expressa na regressão) indicam diferenças nos padrões de crescimento dos peixes (Schulte-Hostedde *et al.*, 2005; Santos *et al.*, 2006). O resultado da ANODEV II indicou, portanto, que o padrão de crescimento dos peixes pode ser diferenciado nos diferentes níveis dessa interação.

Tabela 5

ANODEV II - Análise de deviance para a regressão linear generalizada do peso corporal à despesca em função do comprimento padrão

Modelo/Causa de variação ¹	GL ¹	Log L	Deviance	χ^2 ¹
ANODEV I + Comprimento Padrão (CP)	1	-18541.0	66.3	7473.1**
ANODEV I + CP(Grupo genético*Ambiente*Sexo)	11	-18507.1	65.2	67.9**

GL: Graus de liberdade; Log L: Logaritmo de verossimilhança; χ^2 Qui-quadrado; (** $P < 0,01$).

¹ Referente ao efeito sendo ajustado, em negrito no modelo.

Gjedrem & Thodesen (2005) sugeriram que o tamanho do peixe deve ser geneticamente correlacionado com a eficiência em absorção de nutrientes. Sendo assim,

o padrão de crescimento diferenciado pode estar indicando diferenças em eficiência nos grupos genéticos.

Regressão linear generalizada. As comparações específicas da relação massa corporal x tamanho do corpo, nos diferentes níveis da interação, puderam ser realizadas confrontando os coeficientes em seus modelos de regressão, usando os intervalos de confiança (Tabela 6). No ajuste dessas regressões, o efeito classificatório de viveiro de terra (variável dummy) foi incluído para melhorar a precisão das estimativas dos parâmetros em estudo; porém, o efeito foi retirado quando não significativo. Foi obtido um modelo de regressão para cada combinação grupo genético x ambiente x sexo. Todos os coeficientes desses modelos gama foram altamente significativos.

Tabela 6

Estimativas e intervalos de confiança (95%) dos coeficientes da regressão linear generalizada para o intercepto (β_0) e as covariáveis viveiro (β_1) e comprimento padrão (β_2) de cada modelo, nas combinações grupo genético (Controle, GIFT, Vermelha) x ambiente (dietas de 28 e 34% de proteína) x sexo, com respectivos R^2 ajustados

Grupo / Parâmetro	34% Proteína		28% Proteína	
	♂	♀	♂	♀
<i>Controle</i>				
β_0	2.066 (1.944 - 2.188)	2.185 (2.045 - 2.325)	2.023 (1.893 - 2.152)	1.694 (1.546 - 1.842)
β_1	0.047 (0.025 - 0.068)	0.023 (0.001 - 0.046)	-	0.030 (0.001 - 0.058)
β_2	0.189 (0.181 - 0.197)	0.181 (0.171 - 0.190)	0.194 (0.185 - 0.203)	0.216 (0.206 - 0.226)
	$R^2_{ajustado} = 0.84$	$R^2_{ajustado} = 0.75$	$R^2_{ajustado} = 0.84$	$R^2_{ajustado} = 0.85$
<i>GIFT</i>				
β_0	2.259 (2.142 - 2.376)	2.136 (1.983 - 2.290)	2.196 (2.087 - 2.306)	2.280 (2.147 - 2.415)
β_1	0.121 (0.101 - 0.141)	0.113 (0.089 - 0.138)	-	-
β_2	0.177 (0.170 - 0.185)	0.186 (0.175 - 0.196)	0.187 (0.180 - 0.193)	0.181 (0.172 - 0.190)
	$R^2_{ajustado} = 0.82$	$R^2_{ajustado} = 0.79$	$R^2_{ajustado} = 0.86$	$R^2_{ajustado} = 0.83$
<i>Vermelha</i>				
β_0	2.169 (2.069 - 2.269)	2.399 (2.161 - 2.638)	2.037 (1.908 - 2.166)	2.209 (1.867 - 2.552)
β_1	0.080 (0.060 - 0.101)	0.136 (0.092 - 0.181)	-	-
β_2	0.181 (0.174 - 0.187)	0.162 (0.145 - 0.179)	0.193 (0.184 - 0.202)	0.181 (0.157 - 0.205)
	$R^2_{ajustado} = 0.85$	$R^2_{ajustado} = 0.79$	$R^2_{ajustado} = 0.87$	$R^2_{ajustado} = 0.74$

As comparações de cada coeficiente são dadas por meio de seus intervalos de confiança,

Confrontando os coeficientes entre modelos de machos e fêmeas. Houve diferenças entre a relação massa corporal x tamanho do corpo de machos e fêmeas de um mesmo grupo e dieta (95% de confiança), exceto quando examinando o grupo Controle, sob 34% de proteína, e o grupo GIFT, sob 28% de proteína. Para estes últimos, o mesmo modelo de regressão representa, portanto, tanto machos como fêmeas.

Confrontando os coeficientes entre modelos de grupos genéticos. Avaliando-se as fêmeas cultivadas sob dieta de 34% de proteína, é possível verificar diferenças significativas (I.C.-95%) na relação massa corporal x tamanho do corpo entre os grupos genéticos Controle e Vermelha e entre GIFT e Vermelha, mas não entre Controle e GIFT. Por outro lado, as diferenças entre fêmeas cultivadas sob 28% de proteína foram significativas entre os grupos genéticos Controle e Vermelha e entre Controle e GIFT; mas não significativas entre os grupos GIFT e Vermelha. Assim como estas últimas, os machos que foram cultivados no ambiente de dieta de 34% de proteína também apresentaram diferenças entre os grupos Controle e Vermelha e entre Controle e GIFT, e não significativa entre os grupos GIFT e Vermelha. Já no ambiente de 28% de proteína, os machos apresentaram diferenças significativas entre os grupos Controle e GIFT e entre GIFT e Vermelha, mas não entre os grupos Controle e Vermelha.

Confrontando os coeficientes entre modelos de ambientes. Machos Controle não apresentaram diferenças na relação massa corporal x tamanho do corpo entre os dois ambientes avaliados, mas para as fêmeas a relação foi diferenciada. Nos grupos genéticos GIFT e Controle, essa relação foi diferente entre os ambientes, tanto quando avaliados os machos, quanto fêmeas.

Fator de condição individual x R^2 . O fator de condição foi estimado para os peixes avaliados, individualmente, usando os resíduos de suas regressões ajustadas de massa corporal no tamanho do corpo, em todas as combinações grupo genético x ambiente x sexo. Um peixe com um resíduo positivo é considerado estar em melhor condição corporal que um peixe com um resíduo negativo (Schulte-Hostedde *et al.*, 2005). Dado essas definições, os R^2 resultantes dessas mesmas regressões foram usados como uma medida de magnitude das diferenças gerais de fatores de condição, em uma mesma combinação. Assim, com base nesses valores de R^2 , é possível concluir que o comprimento explica uma grande parte da variação no peso corporal dos peixes e; por conseguinte, que a magnitude dos resultados de fator de condição estimados não foi alta. Isso implica em uma distância geral pequena entre valores negativos e positivos de condição corporal dos peixes, em uma mesma combinação. Demonstrando como esses

valores se comportaram, a Tabela 7 mostra a proporção de peixes que resultaram ter fator de condição positivo, em cada uma dessas combinações.

É possível notar que, devido aos R^2 's obtidos, os valores se distanciaram, em geral, muito pouco de 50%. Além disso, o teste de contrastes realizado para comparar esses valores indica que a condição corporal dos peixes não foi diferente na maioria das combinações avaliadas. Portanto, isso indica que os animais em experimento estavam, em geral, em boas condições corporais e que aumentando o nível de proteína na dieta não afetou o estado nutricional dos peixes. Exceção foi para machos do grupo genético Vermelha, que quando alimentados com dieta de 34% de proteína, apresentaram uma condição corporal inferior aos grupos GIFT e Controle. Além disso, machos do grupo GIFT apresentaram melhor condição corporal no ambiente de 34% de proteína na dieta que em 28% de proteína. Em uma abordagem multicaracterística, Fishback *et al.* (2002) estimaram a herdabilidade e correlações genéticas para o fator de condição e concluiu que a combinação dos genes influenciando esta característica deve ser diferente das combinações de genes influenciando o peso corporal e o comprimento padrão, e que, portanto, elas são independentes. Isso parece estar de acordo com Dobson (1992), a qual afirma que o fator de condição pode mostrar se um animal é pesado porque é estruturalmente grande, ou porque carrega tecido metabolizável, como gordura e proteína. Portanto, os resultados do presente trabalho são importantes, já que são indicativos de que a seleção para peso corporal, como no caso do grupo GIFT, o aumento não é apenas estrutural, mas a exigência protéica deve se tornar maior.

Tabela 7

Proporção de fatores de condição positivos de cada modelo, nas combinações grupo genético (Controle, GIFT, Vermelha) x ambiente (dietas de 28 e 34% de proteína) x sexo

	Machos		Fêmeas	
	34% (A1)	28% (A2)	34% (A1)	28% (A2)
Control	47.91%Aa	48.04%Aa	46.09%Aa	49.23%Aa
GIFT	51.67%Aa	49.89%Ba	43.19%Aa	50.00%Aa
RED	43.29%Ab	46.03%Aa	50.97%Aa	40.79%Aa

Letras maiúsculas diferentes na mesma linha indicam diferenças significativas de acordo com o teste de contrastes entre níveis protéicos, dentro de um mesmo sexo; letras minúsculas diferentes na mesma coluna indicam diferenças significativas de acordo com o teste de contrastes, entre grupos genéticos (*P<0,05, **P<0,01).

3.5. Sobrevivência

Deviance. Os efeitos de viveiro de terra no cultivo, grupo genético e ambientes avaliados (níveis de proteína de 28 e 34%) foram significativos ($P < 0,01$) na análise de deviance para a sobrevivência (Tabela 8). Não houve interação grupo genético x ambiente para esta característica. Entretanto, a sobrevivência é geralmente afetada pelos fatores sexo e peso inicial, mas para levar isso em consideração seria necessário incluir esses fatores no modelo, e isso não foi possível, pois não houve identificação individual dos peixes. Assim, isso pode ter dificultado na avaliação dos demais efeitos.

Tabela 8

Análise de deviance (ANODEV III) para a sobrevivência em tilápias dos grupos genéticos Controle, GIFT e Vermelha, avaliadas sob dois níveis de proteína na dieta

Modelo/Causa de variação ¹	GL ¹	Log L	Deviance	χ^2 ¹
Nulo		-3585.5	7171.1	
Viveiro (V)	1	-3582.2	7164.4	6.7 **
V+Grupo genético (G)	2	-3344.7	6689.5	474.9 **
V+G+Ambiente (A)	1	-3129.9	6259.9	429.6 **
V+G+A+G*A	2	-3127.9	6255.8	4.1

GL: Graus de liberdade; Log L: Logaritmo de verossimilhança; χ^2 : Qui-quadrado, (** $P < 0,01$).

¹ Referente ao efeito sendo ajustado, em negrito no modelo.

Estimativas e análise de contrastes. Diferenças em sobrevivência entre os grupos genéticos foram testadas pelo teste de contrastes e indicam que o grupo genético GIFT apresentou, em média, maior sobrevivência (84%), seguida pelos grupos Controle (78%) e Vermelha (54%) (Tabela 9).

Tabela 9

Estimativas de sobrevivência dos grupos genéticos de tilápia Controle, GIFT e Vermelha, avaliados sob diferentes níveis de proteína e análise de contrastes para o efeito grupo genético

Contraste	GL	χ^2	Grupo Genético	Sobrevivência média (%)	
				34% Proteína ¹	28% Proteína ¹
Controle – GIFT	1	30,2 **	Controle	86,6 Ab	68,3 Bb
Controle - Vermelha	1	264,5 **	GIFT	92,3 Aa	75,8 Ba
Vermelha – GIFT	1	465,6 **	Vermelha	70,8 Ac	37,6 Bc

¹ Diferença entre níveis protéicos evidenciada de acordo com o teste de qui-quadrado na ANODEV III.

Letras maiúsculas diferentes na mesma linha indicam diferenças entre níveis protéicos; letras minúsculas diferentes na mesma coluna indicam diferenças entre grupos genéticos (** $P < 0,01$).

Isso pode estar sugerindo que a seleção para peso no grupo GIFT deve ter favorecido a sobrevivência. A baixa sobrevivência encontrada para o grupo Vermelha

poderia ser resultante da seleção e contínua endogamia para manter a sua cor (Lovshin 2000). Isso parece ser preocupante, porque poderia reduzir o retorno econômico quando apenas um reduzido número de peixes chega ao abate. Portanto, no melhoramento genético desse peixe, atenção deve ser dada a essa característica.

Nesses três grupos genéticos, a sobrevivência foi maior no ambiente no qual receberam 34% de proteína bruta. Então, se melhorando a dieta desses peixes não influenciou em maior peso, por outro lado, ganhos menores são obtidos com um menor número de peixes abatidos. Entretanto, esses resultados devem ser ponderados, já que aumentar o nível protéico da dieta dos peixes implica em maiores custos e, além disso, o aumento em resíduos provenientes desse cultivo poderia ser potencialmente danoso ao ambiente (Yi & Lin, 2000).

4. Conclusões

O presente trabalho mostrou que os grupos genéticos de tilápia Controle, GIFT e Vermelha apresentaram desempenho satisfatório, porém diferenciado. Indiscutivelmente, os peixes GIFT possuem maior peso corporal, atingido pela seleção realizada para esta característica, ao longo de várias gerações. Além disso, foi o grupo que apresentou a maior sobrevivência. Porém, a uniformização no peso do lote foi menor quando comparada com os outros grupos, e isso pode ser consequência seleção, já que os peixes do grupo Controle apresentaram o menor peso e obtiveram maior uniformidade. Por outro lado, a baixa taxa de sobrevivência alcançada pelas tilápias Vermelha é preocupante e deveria ser tomado em consideração em seu programa de melhoramento.

O nível de dieta protéica influenciou na uniformização do peso e na sobrevivência dos grupos genéticos, mas não influenciou no peso corporal e na condição corporal dos peixes.

A relação peso corporal x comprimento padrão foi, em geral, diferente entre os sexos, grupos genéticos e ambientes avaliados, porém o fator de condição dos peixes não diferiu muito.

A interação grupo genético x dieta protéica encontrada sugere a presença de interação genótipo x ambiente. Portanto, a otimização da produtividade e programas de melhoramento dependerá do ambiente de cultivo e da escolha do ambiente de seleção dos peixes.

Referências

- Bentsen, H.B.; Eknath, A.E.; Palada-de Vera, M.S. *et al.*, 1998. Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, v.160, p. 145-173.
- Acuña, F.H.; Excoffon, A.C.; Ricci, L., 2007. Composition, biometry and statistical relationships between the cnidom and body size in the sea anemone *Oulactis muscosa* (Cnidaria: Actiniaria). *J. Mar. Biol. Ass. U.K.*, 87, 415–419.
- Bentsen, H.B.; Eknath, A.E.; Palada-de Vera, M.S. *et al.*, 1998. Genetic improvement of farmed tilapias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 160, 145-173.
- Carneiro, F.C.P.; Martins, .M.I.E.G.; Cyrino, J.E.P., 1999. Estudo de caso da criação comercial da tilapia vermelha em tanque-rede – Avaliação Econômica. *Informações Econômicas*, 29(3), 52-61.
- Charo-Karisa, H.; Bovenhuis, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Van Arendonk, J.A.M.; Komen, H., 2007. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds *Aquaculture* 273, 15 – 23.
- Cordeiro, G.M.; Demétrio, C.G.B., 2007. Modelos lineares generalizados e extensões. 353p.
- Eknath, A.E.; Acosta, B.O., 1998. Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) project: Final Report, March 1988 to December 1997. International Center for Living Aquatic Resources Management, Makati City, Philippines.
- Komen, H.; Charo-Karisa, H.; Bovenhuis, H.; Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Van Arendonk, J.A.M., 2007. Genotype by environment interaction in two lines of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) divergently selected for growth in different pond environments. *Aquaculture* 272S1, S238–S321.
- Dey, M.M. 2000. The impact of genetically improved farmed Nile tilapia in Asia. *Aquacult. Econ. and Manage.* 4(1&2), 109-123.
- Dobson AJ. 2001. An introduction to generalized linear models. 2nd ed., Chapman and Hall, London, 225p.
- Doupe, R.G.; Lymbery, A.J., 2003. Toward the genetic improvement of feed conversion efficiency in fish. *J. World Aquac. Soc.*, 245-254.

- Falconer, D.S., 1990. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. *Genet. Res. Camb.*, 56, 57-70.
- Fessehaye, Y.; Komen, H.; Rezk, M.A.; Van Arendonk, J.A.M.; Bovenhuis, H., 2007. Effects of inbreeding on survival, body weight and fluctuating asymmetry (FA) in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture* 264, 27–35.
- Fishback, A.G.; Danzmann, R.G.; Sakamoto, T.; Ferguson, M.M.; Gibson, J.P., 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. 206, 137– 150.
- Furuya, W.M.; Souza, S.R.; Furuya, V.R.B.; Hayashi, C.; Ribeiro, R.P., 1998. Pelletized and extruded diets for reversed Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) males, in finishing phase. *Ciência Rural*, 28(3), 483-487.
- Gardeur, J.N.; Paspatis M.; Gélineau A.; Boujard, T.; 2001. Biostatistical implications of individual variability in growth in rainbow trout and Atlantic salmon. *Aquaculture* 195, 51–59.
- Green, B.W., 1992. Substitution of organic manure for pelleted feed in tilapia production. *Aquaculture*, 101, 213-222.
- Gupta, M.V.; Acosta, B.O., 2004. From drawing board to dining table: The success story of the GIFT project. *Naga, WorldFish Center Quarterly*. 27(3&4), 4-12.
- Hamzah, A.; Nguyen, H.N.; Ponzoni, R.W.; Kamaruzzaman N.; Subha, B., 2008. Performance and survival of three red tilapia strains (*Oreochromis spp*) in pond environment in Kedah State, Malaysia. In *Proc.: The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture*, Cairo, Egypt. 1, 199-211.
- Kause, A.; Ritola, O.; Paananen, T.; Mäntysaari, E.; Eskelinen, U., 2003. Selection against early maturity in large rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: the quantitative genetics of sexual dimorphism and genotype-by-environment interactions. *Aquaculture* 228, 53–68.
- Khaw, H.L.; Bovenhuis, H.; Ponzoni, R.W.; Rezk, M.A.; Charo-Karisa, H.; Komen, H., 2009. Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture* 294, 37–42.
- Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Abu Bakar, K.R.; Kamaruzzaman, N.; Ismail, N.; Jaafar, H.; Nguyen, N.H.; 2006. A Comparison of GIFT and Red Tilapia for Fillet Yield and Sensory Attributes of Flesh Quality Assessed by a Trained Panel. In *Proc.: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo

- Horizonte, Brazil. Web access at http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/9_98-2120.pdf.
- Khaw, H.L., Ponzoni, R. W.; Danting, M. J. C., 2008. Estimation of genetic change in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by comparing contemporary progeny produced by males born in 1991 or in 2003. *Aquaculture*, 275, 64-69.
- Levene, H., 1960. Robust Tests for the Equality of Variance. In: I. Olkin, ed., *Contributions to Probability and Statistics*. Palo Alto, CA: Stanford University Press, p. 278-292.
- Lovshin, L.L., 2000. Criteria for Selecting Nile Tilapia and Red Tilapia for Culture. *International Symposium on Tilapia*
- Luan, T.D.; Olesen, I.; Ødegård, J.; Kolstad, K.; Dan, N.C., 2008. Genotype by environment interaction for harvest body weight and survival of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in brackish and fresh water ponds. In: *The Eighth International Symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings...* Cairo, Egypt.
- Maluwa, A.O.; Gjerde, B.; Ponzoni, R.W., 2006. Genetic parameters and genotype by environment interaction for body weight of *Oreochromis shiranus*. *Aquaculture* 259, 47–55.
- McCarthy, I.D., Houlihan, D.F., Carter, C.G., Moutou, K., 1993. Variation in individual food consumption rates of fish and its implications for the study of fish nutrition and physiology. *Proc. Nutr. Soc.* 52, 427–436.
- Mcculloch, C.E; Searle,S.R., 2000. *Generalized, Linear, and Mixed Models*. New York: John Wiley Sons, 325p.
- Mittlböck, M.; Heinzl, H., 2002. Measures of explained variation in gamma regression models. *Statistics, Simulation and Computation*, 31(1), 61–73.
- Mora, F.; Santos, A.I.; Scapim, C.A., 2008. Mapeo de loci de caracteres cuantitativos (QTL) usando un enfoque multivariado. *Cien. Inv. Agr.*, 35(2), 137-145.
- Myers R.H.; Montgomery D.C.; Vining G.G., 2002. *Generalized linear models, with applications in engineering and the sciences*. John Wiley and Sons Press, New York, 342 p.
- Nelder, J.A.; Wedderburn, R.W.M., 1972. Generalized linear model. *Journal of the Royal Statistical Society, Series A* 135, 370-384.
- Nguyen, N.H.; Ponzoni, R.W., 2006. Perspectives from Agriculture: Advances in Livestock Breeding - Implications for Aquaculture Genetics. *NAGA, WorldFish Center Quarterly*, 29(3&4), 39-45.

- Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Tan, S.; Kamaruzzaman, N., 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247, 203–210.
- Ponzoni, R.W.; Khaw, H.L.; Abu Bakar, K.R.; Hamzah, A.; Kamaruzzaman, N.; Nguyen, N.H., 2006a. A Comparison of GIFT and Red Tilapia for Fillet Yield and Flesh Quality Assessed by a Panel of Untrained Consumers. In Proc.: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil. Web access at http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/9_99-2121.pdf.
- Ponzoni, R.W.; Acosta, B.O.; Ponniah, A.G., 2006b. Development of aquatic animal genetic improvement and dissemination programs: current status and action plans. *WorldFish Center Conference, Proceedings* 73, 120p.
- Ponzoni, R.W., Nguyen, H.N. Khaw, H.L., 2006c. Importance and implementation of simple and advanced selective breeding programs for aquaculture species in developing countries. In Proc.: 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil. Web Access at http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/9_683-1814.pdf.
- Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Khaw, H.L.; Kamel, E.; Dawood, T.; Rezk, G.J., 2009. Selective breeding for increased body weight in a synthetic breed of Egyptian Nile tilapia *Oreochromis niloticus*: Response to selection and genetic parameters. *Aquaculture* 293, 187–194.
- Ribeiro, P.; Ribeiro, R.P.; Streit Jr., D.P., 2008. Utilization of intra and extracellular cryoprotectants for morphology preservation of pacu (*Piaractus mesopotamicus*) embryos. *Aquaculture*, *submitted*.
- Romana-Eguia, M.R.R.; Eguia, R.V., 1999. Growth of Five Asian Red Tilapia Strains in Saline Environments. *Aquaculture* 173, 161-170.
- Rossi, R.M.; Guedes, T.A.; Janeiro, V.; E.N., 2007. Estimação do fator de condição de peixes da espécie *Tracydoras paraguayensis*: uma perspectiva bayesiana. *Acta Sci. Anim. Sci.*, 29(1), 85-92.
- Saillant, E.; Dupont-Nivet, M.; Haffray, P.; Chatain, B., 2006. Estimates of heritability and genotype–environment interactions for body weight in sea bass (*Dicentrarchus labrax L.*) raised under communal rearing conditions. *Aquaculture* 254, 139–147.
- Santos, V.B.; Freato, T.A.; Freitas, R.T.F.; Logato, P.V.R., 2006. Crescimento relativo e coeficientes alométricos de componentes do corpo de linhagens de tilápias-do-nilo (*Oreochromis niloticus*). *Ciência Animal Brasileira*, 7(4), 357-364.

- SAS Institute Inc., 2005. SAS/STAT[®] user's guide, version 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Schulte-Hostedde, A.I.; Zinner, B.; Millar, J. S.; Hickling, G.J., 2005. Restitution of mass–size residuals: validating body condition indices. *Ecology*, 86(1), 155–163.
- Vehviläinen, H.; Kause, A.; Quinton, C.; Koskinen, H.; Paananen, T., 2008. Survival of the Currently Fittest: Genetics of Rainbow Trout Survival Across Time and Space. *Genetics* 180, 507–516.
- Wild, W.; Simianer, H.; Gjøen, H.M.; Gjerde, B., 1994. Genetic parameters and genotype × environment interaction for early sexual maturity in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 128, 51–65.
- WorldFish Center, 2004. GIFT Technology Manual: An Aid to Tilapia Selective Breeding. WorldFish Center, Penang, Malaysia. 56 pp.
- Yi, Y.; Lin, C.K., 2000. Analyses of various inputs for pond culture of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*): profitability and potential environmental impacts. In Proc. Tilapia Aquaculture – International On Tilapia Aquaculture, Rio de Janeiro. 1, 247-257.

CONCLUSÕES GERAIS

Os grupos genéticos de tilápia Controle, GIFT e Vermelha, avaliados em experimento na Malásia, apresentaram desempenho diferenciado. Indiscutivelmente, os peixes GIFT apresentam maior peso corporal, atingido pela seleção realizada para esta característica, ao longo de várias gerações. Além disso, foi o grupo que apresentou a maior sobrevivência. Porém, a uniformização no peso do lote foi menor quando comparada com os outros grupos, e isso pode ser consequência seleção, já que os peixes do grupo Controle apresentaram o menor peso e obtiveram maior uniformidade. Por outro lado, a baixa taxa de sobrevivência alcançada pelas tilápias Vermelha é preocupante e deveria ser tomado em consideração no desenvolvimento do seu programa de melhoramento. O nível de dieta protéica influenciou na uniformização do peso e na sobrevivência dos grupos genéticos, mas não influenciou no peso corporal e na condição corporal dos peixes. A relação peso corporal x comprimento padrão foi, em geral, diferente entre os sexos, grupos genéticos e ambientes avaliados, porém o fator de condição dos peixes não diferiu muito. A interação grupo genético x dieta protéica encontrada sugere a presença de interação genótipo - ambiente. Portanto, a otimização da produtividade e programas de melhoramento dependerá do ambiente de cultivo e da escolha do ambiente de seleção dos peixes.

As estimativas de parâmetros genéticos no presente trabalho encontradas, para peso corporal e sobrevivência em tilápias do Nilo, usando o modelo animal, são as primeiras obtidas para peixes no Brasil.

As características avaliadas de produção e sobrevivência da população introduzida da linhagem GIFT apresentaram variâncias genéticas aditivas indicando boas possibilidades de progresso genético nas circunstâncias de cultivo do Brasil.

A baixa herdabilidade encontrada para o peso à despesca sugere que o valor fenotípico dos peixes não é um bom preditor dos seus potenciais genéticos. Assim, a seleção praticada com base nos valores genéticos estimados por BLUP é a alternativa indicada para obtenção de maior precisão, portanto, maior será o progresso genético da população. Para a sobrevivência, a herdabilidade foi moderada, e os valores altamente

positivos de correlação genética entre peso à despesca e sobrevivência indicaram que a sobrevivência poderá ser melhorada indiretamente, por meio da seleção no peso dos peixes. Por outro lado, essa relação significativa também implica na necessidade de um monitoramento contínuo dessa característica, já que diferentes fatores que causam a mortalidade podem não dividir determinação genética comum.

Estimativas de correlação genética moderadas entre o peso corporal à despesca em viveiros de terra e tanques-rede, com dietas de 28% e 32% de proteína bruta indicam que ganho genético em um ambiente pode ser alcançado procedendo-se a seleção em qualquer outro ambiente, por meio de resposta correlacionada. Entretanto, devido a presença de interação genótipo - ambiente, deve haver perda na eficiência de seleção e menor progresso genético da população, o qual será tanto menor, quanto menor for a correlação genética entre o peso nos ambientes de seleção e de produção. Os resultados de herdabilidade sugerem que o ambiente com melhor qualidade de água e de dieta deveria ser escolhido para avaliação do potencial genético dessa linhagem. Entretanto, estudos replicando os ambientes e com um maior número de famílias de meio-irmãos precisam ser realizados para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis e confirmar os resultados de interação GxA.

A abordagem de modelos lineares generalizados permitiu avaliar as características de peso corporal à despesca, fator de condição corporal e sobrevivência dos peixes de maneira satisfatória, mostrando-se uma ferramenta estatística útil na avaliação de grupos genéticos de tilápias.

A análise Bayesiana, por meio do algoritmo de Gibbs, e o método REML podem ser ferramentas importantes na avaliação de genótipos de tilápia, baseados no peso (modelo linear) e sobrevivência dos peixes (modelo de limiar). As duas abordagens possibilitaram estimação dos parâmetros com relativa precisão. Grande possibilidade de exploração e inferência, com grande confiança (95%), acerca dos parâmetros estudados foi permitida por meio da abordagem Bayesiana.