

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

O IMPACTO DO MELHORAMENTO GENÉTICO SOBRE O
ÍNDICE DE DIMORFISMO SEXUAL EM TILÁPIAS-DO-
NILO

Autor: Bruno da Silva Pires
Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro

MARINGÁ
Estado do Paraná
Junho de 2022.

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

O IMPACTO DO MELHORAMENTO GENÉTICO SOBRE O
ÍNDICE DE DIMORFISMO SEXUAL EM TILÁPIAS-DO-
NILO

Autor: Bruno da Silva Pires
Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro

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

MARINGÁ
Estado do Paraná
Junho de 2022.

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
(Biblioteca Central - UEM, Maringá - PR, Brasil)

P667i Pires, Bruno da Silva
O impacto do melhoramento genético sobre o índice de dimorfismo sexual em tilápias-do-nylo / Bruno da Silva Pires. -- Maringá, PR, 2022.
xiv, 72 f.: il. color., figs., tabs.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro.
Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2022.

1. Piscicultura. 2. Tilápia-do-Nilo - Dimorfismo sexual. 3. Genética e melhoramento animal. 4. Análise multivariada. I. Ribeiro, Ricardo Pereira, orient. II. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Agrárias. Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 23.ed. 639.37



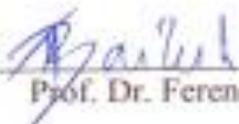
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

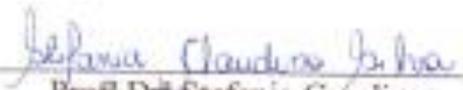
O IMPACTO DO MELHORAMENTO GENÉTICO SOBRE O ÍNDICE
DE DIMORFISMO SEXUAL EM TILÁPIAS DO NILO

Autor: Bruno da Silva Pires
Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro

TITULAÇÃO: Doutor em Zootecnia - Área de Concentração Produção
Animal

APROVADO em 07 de junho de 2022.


Prof. Dr. Ferenc Istvan Bánkuti


Prof. Dr. Stefania Caroline
Claudino da Silva


Prof. Dr. Rômulo Batista
Rodrigues


Documento assinado digitalmente:
Claudio Manoel Rodrigues de Melo
CPF: 029.061.044-20
www.ufma.br
Prof. Dr. Claudio Manoel
Rodrigues de Melo


Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro
(Orientador)

“Eu sei que não se pode viver só de esperança, mas sem esperança não vale a pena
viver.”

Harvey Bernard Milk

Aos meus pais, Madi dos Santos Pires e
Santa Lurdes da Silva Pires e a minha irmã,
Rúbia da Silva Pires.

DEDICO.

Agradecimentos

Ao meu pai Madi dos Santos Pires, por todo apoio e incentivo aos estudos, por acreditar em mim, por nunca desistir, mesmo enfrentando todas as dificuldades para garantir a minha educação, pelo exemplo de perseverança e otimismo.

À minha mãe Santa Lurdes da Silva Pires, pelo apoio e incentivo aos estudos, por sempre estar ao meu lado nunca me deixando desistir, por todas as noites em claro em frente á máquina de costura, para que seus filhos pudessem ter a melhor educação possível.

A minha irmã, Rúbia da Silva Pires, por todo apoio e ajuda, por sempre estar ao meu lado mesmo estando tão longe, sempre torcendo e compartilhando as alegrias e dificuldades.

Ao meu tio Jorge Tadeu, e a minha tia Rosa e tio Edgar (*in memoriam*), pelo apoio, exemplo, incentivo e torcida mesmo estando tão longe.

Ao meu orientador, professor Ricardo Pereira Ribeiro, por ter me aceitado como orientado e ter me recebido em seu grupo, mesmo sem me conhecer direito, permitindo fazer a minha morada durante essa etapa, por sempre acreditar na minha capacidade e no meu trabalho.

Ao meu coorientador professor Carlos Antônio Lopes de Oliveira, por acreditar na minha capacidade e no meu trabalho, por todo apoio, e por todo o aprendizado e discussões nas áreas de estatística e melhoramento genético.

Aos professores membros da banca de qualificação, Fércenc Bánkuti, Sandra Simonelli e Rômulo Rodrigues, pelas sugestões e discussões acerca do projeto.

Aos professores, Cláudio Melo, Fércenc Bánkuti, Rômulo Rodrigues e Stefânia Claudino da Silva, membros da banca de avaliação final da tese, pela disposição em corrigir, avaliar e por todas as sugestões feitas acerca da tese final.

Aos colegas e amigos que fazem parte, ou já passaram pelo do grupo de pesquisa Peixegen: Alex Cardoso, Arthur Costa, Carolina Schlotfeld, Simone Siemer, Karla Tsujii, Gisele Ferreira, Eric Campos, Luís Fernando, Laís Mantovani, Satia Bonfim, Elisangela de Cesaro, Mônica Dotoli, Cindy Seino, Pedro Castro, Eduarda Fechio, Maria Alice, Gabriel Oliveira, Giovana Oliveira, Luís Ito, Sergio Costa e Felipe Soares pela amizade, companheirismo, pelos momentos de descontração, ansiedade e angústias ao longo desse período.

Aos colegas e amigos de outros grupos: Fernanda Roulino, Fernanda Tanamati, Angélica Khatlab, Flávia Lavach e Sillas Mayron, pelo companheirismo e amizade.

Aos funcionários da estação de piscicultura da CODAPAR/UEM, Cleiton, José Geraldo e Vitor Moises, pela amizade, companheirismo e aprendizado durante o período do doutorado.

À Capes, pela concessão da bolsa de doutorado.

Enfim, a todos que de alguma forma colaboraram para realização deste trabalho e ao longo do curso de doutorado, e que não foram mencionados.

BIOGRAFIA

Bruno da Silva Pires, filho de Madi dos Santos Pires e Santa Lurdes da Silva Pires. Nasceu em Uruguaiana (Rio Grande do Sul), no dia 17 de março de 1997.

Em fevereiro de 2017, concluiu o curso superior de tecnologia em Aquicultura, pela Universidade Federal do Pampa.

No mesmo ano ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia na Universidade Federal do Rio Grande do Sul, defendendo a dissertação de mestrado em março de 2019, na área de concentração Produção Animal - Aquicultura.

Em março do mesmo ano, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia pela Universidade Estadual de Maringá, na área de concentração em Produção Animal, realizando estudos nas áreas de Aquicultura e Melhoramento Animal.

Em junho de 2022, realizou a defesa de tese para obter o título de doutor em Zootecnia, com área de concentração em Produção Animal – Aquicultura.

Sumário

LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE FIGURAS	x
RESUMO.....	xi
ABSTRACT	xiii
I – INTRODUÇÃO	17
Dimorfismo Sexual em Peixes.....	21
Índice de Dimorfismo Sexual (SDI)	22
Modelos Mistos.....	23
Análise Multivariada.....	25
Referências.....	27
II - OBJETIVOS GERAIS	33
III - Impacto do dimorfismo sexual sobre as estimativas dos parâmetros genéticos de tilápias-do-Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>)	34
Resumo	34
Introdução	34
Material e Métodos	36
Resultados	38
Discussão	40
Conclusão.....	42
Referências.....	43
IV - Estudo do dimorfismo sexual em tilápias-do-Nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) por meio de análises multivariadas	46
Resumo	46
Introdução	46
Material e Métodos	48
Resultados	50
Discussão	58
Conclusão.....	64
Referências.....	64
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	67
Instruções aos autores	68

LISTA DE TABELAS

Impacto do dimorfismo sexual sobre as estimativas dos parâmetros genéticos de tilápias-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*)

Páginas

Tabela 1. Tabela de análise descritiva dos dados. 36

Tabela 2. Componentes de variância e estimativas de herdabilidade, em modelos unicaracter e bicaracter para P e CP. 38

Estudo do dimorfismo sexual em tilápias-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) melhoradas geneticamente através de análises multivariadas

Páginas

Tabela 1. Tabela de carga fatorial. 49

Tabela 2. Tabela de variância explicada. 49

Tabela 3. Valores da matriz das distâncias de dissimilaridade. 50

Tabela 4. Valores genéticos (EBVS) médios e índice de dimorfismo sexual (IDS) de cada família e médio de cada grupo, para as variáveis, peso corporal (EBVP e IDSP) e comprimento padrão (EBVCP e IDSCP). 53

Tabela 5. Tabela de valores genéticos (EBVs) médios e de índice de dimorfismo sexual (IDS), para as características peso corporal (EBVP e IDSP) e comprimento padrão (EBVCP e IDSCP), por família e grupo. 56

LISTA DE FIGURAS

Introdução

Páginas

Esquema do processo de seleção do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo. 18

Estudo do dimorfismo sexual em tilápias-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) melhoradas geneticamente através de análises multivariadas

Páginas

Gráfico 1. Componentes principais (PCA). 49

Gráfico 2. Dendrograma pelo método UPGMA, formado pelas famílias correspondentes a T1, T2, T3, ..., T75. 52

Gráfico 3. Grupos formados pelo método otimizado Tocher. 55

RESUMO

A tilápia-do-Nilo é a espécie de peixe de água doce, mais produzida no país. Porém, devido ao dimorfismo sexual desta espécie (machos com maior peso e tamanho que fêmeas), o cultivo monossexo foi adotado como prática para aumentar a produtividade dos lotes. Entre as técnicas utilizadas para geração de populações monossexo, destaca-se a reversão sexual, na qual se utiliza o hormônio 17- α -metiltestosterona, nos primeiros 30 dias de vida, para masculinizar as fêmeas. Esta prática, embora considerada segura para o consumidor, têm sido questionadas quanto aos impactos ambientais e na saúde dos trabalhadores, pela manipulação e despejo de resíduos nos cursos d'água. O índice de dimorfismo sexual (IDS) é utilizado para avaliar as diferenças entre as características externas de diferentes espécies, podendo ser aplicada como ferramenta para avaliar a homogeneidade de diferentes lotes. Dessa forma, o objetivo do presente estudo foi estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos para peso corporal e comprimento padrão, bem como aplicar o IDS para avaliar o efeito da seleção para crescimento, de tilápias do Nilo, sobre o dimorfismo sexual. Inicialmente foram estimados os componentes de variância e parâmetros genéticos, para peso corporal (P) e comprimento padrão (CP), de machos e fêmeas de tilápias do Nilo, através do modelo animal, uni e bicaracter, sendo o sexo retirado dos modelos bicaracteres, avaliando cada característica distinta em função do sexo. O banco de dados continha informações do núcleo de seleção dos anos de 2017, 2019 e 2020. Os valores estimados para a herdabilidade foram de 0,59, 0,59 e 0,61 para P no modelo unicaracter e nos modelos bicaracter para macho e fêmea, respectivamente.

Já para o CP foram obtidos 0,61, 0,63 e 0,62 nos modelos unicaracter e bicaracter para macho e fêmea, respectivamente. Os valores encontrados para IDSP foram, 1,35, 1,20 e 1,33 e para IDSCP 1,09, 1,06 e 1,08, para as gerações 2017, 2019 e 2020, respectivamente. Utilizando as médias dos valores genéticos, para P e CP, de cada família, dos animais avaliados em 2020 foram realizadas análises multivariadas, combinando as médias dos valores genéticos, com os índices de dimorfismo sexual para peso (IDSP) e comprimento padrão (IDSCP). Por meio do dendrograma foi possível observar a formação de quatro grupos enquanto para o agrupamento de Tocher foi possível encontrar 21 grupos. Análise de componentes principais foi 74,89% explicativa, sendo o IDSP e IDSCP fortemente correlacionados e opostos aos valores genéticos para P e CP. Não foram observadas diferenças entre os componentes de variância, porém, foi possível observar variação entre os sexos através dos resultados encontrados para os IDS's. Através das análises multivariadas foi possível identificar diferentes grupos fenotípicos, e famílias com maior valor genético para peso, apresenta baixo dimorfismo sexual.

Palavras-chave: Componentes de Variância; Parâmetros Genéticos; Índice de Dimorfismo Sexual; Análise de Agrupamento; Componentes Principais.

ABSTRACT

The Nile tilapia is the freshwater fish species most produced in the country. However, due to its sexual dimorphism (males with greater weight and size than females), monosex culture was adopted as a practice to increase its productivity. Among the techniques used to generate monosex populations, sexual reversion stands out, in which the hormone 17- α -methyltestosterone is used in the first 30 days of life to masculinize the females. This practice, although considered safe for consumer, has been questioned as to the environmental and health impacts on the workers, due to the handling and dumping of residues into waterways. The sexual dimorphism index (SDI) is used to evaluate the differences between the external characteristics of different species, and can be applied as a tool to evaluate the homogeneity of different flocks. Thus, the objective of the present study was to estimate the variance components and genetic parameters for body weight and standard length, as well as to apply the IDS to evaluate the selection affect for growth in Nile tilapia on sexual dimorphism. Initially, variance components and genetic parameters were estimated for body weight (BW) and standard length (SL) of male and female Nile tilapia using the animal model, uni and bicharacter, and sex was removed from the bicharacter models, evaluating each distinct trait as a function of sex. The database contained core selection information of the years 2017, 2019 and 2020. The estimated values for heritability were 0.59, 0.59 and 0.61 for BW in the uni and bicharacter models for male and female, respectively. For SL, 0.61, 0.63 and 0.62 were obtained in the uni and bicharacter models for males and females, respectively. The values found for SDIBW were, 1.35, 1.20 and 1.33 and for SDISL

1.09, 1.06 and 1.08, for the 2017, 2019 and 2020 generations, respectively. Using the mean genetic values, for BW and SL, of each family, of the animals evaluated in 2020, multivariate analyses were performed, combining the mean genetic values, with the indices of sexual dimorphism for weight (SDIBW) and standard length (SDISL). Through the dendrogram it was possible to observe the formation of four groups while for Tocher's clustering it was possible to find 21 groups. Principal component analysis was 74.89% explanatory, being SDIBW and SDISL strongly correlated and opposite to genetic values for BW and SL. No differences were observed between the variance components, however, it was possible to observe variation between the sexes through the results found for SDI. Through multivariate analysis, it was possible to identify different phenotypic groups, and families with higher genetic value for weight, present a low sexual dimorphism.

Keywords: Components of Variance; Genetic Parameters; Sexual Dimorphism Index; Cluster Analysis; Principal Components.

I – INTRODUÇÃO

Produção, manejo e melhoramento genético em tilápias-do-Nilo

Em 2019 a tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*), foi considerada a terceira espécie de peixe de água doce, mais produzida no mundo, com a produção de 4 590.292 toneladas, ficando atrás apenas das carpas-capim (*Ctenopharyngodon idellus*) e prateada (*Hypophthalmichthys molitrix*), segundo estimativas da FAO (Food & Agricultural Organization) de 2021. No Brasil a piscicultura teve incremento de 45,4% na produção de 2021, em relação a 2014, segundo dados da associação brasileira da piscicultura (PeixeBR, 2022). Sendo 63,5% da produção representada pela tilápia-do-Nilo, 31,2% tambaqui (*Colossoma macropomum*), e 5,3% das demais espécies. Tornando o Brasil o quarto maior produtor mundial de tilápia.

A tilápia foi introduzida no país inicialmente, na década de 1970, com a linhagem Bouaké, importada da Costa do Marfim (Castagnolli, 1992). Porém apenas em 2005, foram importadas as primeiras famílias da linhagem GIFT (Genetically Improved Farmed Tilápia), originárias da Málasia (Ribeiro *et al.*, 2012), que formaram a base do programa de melhoramento genético, formador da linhagem Tilámax, pertencente à Universidade Estadual de Maringá.

A tilápia-do-Nilo se tornou a espécie de peixe dulcícola mais produzida no país, pelo desenvolvimento e aplicação de tecnologias para o desenvolvimento da sua produção. No entanto, por conta da grande diferença de tamanho entre machos e fêmeas, os produtores acabam optando pelo cultivo monossexo, apenas machos, para

compensar as diferenças de tamanho, aumentar a produção e a padronização dos lotes. Para isso, é utilizado o processo de masculinização, que ocorre nas fases iniciais da produção, através da inclusão do hormônio 17- α -metiltestosterona na dieta inicial. Através dessa técnica pode-se obter 98% de machos masculinizados (Neumann *et al.*, 2009).

Mesmo esta técnica já pré-estabelecida de produção, ela pode gerar diferentes tipos de impactos negativos na cadeia de produção da tilápia, pelo aumento da busca pela origem e qualidade dos produtos, pelos consumidores, mesmo sendo uma prática liberada e que não deixam quais quer tipos de resíduos na carcaça (Zanardi *et al.*, 2011).

Está prática também pode gerar impacto ambiental, pelo mau uso, intensificação da produção e o despejo de resíduos sem tratamento diretamente nos corpos d'água. Estudos *in vitro* já comprovam que a exposição a 17- α -metiltestosterona, pode gerar atresia dos oócitos, atraso na oogênese, inibição da produção de espermatozoides, má formação dos embriões (Rivero-Wendt, 2013), danos ao DNA e diminuição do metabolismo da atividade da enzima glutathione S-transferase (Rivero-Wendt *et al.*, 2020), aumento da apoptose celular, redução da resposta imune inata e do metabolismo de desintoxicação (Abo-Al-Ela *et al.*, 2017), em diferentes espécies de peixes. Dessa forma, existe grande apelo para a retirada ou diminuição do uso do hormônio desta etapa, na produção de tilápias-do-Nilo.

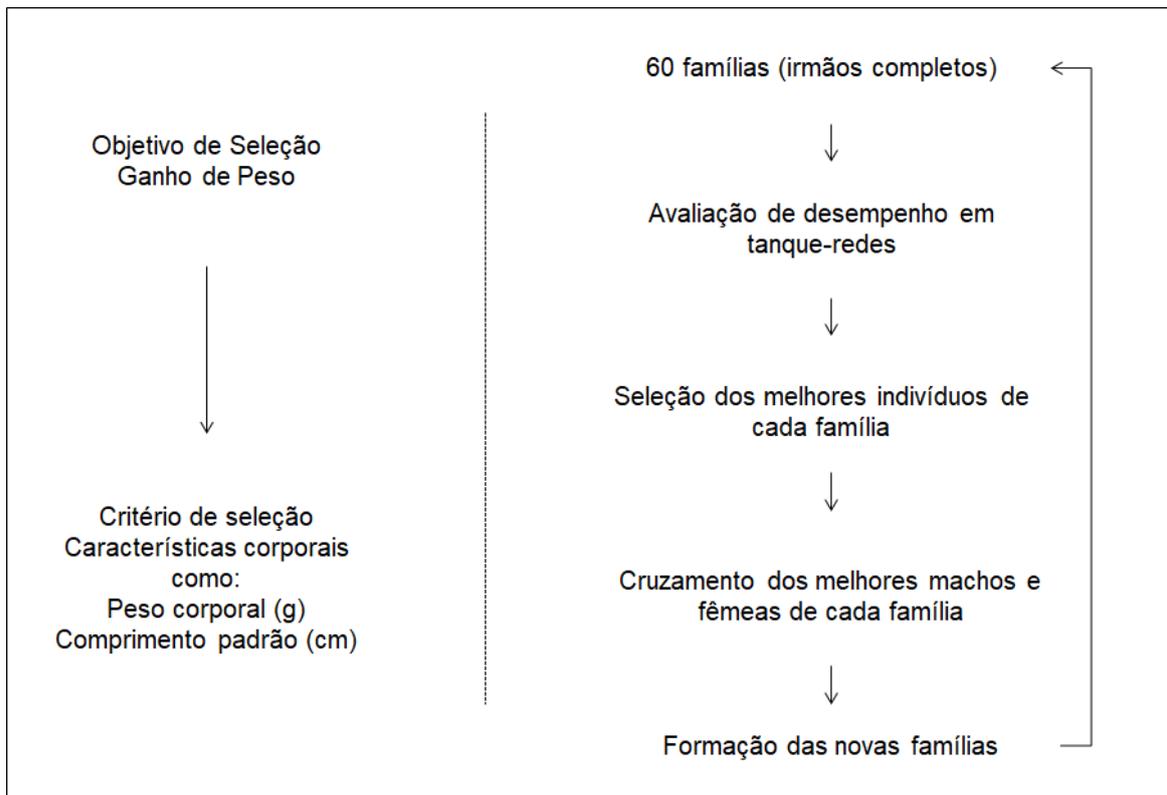
Uma forma de aumentar o desempenho e a homogeneidade dos lotes é através do melhoramento genético, que tem como objetivo selecionar indivíduos geneticamente superiores, através de um critério de seleção, dentro de uma ou mais populações, sendo usados como reprodutores, para formar as novas gerações (Figura1). Eknath *et al.* (2007) avaliaram a resposta a seleção na terceira geração do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo GIFT (Genetic Improvement of Farmed Tilapias). Utilizando um banco de dados composto por 13.570 indivíduos, formadas através da combinação de quatro cepas selvagens e quatro cepas cultivadas. Estes autores encontraram valores estimados de herdabilidade, alto e médio, para peso corporal à despesca, variando de 0,12 a 0,56 em diferentes ambientes de produção (viveiro escavado e tanque rede), pela grande variação genética aditiva das populações base. Também já foi realizado estudo para características de forma do corpo de tilápias-do-Nilo. Foram observados ganhos genéticos de 4% por geração para desempenho de crescimento, e estimativas de herdabilidade de 0,48, 0,46, 0,18, 0,19 para peso, ganho em peso diário, profundidade em relação ao comprimento e elipticidade do plano sagital

médio, respectivamente, em um programa formado por cinco gerações cultivadas em tanques-rede (Oliveira *et al.*, 2016).

Estimativas de herdabilidade para demais características corporais de desempenho já foram avaliadas para peso do filé (0,24), rendimento de filé (0,12) (Rutten *et al.*, 2005), peso inicial (0,10), peso a despesca (0,14) e sobrevivência (0,120) (Rezk *et al.*, 2009). Além das características de crescimento e produção, já foram estimadas as herdabilidades de outras, como características reprodutivas da fêmea, sucesso da desova (0,14), desova múltipla (0,16), frequência de desova (0,53) e volume de ovos (0,08) (Yoshida *et al.*, 2017) e para a glicose sanguínea, que apresentou valor de 0,26 de estimativa para herdabilidade e correlação de 0,32 com o peso vivo, podendo ser utilizada como critério de seleção em programas de melhoramento da espécie (Araújo, 2020). Dessa forma, a seleção para diferentes características de crescimento, dentro de programas de melhoramento, pode diminuir a diferença de tamanho entre machos e fêmeas de tilápias, através do incremento no desempenho das fêmeas, ao longo das gerações.

Sendo comprovado que a seleção para características de crescimento, melhora o desempenho dos peixes em programas de melhoramento, pouco se sabe sobre como a variação de crescimento entre machos e fêmeas de tilápia-do-Nilo, pode afetar a seleção e o desempenho das próximas gerações. Segundo a estimativa de Nguyen *et al.*, (2007), há correlação genética positiva entre os sexos para características corporais, sugerindo que não há a necessidade de realizar a seleção para dimorfismo sexual em programas de melhoramento genético em tilápias.

Figura1. Esquema do processo de seleção do Programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, pertencente à Universidade Estadual de Maringá.



Dimorfismo Sexual em Peixes

Machos e fêmeas de diferentes espécies apresentam diferentes características distintas que podem ser utilizadas para definir machos e fêmeas, esse conjunto de características é denominado de dimorfismo sexual.

O dimorfismo sexual ocorre de diferentes formas, variando de espécie para espécie. Em peixes há grande variação entre a morfologia dos machos e fêmeas, e isso pode ocorrer como forma de adaptação ao ambiente (Horne *et al.*, 2020), por competição durante o período reprodutivo entre indivíduos do mesmo sexo (Parker, 1992), ou por isolamento de pequenas populações (alopatria) (Herler *et al.*, 2010).

Também podem ocorrer diferenças na morfologia interna, como no medaka (*Oryzias latipes*), em que as fêmeas durante o período reprodutivo, apresentam mudança nas estruturas das células do fígado, pela mobilização das rotas metabólicas para a síntese da formação dos oócitos (Qiao *et al.*, 2016).

O desenvolvimento gonadal é regulado pela atividade dos hormônios andrógenos e estrógenos, como a 11-cetotestosterona, 11- β -OH-testosterona, testosterona e 17- β -estradiol. Que além de caracterizar a diferenciação morfológica, a atividade destes hormônios também pode diferenciar o comportamento entre ou de apenas um dos sexos, como em machos de *Porichthys notatus*. E, machos que apresentam comportamento de cortejo e cuidados parentais, tem maior atividade da 11-cetotestosterona, enquanto machos que não apresentam comportamento de cortejo e cuidados parentais, tem maior atividade da testosterona (Brantley *et al.*, 1993).

Também são observadas diferenças na atividade de genes que regulam a atividade de diferentes hormônios andrógenos esteroides ou estrógenos, que podem ser utilizados para diferenciar machos e fêmeas. Como os genes da família Hsd17b, em que machos apresentam maior atividade do gene Hsd17b3 nos testículos, enquanto as fêmeas apresentam atividade maior dos genes Hsd17b1, -12a e -12b nos ovários em *Paralichthys olivaceus* (Zou *et al.*, 2020). Ou os genes dmrt1 e hsd11b2 que são mais expressos em machos, enquanto foxl2 e cyp19a1 que são mais expressos em fêmeas de *Acipenser ruthenus* (Wang *et al.*, 2017), genes que são relacionados com a diferenciação e desenvolvimento gonadal. Outro fator de diferenciação dos sexos, ligados a expressão de genes, são os microRNAs (miRNA), encontrados nas gônadas, como observados em *Symphysodon aequifasciatus* em que é possível diferenciar

machos e fêmeas, através da expressão de diferentes miRNAs, encontrados nos testículos e ovários (Fu *et al.*, 2020). Demonstrando que a expressão de genes e miRNAs, relacionados com o desenvolvimento gonadal, podem ser utilizados como ferramenta para diferenciar e identificar o sexo em espécies, que não apresentam dimorfismo sexual morfológico externo.

Há também variações no metabolismo antioxidante entre os sexos, como observado para as espécies *Clarias garepinus* e *Heterobranchus longifilis*, em que os machos apresentam maior atividade da enzima superóxido dismutase, no plasma sanguíneo, do que as fêmeas (Jimoh *et al.*, 2021).

Além das diferenças entre machos e fêmeas sobre as suas estruturas morfológicas e no metabolismo, há também variações entre o tamanho dos indivíduos como na *Perca flavescens* em que as fêmeas são maiores e mais pesadas, e apresentam maior fator de condição em ambientes de cultivo, sob estresse crônico de altas densidades do que os machos, demonstrando que as fêmeas são mais resistentes ao estresse (Othman *et al.*, 2022). E, como o bagre *Clarias gariepinus* que os machos são maiores em comprimento do que as fêmeas (Fazazi *et al.*, 2019), assim como para a tilápia-do-Nilo, que os machos são maiores em peso e comprimento do que as fêmeas, impactando diretamente no manejo produtivo da espécie, resultando no cultivo monossexo (apenas machos), pelos produtores.

Uma ferramenta muito utilizada em estudos sobre a relação de variáveis morfológicas entre os sexos é o Índice de Dimorfismo Sexual (SDI), que pode ser utilizado para avaliar a relação de tamanhos entre machos e fêmeas de diferentes espécies, e que pode ser aplicado em programas de melhoramento genéticos.

Índice de Dimorfismo Sexual (IDS)

O Índice de Dimorfismo Sexual (IDS) é uma relação, entre as características morfométricas de machos e fêmeas de uma determinada espécie, que serve para estudar as relações morfológicas com o dimorfismo sexual para cada sexo.

Ele é descrito por Lovich & Gibbons (1992), como índice gerado através da média maior de uma determinada característica de uma espécie do sexo A dividido pela média menor da mesma característica para o sexo B. Estes autores chegaram a esta relação seguindo quatro critérios: a) o modelo deve ser devidamente dimensionado, b)

alto valor intuitivo, e c) os resultados devem ser simétricos, próximo de zero. Através destes critérios Lovich & Gibbons (1992) propuseram a seguinte fórmula:

$$SDI = \frac{\text{Média do sexo maior}}{\text{Média do sexo menor}}$$

Cyr *et al.* (2018), estudaram a variação da morfologia de *Anarhichas minor* e *A. lupus* em dois ambientes diferentes, utilizando o SDI para peso, comprimento total e do fator de condição, ao longo de 11 meses, e observaram forte relação do SDI ao longo do tempo, devido ao período reprodutivo das espécies. Dessa forma, o SDI surge como forma de avaliar a relação das características morfológicas em diferentes ambientes, como o ambiente de cultivo, podendo ser empregado na seleção de determinados grupos, para ser utilizados como possíveis reprodutores.

Modelos Mistos

Modelos mistos é uma metodologia estatística que utiliza efeitos fixos e aleatórios dentro do mesmo modelo estatístico. Esta técnica é amplamente utilizada na avaliação genética animal e vegetal, para seleção em programas de melhoramento genético, sendo o modelo animal proposto por Henderson (1984), o mais utilizado.

Os efeitos fixos são identificados como efeito comum de ambiente, como o sexo, idade, ambiente que o animal está mantido. Já os efeitos aleatórios correspondem aos efeitos de genética aditiva, como o desempenho do animal, relação de parentesco, como famílias ou grupos de contemporâneos. Como descrito por Gizaw *et al.* (2022) que utilizaram como efeito fixo genético do animal o peso em seis meses e o peso ao desmame e como efeito aleatório o ano, estação de nascimento e o sexo, de um grupo de ovelhas Menz na Etiópia, para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos, utilizando o modelo animal de Henderson.

Em programas de melhoramento genético de tilápias conduzido em tanque-redes, os componentes de variância e os parâmetros genéticos são estimados utilizando como efeitos fixos, o sexo, tanque-rede, idade linear e quadrática e efeito sistemático comum de irmãos completos (família) (Oliveira *et al.*, 2016; Cardoso *et al.*, 2021; Yoshida *et al.*, 2022; Araújo *et al.*, 2022).

Os componentes de (co)variância são obtidos através de diferentes modelos, podendo ser classificados como unicaracter ou multicaracter. Os modelos unicaracter são modelos que avaliam os componentes de apenas uma característica individual, que são utilizados para calcular os demais componentes genéticos, como a herdabilidade, repetibilidade e o ganho genético, de uma única característica.

Já os modelos multicaracterísticos são modelos que combinam duas ou mais características, no mesmo modelo, utilizados para obter os componentes genéticos e as correlações, genética e fenotípica, entre as próprias características avaliadas. Como Cardoso *et al.*, (2021), que utilizaram modelos multicaracterísticos para avaliar os parâmetros genéticos e as correlações entre o peso corporal e características corporais obtidas por imagens digitais. E, Rutten *et al.*, (2005) que utilizaram modelos multicaracterísticos para avaliar também, os parâmetros genéticos e as correlações para peso corporal, características e rendimentos de filé, e medidas morfométricas, para tilápias-do-Nilo.

Em conjunto com o modelo animal misto, se é utilizada a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), para estimar os componentes de variância. Esse método visa aumentar a acurácia da análise, através da redução do viés de seleção utilizando o máximo de informações possíveis (Falcão *et al.*, 2009). Estes autores relatam que o método REML, empregado na avaliação dos componentes de variância dentro do modelo animal, para bovinos de leite da raça Holandesa, em conjuntos de dados com restrições e completos, em cinco regiões diferentes. Pode resultar em menores valores para o desvio padrão e intervalo de credibilidade da acurácia dos componentes de variância quando utilizados os conjuntos de dados completos.

Para melhorar as estimativas calculadas pela metodologia REML, também se utiliza a melhor predição linear não diferente (BLUP) (Henderson, 1975) como forma de se obter melhor acurácia dos parâmetros genéticos. Como Gall & Bakar (2002), utilizando a metodologia BLUP, para estimar os parâmetros genéticos para peso aos 98 dias de idade de tilápias *Oreochromis mossambicus* e *Oreochromis u. hornorum*, empregando um modelo animal utilizando como efeitos fixos geração, linhagem, sexo e tanque. Observaram valores estimados para herdabilidade do peso aos 98 dias de idade de $0,20 \pm 0,04$, com aumento da resposta a seleção de 20 a 30%.

Dessa forma, a utilização de modelos mistos de Henderson em conjunto com a REML e BLUP, resulta em estimativas para os parâmetros genéticos acurados, sendo

recomendada a sua utilização na avaliação genética em programas de melhoramento genético.

Análise Multivariada

Análises multivariadas utilizam múltiplas variáveis ao mesmo tempo, podendo ser utilizados em experimentos qualitativos ou quantitativos. No melhoramento genético as análises multivariadas, podem ser empregadas no melhoramento vegetal (Jung *et al.*, 2007; Santos & Santos JR, 2015) e animal (Torres Filho *et al.*, 2005; Biagiotti *et al.*, 2014). Sendo utilizadas para avaliar a variabilidade e divergência genética dentro das populações (Torres Filho *et al.*, 2005; Santos & Santos JR., 2015), caracterização racial (Biagiotti *et al.*, 2014) e caracterização de fenótipos para cruzamentos (Jung, *et al.*, 2007).

A análise de componente principal (PCA) é uma técnica multivariada utilizada em estudos sobre caracterização e relações de diferentes parâmetros. Ela utiliza os valores de diferentes variáveis combinadas, para avaliar a variação total dos dados, através da redução dos valores em autovalores e autovetores, assim descrito por Muniz *et al.*, (2014). Estes autores utilizaram a PCA em seu estudo, para avaliar as inter-relações entre os pesos corporais com os ganhos médios diários de bovinos de corte Nelore, puros e indivíduos cruzados, e constataram que a maior causa de variação entre os pesos, tanto de animais puros e cruzados foi para a variação de pesos ao nascimento.

A PCA também pode ser utilizada na classificação e avaliação de características de descarte. Esse critério de descarte se dá através da avaliação dos autovalores gerados pelas variâncias de cada componente principal, sendo considerada uma característica de descarte, se o autovalor for abaixo de 0,7, assim como foi observado em suínos (Barbosa *et al.*, 2005) e em matrizes de aves de corte (Yamaki *et al.*, 2009), em que foram descartadas 17 características e sete características, respectivamente, que ficaram abaixo do autovalor 0,7. Devido ao número e escala das variáveis utilizadas na PCA, que pode influenciar na tomada de decisão de descarte, as variáveis originais são padronizadas, através do próprio método da análise, mantendo a variação unitária (Paiva *et al.*, 2010).

Outro método multivariado muito utilizado é o de agrupamentos. Esse método possibilita o estudo da formação e divergência entre grupos através da combinação de diferentes variáveis. McManus *et al.*, (2011), estudaram a resistência ao estresse térmico

em diferentes raças, nativas e exóticas, de bovinos através de análises multivariadas, entre elas a de agrupamento através do dendrograma, utilizando parâmetros morfológicos e fisiológicos, e observaram distâncias claras para cada raça, através das características utilizadas, sendo 80% dos indivíduos classificados corretamente.

A análise de agrupamento também pode ser utilizada para classificar grupos oriundos de cruzamentos, como os observado por Carneiro *et al.*, (2007), que obtiveram a formação de dois grupos, pela análise de agrupamento utilizando o agrupamento Tocher, através de parâmetros morfológicos de três grupos de ovinos gerados pelo cruzamento das raças Dorper, com Morada Nova, Rabo Largo e Santa Inês. O agrupamento otimizado Tocher é um método que como o método hierárquico (dendrograma) é utilizado para avaliar a divergência e a similaridade de diferentes indivíduos, dentro de diferentes grupos, através da distância do grupo (d) em relação ao indivíduo k, dividido pelo número (n) de observações (indivíduos) que formam o grupo original, sendo que se a distância d for menor ou igual a zero, o indivíduo é agrupado aos demais, e a distância do indivíduo for maior que zero, ele forma um novo grupo (Galate *et al.*, 2014).

Mesmo com a ampla utilização das análises multivariadas em programas de melhoramento genético, nenhuma destas técnicas ainda foi relatada em programas de melhoramento genético de peixes, utilizando dados morfológicos, tanto para caracterização de grupos, quanto para o estudo das relações e inter-relação de determinadas características morfológicas, para melhorar e aperfeiçoar os processos de seleção.

Referências

- Abo-al-ela, H.G.; El-Nahas, A.F.; Mahmoud, S.; Ibrahim, E.M. (2017). The extent to which immunity, apoptosis and detoxification gene expression interact with 17 alpha-methyltestosterone. *Fish & Shellfish Immunology*, 60, 289-298.
- Araújo, F.C.T. (2020). Pode-se melhorar o bem-estar em tilápias do Nilo por meio de seleção genética? Tese, Universidade Estadual de Maringá, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 74.
- Araújo, F.C.T.; Ribeiro, R.P.; Campos, E.C.; Todesco, H.; Tsujii, K.M.; Mantovani, L.S.C.; Ribeiro, R.F.; Carvalho, J.C.; Casetta, J.; Lopera-Barrero, N.M.; Gasparino, E.; Oliveira, C.A.L. (2022). Could serum glucose be a selection criterion in Nile tilapia breeding programs? *Aquaculture*, 548, 1-9.
- Associação Brasileira da Piscicultura. Disponível em: <https://www.peixebr.com.br/>. Acessado em: 1º de agosto, 2022.
- Barbosa, L.; Lopes, P.S.; Regazzi, A.J.; Guimarães, S.E.F.; Torres, R.A. (2005). Avaliação de características de carcaça de suínos utilizando-se a análise dos componentes principais. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 34(6), 2209-2217.
- Biagiotti, D.; Guimarães, F.F.; Sarmiento, J.L.R.; Santos, G.V.; Rego Neto, A.A.; Santos, N.P.S.; Saraiva, T.T.; Figueiredo Filho, L.A.S.; Sena, L.S. (2014). Uso de estatística multivariada para estudo de caracterização racial em ovinos. *Acta Tecnológica*, 9(1), 16-26.
- Brantley, R.K.; Wingfield, J.C.; Bass, A.H. (1993). Sex steroid levels in *Porichthys notatus*, a fish with alternative reproductive tactics, and a review of the hormonal bases for male dimorphism among teleost fishes. *Hormones and Behavior*, 27(3), 332-347.
- Cardoso, A.J.S.; Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Ribeiro, R.P.; Assis, G.J.F.; Silva, F.F. (2021). Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 138, 731-738.
- Carneiro, P.L.S.; Malhado, C.H.M.; Souza Júnior, A.A.O.; Silva, A.G.S.; Santos, F.N.; Santos, P.F.; Paiva, S.R. (2007). Desenvolvimento ponderal e diversidade fenotípica

entre cruzamentos de ovinos Dorper com raças locais. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 42(7), 991-998.

Castagnolli, N. (1992). Criação de peixes de água doce, first ed. Funep, São Paulo.

Cyr, B.A.D.; Tveiten, H.; Vandenberg, G.W.; Blier, P.U.; Roy, R.L.; François, N.R.L. (2018). Characterization of the growth rate of adult wolffishes *Anarhichas minor* and *A. Lúpus*: Is avoidance of paternal care at the origin of the expression of a sexual size dimorphism? Aquaculture, 497(1), 24-31.

Eknath, A.E.; Bentsen, H.B.; Ponzoni, R.W.; Rye, M.; Nguyen, N.H.; Thodesen, J.; Gjerde, B. (2007). Genetic improvement of farmed tilapias: Composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. Aquaculture, 273(1), 1-14.

FAO. 2021. FAO yearbook. Fishery and Aquaculture Statistics 2019/FAO annuaire. Roma, p.110.

Falcão, A.J.S.; Martins, E.N.; Costa, C.N.; Mazucheli, J. (2009). Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância para produção de leite usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Bayesiano. Revista Brasileira de Zootecnia, 38(8).

Fazazi, A.O.T.; Abayomi, J.A.; Olabode, G.A.; Adejumoke, A.L. (2019). Sexual dimorphism in body weight, morphometric measures and indices of African Catfish (*Clarias gariepinus*). Aquaculture, 502, 148-152.

Fu, Y.; Xu, Z.; Wen, B.; Gao, J.; Chen, Z. (2020). Gonad-specific transcriptomes reveal differential expression of gene and miRNA between male and female of the discus fish (*Symphysodon aequifasciatus*). Frontiers in Physiology, 11(754).

Galate, R.S.; Mota, M.G.C.; Gaia, J.M.D.; Costa, M.S.S. (2014). Distância fenotípica entre matrizes de açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) Procedentes do nordeste do Pará. Semina: Ciências Agrárias, 35(4), 1667-1682.

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(1), 93-113.

- Gizaw, S.; Abebe, A.; Goshme, S.; Getachew, T.; Bisrat, A.; Abebe, A.; Besufikad, S. (2022). Evaluating the accuracy of smallholder farmers' sire identification for introducing genetic evaluation in community-based sheep breeding programs. *Livestock Science*, 255, 1-8.
- Henderson, C.R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31(2), 423-447.
- Henderson, C.R. (1984). Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph, Canada, p.423.
- Herler, J.; Kerschbaumer, M.; Mitteroecker, P.; Postl, L.; Sturmhuber, C. (2010). Sexual dimorphism and population divergence in the Lake Tanganyika cichlid fish genus *Tropheus*. *Frontiers in Zoology*, 7(4), 1-10.
- Horne, C.R.; Hirst, A.G.; Atkinson, D. (2020). Selection for increased male size predicts variation in sexual size dimorphism among fish species. *Proceedings of the Royal Society B*, 287, 1-9.
- Jimoh, O.A.; Raimi, C.O.; Adebayo, E.T.; Oyeyemi, B.F.; Odedele, M.A. (2021). Sexual dimorphism, metabolic, and oxidative stress markers of African catfish (*Clarias gariepinus* and *Heterobranchus longifilis*) broodstock in Southwest Nigeria. *The Journal of Basic and Applied Zoology*, 82(28).
- Jung, M.S.; Vieira, E.A.; Silva, G.O.; Brancker, A.; Nodari, R.O. (2007) Capacidade de combinação por meio de análise multivariada para caracteres fenotípicos em maracujazeiro-doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(5), 689-694.
- Lovich, J.E.; Gibbons, J.W. (1992). A review of techniques for quantifying sexual size dimorphism. *Growth, Development and Aging*, 56, 269-281.
- Mcmanus, C.; Castanheira, M.; Paiva, S.R.; Louvandini, H.; Fioravanti, M.C.S.; Paludo, G.R.; Bianchini, E.; Corrêa, P.S. (2011). Use of multivariate analyses for determining heat tolerance in Brazilian cattle. *Tropical Animal Health Production*, 43, 623-630.
- Muniz, C.A.S.D.; Queiroz, S.A.; Mascioli, A.S.; Zadra, L.E.F. (2014). Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(3), 1569-1576.

Neumann, E.; Koberstein, T.C.R.D.; Braga, F.M.S. (2009). Desempenho de três linhagens de tilápia submetidas ao tratamento com 17- α -metiltestosterona em condições ambientais não controladas. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38(6), 973-979.

Nguyen, H.N.; Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Kamaruzzaman, N. (2007). Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture*, 272, 38-46.

Oliveira, C.A.L.; Ribeiro, R.P.; Yoshida, G.M.; Kunita, N.M.; Rizzato, G.S.; Oliveira, S.N.; Santos, A.I.; Nguyen, N.H. (2016) Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia *Oreochromis niloticus* in Brasil. *Journal of Applied Genetics*, 57, 487-493.

Othman, R.; Wang, H.P.; Elabd, H.; Xie, D.K.; Yao, H.; O'Bryant, P.; Rapp, D. (2022). The effect of density on sex differentiation, sexual dimorphism, stress, and related gene expression in yellow perch. *Plos One*, 17(5), 1-16.

Paiva, A.L.C.; Teixeira, R.B.; Yamaki, M.; Menezes, G.R.O.; Leite, C.D.S.; Torres, R.A. (2010). Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39(2), 285-288.

Parker, G.A. (1992). The evolution of sexual size dimorphism in fish. *Journal of Fish Biology*, 41, 1-20.

Qiao, Q.; Manach, S.L.; Sotton, B.; Huet, H.; Duvernois-Berthet, E.; Paris, A.; Duval, C.; Ponger, L.; Marie, A.; Blond, A.; Mathéron, L.; Vinh, J.; Bolbach, G.; Djediat, C.; Bernard, C.; Edery, M.; Marie, B. (2016). Deep sexual dimorphism in adult medaka fish liver highlighted by multi-omic approach. *Scientific Reports*, 6(32459), 1-12.

Rezk, M.A.; Ponzoni, R.W.; Khaw, H.L.; Kamel, E.; Dawood, T.; John, G. (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(3-4), 187-194.

Ribeiro, R.P.; Oliveira, C.A.L.; Resende, E.K.; Vargas, L.; Filho, A.; Legat, A.P. (2012). Tilápias do Nilo têm programa de melhoramento genético em curso. <http://www.esalq.usp.br/visaoagricola/sites/default/files/va11-genetica-ereproducao01.pdf>.

Rivero-Wendt, C.L.G. (2013). Avaliação toxicológica do hormônio 17 alfa metiltestosterona em espécies aquáticas. Tese, Programa de Pós-Graduação em Patologia Molecular – Faculdade de Medicina/Universidade de Brasília.

Rivero-Wendt, C.L.G.; Miranda-Vilela, A.L.; Domingues, I.; Oliveira, R.; Monteiro, M.S.; Moura-Mello, M.A.M.; Matias, R.; Soares, A.M.V.M.; Grisolia, C.K. (2020). Steroid androgen 17 alpha methyltestosterone used in fish farming induces biochemical alterations in zebrafish adults. *Journal of Environmental Science and Health, Part A*, 55(11), 1321-1332.

Rutten, M.J.M.; Bovenhuis, H.; Komen, H. (2005). Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture*, 246(1-4), 125-132.

Santos, R.C.; Santos Júnior, J.E. (2015). Divergência genética por análise multivariada de caracteres fenotípicos de *Anacardium humile* (St. Hilaire). *Revista Ceres*, 62(6), 553-560.

Torres Filho, R.A.; Euclides, R.F.; Torres, R.A.; Lopes, P.S.; Breda, F.C. (2005). Estudo da divergência genética entre linhas de suínos utilizando técnicas de análise multivariada. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 57(3), 390-395.

Wang, W.; Zhu, H.; Dong, Y.; Tian, Z.H.; Dong, T.; Hu, H.X.; Niu, C.J. (2017). Dimorphic expression of sex-related genes in different gonadal development stages of sterlet, *Acipenser ruthenus*, a primitive fish species. *Fish Physiology and Biochemistry*, 43, 1557-1569.

Yamaki, M.; Menezes, G.R.O.; Paiva, A.L.C.; Barbosa, L.; Silva, R.F.; Teixeira, R.B.; Torres, R.A.; Lopes, P.S. (2009) Estudo de características de produção de matrizes de corte por meio da análise de componentes principais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 61(1), 227-231.

Yoshida, G.M.; Oliveira, C.A.L.; Kunita, N.M.; Rizzato, G.S.; Ribeiro, R.P. (2017). Genetic parameters in female reproductive traits of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 89(3), 2515-2523.

Yoshida, G.M.; Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Todesco, H.; Araújo, F.C.T.; Karin, H.M.; Zardin, A.M.S.O.; Bezerra Júnior, J.S.; Filho, L.A.; Vargas, L.; Ribeiro, R.P.

(2022). A breeding program for Nile tilapia in Brazil: Results from nine generations of selection to increase the growth rate in cages. *Journal of Animal Breeding and genetics*, 139, 127-135.

Zanardi, M.F.; Koberstein, T.C.R.D.; Urbinati, E.C.; Fagundes, M.; Santos, M.A.; Mataqueiro, M.I. (2011). Concentrações de hormônio na carcaça de tilápias-do-Nilo e maturação precoce após reversão sexual. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 4(1), 7-11.

Zou, C.; Wang, L.; Zou, Y.; Wu, Z.; Wang, W.; Liang, S.; Wang, L.; You, F. (2020). Characteristics and sex dimorphism of 17 β -hydroxysteroid dehydrogenase family genes in the olive flounder *Paralichthys olivaceus*. *The Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology*, 199.

II - OBJETIVOS GERAIS

Avaliar o efeito da seleção de animais em um programa de melhoramento genético sobre o índice de dimorfismo sexual de tilápias-do-Nilo.

Objetivos específicos:

- Avaliar as diferenças de crescimento entre machos e fêmeas através do índice de dimorfismo sexual (SDI);
- Estimar os componentes de variância e a herdabilidade para peso (P) e comprimento padrão (CP);
- As correlações genéticas entre P e CP para machos e fêmeas;
- Observar como as variáveis de P, CP e os SDIs se correlacionam para formar grupos através de análises multivariadas de agrupamentos;
- Avaliar o comportamento das variáveis através da análise de componentes principais.

III - Estimativas dos parâmetros genéticos para machos e fêmeas de tilápias (*Oreochromis niloticus*)

Resumo – O objetivo do presente estudo foi estimar os parâmetros genéticos, para peso e comprimento padrão de tilápias (*Oreochromis niloticus*) através de modelos unicaracter e bicaracter para machos e fêmeas. Para isso foram utilizadas informações de três gerações do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, correspondentes aos anos de 2017, 2019 e 2020, e estimados os componentes de variância, herdabilidade e as correlações genéticas e fenotípicas através dos modelos mistos de Henderson, utilizando como componentes fixos a idade linear e tanque-rede. Também foram calculados os valores do Índice de Dimorfismo Sexual (SDI) para cada geração. Foram encontrados valores de 1,35, 1,20 e 1,33 e 1,09, 1,06 e 1,08, de SDI para peso e comprimento padrão, nas gerações 2017, 2019 e 2020, respectivamente. As estimativas para herdabilidade variam de 0,59, 0,59 e 0,61, para peso e 0,61, 0,63 e 0,62 para comprimento padrão, através das análises unicaracter e bicaracter, respectivamente. Foram encontradas correlações positivas entre cada característica através dos modelos bicaracter, para ambas as características, sugerindo que o dimorfismo entre os sexos, para cada característica, pode influenciar a seleção em programas de melhoramento genético de tilápias.

Palavras-chave: Índice de Dimorfismo Sexual; Modelo Animal; Componentes de variância; Herdabilidade; Correlação genética.

Introdução

A tilápia (*Oreochromis niloticus*) é a espécie mais produzida no Brasil, correspondendo a 63,5% de toda produção nacional de 2021, segundo dados da Associação Brasileira da Piscicultura (2022). Devido aos fatores, como, melhora da qualidade alimentar e a intensificação dos sistemas produtivos. O melhoramento genético da espécie, também foi

grande fator para disseminá-la, bem como a formação da primeira linhagem nacional Tilamax, desenvolvida pelo Grupo de pesquisa em genética, melhoramento e biologia molecular em peixes de água doce (Peixegen/UEM).

Mesmo com o grande desenvolvimento de novas tecnologias de produção, ainda existem algumas lacunas sobre os métodos de seleção, uma vez que, a tilápia apresenta dimorfismo sexual bem acentuado. Além disso, por causa desta característica é empregada a técnica de masculinização, através da inclusão do hormônio 17- α -metiltestosterona na dieta, durante as fases iniciais de produção. Mesmo está prática sendo liberada e regulamentada, e sem deixar quaisquer resíduos na carne (Zanardi *et al.*, 2011). Ela pode gerar diferentes impactos ambientais pela falta de cuidado ao manejo e gestão de resíduos, podendo sua exposição afetar a reprodução (Rivero-Wendt, 2013), a fisiologia (Rivero-Wendt *et al.*, 2020) e a resposta imune (Abo-Al-Ela *et al.*, 2017), de diferentes espécies. Podendo futuramente afetar a produção e o consumo desta espécie.

Estudos já realizados sobre a interação do dimorfismo sexual sobre a seleção e estimação dos parâmetros genéticos em peixes já foram realizados, como Nguyen *et al.*, (2007), trabalhando com tilápias-do-Nilo linhagem GIFT e Kause *et al.*, (2003), trabalhando com a truta arco-íris (*Oncorhynchus mykiss*). Estes autores não observaram grandes diferenças entre as estimativas de herdabilidade, bem como altas correlações genéticas positivas, concluindo que, não há necessidade de tratar machos e fêmeas de forma separada nos modelos de avaliação animal. Lind *et al.*, (2015) avaliaram o dimorfismo sexual em diferentes espécies e linhagens de tilápia da terceira geração, e não observaram efeitos sobre o dimorfismo entre os sexos.

Parâmetros genéticos já foram estimados, levando em consideração o dimorfismo sexual, para outras espécies, como aves (Maniatis *et al.*, 2013) e bovinos (Castro-Pereira *et al.*, 2007), e foi concluído que não há necessidade de tratar as diferenças morfométricas de

dimorfismo sexual como variáveis distintas dentro dos modelos de avaliação genética. No entanto, Mandal *et al.*, (2022), estudaram o efeito do dimorfismo sexual de cabras Jamunapari da Índia, sobre a estimação dos parâmetros genéticos. Estes autores não observaram efeitos sobre a herdabilidade entre machos e fêmeas, e encontraram correlações genéticas altas e positivas, porém estes autores avaliaram também a variação das características corporais entre machos e fêmeas. Concluindo que as cabras Jamunapari da Índia apresentam dimorfismo sexual moderado sendo recomendada a utilização de diferentes variâncias fenotípicas para cada sexo, para aumentar a precisão da estimação dos valores genéticos.

Devido à falta de consenso e estudos sobre os efeitos da seleção, para características de crescimento, em programas de melhoramento genético de tilápias. Faz-se necessário a realização de estudos aplicando outras metodologias, para avaliar as interações entre a seleção e o dimorfismo sexual. Visando buscar melhor precisão das estimativas dos componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e melhor entendimento dos efeitos do dimorfismo sexual e da seleção, em programas de melhoramento genético. O Índice de Dimorfismo Sexual (SDI) é um método que avalia a proporção de determinadas características corporais, entre machos e fêmeas, e que pode ser utilizado como ferramenta, para avaliar a variação morfológica do dimorfismo sexual em ambientes de cultivo.

Material e Métodos

O presente trabalho foi realizado, utilizando o banco de dados do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo em tanques-rede, mantido pelo grupo de pesquisa em genética, melhoramento e biologia molecular em peixes de água doce (Peixegen) da Universidade Estadual de Maringá (UEM – PR). O manejo dos animais foi aprovado pelo Comitê de Ética e Uso de Animais, com número de protocolo 9480180620.

Foram utilizadas informações fenotípicas de peso corporal (P) em gramas e comprimento padrão (CP) em centímetros, de três gerações correspondentes aos anos de

2017, 2019 e 2020, totalizando o número de 7.746 observações fenotípicas, com idade média de 283, 243 e 306 dias, e mais 23.295 informações de parentesco (pedigree).

O Índice de Dimorfismo Sexual (SDI) foi calculado através das médias de cada geração, para cada característica (P e CP), seguindo o modelo descrito por Lovich & Gibbons (1992) (Eq 1), em que:

$$SDI = \frac{\text{Média da característica do macho}}{\text{Média da característica da fêmea}} \quad (1)$$

Através do modelo animal sugerido por Henderson (1984) foram feitas as estimativas, para P e CP utilizando modelos uni e bicaracter. Foram realizados testes de modelo utilizando como efeitos fixos o tanque-rede, idade linear e quadrática, e de sexo, e aleatório efeito comum de ambiente de irmãos completos (família), sendo utilizado como critério de escolha dos componentes de variação o teste de Akaike (Akaike, 1974), resultando na escolha do modelo constituído pelos efeitos fixos de tanque-rede, idade linear e sexo, como apresentado pelo seguinte modelo matricial (Eq 2):

$$y = Xb + Za + e \quad (2)$$

Sendo y o vetor de observações das características (P e CP); X matriz de incidência dos efeitos fixos para P e CP; b vetor dos efeitos fixos para P e CP, contendo os efeitos de tanque-rede, sexo e idade linear; Z matriz de incidência de genética aditiva para P e CP; a vetor de genética aditiva dos efeitos aleatórios ou as características de P e CP; e vetor dos resíduos dos efeitos aleatórios para P e CP.

As análises foram divididas em dois momentos, no primeiro, foram estimados os componentes de (co)variância e os valores genéticos (EBVs) para P e CP individualmente, utilizando o modelo animal unicaracter considerando o sexo como efeito fixo. No segundo momento foram feitas as estimativas para P e CP, sem o efeito de sexo no modelo, tratando cada característica (P e CP) como diferente para ambos os sexos, utilizando os modelos bicaracter.

Os dados foram analisados utilizando o software AIREMLF90 dos programas da família BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2016). As herdabilidades (h^2), para cada característica, foram estimadas através da equação 2 (Eq 3), usando a definição descrita por Falconer & Mackay (1996).

$$h^2 = \frac{\sigma^2_a}{\sigma^2_p} \quad (3)$$

Em que σ^2_a variância dos efeitos genéticos aditivos diretos e σ^2_p variância fenotípica.

Resultados

Análise descritiva

As médias de peso (P) foram de 624,66, 654,02 e 528,19g para os machos, já as fêmeas apresentaram médias de 460,01, 541,4 e 394,69g para os anos, 2017, 2019 e 2020 respectivamente. As médias de CP foram de 24,03, 25,11 e 23,68cm para os machos e para as fêmeas 22,02, 23,56 e 21,81cm para 2017, 2019 e 2020, respectivamente. Também foram encontrados valores de IDS para P de 1,35, 1,20 e 1,33 e para o IDS para CP 1,09, 1,06 e 1,08 para as gerações 2017, 2019 e 2020, respectivamente, assim como é apresentado na Tabela 1.

Tabela 1. Tabela de análise descritiva dos dados.

Geração		2017	2019	2020
N	Macho	1.238	1.727	1.017
	Fêmea	1.196	1.426	1.142
Idade	Média	283,27	243,66	306,10
	Mín.	257,00	213,00	290,00
	Máx.	304,00	271,00	323,00
	DP	13,54	17,24	10,17
P	MédiaM	624,66	654,02	528,19
	Mín.	32,98	111	80
	Máx.	1.393,99	1.468	980
	DP	200,21	213,37	148,55
	MédiaF	460,51	541,4	394,69
	Mín.	49	100	90

	Máx.	1.065	1.280	800
	DP	147,13	176,99	109,07
	Média	544	603,09	457,47
	SDI	1,3564	1,208	1,3382
	MédiaM	24,03	25,11	23,68
	Mín.	9,4	16,7	13,5
	Máx.	37,8	32	29
	DP	2,59	2,46	2,09
CP	MédiaF	22,02	23,56	21,81
	Mín.	9,6	11	14,2
	Máx.	29,2	34	27,5
	DP	2,36	2,27	1,95
	Média	23,04	24,41	22,68
	SDI	1,0912	1,0657	1,0857

N: número total de indivíduos por ano (geração); Idade: idade em dias; P: peso corporal (g); CP: comprimento padrão (cm); MédiaM: média de P e CP para machos; MédiaF: Média de P e CP para fêmeas; Mín.: valor mínimo; Máx.: valor máximo; DP: desvio padrão; SDI: índice de dimorfismo sexual.

Componentes de variação e parâmetros genéticos

As estimativas de herdabilidade foram de 0,59 e 0,61 nos modelos unicaracter para P e CP, respectivamente. Já nos modelos bicaracter foram encontradas estimativas de 0,59 e 0,63 para P e CP em machos e 0,61 e 0,62 para P e CP de fêmeas (Tabela 2).

As correlações genéticas entre machos e fêmeas foram superiores a 0,95 para P e CP, como é apresentado na Tabela 2.

Tabela 2. Componentes de variância e estimativas de herdabilidade, em modelos unicaracter e bicaracter para P e CP.

	UNI		BI			
	P	CP	PM	PF	CPM	CPF
σ^2	16549 ^(1217,4)	3,2518 ^(0,24417)	20352 ^(1807,0)	12506 ^(1137,7)	3,6628 ^(0,33061)	2,9545 ^(0,25211)

σ_e^2	11355 ^(631,25)	2,0049 ^(0,125)	13971 ^(1022,6)	7773,3 ^(569,63)	2,0878 ^(0,18154)	1,7596 ^(0,13748)
h^2	0,59	0,61	0,59	0,61	0,63	0,62
r_{mf}	-	-	0,95	0,95	0,95	0,95

UNI: estimativas obtidas através do modelo unicaracter; BI: estimativas obtidas pelos modelos bicaracter; σ_a^2 : variância da genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; h^2 : herdabilidade; r_{mf} : correlação genética entre machos e fêmeas; P: peso corporal; CP: comprimento padrão; PM: peso corporal do macho; PF: peso corporal da fêmea; CPM: comprimento padrão do macho; CPF: comprimento padrão fêmea; erro padrão: valores entre parênteses.

Discussão

Foram observadas diferenças entre os valores médios de P e CP entre os sexos e as gerações. A tilápia-do-Nilo apresenta diferentes padrões de crescimento entre machos e fêmeas. Como relatado por Oliveira *et al.*, (2013), avaliando os diferentes padrões de crescimento de ambos os sexos, de tilápias-do-Nilo da linhagem GIFT, através do modelo não linear de Gompertz, e observaram diferenças entre o desenvolvimento morfométrico, avaliando o comprimento total, altura do corpo, largura do corpo, tamanho da cabeça e peso, concluindo que o padrão de crescimento entre machos e fêmeas de tilápia é diferente, comprovando o dimorfismo sexual da espécie.

O IDS é um índice proposto por Lovich & Gibbons, (1992), que utiliza valores médios de determinada característica morfológica, para machos e fêmeas de uma população, para estudar as variações morfológicas entre os sexos. Assim, como observado entre as médias de P e CP, os valores encontrados para os IDS's de ambas as características, marcam o dimorfismo sexual encontrado para a espécie entre o P e o CP. Lind *et al.*, (2015), estudando o dimorfismo na terceira geração de programas de melhoramento genético, de diferentes espécies e linhagens de tilápia utilizando o SSD (sexual size dimorphism) para peso corporal. Observaram grande variação entre o dimorfismo sexual para todas as espécies e linhagens.

Concluindo que o SSD pode ser aplicado para avaliar a magnitude do dimorfismo sexual em tilápias. Porém, não encontraram resultados substanciais para afirmar que a seleção para crescimento corporal até a terceira geração, pode reduzir o dimorfismo sexual nesta espécie. No presente estudo foi possível observar a baixa variação no IDS para a décima, décima primeira e décima segunda geração do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, sugerindo que mesmo estando a 11 gerações de seleção para crescimento, não foi possível observar grandes variações substanciais no dimorfismo sexual para crescimento na população.

Para as estimativas de herdabilidade foram encontrados valores de 0,59, 0,59 e 0,61 para P nos modelos uni (considerando ambos os sexos no mesmo modelo) e bicaracter (considerando o sexo separadamente) respectivamente, já para CP foram encontrados valores de 0,61, 0,63 e 0,62 para o modelo unicaracter e bicaracter respectivamente. Os valores estimados para a herdabilidade de ambas as características, tanto no modelo unicaracter quanto no modelo bicaracter, foram altas. No entanto, os valores para a herdabilidade de P foram maiores do que os encontrados para Rutten *et al.*, (2005), Nguyen *et al.*, (2007), Santos *et al.*, (2011), Yoshida *et al.*, (2013) e Cardoso *et al.*, (2021) que variaram de 0,11 a 0,36, porém, foram próximos dos encontrados por Oliveira *et al.*, (2016) (0,48) e Araújo *et al.*, (2022) (0,63). Já para o CP foram obtidos valores estimados de herdabilidade acima dos encontrados por Yoshida *et al.*, (2013), Kunita *et al.*, (2013) e Oliveira *et al.*, (2014) que encontraram estimativas de 0,12, 0,13 e 0,19 para a herdabilidade de CP respectivamente. As estimativas encontradas no presente trabalho podem estar associadas ao número de gerações e as informações de pedigree utilizadas para se estimar os componentes genéticos. Kunita *et al.*, (2013) relatam que obteve valores médios estimados para herdabilidade para peso (0,13), ganho de peso diário (0,13) comprimento total (0,13), comprimento padrão (0,13), altura (0,14) e comprimento de cabeça (0,12) e relacionou estes resultados com o número de

gerações e informações de parentesco. Estes autores utilizaram informações da 3ª geração de um programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo. No presente estudo também foram utilizadas informações de três gerações consecutivas (2017, 2019 e 2020) totalizando 7.746 indivíduos, no entanto também foram utilizadas informações de pedigree das 12 gerações do programa de melhoramento genético, totalizando 23.295 informações de parentesco, aumentando a acurácia das predições.

Para as correlações genéticas foram encontrados valores de 0,95 para P e CP. Demonstrando a alta correlação destas características, assim como encontrados por Nguyen *et al.*, (2007) para tilápias-do-Nilo GIFT e Kause *et al.*, (2003) para trutas arco-íris (*Oncorhynchus mykiss*), que encontraram valores de correlação genética para peso corporal de 0,96 e 0,95 respectivamente, enquanto para o comprimento total, Nguyen *et al.*, (2007) encontraram 0,96 de correlação genética. Concluindo que os mesmos genes que influenciam o crescimento são os mesmos para machos e fêmeas, além disso, Nguyen *et al.*, (2007), concluíram que não há necessidade de tratar as características morfométricas de machos e fêmeas separadamente. Kause *et al.*, (2003), trabalharam com o efeito do sexo em um programa de melhoramento genético de trutas arco-íris, e concluíram que nenhuma mudança genética rápida pode ocorrer sobre o dimorfismo sexual para a maturidade sexual, no entanto pode retardar a maturidade sexual através da seleção para peso.

Contudo, no presente trabalho não foram encontradas grandes variações sobre a herdabilidade, e altas correlações positivas para a correlação genética em ambas as características, porém, através dos valores das médias de cada característica e através dos valores encontrados para os IDSs, foi possível observar forte relação com o dimorfismo sexual, que se não levadas em consideração podem comprometer as estimativas dos valores genéticos, causando ranqueamento errado dos indivíduos.

Conclusão

Não foram encontradas diferenças entre as estimativas dos parâmetros genéticos, e as correlações genéticas foram altas e positivas, independentes de ambos os sexos serem tratados juntos (modelos unicaracter) ou separados (modelos bicaracteres). No entanto o IDS se mostrou uma ferramenta promissora para avaliar o nível de dimorfismo sexual em programas de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, podendo ser utilizada para avaliar o efeito do dimorfismo desta espécie em ambientes de cultivo.

Referências

- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Trans. Automat. Contr.* 19, 716-723.
- Araújo, F.C.T.; Ribeiro, R.P.; Campos, E.C.; Todesco, H.; Tsujii, K.M.; Mantovani, L.S.C.; Ribeiro, R.F.; Carvalho, J.C.; Casetta, J.; Lopera-Barrero, N.M.; Gasparino, E.; Oliveira, C.A.L. (2022). Could serum glucose be a selection criterion in Nile tilapia breeding programs? *Aquaculture*, 548, 1-9.
- Cardoso, A.J.S.; Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Ribeiro, R.P.; Assis, G.J.F.; Silva, F.F. (2021). Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 138, 731-738.
- Castro-Pereira, V.M.; Alencar, M.M.; Barbosa, P.F. (2007). Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36(4), 1037-1044.
- Falconer, D.S.; Mackay, T.F. (1996). *Inbreeding and Crossbreeding. Introduction to Quantitative Genetics*, Fourth edition. Pearson Prentice Hall, 247-262.
- Henderson, C.R. (1984). *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph, Canada, p.423.
- 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.

- Kunita, N.M.; Oliveira, C.A.L.; Oliveira, S.N.; Yoshida, G.M.; Rizzato, G.S.; Resende, E.K.; Ribeiro, R.P. (2013). Avaliação genética de características morfométricas em tilápias do Nilo cultivadas. *Archivos de Zootecnia*, 62(240).
- Lind, C.E.; Safari, A.; Agyakwah, S.K.; Attipoe, F.Y.K.; El-Naggar, G.O.; Hamzah, A.; Hulata, G.; Ibrahim, N.A.; Khaw, H.L.; Nguyen, N.H.; Maluwa, A.O.; Zaid, M.; Zak, T.; Ponzoni, R.W. (2015). Differences in sexual size dimorphism among farmed tilapia species and strains undergoing genetic improvement for body weight. *Aquaculture Reports*, 1, 20-27.
- Lovich, J.E.; Gibbons, J.W. (1992). A review of techniques for quantifying sexual size dimorphism. *Growth, Development & Aging*, 56, 269-281.
- Mandal, A.; Baneh, H.; Rout, P.K.; Notter, D.R. (2022). Genetic analysis of sexual dimorphism in growth of Jamunapari goats of India. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 00, 1-14.
- Maniatis, G.; Demiris, N.; Kranis, A.; Banos, G.; Kominakis, A. (2013). Genetics analysis of sexual dimorphism of body weight in broilers. *Journal of Applied Genetics*, 54, 61-70.
- Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenço, D.; Masuda, Y.; Aguilar, Y.; Legarra, A. (2016). Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia.
- Nguyen, N.H.; Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Kamaruzzaman, N. (2007). Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture*, 272, 38-46.
- Oliveira, C.A.L.; Ribeiro, R.P.; Yoshida, G.M.; Kunita, N.M.; Rizzato, G.S.; Oliveira, S.N.; Santos, A.I.; Nguyen, N.H. (2016). Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia *Oreochromis niloticus* in Brazil. *Journal of Applied Genetics*, 57, 487-493.

Oliveira, A.M.S.; Oliveira, C.A.L.; Matsubara, B.J.A.; Oliveira, S.N.; Kunita, N.M.; Yoshida, G.M.; Ribeiro, R.P. (2013). Padrões de crescimento de machos e fêmeas de tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) da variedade GIFT. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(4), 1891-1900.

Oliveira, S.N.; Oliveira, C.A.L.; Filho, L.A.; Resende, E.K.; Lopera-Barrero, N.M.; Kunita, N.M.; Santander, V.F.A.; Ribeiro, R.P. (2014). Genetic parameters and morphometric characteristics of two generations from the GIFT strain of the Nile tilapia. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(6), 3457-3468.

Rutten, M.J.M.; Bovenhuis, H.; Komen, H. (2005). Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 246, 125-132.

Santos, A.I.; Ribeiro, R.P.; Vargas, L.; Mora, F.; Filho, L.A.; Fornari, D.C.; Oliveira, S.N. (2011). Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46(1), 33-43.

Yoshida, G.M.; Oliveira, C.A.L.; Kunita, N.M.; Oliveira, S.N.; Filho, L.A.; Resende, E.K.; Lopera-Barrero, N.M.; Ribeiro, R.P. (2013). Resposta à seleção de características de desempenho e morfométricas de tilápia-do-Nilo ao longo do período e cultivo. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 65(6), 1815-1822.

IV – Utilização de análises multivariadas na identificação de grupos fenotípicos com baixo dimorfismo sexual em tilápias-do-Nilo

Resumo – Ferramentas para selecionar e identificar grupos com baixo dimorfismo sexual, para características corporais se faz necessário para ordenar os acasalamentos e produzir novas linhagens de tilápias-do-Nilo. Este estudo foi realizado para avaliar o índice de dimorfismo sexual (IDS), para identificação de grupos fenotípicos com baixo dimorfismo sexual e altos valores genéticos (EBVs) para peso corporal e comprimento padrão, em tilápias-do-Nilo, selecionadas para velocidade de crescimento. Para isso, foram estimados os EBVs para peso corporal (P) e comprimento padrão (CP), correspondentes a décima primeira geração (G11) do programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, através do modelo animal, utilizando como efeitos a idade linear, o tanque rede e o sexo, em dois modelos unicaracter. As análises multivariadas foram realizadas utilizando os EBVs médios para P e CP por grupo de irmãos completos (famílias), em conjunto com os valores de IDS, determinado para o peso e o comprimento padrão, por família. Através das análises de agrupamento foi possível observar a alta variabilidade fenotípica dentro da população, e a formação de grupos distintos com a combinação dos EBVs e dos IDSs. Também foi observado através da análise exploratória de componentes principais, que famílias com altos EBVs para P apresentam baixo dimorfismo sexual. Demonstrando que as análises multivariadas podem ser utilizadas na identificação de grupos fenotípicos com baixo dimorfismo sexual e altos valores genéticos para peso corporal, em programas de melhoramento genético de tilápias.

Palavras-chave: Melhoramento genético de Tilápias-do-Nilo; Valores genéticos; Índice de Dimorfismo Sexual; Análises de Agrupamentos; Análise de Componentes Principais.

Introdução

A tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) correspondeu a 63,5% da produção de peixes de água doce no país em 2021 (PeixeBR, 2022), dessa forma, medidas para otimizar a produção se fazem necessárias. Através do melhoramento genético pode-se melhorar e fixar características de produção, aumentando os ganhos ao longo das gerações, como observado por Araújo *et al.*, (2022), Cardoso *et al.*, (2021) e Yoshida *et al.*, (2021).

Em tilápias se observa grande variação de tamanho entre machos e fêmeas, essa variação é definida como dimorfismo sexual. Essa diferença entre tamanhos afeta diretamente a produção da espécie, fazendo com que produtores optem pelo manejo de masculinização, para diminuir a variação de tamanho entre os sexos.

Além de afetar a produção, o dimorfismo sexual também pode afetar o processo de seleção em programas de melhoramento da espécie, podendo comprometer o ranqueamento dos indivíduos. Estudos já realizados sobre os efeitos que o dimorfismo sexual pode gerar no processo de seleção já foram realizados por Nguyen *et al.*, (2007) para a tilápia-do-Nilo e Kause *et al.*, (2003) para a truta arco-íris (*Oncorhynchus mykiss*). Estes autores concluíram que não há necessidade de avaliar machos e fêmeas separadamente, nos modelos de estimação genética. Por causa da baixa variação dos componentes de variância, que ambos os sexos apresentam quando tratados em conjunto ou separadamente, em programas de melhoramento genético para ambas as espécies. Porém, Mandal *et al.*, (2022), observaram que mesmo sem apresentar grandes variações nos componentes variância estimados para ambos os sexos, em ovinos da raça Jamunapari, os autores relatam mudanças no ranqueamento dos reprodutores.

O índice de dimorfismo sexual (SDI) é um método muito utilizado em estudos sobre a variação morfológica entre os sexos em populações de espécies em ambiente natural e que pode ser utilizado na avaliação do dimorfismo sexual de espécies em ambiente de cultivo.

Técnicas de análises multivariadas são empregadas há algum tempo em estudos de avaliação de características combinando informações, tanto morfológicas quanto fisiológicas,

de diferentes espécies animais em populações melhoradas, para avaliar a sua variabilidade fenotípica e identificar possíveis grupos dentro das populações, de bovinos como McManus *et al.*, (2011) e Fraga *et al.*, (2016), e caprinos como Arandas *et al.*, (2017). Estas técnicas também já foram utilizadas para avaliar parâmetros de qualidade de água em ambientes de cultivo (Silva *et al.*, 2021), parâmetros fisiológicos associados com características morfológicas (Turnbull *et al.*, 2005), dimorfismo sexual de características corporais (Fazazi *et al.*, 2019) e associação de características corporais, com parâmetros de filé e medidas ultrassonográficas (Oliviera *et al.*, 2019).

Mesmo tendo ampla utilização, estas técnicas de análise, nunca foram utilizadas no processo de seleção em programas de melhoramento genético em peixes, ou foram utilizadas para avaliar a combinação de características de desempenho com características morfológicas relacionadas com o dimorfismo sexual. Dessa forma, a utilização destas análises pode contribuir para avaliação da variabilidade fenotípica em populações sobre seleção. Além de auxiliar na identificação de grupos fenotípicos, com baixo dimorfismo sexual e altos valores genéticos para características de desempenho, para formar novas linhagens.

Este estudo foi realizado para identificar grupos fenotípicos com baixo dimorfismo sexual, através do índice de dimorfismo sexual para peso corporal e comprimento padrão, associados com os valores genéticos para as mesmas características, e como estes parâmetros se associam, através da análise fatorial exploratória (componentes principais) e de agrupamentos.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de peso (P) e comprimento padrão (CP) de 2.159 peixes, oriundos do programa de melhoramento genético de tilápia-do-Nilo, variedade Tilamax, pertencente ao grupo de pesquisa em manejo, melhoramento e genética molecular de peixes de água doce (PeixeGen/UEM), sendo 1.017 machos e 1.142 fêmeas, correspondendo a 11^a

geração (G11) do programa do ano de 2020. Todos os procedimentos de manipulação dos animais foram aprovados pelo Comitê de Ética e Uso de Animais (9480180620).

Através dos dados foram obtidos os valores genéticos (EBV) para P e CP, utilizando o modelo animal unicaracter através da metodologia dos modelos mistos de Henderson (1984), tendo como componentes de efeito fixos o tanque-rede, idade linear e sexo, e como efeitos aleatórios o efeito animal, formando a seguinte equação (Eq 1):

$$y = Xb + Za + e \quad (1)$$

Sendo y o vetor de observações das características (P e CP); X matriz de incidência dos efeitos fixos para P e CP; b vetor dos efeitos fixos para P e CP, contendo os efeitos de tanque-rede, sexo e idade linear; Z matriz de incidência de genética aditiva para P e CP; a vetor de genética aditiva dos efeitos aleatórios ou as características de P e CP; e vetor dos resíduos dos efeitos aleatórios para P e CP.

Os EBVs foram estimados utilizando o programa computacional AIREML da família BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2016).

Foram calculadas as médias dos valores genéticos (EBV) de P e CP, para cada família (grupos de irmãos completos), totalizando 75 diferentes grupos.

Utilizando as informações de peso corporal e comprimento padrão foi calculado os índices de dimorfismo sexual (SDI), para cada característica de cada família. O SDI foi calculado através da metodologia descrita por Lovich & Gibbons (1992):

$$SDI = \frac{\text{Média da característica do macho}}{\text{Média da característica da fêmea}}$$

Com as informações do valor genético de peso (EBVP), valor genético de comprimento padrão (EBVCP), índice de dimorfismo sexual para peso (IDSP) e comprimento padrão (IDSCP), foram realizadas as análises multivariadas de componentes principais e de agrupamento.

A análise fatorial exploratória de componentes principais (PCA) foi realizada através da combinação dos mesmos parâmetros (EBVP, EBVCP, IDSP e IDSCP), para avaliar o efeito da seleção para peso corporal, sobre o dimorfismo sexual e os valores genéticos, e como estas variáveis se relacionam.

Foram estimadas as distâncias de dissimilaridade, para avaliar a similaridade e a divergência entre as famílias, utilizando as distâncias Euclidianas, obtidas a partir das combinações das informações dos valores genéticos e dos índices de dimorfismo sexual. Com as distâncias foram realizadas as análises de agrupamento hierárquico UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) e o não hierárquico otimizado de Tocher. Para identificar famílias e avaliar a formação de possíveis grupos fenotípicos, com altos valores genéticos para P e CP e baixo dimorfismo sexual, e avaliar a divergência entre eles. O dendrograma pelo método UPGMA foi realizado para avaliar a formação de grupos de famílias similares e a divergência entre eles, e o método otimizado de Tocher, para avaliar a similaridade e a divergência individual entre as famílias.

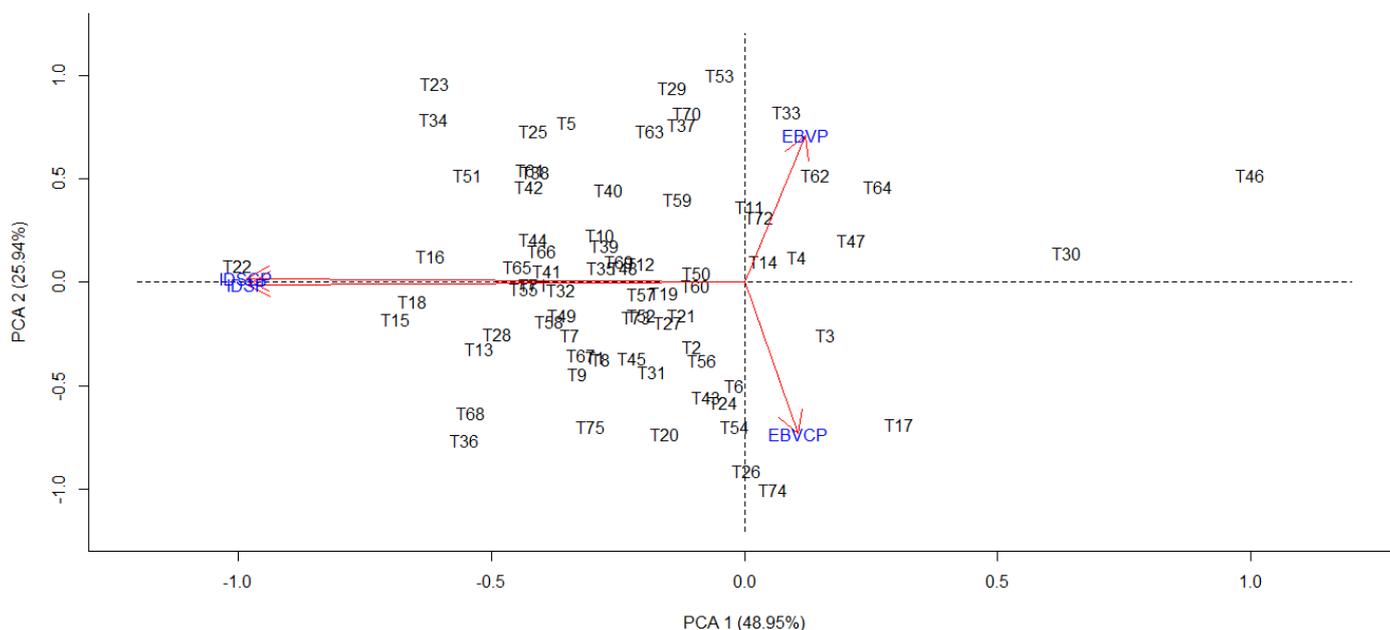
Todas as análises multivariadas e os gráficos foram feitos utilizando o pacote “Multivariate Analysis” (Azevedo, 2021) do software R (versão 4.1.2).

Resultados

Análise de Componentes Principais (PCA)

Foi observado que o primeiro componente principal (PCA1) foi 48,95% mais explicativo, correspondendo as variáveis de IDSP e IDSCP, enquanto o segundo componente (PCA2) teve 25,94% de participação na explicação dos resultados, sendo correspondido pelas variáveis EBVP e EBVCP, como é possível observar na Figura 1 e nas tabelas de carga fatorial (Tabela 1) e de variância explicada (Tabela 2).

Figura 1. Componentes principais (PCA).



EBVP: valor genético para peso corporal; EBVCP: valor genético para comprimento padrão;

IDSP: índice de dimorfismo sexual para peso corporal; IDSCP: índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão.

Tabela 1. Tabela de carga fatorial.

Variáveis	CP1	CP2	CP3	CP4
EBVP	0,1202	0,7084	0,6955	0,0015
IDSP	-0,9815	-0,0108	0,0985	-0,1641
EBVCP	0,105	-0,7317	0,6734	0,0082
IDSCP	-0,9844	0,0192	0,0585	0,1646

CP1: 1º componente principal; CP2: 2º componente principal; CP3: 3º componente principal;

CP4: 4º componente principal; EBVP: valor genético para peso corporal; EBVCP: valor genético para comprimento padrão; IDSP: índice de dimorfismo sexual para peso corporal;

IDSCP: índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão.

Tabela 2. Tabela de variância explicada.

	CP1	CP2	CP3	CP4
Autovalor	1,9578	1,0377	0,9504	0,0541
% Explicação	48,9459	25,9432	23,759	1,3519
% Explicação Acumulada	48,9459	74,8891	98,6481	100

CP1: 1º componente principal; CP2: 2º componente principal; CP3: 3º componente principal;
CP4: 4º componente principal.

Distâncias de dissimilaridade

Através das distâncias de dissimilaridade calculadas pela distância Euclidiana, foi possível observar famílias muito similares e outras bastante divergentes, como apresentado na Tabela 3. A menor distância encontrada foi de 0,0903, a maior 47,3719, a média das distâncias foi 13,4703 com desvio padrão de 9,5165, sendo as famílias mais próximas T35 (924) e a T41 (930), e as famílias mais distantes T53 (942) e T67 (956).

Tabela 3. Valores da matriz das distâncias de dissimilaridade.

Tratamento	Família	Médio	Mínimo	Máximo	SD	Família Mais Próxima	Família Mais Distante
T1	890	13,28	0,48	33,42	8,6	892	942
T2	891	18,49	1,02	40,54	10,67	957	942
T3	892	13,1	0,48	33,11	8,51	890	942
T4	893	14,89	0,72	35,75	9,28	911	942
T5	894	15,97	1,35	39,09	9,87	931	956
T6	895	17,17	1,2	38,94	10,26	957	942
T7	896	12,74	0,67	32,49	8,32	892	942
T8	897	9,89	0,14	27,65	7,05	920	956
T9	898	13,81	0,84	34,25	8,84	890	942
T10	899	9,74	0,63	27,53	7,13	955	956
T11	900	13,42	1,22	35,59	8,97	933	956
T12	901	11,76	0,19	32,96	8,38	903	956
T13	902	10,1	0,83	25,95	6,68	913	942
T14	903	11,7	0,19	32,84	8,35	937	956
T15	904	11,9	0,25	30,86	7,78	907	942
T16	905	9,56	0,38	24,76	6,74	939	956
T17	906	20,31	1,18	42,61	11,01	917	942
T18	907	11,92	0,25	30,88	7,78	904	942
T19	908	11,26	0,69	31,92	8,07	947	956
T20	909	10,59	0,66	27,23	6,77	915	942
T21	910	10,48	0,67	27,4	6,91	954	942
T22	911	15,15	0,72	36,14	9,41	893	942
T23	912	13,98	1,58	36,19	9,02	900	956

T24	913	10,31	0,82	26,47	6,7	909	942
T25	914	22,98	0,49	47,18	11,36	926	956
T26	915	10,6	0,66	26,84	6,62	909	942
T27	916	10,53	1,86	29,98	7,5	961	956
T28	917	20,17	1,18	42,42	10,97	906	942
T29	918	20,14	1,49	44,11	11	922	956
T30	919	9,58	0,55	26,37	6,96	928	956
T31	920	9,92	0,14	27,64	7,03	897	956
T32	921	16,45	1,47	37,94	9,95	895	942
T33	922	18,8	0,57	42,64	10,78	959	956
T34	923	10,16	0,99	24,66	6,41	940	942
T35	924	11,06	0,09	28,89	7,2	930	942
T36	925	18,91	0,28	41,06	10,77	964	942
T37	926	22,54	0,49	46,73	11,33	914	956
T38	927	9,89	0,73	27,65	7,06	948	956
T39	928	9,53	0,19	26,06	6,94	958	956
T40	929	9,69	0,26	26,82	6,99	948	956
T41	930	11,08	0,09	28,94	7,22	924	942
T42	931	15,09	1,35	37,95	9,58	894	956
T43	932	12,56	0,54	32,11	8,14	934	942
T44	933	12,66	0,65	34,44	8,71	960	956
T45	934	12,37	0,54	31,81	8,09	932	942
T46	935	10,93	0,91	30,88	7,68	961	956
T47	936	10,29	0,72	26,55	6,74	954	942
T48	937	11,65	0,19	32,75	8,33	903	956
T49	938	17,82	1,97	41,36	10,34	951	956
T50	939	9,55	0,38	24,68	6,74	905	956
T51	940	10,12	0,99	25,39	6,54	923	942
T52	941	9,58	0,52	24,66	6,71	939	956
T53	942	23,19	0,74	47,37	11,36	914	956
T54	943	10,24	0,88	28,21	6,98	920	956
T55	944	9,53	0,47	25,8	6,89	958	956
T56	945	11,47	0,6	32,11	8,03	947	956
T57	946	9,74	0,71	27,52	7,12	899	956
T58	947	11,57	0,6	32,48	8,2	945	956
T59	948	9,7	0,26	27,03	7,04	929	956
T60	949	9,62	0,67	24,02	6,66	939	956
T61	950	16,99	1,54	40,46	10,27	894	956
T62	951	18,47	0,8	42,28	10,71	959	956
T63	952	9,82	1,59	25,46	6,64	928	956
T64	953	11,5	1,03	32,31	8,14	961	956
T65	954	10,41	0,67	27,09	6,85	910	942
T66	955	9,62	0,63	26,93	7,06	899	956
T67	956	24,92	2,03	47,37	11,3	963	942

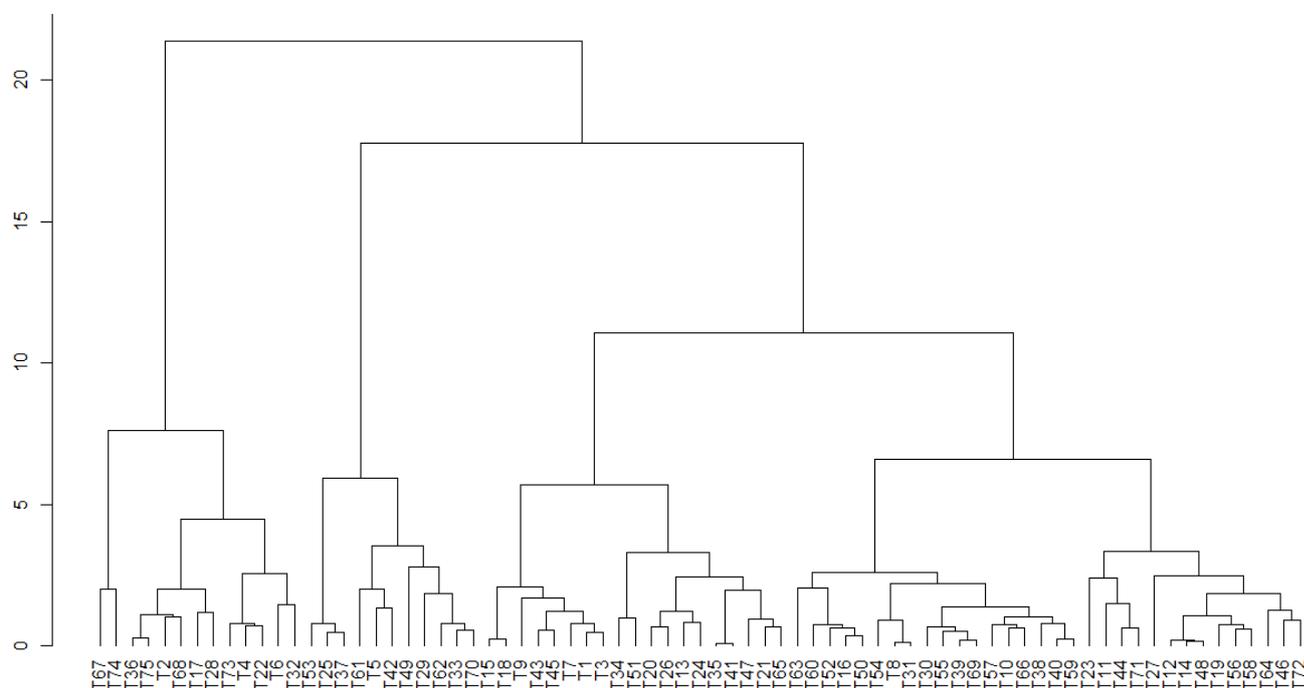
T68	957	18,08	1,01	40,08	10,56	925	942
T69	958	9,53	0,19	26,11	6,95	928	956
T70	959	18,32	0,57	42,07	10,67	922	956
T71	960	12,44	0,65	34,06	8,6	933	956
T72	961	11,02	0,91	31,34	7,89	935	956
T73	962	15,04	0,76	36,07	9,42	911	942
T74	963	23,91	2,03	46,37	11,27	956	942
T75	964	19,02	0,28	41,19	10,81	925	942

SD: desvio padrão.

Análises de Agrupamentos

Através do dendrograma pelo método UPGMA foi possível observar a formação de quatro grupos divergentes, como pode se observar na Figura 2, através das diferentes combinações dos valores de EBVP, EBVCP, SDIP e SDICP. Sendo o primeiro grupo formado por 13 famílias, o segundo grupo formado por 16 famílias, o terceiro grupo formado por 19 famílias e o quarto grupo formado por 27 famílias, como apresentado na Tabela 4, podendo ser observados os valores médios de cada característica por família e por grupo.

Figura 2. Dendrograma pelo método UPGMA, formado pelas famílias correspondentes a T1, T2, T3, ..., T75.



Valores na vertical correspondem as distâncias individuais e entre os pontos de fusão entre famílias e grupos.

Tabela 4. Valores genéticos (EBVS) médios e índice de dimorfismo sexual (IDS) de cada família e médio de cada grupo, para as variáveis, peso corporal (EBVP e IDSP) e comprimento padrão (EBVCP e IDSCP).

Cluster	Trat.	Família	EBVP	IDSP	EBVCP	IDSCP
1	2	891	-1,645283513	1,220691322	1,110988789	1,069401135
1	4	893	3,148058521	1,145208901	0,325927487	1,028524046
1	6	895	-0,027513347	1,208384477	1,690619536	1,052293094
1	17	906	-3,695759638	1,027055703	1,905661123	1,007173601
1	22	911	2,754930383	1,715867159	0,452953573	1,191525424
1	28	917	-3,521189557	1,465334166	0,824655643	1,111254651
1	32	921	0,957621152	1,324913892	0,610454464	1,113622433
1	36	925	-2,131110419	1,551081283	2,228859612	1,11510301
1	67	956	-8,477252418	1,349039532	0,719387278	1,092537865
1	68	957	-1,162419751	1,478415596	1,967270305	1,130048309
1	73	962	2,826892334	1,283642657	1,062196298	1,085570168
1	74	963	-7,437819204	1,160916559	2,44695447	1,043540328
1	75	964	-2,268881402	1,408401268	2,037205949	1,080685085

2	5	894	30,60868019	1,465301003	0,647584988	1,0871143
2	25	914	38,70052779	1,442105263	1,351443374	1,119023904
2	29	918	35,63416885	1,269908685	0,590596819	1,081037985
2	30	919	17,87776691	0,875521144	1,318659785	0,95938061
2	33	922	34,15893492	1,170952951	0,772912228	1,042852063
2	37	926	38,24700346	1,309174012	1,23245911	1,069532909
2	39	928	17,57334427	1,309921962	1,259879904	1,104115768
2	42	931	29,47065173	1,478595256	1,364900592	1,107349505
2	49	938	32,81278962	1,459222429	3,20142567	1,105004729
2	53	942	38,89456794	1,243715847	0,666421236	1,063212435
2	55	944	17,29894958	1,442497262	1,768571135	1,116427432
2	57	946	19,01126329	1,364571429	1,928406331	1,072535534
2	61	950	31,97817639	1,445132245	1,347690568	1,116804625
2	62	951	33,79242436	1,159156977	1,522769017	1,033647928
2	69	958	17,62332966	1,339741501	1,444739113	1,08884766
2	70	959	33,59373366	1,266294227	0,755577264	1,073327079
3	1	890	5,497171569	1,36685913	1,755024757	1,091397616
3	3	892	5,796740486	1,112716763	1,491127525	1,028264331
3	7	896	6,412555235	1,350158562	1,550707572	1,109584087
3	9	898	4,667115156	1,37292904	1,909670608	1,100611451
3	13	902	12,99461876	1,514884393	2,194697441	1,122916667
3	15	904	8,049803283	1,531022169	1,48875927	1,159540325
3	18	907	8,019423493	1,589072282	1,243941095	1,133449477
3	20	909	11,77273795	1,304347826	3,145120664	1,0786917
3	21	910	11,51402487	1,274878219	1,662329848	1,068915488
3	24	913	12,51428854	1,235225141	2,812052541	1,062558597
3	26	915	12,22099107	1,240779113	3,630933612	1,052325581
3	34	923	14,26805802	1,538722168	-0,555431628	1,128352205
3	35	924	10,0076987	1,363626202	0,968199353	1,08667553
3	41	930	9,956930075	1,430372097	0,999246725	1,099504141
3	43	932	6,824199121	1,249584165	2,335146858	1,063608235
3	45	934	7,10438354	1,340990099	1,878918792	1,078742515
3	47	936	12,34353553	1,075894378	0,786949726	1,02237099
3	51	940	13,51392208	1,510590858	0,082236105	1,119718463
3	65	954	11,80763827	1,440318302	1,089655579	1,114973769
4	8	897	19,09912033	1,333177962	2,773368375	1,108597285
4	10	899	19,04878574	1,370187866	1,222159208	1,090964795
4	11	900	27,10410833	1,233504852	1,440377283	1,047952598
4	12	901	24,46202494	1,350155548	1,959713546	1,079712077
4	14	903	24,34543011	1,209376534	1,91128276	1,047477605
4	16	905	16,27257079	1,572993272	1,288544431	1,131666426
4	19	908	23,4015445	1,263588191	2,260798117	1,090567613
4	23	912	27,70576444	1,443739359	-0,004500151	1,161768625
4	27	916	21,4507986	1,306888288	2,471032514	1,076798084
4	31	920	19,0774364	1,327488535	2,903878732	1,081778484
4	38	927	19,17430342	1,460737405	0,439965444	1,099347963

4	40	929	18,34624253	1,327761628	0,608631038	1,094000945
4	44	933	25,94810679	1,393451143	1,790182292	1,128086942
4	46	935	22,39036368	0,689805825	0,677902252	0,904450841
4	48	937	24,24749234	1,338984131	1,997017907	1,092179203
4	50	939	16,18839059	1,261229314	1,477618831	1,065457762
4	52	941	16,14817394	1,328860261	1,990003055	1,081516588
4	54	943	19,58547027	1,262902247	3,613510068	1,056105611
4	56	945	23,54764073	1,292860865	3,077187115	1,065782764
4	58	947	23,94262488	1,4398254	2,649007345	1,110742068
4	59	948	18,54822214	1,249255214	0,742008443	1,076701476
4	60	949	15,5271914	1,287596048	1,573340093	1,05960199
4	63	952	16,96250603	1,278162512	-0,212745453	1,078818999
4	64	953	23,83177235	1,05597148	0,951250869	1,018710459
4	66	955	18,44869271	1,469471947	1,367448367	1,097998207
4	71	960	25,54850228	1,47826087	2,30153589	1,108331091
4	72	961	22,8568707	1,185796862	1,266342876	1,052447274

Valores médios por grupo

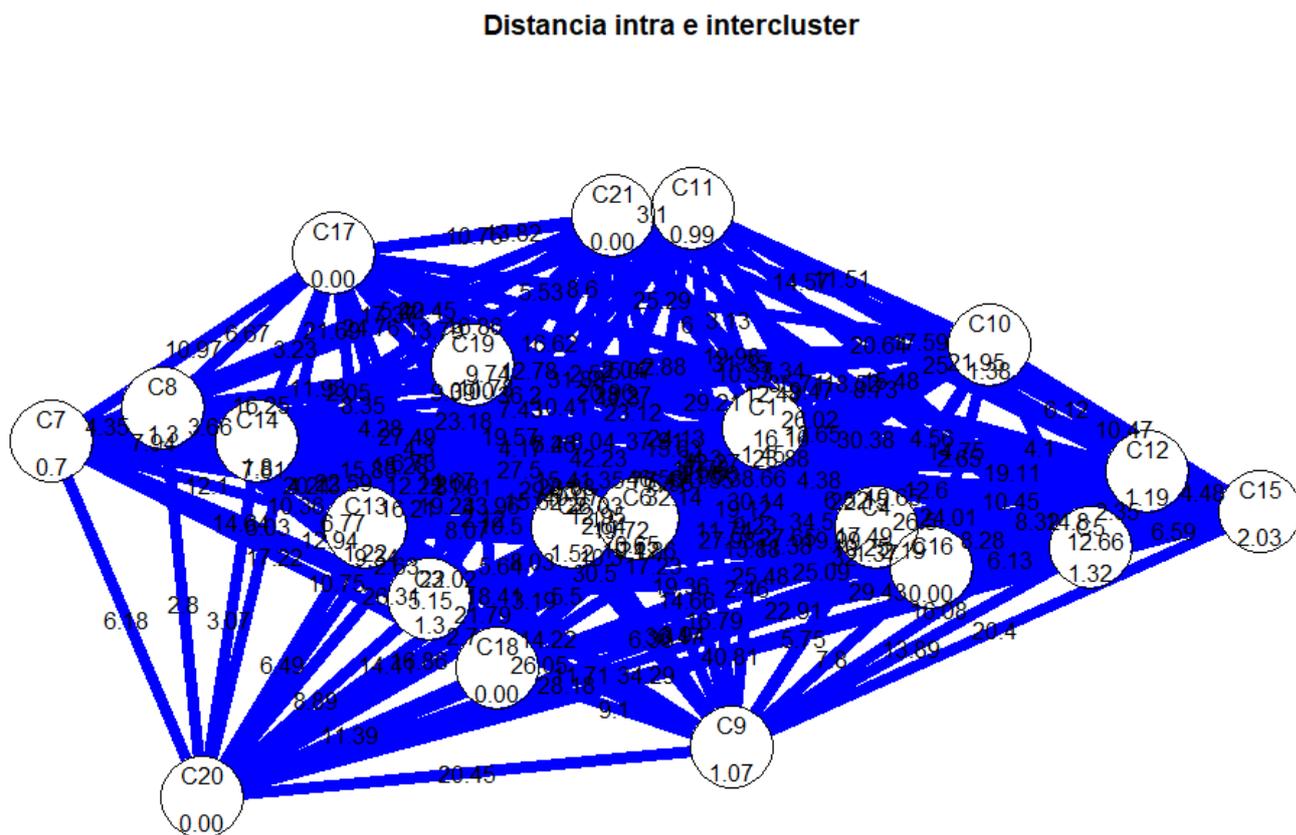
Grupo	MédiaEBVP	MédiaIDSP	MédiaEBVCP	MédiaIDSCP
1	-1,59074822	1,33	1,337164194	1,08
2	29,20476954	1,31	1,323377321	1,07
3	9,751886092	1,36	1,603646655	1,09
4	21,23000559	1,30	1,64951338	1,07

Cluster: grupos formados pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA; Trat: identificação da família no gráfico (dendrograma); EBVP: valor genético para peso corporal; EBVCP: valor genético para comprimento padrão; IDSP: índice de dimorfismo sexual para peso corporal; IDSCP: índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão; MédiaEBVP: média de valor genético para peso corporal por grupo; MédiaEBVCP: média de valor genético para comprimento padrão por grupo; MédiaIDSP: média de índice de dimorfismo sexual para peso corporal por grupo; MédiaIDSCP: média de índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão por grupo.

Já pelo método otimizado de Tocher, foi possível observar a formação de 21 grupos divergentes (Figura 3), sendo o primeiro grupo formado por cinco famílias, o segundo por 13 famílias, o terceiro grupo foi formado por nove famílias, o quarto grupo formado por sete famílias; o quinto grupo formado por cinco famílias, o sexto grupo formado por quatro famílias, o sétimo grupo formado três famílias, o oitavo grupo formado quatro famílias, o

nono grupo formado por quatro famílias, décimo grupo formado por quatro famílias, o décimo primeiro ao décimo quinto grupo, foi formado por duas famílias, e do décimo sexto ao vigésimo primeiro, foi formado por uma família individual, assim como aparece na Tabela 5, com os valores de cada característica por família e os valores médios por grupo.

Figura 3. Grupos formados pelo método otimizado Tocher.



C: corresponde ao grupo (cluster) formado pelo método não hierárquico otimizado de Tocher; Valores dentro dos clusters: distância intrafamiliar dentro do grupo; Valores externos aos clusters: distâncias entre os grupos.

Tabela 5. Tabela de valores genéticos (EBVs) médios e de índice de dimorfismo sexual (IDS), para as características peso corporal (EBVP e IDSP) e comprimento padrão (EBVCP e IDSCP), por família e grupo.

Cluster	Família	EBVP	IDSP	EBVCP	IDSCP
1	910	11,51402	1,274878	1,66233	1,068915
1	924	10,0077	1,363626	0,968199	1,086676
1	930	9,95693	1,430372	0,999247	1,099504

1	936	12,34354	1,075894	0,78695	1,022371
1	954	11,80764	1,440318	1,089656	1,114974
2	897	19,09912	1,333178	2,773368	1,108597
2	899	19,04879	1,370188	1,222159	1,090965
2	919	17,87777	0,875521	1,31866	0,959381
2	920	19,07744	1,327489	2,903879	1,081778
2	927	19,1743	1,460737	0,439965	1,099348
2	928	17,57334	1,309922	1,25988	1,104116
2	929	18,34624	1,327762	0,608631	1,094001
2	943	19,58547	1,262902	3,61351	1,056106
2	944	17,29895	1,442497	1,768571	1,116427
2	946	19,01126	1,364571	1,928406	1,072536
2	948	18,54822	1,249255	0,742008	1,076701
2	955	18,44869	1,469472	1,367448	1,097998
2	958	17,62333	1,339742	1,444739	1,088848
3	901	24,46202	1,350156	1,959714	1,079712
3	903	24,34543	1,209377	1,911283	1,047478
3	908	23,40154	1,263588	2,260798	1,090568
3	937	24,24749	1,338984	1,997018	1,092179
3	945	23,54764	1,292861	3,077187	1,065783
3	947	23,94262	1,439825	2,649007	1,110742
3	953	23,83177	1,055971	0,951251	1,01871
3	960	25,5485	1,478261	2,301536	1,108331
3	961	22,85687	1,185797	1,266343	1,052447
4	890	5,497172	1,366859	1,755025	1,091398
4	892	5,79674	1,112717	1,491128	1,028264
4	896	6,412555	1,350159	1,550708	1,109584
4	904	8,049803	1,531022	1,488759	1,15954
4	907	8,019423	1,589072	1,243941	1,133449
4	932	6,824199	1,249584	2,335147	1,063608
4	934	7,104384	1,34099	1,878919	1,078743
5	891	-1,64528	1,220691	1,110989	1,069401
5	895	-0,02751	1,208384	1,69062	1,052293
5	925	-2,13111	1,551081	2,22886	1,115103
5	957	-1,16242	1,478416	1,96727	1,130048
5	964	-2,26888	1,408401	2,037206	1,080685
6	905	16,27257	1,572993	1,288544	1,131666
6	939	16,18839	1,261229	1,477619	1,065458
6	941	16,14817	1,32886	1,990003	1,081517
6	949	15,52719	1,287596	1,57334	1,059602
7	914	38,70053	1,442105	1,351443	1,119024
7	926	38,247	1,309174	1,232459	1,069533
7	943	19,58547	1,262902	3,61351	1,056106
8	918	35,63417	1,269909	0,590597	1,081038
8	922	34,15893	1,170953	0,772912	1,042852
8	951	33,79242	1,159157	1,522769	1,033648

8	959	33,59373	1,266294	0,755577	1,073327
9	902	12,99462	1,514884	2,194697	1,122917
9	909	11,77274	1,304348	3,145121	1,078692
9	913	12,51429	1,235225	2,812053	1,062559
9	915	12,22099	1,240779	3,630934	1,052326
10	893	3,148059	1,145209	0,325927	1,028524
10	911	2,75493	1,715867	0,452954	1,191525
10	921	0,957621	1,324914	0,610454	1,113622
10	962	2,826892	1,283643	1,062196	1,08557
11	923	14,26806	1,538722	-0,55543	1,128352
11	940	13,51392	1,510591	0,082236	1,119718
12	906	-3,69576	1,027056	1,905661	1,007174
12	917	-3,52119	1,465334	0,824656	1,111255
13	900	27,10411	1,233505	1,440377	1,047953
13	933	25,94811	1,393451	1,790182	1,128087
14	894	30,60868	1,465301	0,647585	1,087114
14	931	29,47065	1,478595	1,364901	1,10735
14	950	31,97818	1,445132	1,347691	1,116805
15	956	-8,47725	1,34904	0,719387	1,092538
15	963	-7,43782	1,160917	2,446954	1,04354
16	898	4,667115	1,372929	1,909671	1,100611
17	912	27,70576	1,443739	-0,0045	1,161769
18	916	21,4508	1,306888	2,471033	1,076798
19	935	22,39036	0,689806	0,677902	0,904451
20	938	32,81279	1,459222	3,201426	1,105005
21	952	16,96251	1,278163	-0,21275	1,078819

Média por grupo

Cluster	MédiaEBVP	MédiaIDSP	MédiaEBVCP	MédiaIDSCP
1	11,12596549	1,31701784	1,101276246	1,078487984
2	18,51637902	1,317941239	1,645478919	1,080523213
3	24,02043365	1,290535542	2,041570714	1,073994462
4	6,814896675	1,362914739	1,677660838	1,094940941
5	-1,447041686	1,373394789	1,806988838	1,089506127
6	16,03408168	1,362669724	1,582376603	1,084560692
7	32,17766717	1,338060507	2,065804184	1,081554141
8	34,29481545	1,21657821	0,910463832	1,057716264
9	12,37565908	1,323809118	2,945701065	1,079123136
10	2,421875598	1,367408152	0,612882956	1,104810518
11	13,89099005	1,524656513	-0,236597762	1,124035334
12	-3,608474598	1,246194935	1,365158383	1,059214126
13	26,52610756	1,313477998	1,615279788	1,08801977
14	30,6858361	1,463009501	1,120058716	1,103756143
15	-7,957535811	1,254978046	1,583170874	1,068039097
16	4,667115156	1,37292904	1,909670608	1,100611451
17	27,70576444	1,443739359	-0,004500151	1,161768625
18	21,4507986	1,306888288	2,471032514	1,076798084

19	22,39036368	0,689805825	0,677902252	0,904450841
20	32,81278962	1,459222429	3,20142567	1,105004729
21	16,96250603	1,278162512	-0,212745453	1,078818999

Cluster: grupo formado pelo método não hierárquico otimizado de Tocher; EBVP: valor genético para peso corporal; EBVCP: valor genético para comprimento padrão; IDSP: índice de dimorfismo sexual para peso corporal; IDSCP: índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão; MédiaEBVP: média de valor genético para peso corporal por grupo; MédiaEBVCP: média de valor genético para comprimento padrão por grupo; MédiaIDSP: média de índice de dimorfismo sexual para peso corporal por grupo; MédiaIDSCP: média de índice de dimorfismo sexual para comprimento padrão por grupo.

Discussão

A análise de PCA apresentou valores para o primeiro componente (PCA1) de 48,95% e para o segundo (PCA2) de 25,94%. No primeiro componente se concentrou os valores de IDSP e IDSCP divergindo dos valores de EBVP e EBVCP que se concentraram no segundo componente. Demonstrando que os índices são independentes, porém estes apresentam relação inversa com os valores genéticos para P e CP, ou seja, quanto maior EBV para P, menor será o dimorfismo sexual do grupo fenotípico (família). No entanto, mesmo estando no segundo componente, os valores genéticos foram inversamente proporcionais um do outro. Estudos já realizados sobre as correlações genéticas e fenotípicas entre P e CP em tilápias-do-Nilo, melhoradas geneticamente, mostram que as correlações fenotípicas variam de 88 a 9%, e 81 e 90% de correlação genética (Kunita *et al.*, 2013; Oliveira *et al.*, 2014).

Através dos resultados da análise de PCA, sugere-se que famílias com valores altos de EBV para P (localizadas no PCA2) apresentam valores médios de EBV para CP e menores IDS para P e CP, e consequentemente apresentando baixo dimorfismo sexual para estas características morfológicas, podendo ser escolhidas como possíveis reprodutores para a formação das futuras gerações.

Com os resultados observados pelas distâncias de dissimilaridade foi possível observar variação entre as distâncias em cada família, sendo algumas famílias bem similares e outras bem divergentes. Demonstrando alta variabilidade fenotípica, mesmo utilizando apenas as informações dos valores genéticos (EBVP e EBVCP) e de dimorfismo sexual (IDSP e IDSCP).

Através das distâncias obtidas pelos valores de EBVP, EBVCP, IDSP e IDSCP, também foram observados a formação de diferentes grupos de família pelas análises de agrupamento, hierárquico (UPGMA) e não hierárquico (Tocher). Diferentes autores já utilizaram as análises de agrupamento, hierárquico e não hierárquico, para avaliar a formação de diferentes grupos fenotípicos, em aves (Savegnago *et al.*, 2011), ovinos (Oliveira *et al.*, 2018), e bovinos de leite (Cruz *et al.*, 2016; Mello *et al.*, 2020). Estes autores observaram a formação de diferentes grupos, utilizando apenas informações fenotípicas, para melhorar a eficiência de seleção e identificar possíveis critérios de seleção.

No presente estudo foi observada a formação de apenas quatro grupos, pelo método hierárquico. Sendo o segundo e o quarto grupo, apresentaram os valores mais baixos para IDSP e IDSCP. Porém, o segundo grupo apresentou os maiores valores de EBVP, enquanto o quarto grupo apresentou o maior EBVCP, podendo estes grupos, ser usados como reprodutores, na formação de novas linhagens com altos valores genéticos para peso corporal e comprimento padrão, e baixo dimorfismo sexual. O primeiro grupo foi o que apresentou os menores valores para EBVP, enquanto o terceiro apresentou os maiores valores para IDSP e IDSCP, podendo retirar estes dois grupos da seleção.

Foram encontrados 21 grupos pelo método não hierárquico otimizado Tocher. Os grupos foram segregados dos grupos encontrados pelo método hierárquico, apenas os grupos dois e oito, apresentaram famílias pertencentes aos grupos dois e quatro. Estes resultados, em conjunto com os resultados encontrados pelo método UPGMA, podem indicar que existe

variabilidade fenotípica em cada grupo encontrado no método hierárquico, podendo ser realizados cruzamentos entre famílias pertencentes ao mesmo grupo, sem perdas sobre a variabilidade fenotípica e consanguinidade, promovendo maiores ganhos e a possibilidade de gerar nova linhagem com altos valores genéticos para peso corporal e baixo dimorfismo sexual mais rapidamente.

Também foi possível observar que, a população utilizada manteve a sua estrutura e variabilidade genética. Rodriguez-Rodriguez *et al.*, (2013), já estudaram a diversidade genética da população base (G0) e das três primeiras gerações (G1, G2 e G3) do Programa de Melhoramento Genético de Tilápias-do-Nilo da UEM, através de marcadores microsatélites. Porém no presente trabalho, foram utilizadas as informações fenotípicas, dos valores genéticos para P e CP e dos índices de dimorfismo sexual IDSP e IDSCP, correspondentes a décima primeira geração (G11) do mesmo programa de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo, e como foi possível observar nos resultados das análises de agrupamento, o plantel manteve a sua variabilidade fenotípica, sugerindo-se que o processo de seleção em conjunto com o número de famílias formadas e o número de reprodutores utilizados foi suficiente para manter a manutenção do programa, sem perdas na sua variabilidade fenotípica, garantindo os ganhos genéticos ao longo das gerações.

Além de demonstrar a variabilidade fenotípica entre e intrapopulação, as análises de agrupamentos podem ser utilizadas no processo de escolha dos reprodutores e das matrizes para a formação dos acasalamentos. Como foi possível observar no presente estudo, diversas famílias apresentaram grandes similaridades e grandes divergências, através das combinações das informações dos EBVs para P e CP e dos IDSs de P e CP, podendo estas informações utilizadas na formação dos grupos, para ordenar os acasalamentos das próximas gerações, uma vez que foi possível observar também, a formação de grupos com altos valores de EBVP e baixo dimorfismo sexual para ambos os IDSs, para as características P e CP.

Conclusão

A seleção para peso corporal pode diminuir o dimorfismo sexual de algumas famílias, para crescimento em programas de melhoramento genético de tilápias-do-Nilo.

As análises de agrupamento, hierárquico e não hierárquico, podem ser utilizadas na identificação de grupos, com baixos índices de dimorfismo sexual para peso corporal e comprimento padrão. Para selecionar possíveis reprodutores e gerar novas linhagens, com altos valores genéticos para peso corporal e baixo dimorfismo sexual para peso e comprimento padrão.

Referências

- Araújo, F.C.T.; Riberio, R.P.; Campos, E.C.; Todesco, H.; Tsujii, K.M.; Mantovani, L.S.; Ribeiro, R.F.; Carvalho, J.C.; Casetta, J.; Lopera-Barrero, N.M.; Gasparino, E.; Oliveira, C.A.L. (2022). Could serum glucose be a selection criterion in Nile tilapia breeding programs? *Aquaculture*, 548.
- Arandas, J.K.G.; Silva, N.M.V.; Nascimento, R.B.; Filho, E.C.P.; Brasil, L.H.A.; Riberio, M.N. (2017). Multivariate analysis as a tool for phenotypic characterization of an endangered breed. *Journal of Applied Animal Research*, 45(1), 152-158.
- Azevedo, A.M. 2021. Package 'MultivariateAnalysis'.
- Cardoso, A.J.S.; Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Ribeiro, R.P.; Assis, G.J.F.; Silva, F.F. (2021). Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 138, 731-738.
- Fazazi, A.O.T.; Abayomi, J.A.; Olabode, G.A.; Adejumo, A.L. (2019). Sexual dimorphism in body weight, morphometric measures and indices of African Catfish (*Clarias gariepinus*). *Aquaculture*, 502, 148-152.

Fraga, A.B.; Silva, F.L.; Hongyu, K.; Santos, D.S.; Murphy, T.W.; Lopes, F.B. (2016). Multivariate analysis to evaluate genetic groups and production traits of crossbred Holstein x Zebu cows. *Tropical Animal Health Production*, 48, 533-538.

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.

Kunita, N.M.; Oliveira, C.A.L.; Oliveira, S.N.; Yoshida, G.M.; Rizzato, G.S.; Resende, E.K.; Ribeiro, R.P. (2013). Avaliação genética de características morfométricas em tilápias do Nilo cultivadas. *Archivos de Zootecnia*, 62(240).

Lovich, J.E.; Gibbons, J.W. (1992). A review of techniques for quantifying sexual size dimorphism. *Growth, Development & Aging*, 56, 269-281.

Mandal, A.; Baneh, H.; Rout, P.K.; Notter, D.R. (2022) Genetic analysis of sexual dimorphism in growth of Jamunapari goats of India. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 00, 1-14.

Mello, R.R.C.; Sinedino, L.D.P.; Ferreira, J.E.; Sousa, S.L.G.; Mello, M.R.B. (2020). Principal component and cluster analyses of production and fertility traits in Red Sindhi dairy cattle breed in Brazil. *Tropical Animal Health and Production*, 52, 273-281.

Mcmanus, C.; Castanheira, M.; Paiva, S.R.; Louvandini, H.; Fioravanti, M.C.S.; Paludo, G.R.; Bianchini, E.; Corrêa, P.S. (2011). Use of multivariate analyses for determining heat tolerance in Brazilian cattle. *Tropical Animal Health Production*, 43, 623-630.

Misztal, I.; Tsuruta, S.; Lourenço, D.; Masuda, Y.; Aguilar, Y.; Legarra, A. (2016). Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia.

Nguyen, N.H.; Khaw, H.L.; Ponzoni, R.W.; Hamzah, A.; Kamaruzzaman, N. (200&). Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? *Aquaculture*, 272, 38-46.

R® Development Core Team, 2022. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna.

Rodriguez-Rodriguez, M.D.P.; Lopera-Barrero, N.M.; Vargas, L.; Albuquerque, D.M.; Goes, E.S.R.; Prado, O.P.P.; Ribeiro, R.P. (2013). Caracterização genética de gerações de tilápia Gift por meio de marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(10), 1385-1393.

Oliveira, S.N.; Oliveira, C.A.L.; Filho, L.A.; Resende, E.K.; Lopera-Barrero, N.M.; Kunita, N.M.; Santander, V.F.A.; Ribeiro, R.P. (2014). Genetic parameters and morphometric characteristics of two generations from the GIFT strain of the Nile tilapia. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(6), 3457-3468.

Oliveira, S.N.; Ribeiro, R.P.; Oliveira, C.A.L.; Lopera-Barrero, N.M.; Borquis, R.R.A.; Zardin, A.M.S.O.; Souza, F.P.; Poveda-Parra, A.R. (2019). Multivariate analysis using morphometric and ultrasound information for selection of tilapia (*Oreochromis niloticus*) breeders. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 48, 1-9.

Silva, L.C.B.; Lopes, B.; Pontes, M.J.; Blanquet, I.; Segatto, M.E.V.; Marques, C. (2021). Fast decision-making tool for monitoring recirculation aquaculture systems based on a multivariate statistical analysis. *Aquaculture*, 530(735931).

Turnbull, J.; Bell, A.; Adams, C.; Bron, J.; Huntingford, F. (2005). Stocking density and welfare of cage farmed Atlantic salmon: application of a multivariate analysis. *Aquaculture*, 243, 121-132..

Yoshida, G.M.;Oliveira, C.A.L.; Campos, E.C.; Todesco, H.; Araújo, F.C.T.; Karin, H.M.; Zardin, A.M.S.O.; Bezerra Júnior, J.S.; Filho, L.A.; Vargas, L.; Ribeiro, R.P. (2021). A breeding program for Nile tilapia in Brazil: Results from nine generations of selection to increase the growth rate in cages. *Animal Breeding and Genetics*, 139, 127-135.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Não foi possível observar diferenças sobre os componentes de variância nos modelos unicaracter e bicaracter, independentes da inclusão do efeito de sexo no modelo.

Foi observado também, que o IDS não apresentou diferenças entre as três gerações estudadas, porém, foi possível observar o dimorfismo na espécie avaliada, sugerindo que o IDS pode ser utilizado como ferramenta para avaliar o dimorfismo sexual, tanto em tilápias como outras espécies, em ambientes de cultivo.

Embora não tenham encontrado diferenças sobre as estimativas dos componentes de variância e sobre o IDS, para as gerações estudadas, foi possível observar através das análises multivariadas, famílias com baixo dimorfismo sexual, demonstrando que mesmo sem apresentar diferenças nos demais parâmetros genéticos e fenotípicos, a seleção para crescimento, diminuiu o dimorfismo sexual em algumas famílias, identificadas através das análises de agrupamento e componentes principais.

Instruções aos autores



Sections

- [1. Submission](#)
- [2. Aims and Scope](#)
- [3. Manuscript Categories and Requirements](#)
- [4. Preparing Your Submission](#)
- [5. Editorial Policies and Ethical Considerations](#)
- [6. Author Licensing](#)
- [7. Publication Process After Acceptance](#)
- [8. Post Publication](#)
- [9. Editorial Office Contact Details](#)

1. SUBMISSION AND PEER REVIEW PROCESS

New submissions should be made via the Research Exchange submission portal submission.wiley.com/journal/JBG. Should your manuscript proceed to the revision stage, you will be directed to make your revisions via the same submission portal. You may check the status of your submission at anytime by logging on to submission.wiley.com and clicking the “My Submissions” button. For technical help with the submission system, please review our [FAQs](#) or contact submissionhelp@wiley.com.

Data Protection and Privacy

By submitting a manuscript to, or reviewing for, this publication, your name, email address, institutional affiliation, and other contact details the publication might require, will be used for the regular operations of the publication, including, when necessary, sharing with the publisher (Wiley) and partners for production and publication. The publication and the publisher recognize the importance of protecting the personal information collected from users in the operation of these services, and have practices in place to ensure that steps are taken to maintain the security, integrity, and privacy of the personal data collected and processed. You can learn more at <https://authorservices.wiley.com/statements/data-protection-policy.html>.

Preprint Policy

The *Journal of Animal Breeding and Genetics* will consider for review articles previously available as preprints. Authors may also post the [submitted version](#) of a manuscript to a preprint server at any time. Authors are requested to update any pre-publication versions with a link to the final published article.

2. AIMS AND SCOPE

The journal publishes original articles by international scientists on genomic selection, and any other topic related to breeding programmes, selection, quantitative genetics, genomics, diversity, evolution of domestic animals and analysis of efficiency and consequences of commercial breeding programs. Researchers, teachers, and the animal breeding industry will find the reports of interest.

3. MANUSCRIPT CATEGORIES AND REQUIREMENTS

The *Journal of Animal Breeding and Genetics* publishes:

- **Original Articles** – articles should contain reports of new research findings or conceptual analyses that make a significant contribution to knowledge. Ideally, manuscripts should be around 20 typewritten pages or less – although, longer papers may be considered at the Editor’s discretion.
- **Book Reviews** – books submitted for review are assigned to specialists in the same field. The reviewer does not receive financial remuneration for a review, but keeps the copy of the book sent to him or her for review. The review should include the complete bibliographical data on the book being reviewed: author’s surname and initials of prename(s). Title of the book, edition (if not the first edition), publisher, place of publication, year of publication, length in pages, number of figures and tables, type of binding (paperback, hardback), and retail price.

4. PREPARING YOUR SUBMISSION

The *Journal of Animal Breeding and Genetics* now offers Free Format submission for a simplified and streamlined submission process.

Before you submit, you will need:

- Your manuscript: this should be an editable file including text, figures, and tables, or separate files – whichever you prefer. All required sections should be contained in your manuscript, including abstract, introduction, methods, results, and conclusions. Figures and tables should have legends. Figures should be uploaded in the highest resolution possible. References may be submitted in any style or format, as long as it is consistent throughout the manuscript. Supporting information should be submitted in separate files. If the manuscript, figures or tables are difficult for you to read, they will also be difficult for the editors and reviewers, and the editorial office will send it back to you for revision. Your manuscript may also be sent back to you for revision if the quality of English language is poor.
- An ORCID ID, freely available at <https://orcid.org>. (*Why is this important? Your article, if accepted and published, will be attached to your ORCID profile. Institutions and funders are increasingly requiring authors to have ORCID IDs.*)
- The title page of the manuscript, including:
 - Your co-author details, including affiliation and email address. (*Why is this important? We need to keep all co-authors informed of the outcome of the peer review process.*)
 - Statements relating to our ethics and integrity policies, which may include any of the following:
 - data availability statement
 - funding statement
 - conflict of interest disclosure
 - ethics approval statement
 - permission to reproduce material from other sources
 - clinical trial registration

(Why are these important? We need to uphold rigorous ethical standards for the research we consider for publication)

To submit, login at <https://submission.wiley.com/journal/JBG> and create a new submission. Follow the submission steps as required and submit the manuscript.

Manuscripts can be uploaded either as a single document (containing the main text, tables and figures), or with figures and tables provided as separate files. Should your manuscript reach revision stage, figures and tables must be provided as separate files. The main manuscript file can be submitted in Microsoft Word (.doc or .docx).

5. EDITORIAL POLICIES AND ETHICAL CONSIDERATIONS

Editorial Review and Acceptance

The acceptance criteria for all papers is the quality and originality of the research and its significance to our readership. Except where otherwise stated, manuscripts are single-blind peer reviewed. Papers will only be sent to review if the Editor-in-Chief determines that the paper meets the appropriate quality and relevance requirements. Wiley's policy on confidentiality of the review process is [available here](#).

Data Sharing and Data Accessibility

Journal of Animal Breeding and Genetics recognizes the many benefits of archiving research data. The journal expects you to archive all the data from which your published results are derived in a public repository. The repository that you choose should offer you guaranteed preservation (see the registry of research data repositories at <https://www.re3data.org/>) and should help you make it findable, accessible, interoperable, and re-useable, according to FAIR Data Principles (<https://www.force11.org/group/fairgroup/fairprinciples>). All accepted manuscripts are required to publish a data availability statement to confirm the presence or absence of shared data. If you have shared data, this statement will describe how the data can be accessed, and include a persistent identifier (e.g., a DOI for the data, or an accession number) from the repository where you shared the data. Authors will be

required to confirm adherence to the policy. If you cannot share the data described in your manuscript, for example for legal or ethical reasons, or do not intend to share the data then you must provide the appropriate data availability statement. *Journal of Animal Breeding and Genetics* notes that FAIR data sharing allows for access to shared data under restrictions (e.g., to protect confidential or proprietary information) but notes that the FAIR principles encourage you to share data in ways that are as open as possible (but that can be as closed as necessary).

Sample statements are available [here](#). Please note that the samples provided are examples of how the statements can be formatted – these can be modified accordingly depending on your requirements. If published, all statements will be placed in the heading of your manuscript.

As the *Journal of Animal Breeding and Genetics* publishes research linked to commercial breeding programmes, in these cases, authors may not be able to share their underlying data publicly due to license restrictions. Therefore, please find an example data availability statement for such cases here: ‘The data that support the findings of this study are available from (name of third party company). Restrictions apply to the availability of these data, which were used under license for this study. Data are available from the corresponding author with the permission of (name of third party company).’

If you are unsure of the suitability of your proposed data availability statement, please reach out to the journal’s Editorial Office for assistance: JABAG.office@wiley.com

Data Citation

Please also cite the data you have shared, like you would cite other sources that your article refers to, in your references section. You should follow the format for your data citations laid out in the Joint Declaration of Data Citation Principles, <https://www.force11.org/datacitationprinciples>:

[dataset] Authors; Year; Dataset title; Data repository or archive; Version (if any); Persistent identifier (e.g. DOI)

Human Studies and Subjects

For manuscripts reporting medical studies involving human participants, we require a statement identifying the ethics committee that approved the study, and that the study conforms to recognized standards, for example: [Declaration of Helsinki](#); [US Federal Policy for the Protection of Human Subjects](#); or [European Medicines Agency Guidelines for Good Clinical Practice](#).

Images and information from individual participants will only be published where the authors have obtained the individual's free prior informed consent. Authors do not need to provide a copy of the consent form to the publisher, however in signing the author license to publish authors are required to confirm that consent has been obtained. Wiley has a [standard patient consent form available](#).

Animal Studies

A statement indicating that the protocol and procedures employed were ethically reviewed and approved, and the name of the body giving approval, must be included in the Methods section of the manuscript. We encourage authors to adhere to animal research reporting standards, for example the [ARRIVE reporting guidelines](#) for reporting study design and statistical analysis; experimental procedures; experimental animals and housing and husbandry. Authors should also state whether experiments were performed in accordance with relevant institutional and national guidelines and regulations for the care and use of laboratory animals:

- US authors should cite compliance with the US National Research Council's [Guide for the Care and Use of Laboratory Animals](#), the US Public Health Service's [Policy on Humane Care and Use of Laboratory Animals](#), and [Guide for the Care and Use of Laboratory Animals](#).
- UK authors should conform to UK legislation under the [Animals \(Scientific Procedures\) Act 1986 Amendment Regulations \(SI 2012/3039\)](#).
- European authors outside the UK should conform to [Directive 2010/63/EU](#).

Clinical Trial Registration

We require that clinical trials are prospectively registered in a publicly accessible database and clinical trial registration numbers should be included in all papers that report their results. Please include the name of the trial register and your clinical trial registration number at the end of your abstract. If your trial is not registered, or was registered retrospectively, please explain the reasons for this.

Research Reporting Guidelines

Accurate and complete reporting enables readers to fully appraise research, replicate it, and use it. We encourage authors to adhere to the following research reporting standards.

- [CONSORT](#)
- [SPIRIT](#)
- [PRISMA](#)
- [PRISMA-P](#)
- [STROBE](#)
- [CARE](#)
- [COREQ](#)
- [STARD](#) and [TRIPOD](#)
- [CHEERS](#)
- [the EQUATOR Network](#)
- [Future of Research Communications and e-Scholarship \(FORCE11\)](#)
- [ARRIVE guidelines](#)
- [National Research Council's Institute for Laboratory Animal Research guidelines: the Gold Standard Publication Checklist from Hooijmans and colleagues](#)
- [Minimum Information Guidelines from Diverse Bioscience Communities \(MIBBI\) website; Biosharing website](#)
- [REFLECT statement](#)

Species Names

Upon its first use in the title, abstract and text, the common name of a species should be followed by the scientific name (genus, species and authority) in parentheses. For well-known species, however, scientific names may be omitted from article titles. If no common name exists in English, the scientific name should be used only.

Genetic Nomenclature

Sequence variants should be described in the text and tables using both DNA and protein designations whenever appropriate. Sequence variant nomenclature must follow the current HGVS guidelines; see <http://varnomen.hgvs.org/>, where examples of acceptable nomenclature are provided.

Nucleotide Sequence Data

Nucleotide sequence data can be submitted in electronic form to any of the three major collaborative databases: DDBJ, EMBL or GenBank. It is only necessary to submit to one database as data are exchanged between DDBJ, EMBL and GenBank on a daily basis. The suggested wording for referring to accession-number information is: 'These sequence data have been submitted to the DDBJ/EMBL/GenBank databases under accession number U12345'. Addresses are as follows:

DNA Data Bank of Japan (DDBJ) <http://www.ddbj.nig.ac.jp>

EMBL Nucleotide Sequence Submissions <http://www.ebi.ac.uk>

GenBank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

Conflict of Interest

The *Journal of Animal Breeding and Genetics* requires that all authors disclose any potential sources of conflict of interest. Any interest or relationship, financial or otherwise that might be perceived as influencing an author's objectivity is considered a potential source of conflict of interest. These must be disclosed when directly relevant or directly related to the work that the authors describe in their manuscript. Potential sources of conflict of interest include, but are not limited to, patent or stock ownership, membership of a company board of directors, membership of an advisory board or committee for a company, and consultancy for or receipt of speaker's fees from a company. The existence of a conflict of interest does not preclude publication. If the authors have no conflict of interest to declare, they must also state this at submission. It is the responsibility of the corresponding author to review this policy with all authors and collectively to disclose with the submission ALL pertinent commercial and other relationships. The Conflict of Interest statement should be included within the main text file of your submission.

Funding

Authors should list all funding sources in the Acknowledgments section. Authors are responsible for the accuracy of their funder designation. If in doubt, please check the Open Funder Registry for the correct nomenclature: <http://www.crossref.org/fundingdata/registry.html>

Authorship

The list of authors should accurately illustrate who contributed to the work and how. All those listed as authors should qualify for authorship according to the following criteria:

- 1) Have made substantial contributions to conception and design, or acquisition of data, or analysis and interpretation of data;
- 2) Been involved in drafting the manuscript or revising it critically for important intellectual content;
- 3) Given final approval of the version to be published. Each author should have participated sufficiently in the work to take public responsibility for appropriate portions of the content; and
- 4) Agreed to be accountable for all aspects of the work in ensuring that questions related to the accuracy or integrity of any part of the work are appropriately investigated and resolved.

Contributions from anyone who does not meet the criteria for authorship should be listed, with permission from the contributor, in an Acknowledgments section (for example, to recognize contributions from people who provided technical help, collation of data, writing assistance, acquisition of funding, or a department chairperson who provided general support). Prior to submitting the article all authors should agree on the order in which their names will be listed in the manuscript.

Additional authorship options

Joint first or senior authorship: In the case of joint first authorship a footnote should be added to the author listing, e.g. 'X and Y should be considered joint first author' or 'X and Y should be considered joint senior author.'

ORCID

As part of our commitment to supporting authors at every step of the publishing process, the *Journal of Animal Breeding and Genetics* requires the submitting author (only) to provide an ORCID iD when submitting a manuscript. This takes around 2 minutes to complete. Find more [information](#).

Publication Ethics

Journal of Animal Breeding and Genetics is a member of the [Committee on Publication Ethics \(COPE\)](#). Note this journal uses iThenticate's CrossCheck software to detect instances of overlapping and similar text in submitted manuscripts. Read our Top 10 Publishing Ethics Tips for Authors [here](#). Wiley's Publication Ethics Guidelines can be found at <https://authorservices.wiley.com/ethics-guidelines/index.html>

6. AUTHOR LICENSING

If your paper is accepted, the author identified as the formal corresponding author will receive an email prompting them to log in to Author Services, where via the Wiley Author Licensing Service (WALS) they will be required to complete a copyright license agreement on behalf of all authors of the paper.

Authors may choose to publish under the terms of the journal's standard copyright agreement, or [Open Access](#) under the terms of a Creative Commons License.

General information regarding licensing and copyright is available [here](#). To review the Creative Commons License options offered under Open Access, please [click here](#). (Note that certain funders mandate that a particular type of CC license has to be used; to check this please click [here](#).)

Self-Archiving definitions and policies. Note that the journal's standard copyright agreement allows for self-archiving of different versions of the article under specific conditions. Please click here for more detailed information about self-archiving definitions and policies.

Open Access fees: If you choose to publish using Open Access you will be charged a fee. A list of Article Publication Charges for Wiley journals is available [here](#).

Funder Open Access: Please click [here](#) for more information on Wiley's compliance with specific Funder Open Access Policies.

7. PUBLICATION PROCESS AFTER ACCEPTANCE

Accepted article received in production

When your accepted article is received by Wiley's production team, you (corresponding authors) will receive an email asking you to login or register with [Author Services](#). You will be asked to sign a publication licence at this point.

Proofs

Authors will receive an e-mail notification with a link and instructions for accessing HTML page proofs online. Page proofs should be carefully proofread for any copyediting or typesetting errors. Online guidelines are provided within the system. No special software is required, all common browsers are supported. Authors should also make sure that any renumbered tables, figures, or references match text citations and that figure legends correspond with text citations and actual figures. Proofs must be returned within 48 hours of receipt of the email. Return of proofs via e-mail is possible in the event that the online system cannot be used or accessed.

Publication Charges

Color figures may be published online free of charge; however, the journal charges for publishing figures in colour in print. If the author supplies colour figures at Early View publication, they will be invited to complete a colour charge agreement in RightsLink for Author Services. The author will have the option of paying immediately with a credit or debit card, or they can request an invoice. If the author chooses not to purchase color printing, the figures will be converted to black and white for the print issue of the journal.

Early View

The journal offers rapid publication via Wiley's Early View service. [Early View](#) (Online Version of Record) articles are published on Wiley Online Library before inclusion in an issue. Once your article is published on Early View no further changes to your article are possible. Your Early View article is fully citable and carries an online publication date and DOI for citations.

8. POST PUBLICATION

Access and sharing

When your article is published online:

- You receive an email alert (if requested).
- You can share your published article through social media.
- As the author, you retain free access (after accepting the Terms & Conditions of use, you can view your article).
- The corresponding author and co-authors can nominate up to ten colleagues to receive a publication alert and free online access to your article.

Article Promotion Support

[Wiley Editing Services](#) offers professional video, design, and writing services to create shareable video abstracts, infographics, conference posters, lay summaries, and research news stories for your research – so you can help your research get the attention it deserves.