

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

SELEÇÃO PARA UNIFORMIDADE EM TILÁPIA DO NILO  
(*Oreochromis niloticus*)

Autor: Eric Costa Campos  
Orientador: Carlos Antonio Lopes de Oliveira

MARINGÁ  
Estado do Paraná  
Fevereiro – 2023

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

SELEÇÃO PARA UNIFORMIDADE EM TILÁPIA DO NILO  
(*Oreochromis niloticus*)

Autor: Eric Costa Campos  
Orientador: Carlos Antonio Lopes de Oliveira

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

MARINGÁ  
Estado do Paraná  
Fevereiro – 2023

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

C198s Campos, Eric Costa  
Seleção para uniformidade em tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) / Eric Costa Campos. -- Maringá, PR, 2023.  
61 f.: il., figs., tabs.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira.  
Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2023.

1. Tilápia do Nilo. 2. Parâmetros genéticos. 3. *Oreochromis niloticus* (peixe). I. Oliveira, Carlos Antonio Lopes de, orient. II. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Agrárias. Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 23.ed. 636.3774

Rosana de Souza Costa de Oliveira - 9/1366



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

SELEÇÃO PARA UNIFORMIDADE EM TILÁPIA DO NILO  
(*Oreochromis niloticus*)

Autor: Eric Costa Campos  
Orientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira

TITULAÇÃO: Doutor em Zootecnia - Área de Concentração Produção Animal

APROVADO em 27 de fevereiro de 2023.

Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro



Documento assinado digitalmente  
DIOGO TERUO HASHIMOTO  
Data: 28/02/2023 14:29:43-0300  
Verifique em <https://verificador.itl.br>

Prof. Dr. Diogo Teruo Hashimoto



Documento assinado digitalmente  
RODRIGO JUNQUEIRA PEREIRA  
Data: 28/02/2023 10:53:08-0300  
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof. Dr. Rodrigo Junqueira  
Pereira



Documento assinado digitalmente  
Claudio Manoel Rodrigues de Melo  
Data: 28/02/2023 12:12:49-0300  
CPF: \*\*\* 108 806-\*\*  
Verifique as assinaturas em <https://e-sfsc.br>

Prof. Dr. Claudio Manoel  
Rodrigues de Melo



Documento assinado digitalmente  
CARLOS ANTONIO LOPES DE OLIVEIRA  
Data: 01/03/2023 09:10:25-0300  
Verifique em <https://verificador.itl.br>

Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira  
Orientador

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e por sempre a minha frente.

A meus queridos pais, Albertino e Patrícia, pelo apoio, amor e dedicação, tanto comigo e com meus irmãos, sempre lutando para o nosso melhor.

A minha avó, Maria da Conceição, que sempre acreditou e apoio meus sonhos, e que me chama de Doutor desde pequeno e a partir de hoje, não mentirá.

A minha querida Sabrina, por ter sido uma pessoa essencial para a finalização dessa caminhada. Que agora em diante, temos desafios e objetivos juntos, como uma família, te amo, minha querida!

Ao meu amigo; professor; consultor; guia espiritual, pessoal, profissional; mentor e orientador Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira, vulgo Carlão. Hoje me despeço da relação professor-aluno, com aperto no coração. Serei eternamente grato por esses anos, foram muitos conselhos, conversas, dicas, puxões de orelha, enfim, muito obrigado por todos os ensinamentos, que não foram poucos. O senhor tem grande contribuição para o profissional e ser humano que sou hoje. Obrigado, Carlão!

Ao professor Dr. Ricardo Pereira Ribeiro, pelo suporte para o desenvolvimento deste trabalho e tanto outros desenvolvidos no grupo PeixeGen. Obrigado pela oportunidade de ingressar no grupo, pela confiança, agradeço imensamente todo o aprendizado e desenvolvimento profissional conquistado, obrigado!

Aos meus queridos amigos e irmãos de graduação, pós-graduação e copo de cerveja, que levarei para o resto da minha vida, Filipe Chagas, Humberto Todesco, Karla Tsujii, Laís Mantovani, Alex Junio, Carolina Schlotefeldt, Jaísa Casetta, Rodrigo Feuerharmel, Vanessa Lewandowski, Gabriel Oliveira e Giovana Oliveira.

A minha amiga Mariana Colhado, amizade que se estendeu de estagiária, colega de “república”, amigo da empresa e hoje, minha madrinha.

Aos funcionários, Vitão, Cleiton e Zé Geraldo, obrigado pelos ensinamentos, tanto nos manejos e no cotidiano da Codapar.

Aos meus amigos e professores do GMAT/UFR, em especial, as professoras Dr.<sup>a</sup> Denise Rocha Ayres e Dr.<sup>a</sup> Annaiza Braga Bignardi Santana. Ao meu amigo Diogo Osmar Silva, agradeço as discussões sobre melhoramento genético.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, em especial a Solange Iung por sempre aguentar os nossos atrasos.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela bolsa concedida nesse período.

A Nayara de A. Ferreira, mesmo que os nossos caminhos se divergiram, sou grato pelo apoio e dedicação durante essa minha caminhada. Eterna gratidão.

Por fim, a todos que contribuíram de forma direta ou indireta, tanto no cotidiano da Codapar, Rio do Corvo ou na cidade de Maringá.

## BIOGRAFIA

Eric Costa Campos nasceu em 19/10/1993 na cidade de Viçosa em Minas Gerais, filho de Albertino de Campos Neto e Patrícia Aparecida Costa Campos.

Em outubro de 2016, concluiu o curso de bacharelado em Zootecnia, pela Universidade Federal de Mato Grosso, Campus Universitário de Rondonópolis.

Em março de 2017, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, em nível de Mestrado, na área de Produção Animal. Em fevereiro de 2019, submeteu-se à banca para defesa da dissertação de mestrado.

Em março de 2019, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, em nível de Doutorado, na área de Produção Animal. Em fevereiro de 2023, submeteu-se à banca para defesa da tese de doutorado.

## ÍNDICE

	Página
RESUMO .....	vi
ABSTRACT .....	vii
<b>I- INTRODUÇÃO .....</b>	<b>1</b>
1.1 <i>Panorama da aquicultura internacional e nacional</i> .....	1
1.2 <i>Melhoramento genético</i> .....	2
1.3 <i>Uniformidade da produção</i> .....	3
1.4 <i>Sensibilidade microambiental</i> .....	4
1.5 <i>Referências bibliográficas</i> .....	8
<b>II. Sensibilidade microambiental do peso à despesca em tilápia-do-Nilo:</b>	
<b>Parâmetros genéticos, teste de desempenho e variabilidade genética .....</b>	<b>14</b>
<b>Resumo</b> .....	15
<b>Destaques</b> .....	16
<b>Introdução</b> .....	17
<b>Material e métodos</b> .....	18
<i>Design experimental</i> .....	18
<i>Fenótipo e Estatística descritiva</i> .....	19
<i>Adequacidade de modelo</i> .....	20
<i>Estimativa dos componentes de (co) variâncias e parâmetros genéticos</i> .....	20
<i>Teste de desempenho</i> .....	22
<i>Variabilidade genética</i> .....	23
<b>Resultados</b> .....	24
<i>Adequacidade de modelo</i> .....	24
<i>Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos</i> .....	24
<i>Teste de desempenho</i> .....	26
<i>Variabilidade genética</i> .....	27
<b>Discussão</b> .....	28
<b>Agradecimentos</b> .....	33
<b>Referências</b> .....	33
<b>INSTRUCTIONS FOR AUTHORS .....</b>	<b>39</b>

## RESUMO

O objetivo da realização deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para a uniformidade da produção, por meio da sensibilidade microambiental, e, avaliar os impactos dessa seleção em uma população de tilápia-do-Nilo. Foram utilizadas informações do Programa de Melhoramento Genético de tilápia-do-Nilo (Tilamax-UEM), pertencente a Universidade Estadual de Maringá. A base de dados continha informações de 10.207 indivíduos, compreendendo o período de 2014 a 2019. As estimativas dos parâmetros genéticos ocorreram por meio de procedimentos bayesianos, pelo software GIBBS1F90 (BLUPF90 *family programs*), utilizando o modelo animal em duas etapas. A herdabilidade para a sensibilidade microambiental foi considerada baixa ( $h^2 = 0,02$ ), mas, a característica é correlacionada favoravelmente com o peso à despesca ( $r_g = -0,47$ ). A seleção genética para redução da sensibilidade microambiental pode gerar uniformidade e ao mesmo tempo, reduzir a variabilidade genética de um programa de melhoramento genético. Em conclusão, é possível a melhoria genética da uniformidade de produção pela redução da sensibilidade microambiental, entretanto, acasalamento dirigido visando o aumento do desempenho induz ganhos genéticos semelhantes a seleção direta, sem afetar a variabilidade genética de uma população de tilápia-do-Nilo.

**Palavras-chave:** Heterogeneidade genética, padronização, uniformidade, variação residual

## ABSTRACT

The objective of this work was to estimate the genetic parameters for production uniformity, through microenvironmental sensitivity, and to evaluate this selection impacts on a Nile tilapia population. Information from the Nile tilapia Genetic Improvement Program (Tilamax-UEM), belonging to the Maringá State University, was used. The database contained information about 10,207 individuals, covering the period from 2014 to 2019. The genetic parameters were estimated using Bayesian procedures, using the GIBBS1F90 software (BLUPF90 family programs), using the two-step animal model. The heritability for microenvironmental sensitivity was considered low ( $h^2 = 0.02$ ), but the trait is favorably correlated with harvesting weight ( $r_g = -0.47$ ). Genetic selection to reduce microenvironmental sensitivity can generate uniformity and, at the same time, reduce the genetic variability of a genetic improvement program. In conclusion, the genetic improvement of production uniformity by reducing microenvironmental sensitivity is possible, however, directed mating aiming to increase performance, induces genetic gains like the direct selection, without affecting the genetic variability of a Nile tilapia population.

**Keywords:** Genetic heterogeneity, standardization, uniformity, residual variation

## I- INTRODUÇÃO

### *1.1 Panorama da aquicultura internacional e nacional*

A aquicultura mundial movimentou US\$ 281,5 bilhões no ano de 2020, aumento de US\$ 6,7 bilhões em relação a 2019. A produção aquícola cresceu 2,7% em comparação ao ano anterior, considerada a menor taxa de crescimento anual dos últimos 40 anos. Desde 2020, a pandemia de COVID-19 vem causando impactos negativos em todos os setores produtivos, incluindo a produção aquícola. No mundo, a pandemia implicou bloqueios e fechamentos de mercados, portos e fronteiras, resultou na desaceleração do comércio e causando transtornos na produção e distribuição de alimentos, gerando perda de emprego e subsistência. A pesca extrativista foi interrompida e os pequenos e médios aquicultores, lutaram para manter a sua produção escalonada (FAO, 2022).

A piscicultura brasileira obteve desempenho positivo durante o período pandêmico de 2020, mesmo com cenário de incertezas pela alta do dólar e custos dos principais insumos da nutrição animal, a produção brasileira de peixes foi capaz de crescer 5,93% em relação ao ano anterior de 2019 (PeixeBr, 2021). Ainda em cenário de incertezas da cadeia produtiva, associado ao alto índice de desemprego e por consequência a redução do poder de compra da população, a produção brasileira não estagnou, entretanto, continuou o crescimento e produziu 841.005 toneladas de peixes de cultivo em 2021, representando aumento de 4,7% sobre o ano de 2020 (PeixeBr, 2022).

O grande destaque da produção brasileira é a tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*). Adaptabilidade as condições climáticas, pacote tecnológico estabelecido e avanços científicos para o desenvolvimento rentável da cadeia produtiva, favorecem para o aumento da produção no país. A

produção de tilápia representa a parcela de 63,5% das 841.000 toneladas de peixes de cultivo produzido no Brasil em 2021. A espécie é cultivada em todas as regiões do país, com predominância o cultivo em viveiro escavado, mas, aptidão para outros sistemas produtivos (Khanjani *et al.*, 2022; Shamsuddin *et al.*, 2022; Zappernick *et al.*, 2022). O estado do Paraná lidera a produção nacional de tilápia, representa 34% da produção brasileira (PeixeBr, 2022). O crescimento das cooperativas contribui para o desempenho do estado, que verticalizam toda a cadeia produtiva, e conseqüentemente reduzindo os custos de produção.

### 1.2 Melhoramento genético

Explorar características hereditárias com importância econômica é de grande importância para o desenvolvimento da piscicultura moderna, pois, a maior parte dessas características são controladas por um único ou conjunto de genes e algumas, são fortemente influenciadas pelo ambiente (Eler, 2017). Portanto, faz-se necessário o delineamento adequado de um programa de melhoramento e avaliação genética a partir de metodologias estatísticas, para que os ganhos genéticos sejam satisfatórios durante as gerações (Ribeiro *et al.*, 2012; Ribeiro and Legat, 2008).

O desempenho é o principal objetivo de seleção dos programas de melhoramento genético da aquicultura, a seleção para o aumento do desempenho tem revelado resultados satisfatórios para as condições de cultivo atuais e agradao o setor produtivo (tabela 1). Para a escolha acurada dos animais geneticamente superiores em uma determinada característica, é necessário estimativas precisas de parâmetros genéticos, associações genéticas entre os fenótipos de interesse comercial, principalmente ao longo do tempo (Gjedrem and Baranski, 2009; Lopes, 2005; Yoshida *et al.*, 2021, 2013).

Tabela 1. Herdabilidade para o desempenho em espécies da aquicultura.

<b>Espécie</b>	<b>Herdabilidade</b>	<b>Autores</b>
Tilápia-do-Nilo	0,20 a 0,34	Nguyen <i>et al.</i> , 2010; Porto et al., 2015
Carpas	0,17 a 0,32	Dong <i>et al.</i> , 2015; Nguyen, 2016

Salmões	0,20 a 0,40	Gjedrem, 2010; Leeds <i>et al.</i> , 2016
Pangasius	0,19 a 0,34	Sang <i>et al.</i> , 2012
Tambaqui	0,23 a 0,81	Campos <i>et al.</i> , 2020
Robalo branco	0,31 a 0,60	Saillant <i>et al.</i> , 2006
Linguado japonês	0,12 a 0,80	Li <i>et al.</i> , 2018; Liu <i>et al.</i> , 2014
Bacalhau do atlântico	0,31 a 0,34	Kristjánsson and Arnason, 2016
Camarão gigante da Malásia	0,05 a 0,22'	Luan <i>et al.</i> , 2012
Camarão branco do pacífico	0,24 a 0,46	Zhang <i>et al.</i> , 2017
Camarão tigre gigante	0,27 a 0,56	Krishna <i>et al.</i> , 2011
Vieira caribenha	0,18 a 0,76	Barros <i>et al.</i> , 2018
Ostras do pacífico	0,15 a 0,33	Li <i>et al.</i> , 2011

### 1.3 Uniformidade da produção

A uniformidade da produção é uma característica de interesse comercial em diversas espécies da produção animal, principalmente na suinocultura e avicultura de corte. O interesse dos produtores está fortemente associado ao retorno econômico em que a produção animal mais uniforme pode trazer através do pagamento diferenciado nos frigoríficos (lung *et al.*, 2020). A falta de homogeneidade da produção animal, principalmente na aquicultura, não está relacionada apenas ao desempenho técnico e econômico dos animais vivos, como também no desempenho do processamento nas plantas frigoríficas e principalmente, na relação fornecedor-cliente, disponibilizando um produto e/ou cortes padrões, durante todas as épocas do ano (Campos *et al.*, 2022).

Na aquicultura a maior variação fenotípica da produção aumenta a necessidade de manejos de classificação por tamanhos, no qual, é considerado um fator de estresse, que afeta diretamente o bem-estar animal e conseqüentemente, ocasionam futuras perdas econômicas (Araújo *et al.*, 2022; lung *et al.*, 2020). Por causa da interação próxima entre os indivíduos, a desuniformidade dentro desse ambiente de cultivo, ocasiona competição e, conseqüentemente, afeta a ingestão da ração fornecida, conversão alimentar, taxa de crescimento e sobrevivência (Garcia *et al.*, 2021; Gilmour *et al.*, 2005; lung *et al.*, 2020; Janhunen *et al.*, 2012; Mulder *et al.*, 2016).

É possível aumentar a uniformidade da produção na tilapicultura através da seleção quando, exploram a heterogeneidade genética de variância residual.

Em termos práticos, o componente residual dos modelos de avaliação não é mais considerado como seguindo a mesma distribuição e variância; em vez disso, entenda-se que os fatores genéticos e ambientais tenham efeito sobre o resíduo (lung *et al.*, 2020; Mulder *et al.*, 2007; Sorensen and Waagepetersen, 2003). A heterogeneidade genética da variância residual foi estimada para diferentes características em várias espécies, por exemplo, tamanho da ninhada em ovelhas (SanCristobal-Gaudy *et al.*, 2001), suínos (Sorensen and Waagepetersen, 2003), camundongos (Formoso-Rafferty *et al.*, 2016) e coelhos (Ibáñez-Escriche *et al.*, 2008), peso em leitões (Damgaard *et al.*, 2003), bovinos (Neves *et al.*, 2011); frangos (Mulder *et al.*, 2009), truta arco-íris (Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2015), salmão (Sae-Lim *et al.*, 2017; Sonesson *et al.*, 2013), tilápia (Khaw *et al.*, 2016; Marjanovic *et al.*, 2016) e camarão (García-Ballesteros *et al.*, 2021; Garcia *et al.*, 2021).

A presença de heterogeneidade genética da variância residual sugere que a seleção para alterar a variância residual, baseada principalmente em informações familiares, conforme relatado em diversos estudos. Explorar a heterogeneidade genética da variância residual em busca da uniformidade em núcleos de seleção na aquicultura pode ser vantajoso em comparação a outras espécies, pois, a alta fecundidade dos candidatos a reprodução, auxilia na formação de grandes famílias de irmãos completos e meios-irmãos, deste modo, os parâmetros de dispersão não serão medidos diretamente em um único indivíduo, mas, em vários indivíduos comuns geneticamente (lung *et al.*, 2020; Janhunen *et al.*, 2012; Sonesson *et al.*, 2013).

#### *1.4 Sensibilidade microambiental*

A sensibilidade microambiental refere-se à capacidade de um indivíduo em ser protegido contra fatores ambientais locais desconhecidos dentro de um macroambiente, por exemplo, as alterações das condições climáticas, fotoperíodo e interações sociais competitivas dentro de um ambiente de cultivo (Agha *et al.*, 2018; lung *et al.*, 2020; Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2016; Vandenplas *et al.*, 2013). A sensibilidade microambiental é quantificada pela quantidade de variação ambiental em um fenótipo expresso por um genótipo (ou famílias) dentro de um macroambiente (Janhunen *et al.*, 2012). O aumento dessa

variação ambiental e, portanto, fenotípico é desvantajoso, porque essa desuniformidade prejudica a eficiência da produção em toda a cadeia produtiva, desde os produtores até aos consumidores finais.

A variância residual pode ser melhor estimada usando um modelo animal, que divide um fenótipo de um indivíduo em seus componentes genéticos aditivos e residuais, sendo este último a parte não explicada pela genética e efeitos fixos, como sexo e idade. Compreender a base genética de tais mudanças, em características quantitativas, revela como a seleção genética influencia a capacidade dos indivíduos em responder as condições ambientais imprevisíveis, por meio de mecanismos de desenvolvimento, e, ajuda a explorar a uniformidade de produção de alguns genótipos (Agha *et al.*, 2018; Lung *et al.*, 2020; Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2016; Vandenplas *et al.*, 2013).

Os modelos genéticos quantitativos normalmente assumem que os genótipos diferem apenas no efeito médio, ou seja, a variância residual é constante (Falconer and Mackay, 2009, 1996). Com base na evidência de que a variância residual também pode estar sob controle genético, algumas análises que abordam essas potenciais diferenças genéticas na variância residual foram desenvolvidas, por exemplo, a abordagem em duas etapas sugerida por Mulder *et al.* (2007), que leva em conta os efeitos genéticos e ambientais na variância residual em nível de registros individuais.

Na análise em duas etapas, os valores residuais quadrados transformados em  $\log \ln(\hat{\epsilon}^2)$  são usados como variável resposta na segunda etapa, e esses resíduos estimados são obtidos da primeira etapa, a partir de modelo misto da característica média ( $y$ ), por exemplo:

$$y = X\beta + Z\alpha + \epsilon \quad (\text{Primeira Etapa})$$

em que,

$y$ , é o vetor de observações de características medidas nos indivíduos;

$X$ , a matriz de incidência de efeitos fixos;

$\beta$ , é o vetor de efeitos fixos;

$Z$ , é a matriz de incidência de valores genéticos;

$\alpha$ , é o vetor de valores genéticos aleatórios;

$\epsilon$ , é o vetor de valores residuais;

$$\ln(\hat{\varepsilon}^2) = X_v \beta_v + Z_v \alpha_v + \varepsilon_v \quad (\text{Segunda Etapa})$$

em que,

$\ln(\hat{\varepsilon}^2)$ , é o valor residual quadrado transformado em log obtido na primeira etapa;

$X_v$ , a matriz de incidência de efeitos fixos para o modelo de variância residual;

$\beta_v$ , é o vetor de efeitos fixos para o modelo de variância residual;

$Z_v$ , é a matriz de incidência de valores genéticos para o modelo de variância residual;

$\alpha_v$ , é o vetor de valores genéticos aleatórios para o modelo de variância residual;

$\varepsilon_v$ , é o vetor de valores residuais para o modelo de variância residual;

A transformação logarítmica dos resíduos quadrados é adotada para evitar a assimetria em sua distribuição (Janhunen *et al.*, 2012; Mulder *et al.*, 2007). Os valores residuais quadrados transformados em log quantificam a contribuição de cada indivíduo para a variação residual da população. Em comparação com o “modelo touro”, os resíduos de um “modelo animal” incluem apenas ruído ambiental e de desenvolvimento inexplicável, e não são confundidos pelo termo de amostragem mendeliana de genética aditiva (Janhunen *et al.*, 2012).

A interpretação e comparação dos resultados da sensibilidade microambiental têm sido realizadas mediante dois parâmetros genéticos: herdabilidade da variância residual ( $h_v^2$ ) e coeficiente de variação para a variância residual ( $GCV_e$ ). Segundo Mulder *et al.* (2007),  $h_v^2$  é uma medida para determinar a precisão dos valores genéticos para a variância residual, sendo calculada como:  $h_v^2 = (\sigma_{av}^2 / 2\sigma_p^4 + 3\sigma_{av}^2)$ , sendo  $\sigma_{av}^2$ , é a variância genética aditiva estimada para a variância residual na escala aditiva e  $\sigma_p^4$  é a variância fenotípica ao quadrado. A  $\sigma_{av}^2$  é obtido através de:  $h_{res}^2 2(\underline{\sigma_e^2})^2$ ; sendo  $h_{res}^2$  é a herdabilidade da variável de resposta usada no modelo de variância residual, e  $\underline{\sigma_e^2}$  é a variância residual da primeira etapa. O  $GCV_e$ , descreve a propensão da característica para responder à seleção, sendo calculado como:  $(\sigma_{av} / \underline{\sigma_e^2})$ , e  $\sigma_{av}$ , é o desvio padrão da variância genética aditiva para a variância residual na escala aditiva (Mulder *et al.*, 2007).

A correlação genética ( $r_g$ ) também é um parâmetro genético importante, principalmente para auxiliar nas decisões de seleção quando a uniformidade faz parte do objetivo de seleção. As correlações genéticas fortemente negativas são as desejáveis se o objetivo da seleção é aumentar a característica principal e reduzir a sua variância; caso contrário, é necessário utilizar um índice de seleção para obter a resposta desejada (lung *et al.*, 2020).

Os estudos da sensibilidade microambiental na aquicultura são escassos, principalmente quando comparados com outras espécies de interesse comercial, conforme revisado por lung *et al.* (2020). Espécies como o salmão, truta e tilápia são os mais frequentes, provavelmente, pela importância econômica da cadeia produtiva e a ampla base de dados nos programas de melhoramento (tabela 2). Os estudos realizados sempre são direcionados apenas para as estimativas de parâmetros genéticos, visando a uniformidade de produção.

Tabela 2. Parâmetros genéticos da sensibilidade microambiental do desempenho na aquicultura.

<b>Espécie</b>	$h_v^2$	$GCV_e$	$r_g$	Autores
Salmão do Atlântico	0.036 – 0.060	0.34 – 0.52	0.42 – 0.95	Sae-Lim <i>et al.</i> , 2017; Sonesson <i>et al.</i> , 2013
Truta-arco-íris	0.010 – 0.024	0.19 – 0.38	-0.16 – -0.83	Janhunnen <i>et al.</i> , 2012; Sae-Lim <i>et al.</i> , 2015
Tilápia-do-Nilo	0.012 – 0.029	0.30 – 0.58	-0.03 – 0.60	Khaw <i>et al.</i> , 2016; Marjanovic <i>et al.</i> , 2016;
Camarão branco do Pacífico	0.02 – 0.08	0.24 – 0.28	-0.23 – 0.11	García-Ballesteros <i>et al.</i> , 2021; Garcia <i>et al.</i> , 2021

$h_v^2$ , herdabilidade da variância residual;  $GCV_e$ , coeficiente de variação para a variância residual e  $r_g$ , correlação genética da característica média e sua variação.

O melhoramento genético da sensibilidade microambiental no desempenho é desafiador, mas possível se estimado valores genéticos com precisão. A precisão da seleção pode ser melhorada aumentando o número de indivíduos em avaliação genética (Janhunen *et al.*, 2012; Mulder *et al.*, 2009, 2007). Encontrar características altamente hereditárias e de fácil mensuração, que se correlacionam com a sensibilidade microambiental do desempenho, aumentaria a precisão da seleção, portanto, permitiria que seleção fosse mais eficaz. Uma alternativa, seria a seleção genômica ampla (GWS) para sensibilidade microambiental do desempenho, entretanto, os custos dessa seleção seriam elevados, principalmente da necessidade em se ter grandes populações de referência (Mulder *et al.*, 2013; Sae-Lim *et al.*, 2016; Sell-Kubiak *et al.*, 2015). No geral, reduzir a variância de uma característica por seleção ou acasalamento dirigido, provavelmente será mais difícil do que alterar a média da característica (Hohenboken, 1985; Sae-Lim *et al.*, 2016).

### 1.5 Referências bibliográficas

AGHA, S.; MEKKAWY, W.; IBANEZ-ESCRICHE, N.; LIND, C. E.; KUMAR, J.; MANDAL, A.; BENZIE, J. A. H.; DOESCHL-WILSON, A. Breeding for robustness: investigating the genotype-by-environment interaction and micro-environmental sensitivity of Genetically Improved Farmed Tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Animal Genetics**, v. 49, n. 5, p. 421–427, 2018.

ARAÚJO, F. C. T. de; RIBEIRO, R. P.; CAMPOS, E. C.; TODESCO, H.; TSUJII, K. M.; MANTOVANI, L. S. C.; RIBEIRO, R. F.; CARVALHO, J. C.; CASSETTA, J.; LOPERA-BARRERO, N. M.; GASPARINO, E.; OLIVEIRA, C. A. L. de. Could serum glucose be a selection criterion in Nile tilapia breeding programs? **Aquaculture**, v. 548, n. April 2021, 2022.

BARROS, J.; VELASCO, L. A.; WINKLER, F. M. Heritability, genetic correlations and genotype by environment interactions in productive traits of the Caribbean scallop, *Argopecten nucleus* (Mollusca: Bivalvia). **Aquaculture**, v. 488, n. December 2017, p. 39–48, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.01.011>>.

CAMPOS, E. C.; OLIVEIRA, C. A. L.; ARAÚJO, F. C. T.; TODESCO, H.; SOUZA, F. N.; ROSSI, R. M.; FORNARI, D. C.; RIBEIRO, R. P. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. **Animal**, 2020.

CAMPOS, E. C.; OLIVEIRA, C. A. L. de; CARDOSO, A. J. da S.; SCHLOTEFELDT, C.; TSUJII, M. K.; MANTOVANI, L. S. C.; SANTOS, G. O. dos; OLIVEIRA, G. da S.; ARAÚJO, F. C. T.; TODESCO, H.; RIBEIRO, R. P. Melhoramento Genético: Uniformidade da produção na tilapicultura. **Aquaculture Brasil**, v. 26<sup>a</sup>, p. 16–21, 2022. Disponível em:

<<https://www.aquaculturebrasil.com/artigo/179/melhoramento-genetico:-uniformidade-da-producao-na-tilapicultura>>.

DAMGAARD, L. H.; RYDHMER, L.; LØVENDAHL, P.; GRANDINSON, K. Genetic Parameters for Within-Litter Variation in Piglet Birth Weight and Change in within-Litter Variation during Suckling. **Journal of animal science**, v. 81, n. 3, p. 604–610, mar. 2003.

DONG, Z.; NGUYEN, N. H.; ZHU, W. Genetic evaluation of a selective breeding program for common carp *Cyprinus carpio* conducted from 2004 to 2014. **BMC Genetics**, v. 16, n. 1, p. 1–9, 2015.

ELER, J. P. **Teoria e Métodos em Melhoramento Genético Animal: Bases do melhoramento genéticos animal**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, 2017. 239 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics** 1996.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Noida: Pearson Ed, 2009. 464 p.

FAO. **The State of World Fisheries and Aquaculture 2022**. 2022. ed. [s.l: s.n.]266 p.

FORMOSO-RAFFERTY, N.; CERVANTES, I.; IBÁÑEZ-ESCRICHE, N.; GUTIÉRREZ, J. P. Correlated Genetic Trends for Production and Welfare Traits in a Mouse Population Divergently Selected for Birth Weight Environmental Variability. **Animal : an international journal of animal bioscience**, v. 10, n. 11, p. 1770–1777, nov. 2016.

GARCÍA-BALLESTEROS, S.; VILLANUEVA, B.; FERNÁNDEZ, J.; GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I. Genetic parameters for uniformity of harvest weight in Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). **Genetics Selection Evolution**, v. 53, n. 1, p. 1–9, 2021. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/s12711-021-00621-6>>.

GARCIA, B. F.; MONTALDO, H. H.; IUNG, L. H. S.; CARVALHEIRO, R. Effect of harvest weight and its uniformity on survival in *Litopenaeus vannamei* reared in different systems. **Aquaculture**, v. 531, n. May 2020, p. 735891, 2021. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735891>>.

GILMOUR, K. M.; DIBATTISTA, J. D.; THOMAS, J. B. Physiological Causes and Consequences of Social Status in Salmonid Fish. **Integrative and comparative biology**, v. 45, n. 2, p. 263–273, abr. 2005.

GJEDREM, T. The first family-based breeding program in aquaculture. **Reviews in Aquaculture**, v. 2, n. 1, p. 2–15, mar. 2010.

GJEDREM, T.; BARANSKI, M. **Selective Breeding in Aquaculture: An Introduction**. [s.l: s.n.]v. 10

HOHENBOKEN, W. D. The Manipulation of Variation in Quantitative Traits: A Review of Possible Genetic Strategies. **Journal of Animal Science**, v. 60, n. 1, p. 101–110, 1985.

IBÁÑEZ-ESCRICHE, N.; MORENO, A.; BLANCA, N.; PIQUERAS, P.; SALGADO, C.; GUTIÉRREZ, J. P. Genetic parameters related to environmental variability of weight traits in a selection experiment for weight gain in mice ; signs of correlated canalised response ´ n. v. 40, p. 279–293, 2008.

IUNG, L. H. de S.; CARVALHEIRO, R.; NEVES, H. H. de R.; MULDER, H. A. Genetics and genomics of uniformity and resilience in livestock and aquaculture species: A review. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 137, n. 3, p. 263–280, 2020.

JANHUNEN, M.; KAUSE, A.; VEHVILÄINEN, H.; JÄRVISALO, O. Genetics of microenvironmental sensitivity of body weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) selected for improved growth. **PLoS ONE**, v. 7, n. 6, p. 1–8, 2012.

KHANJANI, M. H.; SHARIFINIA, M.; HAJIREZAEI, S. Recent progress towards the application of biofloc technology for tilapia farming. **Aquaculture**, v. 552, p. 738021, 2022. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0044848622001375>>.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; YEE, H. Y.; AZIZ, M. A. bin; MULDER, H. A.; MARJANOVIC, J.; BIJMA, P. Genetic variance for uniformity of harvest weight in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). **Aquaculture**, v. 451, p. 113–120, 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.09.003>>.

KRISHNA, G.; GOPIKRISHNA, G.; GOPAL, C.; JAHAGEERDAR, S.; RAVICHANDRAN, P.; KANNAPPAN, S.; PILLAI, S. M.; PAULPANDI, S.; KIRAN, R. P.; SARASWATI, R.; VENUGOPAL, G.; KUMAR, D.; GITTERLE, T.; LOZANO, C.; RYE, M.; HAYES, B. Genetic parameters for growth and survival in *Penaeus monodon* cultured in India. **Aquaculture**, 2011.

KRISTJÁNSSON, T.; ARNASON, T. Heritability of economically important traits in the Atlantic cod *Gadus morhua* L. **Aquaculture Research**, v. 47, n. 2, p. 349–356, 2016.

LEEDS, T. D.; VALLEJO, R. L.; WEBER, G. M.; GONZALEZ-PENA, D.; SILVERSTEIN, J. T. Response to five generations of selection for growth performance traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). **Aquaculture**, v. 465, p. 341–351, 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.08.036>>.

LI, Q.; WANG, Q.; LIU, S.; KONG, L. Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. **Fisheries Science**, v. 77, n. 4, p. 643–648, 2011.

LI, Y.; ZHANG, B.; LU, S.; TIAN, Y.; YANG, Y.; CHEN, S. Genetic parameters estimates for growth performance traits at harvest in Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). **Aquaculture**, 2018.

LIU, Y. X.; JIANG, L.; LIU, H. J.; YANG, R. Q. Phenotypic and genetic parameter estimation of morphological traits related to axial body growth in Japanese flounder. **Fisheries Science**, v. 80, n. 2, p. 317–321, 2014.

LOPES, P. S. **Teoria do Melhoramento Animal**. [s.l: s.n.]118 p.

LUAN, S.; YANG, G.; WANG, J.; LUO, K.; ZHANG, Y.; GAO, Q.; HU, H.; KONG,

J. Genetic parameters and response to selection for harvest body weight of the giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*. **Aquaculture**, v. 362–363, p. 88–96, 2012. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.05.011>>.

MARJANOVIC, J.; MULDER, H. A.; KHAW, H. L.; BIJMA, P. Genetic parameters for uniformity of harvest weight and body size traits in the GIFT strain of Nile tilapia. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 1, p. 1–10, 2016.

MULDER, H. A.; BIJMA, P.; HILL, W. G. Prediction of Breeding Values and Selection Responses with Genetic Heterogeneity of Environmental Variance. **Genetics**, v. 175, n. 4, p. 1895–1910, abr. 2007.

MULDER, H. A.; HILL, W. G.; VEREIJKEN, A.; VEERKAMP, R. F. Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broiler chickens. **Animal**, v. 3, n. 12, p. 1673–1680, 2009.

MULDER, H. A.; RÖNNEGÅRD, L.; FIKSE, W. F.; VEERKAMP, R. F.; STRANDBERG, E. Estimation of genetic variance for macro- and micro-environmental sensitivity using double hierarchical generalized linear models. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n. 1, p. 23, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-23>>.

MULDER, H. A.; VISSCHER, J.; FABLET, J. Estimating the purebred–crossbred genetic correlation for uniformity of eggshell color in laying hens. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 1, p. 39, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/s12711-016-0212-2>>.

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; ROSO, V. M.; QUEIROZ, S. A. Genetic variability of residual variance of production traits in Nellore beef cattle. **Livestock Science**, v. 142, n. 1–3, p. 164–169, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2011.07.010>>.

NGUYEN, N. H. Genetic improvement for important farmed aquaculture species with a reference to carp, tilapia and prawns in Asia: Achievements, lessons and challenges. **Fish and Fisheries**, v. 17, n. 2, p. 483–506, 2016.

NGUYEN, N. H.; PONZONI, R. W.; ABU-BAKAR, K. R.; HAMZAH, A.; KHAW, H. L.; YEE, H. Y. Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. **Aquaculture**, v. 305, n. 1–4, p. 1–5, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.04.007>>.

PEIXEBR. Anuário Brasileiro da Piscicultura PEIXEBR 2021. **Associação Brasileira da Piscicultura**, p. 1–136, 2021.

PEIXEBR. Anuário Brasileiro da Piscicultura PEIXEBR 2022. **Associação Brasileira da Piscicultura**, p. 1–140, 2022.

PORTO, E. de P.; OLIVEIRA, C. A. L. de; MARTINS, E. N.; RIBEIRO, R. P.; CONTI, A. C. M.; KUNITA, N. M.; OLIVEIRA, S. N. de; PORTO, P. P. Respostas à seleção de características de desempenho em tilápia-do-nilo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 9, p. 745–752, 2015.

RIBEIRO, R. P.; ANTONIO, C.; OLIVEIRA, L. De; DE, E. K.; VARGAS, L.;

ALEXANDRE, L.; PUCHNICK, A. Tilápias do Nilo têm programa de melhoramento genético em curso. p. 61–64, 2012.

RIBEIRO, R. P.; LEGAT, A. P. Delineamento de programas de melhoramento genético de espécies aquícolas no Brasil. **Embrapa Meio Norte**, p. 25, 2008.

SAE-LIM, P.; GJERDE, B.; NIELSEN, H. M.; MULDER, H.; KAUSE, A. A review of genotype-by-environment interaction and micro-environmental sensitivity in aquaculture species. **Reviews in Aquaculture**, v. 8, n. 4, p. 369–393, 2016.

SAE-LIM, P.; KAUSE, A.; JANHUNEN, M.; VEHVILÄINEN, H.; KOSKINEN, H.; GJERDE, B.; LILLEHAMMER, M.; MULDER, H. A. Genetic (co)variance of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) body weight and its uniformity across production environments. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, n. 1, p. 1–10, 2015. Disponível em: <???.>

SAE-LIM, P.; KAUSE, A.; LILLEHAMMER, M.; MULDER, H. A. Estimation of breeding values for uniformity of growth in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using pedigree relationships or single-step genomic evaluation. **Genetics Selection Evolution**, v. 49, n. 1, p. 1–12, 2017.

SAILLANT, E.; DUPONT-NIVET, M.; HAFFRAY, P.; CHATAIN, B. Estimates of heritability and genotype-environment interactions for body weight in sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) raised under communal rearing conditions. **Aquaculture**, 2006.

SANCRISTOBAL-GAUDY, M.; BODIN, L.; ELSEN, J.-M.; CHEVALET, C. Genetic components of litter size variability in sheep. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, n. 3, p. 249, 2001. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-3-249>>.

SANG, N. Van; KLEMETS DAL, G.; ØDEGÅRD, J.; GJØEN, H. M. Genetic parameters of economically important traits recorded at a given age in striped catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). **Aquaculture**, 2012.

SELL-KUBIAK, E.; BIJMA, P.; KNOL, E. F.; MULDER, H. A. Comparison of Methods to Study Uniformity of Traits: Application to Birth Weight in Pigs. **Journal of animal science**, v. 93, n. 3, p. 900–911, mar. 2015.

SHAMSUDDIN, M.; HOSSAIN, M. B.; RAHMAN, M.; KAWLA, M. S.; TAZIM, M. F.; ALBESHR, M. F.; ARAI, T. Effects of Stocking Larger-Sized Fish on Water Quality, Growth Performance, and the Economic Yield of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) in Floating Cages. **Agriculture (Switzerland)**, v. 12, n. 7, p. 1–19, 2022.

SONESSON, A. K.; ØDEGÅRD, J.; RÖNNEGÅRD, L. Genetic heterogeneity of within-family variance of body weight in Atlantic salmon (*Salmo salar*). **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n. 1, p. 1–8, 2013.

SORENSEN, D.; WAAGEPETERSEN, R. Normal linear models with genetically structured residual variance heterogeneity: a case study. **Genetical Research**, v. 82, n. 3, p. 207–222, 2003. Disponível em: <<https://www.cambridge.org/core/article/normal-linear-models-with-genetically-structured-residual-variance-heterogeneity-a-case-study/D8B9AE035B8BFAAF5AEFAFC7B4C8D46B>>.

VANDENPLAS, J.; BASTIN, C.; GENGLER, N.; MULDER, H. A. Genetic variance in micro-environmental sensitivity for milk and milk quality in Walloon Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 9, p. 5977–5990, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2012-6521>>.

YOSHIDA, G. M.; ANTONIO, C. L. de; CAMPOS, E. C.; TODESCO, H.; ARAÚJO, F. C. T.; MAHMUD, H.; ALINE, K.; JAILTON, M. S. O. Z.; JÚNIOR, S. B.; FILHO, L. A.; VARGAS, L.; RIBEIRO, R. P. 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**, n. August, p. 1–9, 2021.

YOSHIDA, G. M.; LOPES DE OLIVEIRA, C. A.; OLIVEIRA, S. N. de; KUNITA, N. M.; RESENDE, E. K. de; FILHO, L. A.; RIBEIRO, R. P. Associação entre características de desempenho de tilápia-do-nilo ao longo do período de cultivo. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 48, n. 8, p. 816–824, 2013.

ZAPPERNICK, N.; NEDUNURI, K. V; ISLAM, K. R.; KHANAL, S.; WORLEY, T.; LAKI, S. L.; SHAH, A. Techno-economic analysis of a recirculating tilapia-lettuce aquaponics system. **Journal of Cleaner Production**, v. 365, p. 132753, 2022. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959652622023514>>.

ZHANG, J.; CAO, F.; LIU, J.; YUAN, R. Genetic parameters for growth and survival traits in *Litopenaeus vannamei* at different ages. **Aquaculture International**, v. 25, n. 5, p. 1901–1911, 2017.

## **II. Sensibilidade microambiental do peso à despesca em tilápia-do-Nilo: Parâmetros genéticos, teste de desempenho e variabilidade genética**

E.C. Campos<sup>1,2a</sup>, R.P. Ribeiro<sup>1,3</sup>, A.J.S. Cardoso<sup>4</sup>, C. Schlotfeldt<sup>2</sup>, K.M. Tsujii<sup>2</sup>,  
L.S.C. Mantovani<sup>2</sup>, G.O. Santos<sup>3</sup>, G.S. Oliveira<sup>3</sup>, C.A.L. Oliveira<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> *Grupo de Pesquisa PeixeGen – Manejo, Melhoramento e Genética Molecular em Piscicultura de Água doce, Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Avenida Colombo, Maringá, Paraná, 87020-900, Brasil*

<sup>2</sup> *Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, CEP 87020-900, PR, Brasil*

<sup>3</sup> *Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, CEP 87020-900, Maringá, PR, Brasil*

<sup>4</sup> *Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-900, Viçosa, MG, Brasil*

<sup>a</sup> *Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, Programa de Pós-graduação em Zootecnia, CEP 87020-900, PR, Brazil*

Autor correspondente: Eric Costa Campos. E-mail: eric.peixegen@gmail.com

Título curto: Sensibilidade microambiental do peso à despesca em tilápia do Nilo

## Resumo

A uniformidade do peso à despesca é uma característica de grande importância econômica na produção de tilápia-do-Nilo. A análise genética da sensibilidade microambiental é uma das abordagens eficazes que podem permitir a redução da variabilidade genética ou aumento da uniformidade de produção. A base de dados utilizados continha registros fenotípicos de peso à despesca de 10,207 indivíduos. As estimações dos parâmetros genéticos ocorreram por meio de procedimentos bayesianos, pelo software *GIBBS1F90* (Família *BLUPF90*), utilizando o modelo animal em duas etapas. O coeficiente de variação para a variância residual (0.29) e a correlação genética (-0.43) entre peso à despesca e sua sensibilidade ambiental foram consideradas moderadamente favoráveis. A seleção para sensibilidade microambiental é capaz de gerar uniformidade, contudo, acasalamentos direcionados para aumento do desempenho geram uniformidade da produção com a mesma intensidade. A seleção direta para redução da sensibilidade ambiental poder ocasionar a redução da variabilidade genética em um programa de melhoramento genético de tilápia-do-Nilo.

**Palavras-chave:** Heterogeneidade genética, padronização, uniformidade, variação residual

**Destaques**

- A uniformidade do peso à despesca está moderadamente sob controle genético.
- O teste de desempenho indica a eficácia da sensibilidade ambiental como indicador da uniformidade da produção.
- A seleção e acasalamentos dirigidos que visam aumentar o desempenho podem gerar uniformidade da produção em tilápia-do-Nilo.
- Seleção direta para redução da sensibilidade microambiental pode reduzir a variabilidade genética de um programa de melhoramento genético.

## Introdução

A uniformidade do peso à despesca da tilápia-do-Nilo é de interesse econômico das indústrias de processamento, pela necessidade de disponibilizar produtos padronizados em todas as épocas do ano. A alta variação do peso corporal nos abatedouros de peixes influencia negativamente no desenvolvimento e funcionamento de máquinas processadoras dessa proteína animal, devido tais equipamentos funcionarem adequadamente no intervalo mínimo de variação da matéria-prima a ser processada.

A variabilidade do peso corporal pode ser alterada ao longo do tempo, através do aumento ou redução da suscetibilidade à fatores microambientais desconhecidas em um único ambiente ou macroambiente, por exemplo as interações sociais competitivas, oscilações de temperaturas, condições de luminosidade (Falconer and Mackay, 1996; Janhunen *et al.*, 2012; Agha *et al.*, 2018). Compreender a base genética dessas mudanças no fenótipo de desempenho revela como a seleção influencia a capacidade dos indivíduos de responder a condições ambientais imprevisíveis e ajuda a explicar a persistência da padronização da produção (Janhunen *et al.*, 2012).

A sensibilidade microambiental de um genótipo pode ser quantificada pelo grau de heterogeneidade genética da variância ambiental, ou seja, pela quantidade de variação residual em uma característica expressa pela prole do genótipo dentro de um macroambiente que a prole compartilha (SanCristobal-Gaudy *et al.*, 1998; Hill and Mulder, 2010). A variância residual pode ser melhor estimada usando um modelo animal que divide um fenótipo de um indivíduo em seus componentes genéticos aditivos e residuais, sendo este último a parte não explicada pela genética e efeitos fixos sistemáticos (Janhunen *et al.*, 2012).

Apesar das grandes oportunidades, a base genética da sensibilidade microambiental é recente na aquicultura, sendo evidenciado os parâmetros genéticos para *Oncorhynchus mykiss* (Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2015), *Salmo salar* (Sonesson *et al.*, 2013; Sae-Lim *et al.*, 2017) e *Oreochromis niloticus* (Marjanovic *et al.*, 2016; Agha *et al.*, 2018). Entretanto, a base genética e a efetividade da seleção direta da sensibilidade microambiental ainda é pouco compreendida e poucos estudos foram realizados tanto em níveis genético quantitativos e genômicos (lung *et al.*, 2020).

A compreensão da base genética da sensibilidade ambiental do peso corporal, da efetividade da seleção direta e os impactos na variabilidade genética são importantes para definir estratégias que visam melhorar a uniformidade no cultivo da tilápia-do-Nilo. Este estudo teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos da sensibilidade microambiental do peso à despesca, verificar o impacto da seleção direta dessa característica e a influência dessa seleção na variabilidade genética de um programa de melhoramento genético de tilápia-do-Nilo.

## **Material e métodos**

### *Design experimental*

Os dados utilizados foram obtidos do Programa de Melhoramento Genético de tilápia-do-Nilo (Tilamax-UEM), que foi desenvolvido especificamente para estimar os efeitos genéticos para taxa de crescimento no sistema de cultivo em tanques rede (Oliveira *et al.*, 2015, 2016; Yoshida *et al.*, 2021). O programa de melhoramento é conduzido por pesquisadores do Grupo de Pesquisa PeixeGen na Universidade Estadual de Maringá, localizado no estado do Paraná, Brasil.

O sistema de acasalamento utilizado nesse programa de melhoramento genético é o hierárquico, um macho e uma fêmea. A estação de reprodução ocorre no intervalo de outubro a março. Os alevinos são pesados e identificados individualmente com o uso de *tags passive transponder integrado* (PIT) quando atingem, em média, 10 gramas. A reprodução e crescimento dos alevinos ocorrem na Estação Experimental de Piscicultura da Universidade Estadual de Maringá.

Após a marcação, os alevinos são transferidos para a Unidade Demonstrativa de Produção em Tanques-rede da Universidade Estadual de Maringá, localizada em Diamante do Norte, Paraná. Os indivíduos são cultivados em tanques-rede de 6m<sup>3</sup> na densidade de 75-100 kg/m<sup>3</sup>. O período de cultivo compreende o intervalo de fevereiro a outubro, com temperatura média anual da água de 25.79±4.05°C, pH 8.33±0.39 e oxigênio dissolvido 9.28±2.63 mg/L (Andreto *et al.*, 2015). O programa alimentar segue padrão comercial, sendo fornecido uma dieta contendo 45% de proteína bruta nos primeiros 45 dias e 32% de proteína bruta até o fim do período de avaliação.

#### *Fenótipo e Estatística descritiva*

Os dados utilizados na avaliação genética para sensibilidade microambiental são referentes a cinco anos de avaliação genética, compreendendo o período de 2014 a 2019. A característica utilizada para avaliar o crescimento foi o Peso à despesca (g), mensurado no final do período de cultivo.

Os dados foram submetidos a consistência, sendo eliminados as famílias de irmãos completos que continham menos que 10 indivíduos mensurados. A análise genética para o peso à despesca e a sensibilidade microambiental consistiu nas informações de 10,207 indivíduos com registros fenotípicos, com

idade média de 284 dias. Foram acrescentados 10,969 indivíduos na matriz de parentesco, totalizando 21,174 indivíduos.

#### *Adequacidade de modelo*

Foi realizado teste de adequação de diferentes modelos estatísticos para analisar a característica de peso à despesca e a sua sensibilidade microambiental, deste modo, compreender a significância dos efeitos independentemente nas duas etapas, considerando a matriz de parentesco.

Foram testadas diferentes combinações de efeitos de genética aditiva direta e ambiente comum de família, esse último, pelas famílias terem sido criadas separadamente até a marcação (Campos *et al.*, 2020). Efeitos fixos classificatórios, período de cultivo (geração), tanque-rede e sexo e, as covariáveis, idade à período final de cultivo e peso à identificação com efeitos lineares e quadráticos também foram avaliados. As análises para o teste de adequação foi realizada pelo software REMLF90 (Misztal *et al.*, 2016) e os modelos de melhor ajuste, selecionados pelo critério de informação de Akaike (Akaike, 1974).

#### *Estimativa dos componentes de (co) variâncias e parâmetros genéticos*

As estimativas de componentes de (co)variância foram realizadas em duas etapas, e a primeira etapa consiste em estimar por um modelo animal as soluções para os efeitos fixos e aleatórios da característica média (Eq. 1).

Os componentes de (co)variância da característica de crescimento e a sua sensibilidade microambiental foram estimados em análise unicaracter na segunda etapa (Eq. 2), e foi aplicado a transformação log no resíduo estimado ao quadrado ( $\ln(\varepsilon^2)$ ) obtido na primeira etapa.

$$(\boldsymbol{y}) = \boldsymbol{X}\boldsymbol{\beta} + \boldsymbol{Z}\boldsymbol{\alpha} + \boldsymbol{W}\boldsymbol{c} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (\text{Eq.1})$$

$$(\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)) = \boldsymbol{X}_{res}\boldsymbol{\beta}_{res} + \boldsymbol{Z}_{res}\boldsymbol{\alpha}_{res} + \boldsymbol{W}_{res}\boldsymbol{c}_{res} + \boldsymbol{\varepsilon}_{res} \quad (\text{Eq.2})$$

sendo,  $\boldsymbol{y}$  é o peso à despesca e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$  é o valor residual quadrado do peso à despesca transformado em ln;  $\boldsymbol{X}, \boldsymbol{Z}, \boldsymbol{W}, \boldsymbol{X}_{res}, \boldsymbol{Z}_{res}$  e  $\boldsymbol{W}_{res}$  correspondem às matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios para  $\boldsymbol{y}$  e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$ , respectivamente;  $\boldsymbol{\beta}$  e  $\boldsymbol{\beta}_{res}$  são o vetores dos efeitos fixos para  $\boldsymbol{y}$  e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$ ;  $\boldsymbol{\alpha}$  e  $\boldsymbol{\alpha}_{res}$  são os vetores do efeito aditivo do animal para  $\boldsymbol{y}$  e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$ , assumindo-se que  $\boldsymbol{\alpha} \sim N(0, \boldsymbol{G}\sigma_a^2)$ , em que  $\boldsymbol{G}$  é a matriz de parentesco e  $\sigma_a^2$  corresponde à variância genética aditiva;  $\boldsymbol{c}$  e  $\boldsymbol{c}_{res}$  são os vetores de efeito do ambiente comum aleatório relacionado as famílias de irmãos completos para  $\boldsymbol{y}$  e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$ ; assumindo  $\boldsymbol{c} \sim N(0, \boldsymbol{C}\sigma_c^2)$ , em que  $\boldsymbol{C}$  é a matriz do efeito de ambiente comum e  $\sigma_c^2$  corresponde à variância de ambiente comum;  $\boldsymbol{\varepsilon}$  e  $\boldsymbol{\varepsilon}_v$  são os vetores de efeito residual para  $\boldsymbol{y}$  e  $\ln(\boldsymbol{\varepsilon}^2)$ , assumindo-se que  $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \boldsymbol{I}\sigma_e^2)$ , e  $\boldsymbol{I}$  é uma matriz identidade e  $\sigma_e^2$  é a variância dos efeito residual.

A correlação genética entre o peso à despesca e a sua sensibilidade microambiental foram estimadas por análise bicaracter. A covariância residual foi definida como zero, pois, presume-se que os resíduos sigam a distribuição normal bivariada e não correlacionados (Janhunen *et al.*, 2012).

Foram realizadas análises por meio da inferência bayesiana para as estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos, utilizando o software *GIBBS2F90* (Misztal *et al.*, 2016). A convergência foi avaliada usando o pacote *coda* na linguagem de programação R (Plummer *et al.*, 2006; R Development Core Team, 2011). Para análises unicaracter foram gerados 500.000 de valores em um

processo MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*), considerando um período de descarte amostral de 10% em valores iniciais, assim a amostra final, tomada em saltos de 25 para eliminar autocorrelações amostrais, conteve 18,000 valores gerados. Para a análise bicaracter, retirou-se amostras a cada 50 ciclos, após descarte de 10% de 1,000,000 ciclos iniciais.

A resposta à seleção foi calculada utilizando os valores genéticos preditos (EBV). O software BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2016) foi utilizado para a solução da equação de modelos mistos, e foram selecionados como candidatos à seleção 10% dos indivíduos geneticamente superiores na última geração para as duas características. A fórmula utilizada foi (Eq. 3):

$$\left( \frac{DS_{EBV}}{\text{Média fenotípica}} \right) \times 100 \quad (3)$$

sendo,  $DS_{EBV}$  é a diferença na média dos valores genéticos estimados da última geração (3,142 informações) em relação à média dos valores genéticos estimados dos selecionados na última geração (314 informações).

#### *Teste de desempenho*

O teste de performance foi realizado para avaliar o efeito da seleção para sensibilidade microambiental na escala fenotípica. Foram formados 3 grupos genéticos, sendo: grupo “Baixa sensibilidade”, sendo provenientes de acasalamentos de indivíduos selecionados para menor sensibilidade microambiental do peso à despesca (EBV = -0.07); grupo “Alta sensibilidade”, provenientes de acasalamentos de indivíduos selecionados para alta sensibilidade microambiental do peso à despesca (EBV= 0.13) e grupo tilamax-

UEM, linhagem comercial disponibilizada pelo programa de melhoramento genético da Universidade Estadual de Maringá no Brasil.

Os grupos genéticos foram formados em intervalo máximo de duas semanas de acasalamentos. O cultivo foi realizado separadamente em viveiros de alvenaria na densidade de 50 juvenis/m<sup>3</sup> (n = 150) pelo período de 184 dias, sendo este ambiente caracterizado pela baixa renovação de água (<100%/24h), temperatura média da água (21.30±3.44°C), pH (7.98±0.23) e oxigênio dissolvido (3.05±1.09 mg/L). A escolha de um ambiente de cultivo com condições inferiores ao ambiente de seleção ocorreu para poder avaliar a capacidade de sensibilidade dos grupos genéticos em relação as variações ambientais. Não foi utilizado nenhum manejo de classificação ou sexagem em todo período de cultivo.

O peso corporal foi mensurado cinco vezes durante o período de cultivo por uma balança de precisão (resolução de 0.01g). As diferenças estatísticas foram evidenciadas por um modelo misto, no qual, foram utilizados os grupos genéticos como efeito fixo e o período de cultivo, como efeito aleatório.

#### *Variabilidade genética*

As informações dos candidatos à seleção foram utilizadas para a verificação do impacto na variabilidade genética, sendo observado a representatividade das famílias de irmão completos. O coeficiente de coancestria foi calculado utilizando o pacote *optiSel* implementado na linguagem de programação R (Wellmann, 2019).

Para avaliar o efeito da depressão endogâmica na característica de crescimento e a sua sensibilidade microambiental, o nível de endogamia foi acrescido no modelo animal (após o teste de adequacidade) como covariável, com

efeitos lineares, para cada indivíduo com registro fenotípico. A endogamia foi estimada pelas informações de pedigree utilizando o software *INBUPGF90* (Misztal *et al.*, 2016).

## Resultados

### *Adequacidade de modelo*

Para o peso à despesca foi considerado o efeito aleatório animal ( $\alpha$ ), ambiente comum de família ( $c$ ) e os efeitos fixos de período de cultivo ( $P$ ), tanque-rede ( $TR$ ), sexo ( $SX$ ), idade com efeito linear ( $ID$ ) e peso à chipagem com efeitos lineares ( $PC$ ) e quadráticos ( $PC^2$ ). O efeito fixo de período de cultivo, sexo e peso à chipagem com efeito linear permaneceram significativos para a característica de sensibilidade microambiental (tabela 1).

Tabela 1. Modelo adequado para os fenótipos.

Fenótipos	$\alpha$	$c$	$P$	$TR$	$SX$	$ID$	$ID^2$	$PC$	$PC^2$	$\epsilon$
Peso à despesca	✓	✓	✓	✓	✓	✓	-	✓	✓	✓
Sensibilidade microambiental	✓	-	✓	-	✓	-	-	✓	-	✓

### *Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos*

As estimativas de herdabilidade ( $h^2 = 0.31$ ), coeficiente de variação genética ( $GCV = 0.15$ ) e a participação do efeito de ambiente comum de família ( $c^2 = 0.24$ ) no peso à despesca foram consideradas de moderadas a baixa. A estimativa de herdabilidade da sensibilidade microambiental foi considerada de baixa magnitude ( $h^2 = 0.02$ ), entretanto, é maior que seu erro, que corresponde cerca de 45% da estimativa. O coeficiente de variação genética para variação

residual ( $GCV_e = 0.29$ ) é considerado de média magnitude. A correlação genética foi negativamente significativa e favorável, entretanto, considerada moderadamente correlacionada ( $r_g = -0.43$ ), conforme apresentado na tabela 2.

Tabela 2. Estimativas dos componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para o peso à despesa e sua sensibilidade microambiental.

Parâmetros	Fenótipos	
	Peso à despesa	Sensibilidade microambiental
$\sigma^2_a$	7193 <sup>(1690)</sup> (4002;10610)	-
$\sigma^2_c$	5530 <sup>(683)</sup> (4305;6973)	-
$\sigma^2_e$	10680 <sup>(862)</sup> (8949;12320)	-
$h^2$	0.31 <sup>(0.06)</sup> (0.18;0.43)	-
$c^2$	0.24 <sup>(0.08)</sup> (0.19;0.0.29)	-
GCV	0.15 <sup>(0.02)</sup> (0.11;0.0.18)	-
$\sigma^2_{av}$	-	6.51E+06 <sup>(2.21E+06)</sup> (3.02E+06;1.16E+07)
$h_v^2$	-	0.020 <sup>(0.009)</sup> (0.007;0.044)
$c_v^2$	-	-
$GCV_e$	-	0.29 <sup>(0.07)</sup> (0.16;0.46)
$r_g$	-0.43 <sup>(0.15)</sup> (-0.78;-0.15)	

(DP), Desvio padrão e (Intervalo de credibilidade de 95%)

GCV, Coeficiente de variação genética ( $\sigma_a / \mu$ );

$\sigma^2_{av}$ , variância genética transformada no modelo genético quantitativo para heterogeneidade genética de variação residual ( $h_{res}^2 \cdot 2 (\sigma^2_e)^2$ );

$h_v^2$ , herdabilidade da variância residual ( $\sigma^2_{av} / 2\sigma^4_p + 3\sigma^2_{av}$ );

$GCV_e$ , coeficiente de variação para a variância residual ( $\sigma_{av} / \sigma^2_e$ );

$r_g$ , correlação genética

A seleção direta para desempenho é capaz de produzir ganho genético favorável (22.76%) para peso à despesca e ganho indireto desfavorável para sensibilidade microambiental (0.29%), entretanto, próximo a zero (Tabela 3). A seleção direta para sensibilidade microambiental pode proporcionar ganho genético simultaneamente na característica (-6.39%) e indiretamente no peso à despesca (6.90%), conforme a tabela 3.

Tabela 3. Resposta à seleção.

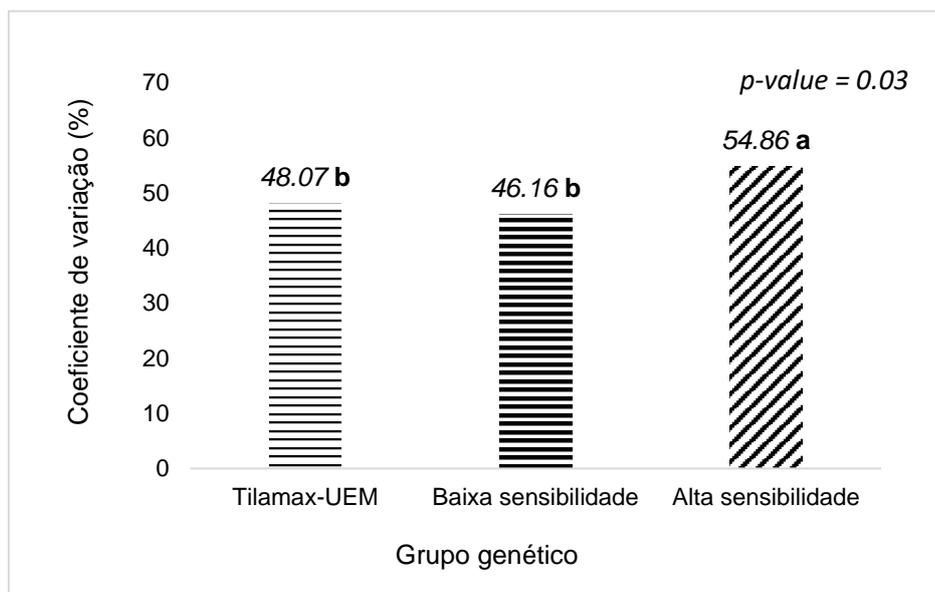
Critério de seleção	Resposta	
	Sensibilidade microambiental	Peso à despesca
Peso à despesca	0.29%	22.76% <sup>1</sup>
Sensibilidade microambiental	-6.39% <sup>1</sup>	6.90%

<sup>1</sup>, seleção direta

#### *Teste de desempenho*

O grupo selecionado para menor sensibilidade microambiental e a linhagem comercial (Tilamax-UEM) diferiram estatisticamente o seu coeficiente de variação em relação ao grupo selecionado para alto sensibilidade microambiental em 18.85% e 14.13%, respectivamente. Não houve diferença estatística no coeficiente de variação entre o grupo selecionado para desempenho e menor sensibilidade microambiental (figura 1).

Figura 2. Coeficiente de variação dos grupos genéticos avaliados no experimento.



### Variabilidade genética

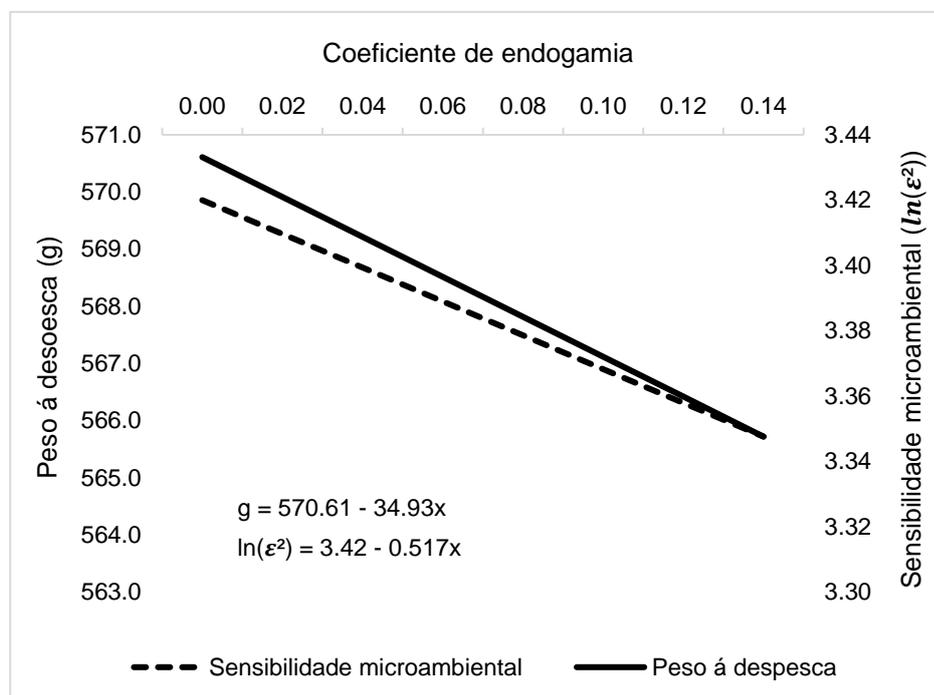
A seleção direta para sensibilidade microambiental reduziu a quantidade de famílias selecionadas em 2.84 vezes, quando comparadas aos selecionados para desempenho, conseqüentemente, resultando no aumento do coeficiente de coancestria em 41% (Tabela 4).

Tabela 4. Impacto da seleção direta na variabilidade genética

Parâmetros	Peso à despesa	Sensibilidade microambiental
Nº indivíduos selecionados	314	314
Nº famílias selecionadas	54	19
Coeficiente de coancestria	0.017	0.024
Coeficiente de coancestria 0	91.90%	90.51%
Coeficiente de coancestria 0.125	3.08%	0.15 %
Coeficiente de coancestria 0.25	4.69%	9.02%
Coeficiente de coancestria 0.50	0.32%	0.32%

A endogamia tem efeito linear negativo no peso à despesca ( $g = 570.61 - 34.93x$ ) e sua sensibilidade microambiente ( $\ln(\epsilon^2) = 3.42 - 0.517x$ ), conforme apresentando na figura 2. O incremento da endogamia tem impacto desfavorável no desempenho, entretanto, favorável para a sensibilidade microambiental.

Figura 2. Estimativas do peso à despesca e sua microssensibilidade ambiental de acordo com os níveis de endogamia.



## Discussão

A estimativa de herdabilidade para sensibilidade microambiental do peso à despesca deste estudo é semelhante as relatadas na literatura para peixes de aquicultura: Tilápia-do-Nilo: 0.029 (Marjanovic *et al.*, 2016); Salmão: 0.036 – 0.060 (Sonesson *et al.*, 2013; Sae-Lim *et al.*, 2017) e Truta: 0.010-0.024 (Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2015). Segundo Janhunen *et al.* (2012), a estimativa de baixa herdabilidade da variação residual está em contraste com a herdabilidade

moderada da característica principal, além de indicar a necessidade de grandes informações de famílias para obter a precisão dos valores genéticos (Lung *et al.*, 2020).

Para comparar a capacidade de seleção da sensibilidade microambiental do peso à despesca, escolheu-se o Coeficiente de Variação Genética Residual -  $GCV_e$ , comumente utilizado nesse tipo de análise genética. O  $GCV_e$  encontrado neste estudo é semelhante ao relatado na literatura para Tilápia-do-Nilo: 0.30-0.58 (Marjanovic *et al.*, 2016; Agha *et al.*, 2018); Salmão: 0.34-0.52 (Sonesson *et al.*, 2013; Sae-Lim *et al.*, 2017); e Truta: 0.19-0.38 (Janhunen *et al.*, 2012; Sae-Lim *et al.*, 2015), indicando substancial existência de variação genética aditiva para a uniformidade de produção. Mesmo com a baixa precisão de seleção relatada, acredita-se que os ganhos genéticos esperados em resposta à seleção para a redução da sensibilidade microambiental sejam moderados (Sae-Lim *et al.*, 2016).

Correlações genéticas favoráveis do peso corporal foram observadas em Truta (Janhunen *et al.*, 2012); Salmão (Sae-Lim *et al.*, 2017) e Tilápia-do-Nilo (Agha *et al.*, 2018). Esse resultado é importante, visto que, melhoria genética do desempenho não torna o peixe mais sensível às perturbações microambientais, conseqüentemente, tornando a produção mais uniforme. Janhunen *et al.* (2012) ao estudar a tendência genética de trutas em 4 gerações para crescimento, observou que a sensibilidade microambiental permaneceu estável ou ligeiramente elevada ao longo do período de seleção, enquanto a média do peso corporal apresentou aumento genético de 6% por geração.

Os resultados de tendência genética descritos por Janhunen *et al.* (2012) corroboram quando se define o peso à despesca como critério de seleção, quando se obtém ganho genético esperado de quase 23% na característica e aumento,

ligeiramente, de 0.29% na sensibilidade microambiental. Contrariamente, quando se define a sensibilidade microambiental como critério de seleção, o ganho genético seria favorável em ambas as características, em média, 6.65%. A relação moderada entre o peso à despesca e sua sensibilidade microambiental facilita a melhoria no desempenho e, simultaneamente, aumenta a uniformidade, se ambos os objetivos forem incorporados a um índice de seleção.

Ao definir a característica sensibilidade microambiental como critério de seleção, houve redução drástica no quantitativo de famílias selecionadas e aumento significativo do coeficiente de coancestria, comparado com a seleção direta para o peso à despesca. Para manter as taxas de endogamia dentro dos limites recomendados (< 1% por geração), minimizando a perda de variação genética em uma população fechada e para evitar a perda de aptidão em um programa de seleção, é necessário selecionar no mínimo de 50 famílias, o que não ocorreria com a definição desse critério de seleção (Frankel and Soule, 1983; Meuwissen, 1997; Bentsen and Olesen, 2002).

A relação da endogamia e a sensibilidade microambiental fica mais evidente quando se observa que o declínio dos valores genéticos preditos dessa característica está relacionado com o aumento dos níveis de endogamia na população. Com o aumento da homozigose dos genes espera-se que a consanguinidade exerça efeito depressor sobre o desempenho, já que os animais com maior homozigose apresentam menor flexibilidade frente às variações do ambiente e, conseqüentemente, são mais frágeis e susceptíveis ao mesmo (Pirchner and F., 1985; Queiroz *et al.*, 2000). Apesar do indicativo de redução do desempenho pela endogamia na população, o mesmo raciocínio não seguiu para

o fenótipo de sensibilidade microambiental, demonstrando que os animais foram mais flexíveis as variações do ambiente.

A definição da sensibilidade microambiental como critério de seleção deve ser avaliada com cautela em programas de melhoramento genético de tilápia. Dependendo da estratégia estabelecida para os acasalamentos, associado ao aumento da consanguinidade e ocorrência dos efeitos da depressão endogâmica no núcleo de seleção, como a redução do valor fenotípico médio, sobrevivência e reprodução nas gerações seguintes, colocaria em risco o programa de melhoramento genético a curto e médio prazo (Falconer and Mackay, 1996; Bentsen and Olesen, 2002; Wang *et al.*, 2002; Fessehaye *et al.*, 2009; Ponzoni *et al.*, 2010).

O coeficiente de variação da característica peso à despesca da população Tilamax-UEM foi em média 39.70% para as quatro gerações estudadas, valor inferior ao relatado para a mesma espécie (linhagem GIFT), que geralmente é 40 a 60% (Ponzoni *et al.*, 2005; Hong *et al.*, 2007; Khaw *et al.*, 2010). O Coeficiente de variação está próximo da população de salmonídeos que varia de 20 a 40% (Gjedrem, 2000), valor que ainda é alto quando comparado a suínos e frangos que estão próximos 10 a 15% (Wolc *et al.*, 2008; Damgaard *et al.*, 2018).

A superioridade do coeficiente de variação do fenótipo peso corporal do grupo selecionado para menor sensibilidade em relação ao grupo genético para maior sensibilidade microambiental verificado no teste de desempenho, demonstra que o genótipo suportou as perturbações ambientais da condição de cultivo para qual foi desafiada. A semelhança da variação do mesmo grupo genético em relação ao grupo selecionado para desempenho (Tilamax-UEM), indica que essa seleção pode gerar uniformidade da produção na mesma

intensidade. Os resultados desta pesquisa corroboram com os encontrados em camundongos selecionados para maior crescimento, que também demonstram a diminuição no coeficiente de variação do fenótipo de peso corporal (Ibáñez-Escriche *et al.*, 2008).

A seleção intensa para a melhoria de determinado fenótipo poderia aumentar a variação fenotípica, pelo aumento da variação residual, ou seja, os genótipos com maior probabilidade de seleção também são os indivíduos que transmite alta variabilidade genética, tornando esses indivíduos mais sensíveis ao seu ambiente (Hill, 1984; Hill and Xu-sheng, 2004; Janhunen *et al.*, 2012). Entretanto, essa mesma seleção intensa pode gerar adaptação na condição de cultivo, consequentemente, tornando o genótipo menos sensível as variações ambientais desse ambiente (Lewontin, 1957; Waddington, 1960; Janhunen *et al.*, 2012).

O modelo de design de programa de melhoramento genético de peixes apresentado por Gjedrem and Baranski (2009) propõe a disseminação do material genético por multiplicadores, em que se utilizam avós para a reprodução. Esse design é o mesmo utilizado pela linhagem Tilamax-UEM e aparentemente o mais eficiente para disseminar ganhos genéticos no desempenho (Yoshida *et al.*, 2021) e agora a uniformidade da produção. Acredita-se que com os manejos adequados durante as fases de criação, a uniformidade pode ser mais eficiente quando se utiliza uma linhagem genética para determinada característica de crescimento, visto que, conseguiu-se evidenciar que a uniformidade de uma linhagem comercial foi semelhante a linhagem selecionada para menor sensibilidade ambiental, sem nenhum tipo de manejo de classificação ou condições ambientais adequadas para a expressão desse genótipo.

## **Agradecimentos**

Esta pesquisa foi financiada em parte pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Os autores agradecem a Universidade Estadual de Maringá pela concessão de bolsa do Programa de Excelência Acadêmica (PROEX) ao primeiro autor.

## **Declaração de interesse**

Os autores declaram não haver conflito de interesse relacionado a este estudo.

## **Declaração de ética**

Todos os procedimentos de manejo dos animais estavam de acordo com as normas éticas e foram aprovados pelo Comitê de Ética Animal da Universidade Estadual de Maringá (protocolo nº CEUA 2816100720).

## **Recursos de software e repositório de dados**

Os dados não foram depositados em nenhum repositório oficial.

## **Referências**

- Agha S, Mekkawy W, Ibanez-Escriche N, Lind CE, Kumar J, Mandal A, Benzie JAH and Doeschl-Wilson A 2018. Breeding for robustness: investigating the genotype-by-environment interaction and micro-environmental sensitivity of Genetically Improved Farmed Tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Animal Genetics* 49, 421–427.
- Akaike H 1974. A new look at the statistical model identification. *Automatic Control*,

IEEE Transactions on.

Andreto AP, Losh JA, Gonçalves GA, Fuzinato MM, Lima DP, Braccini GL, Alexandre-Filho L, Canan C, Peralta RM and Vargas L 2015. Assessment of the oxidative state, related parameters and quality of muscle tissue in Nile tilapia with the application of homeopathic product Homeopatila 100® in high-density cages. *African Journal of Pharmacy and Pharmacology* 9, 279–286.

Bentsen HB and Olesen I 2002. Designing aquaculture mass selection programs to avoid high inbreeding rates. *Aquaculture* 204, 349–359.

Campos EC, Oliveira CAL, Araújo FCT, Todesco H, Souza FN, Rossi RM, Fornari DC and Ribeiro RP 2020. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. *Animal*.

Damgaard LH, Rydhmer L, Løvendahl P and Grandinson K 2018. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling 1. 604–610.

Falconer DS and Mackay TFC 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Introduction to quantitative genetics.

Fessehaye Y, Bovenhuis H, Rezk MA, Crooijmans R, van Arendonk JAM and Komen H 2009. Effects of relatedness and inbreeding on reproductive success of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 294, 180–186.

Frankel OH and Soule ME 1983. Conservation and Evolution. *The Journal of Wildlife Management* 47, 568.

Gjedrem T 2000. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research* 31, 25–33.

- Gjedrem T and Baranski M 2009. Selective Breeding in Aquaculture: An Introduction.
- Hill WG 1984. ON SELECTION AMONG GROUPS WITH HETEROGENEOUS. *Animal Science* 39, 473–477.
- Hill WG and Mulder HA 2010. Genetic analysis of environmental variation. *Genetics Research* 92, 381–395.
- Hill WG and Xu-sheng Z 2004. Effects on phenotypic variability of directional selection arising through genetic differences in residual variability. *Genetics Research* 83, 121–132.
- Hong N, Ling H, Ponzoni RW, Hamzah A and Kamaruzzaman N 2007. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? 1, 38–46.
- Ibáñez-Escriche N, Moreno A, Blanca N, Piqueras P, Salgado C and Gutiérrez JP 2008. Genetic parameters related to environmental variability of weight traits in a selection experiment for weight gain in mice; signs of correlated canalised response. *n. 40*, 279–293.
- lung LH de S, Carvalheiro R, Neves HH de R and Mulder HA 2020. Genetics and genomics of uniformity and resilience in livestock and aquaculture species: A review. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 137, 263–280.
- Janhunen M, Kause A, Vehviläinen H and Järvisalo O 2012. Genetics of microenvironmental sensitivity of body weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) selected for improved growth. *PLoS ONE* 7, 1–8.
- Khaw HL, Ponzoni RW, Hamzah A and Nguyen NH 2010. Genetic Analysis of the

- GIFT Strain ( Nile Tilapia , *Oreochromis niloticus* ) in Malaysia. 2005–2008.
- Lewontin RC 1957. The Adaptations of Populations to Varying Environments. In Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology (ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press), pp. 395–408.
- Marjanovic J, Mulder HA, Khaw HL and Bijma P 2016. Genetic parameters for uniformity of harvest weight and body size traits in the GIFT strain of Nile tilapia. *Genetics Selection Evolution* 48, 1–10.
- Meuwissen TH 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of Animal Science* 75, 934.
- Misztal I, Tsuruta S, Lourenco D, Aguilar I, Legarra A and Vitezica Z 2016. Manual for BLUPF90 family of programs. university of Georgia, Athens, USA, 125.
- Oliveira CAL de, Ribeiro RP, Yoshida GM, Kunita NM and Rizzato GS 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*, 487–493.
- Oliveira CAL de, Yoshida GM, de Oliveira SN, Kunita NM, dos Santos AI, Filho LA and Ribeiro RP 2015. Avaliação genética de tilápias-do-nilo durante cinco anos de seleção. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 50, 871–877.
- Pirchner and F. 1985. Genetic structure of population. 1. Closed populations or matings among related individuals. *General and Quantitative Genetics*.
- Plummer M, Best N, Cowles K and Vines K 2006. CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. *R News*.
- Ponzoni RW, Hamzah A, Tan S and Kamaruzzaman N 2005. Genetic parameters

and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 247, 203–210.

Ponzoni RW, Khaw HL, Nguyen NH and Hamzah A 2010. Inbreeding and effective population size in the Malaysian nucleus of the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture* 302, 42–48.

Queiroz SA, De Albuquerque LG and Lanzoni NA 2000. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia* 29, 1014–1019.

R Development Core Team R 2011. R: A Language and Environment for Statistical Computing.

Sae-Lim P, Gjerde B, Nielsen HM, Mulder H and Kause A 2016. A review of genotype-by-environment interaction and micro-environmental sensitivity in aquaculture species. *Reviews in Aquaculture* 8, 369–393.

Sae-Lim P, Kause A, Janhunen M, Vehviläinen H, Koskinen H, Gjerde B, Lillehammer M and Mulder HA 2015. Genetic (co)variance of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) body weight and its uniformity across production environments. *Genetics Selection Evolution* 47, 1–10.

Sae-Lim P, Kause A, Lillehammer M and Mulder HA 2017. Estimation of breeding values for uniformity of growth in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using pedigree relationships or single-step genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution* 49, 1–12.

SanCristobal-Gaudy M, Elsen J-M, Bodin L and Chevalet C 1998. Prediction of the response to a selection for canalisation of a continuous trait in animal

breeding. *Genetics Selection Evolution* 30, 423.

Sonesson AK, Ødegård J and Rønnegård L 2013. Genetic heterogeneity of within-family variance of body weight in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genetics Selection Evolution* 45, 1–8.

Waddington CH 1960. Experiments on canalizing selection. *Genetics Research* 1, 140–150.

Wang S, Hard JJ and Utter F 2002. Salmonid inbreeding: A review. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 11, 301–319.

Wellmann R 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: The R package optiSel. *BMC Bioinformatics*.

Wolc A, White IMS, Avendano S and Hill WG 2008. Genetic variability in residual variation of body weight and conformation scores in broiler chickens. 1156–1161.

Yoshida GM, Antonio CL de, Campos EC, Todesco H, Araújo FCT, Mahmud H, Aline K, Jailton MSOZ, Júnior SB, Filho LA, Vargas L and Ribeiro RP 2021. 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*, 1–9.

## INSTRUCTIONS FOR AUTHORS

### AQUACULTURE

#### GUIDE FOR AUTHORS

##### Queries

For questions about the editorial process (including the status of manuscripts under review) or for technical support on submissions, please visit our [Support Center](#).

##### Peer review

This journal operates a single anonymized review process. All contributions will be initially assessed by the editor for suitability for the journal. Papers deemed suitable are then typically sent to a minimum of two independent expert reviewers to assess the scientific quality of the paper. The Editor is responsible for the final decision regarding acceptance or rejection of articles. The Editor's decision is final. Editors are not involved in decisions about papers which they have written themselves or have been written by family members or colleagues or which relate to products or services in which the editor has an interest. Any such submission is subject to all of the journal's usual procedures, with peer review handled independently of the relevant editor and their research groups. [More information on types of peer review](#).

##### *Use of word processing software*

It is important that the file be saved in the native format of the word processor used. The text should be in single-column format. Keep the layout of the text as simple as possible. Most formatting codes will be removed and replaced on processing the article. In particular, do not use the word processor's options to justify text or to hyphenate words. However, do use bold face, italics, subscripts, superscripts etc. When preparing tables, if you are using a table grid, use only one grid for each individual table and not a grid for each row. If no grid is used, use tabs, not spaces, to align columns. The electronic text should be prepared in a way very similar to that of conventional manuscripts (see also the [Guide to Publishing with Elsevier](#)). Note that source files of figures, tables and text graphics will be required whether or not you embed your figures in the text. See also the section on Electronic artwork. To avoid unnecessary errors you are strongly advised to use the 'spell-check' and 'grammar-check' functions of your word processor.

##### *LaTeX*

You are recommended to use the Elsevier article class [elsarticle.cls](#) to prepare

your manuscript and [BibTeX](#) to generate your bibliography. Our [LaTeX site](#) has detailed submission instructions, templates and other information.

## **Article structure**

### ***Subdivision - numbered sections***

Divide your article into clearly defined and numbered sections. Subsections should be numbered 1.1 (then 1.1.1, 1.1.2, ...), 1.2, etc. (the abstract is not included in section numbering). Use this numbering also for internal cross-referencing: do not just refer to 'the text'. Any subsection may be given a brief heading. Each heading should appear on its own separate line.

### ***Introduction***

State the objectives of the work and provide an adequate background, avoiding a detailed literature survey or a summary of the results.

### ***Material and methods***

Provide sufficient details to allow the work to be reproduced by an independent researcher. Methods that are already published should be summarized, and indicated by a reference. If quoting directly from a previously published method, use quotation marks and also cite the source. Any modifications to existing methods should also be described.

### ***Theory/calculation***

A Theory section should extend, not repeat, the background to the article already dealt with in the Introduction and lay the foundation for further work. In contrast, a Calculation section represents a practical development from a theoretical basis.

### ***Results***

Results should be clear and concise.

### ***Discussion***

This should explore the significance of the results of the work, not repeat them. A combined Results and Discussion section is often appropriate. Avoid extensive citations and discussion of published literature.

### ***Conclusions***

The main conclusions of the study may be presented in a short Conclusions section, which may stand alone or form a subsection of a Discussion or Results and Discussion section.

### ***Appendices***

If there is more than one appendix, they should be identified as A, B, etc. Formulae and equations in appendices should be given separate numbering: Eq. (A.1), Eq. (A.2), etc.; in a subsequent appendix, Eq. (B.1) and so on. Similarly for tables and figures: Table A.1; Fig. A.1, etc.

## Essential title page information

- **Title.** Concise and informative. Titles are often used in information-retrieval systems. Avoid abbreviations and formulae where possible.
- **Numbering.** Manuscripts that are sequentially numbered (e.g., I, II, etc.) are no longer accepted.
- **Author names and affiliations.** Please clearly indicate the given name(s) and family name(s) of each author and check that all names are accurately spelled. You can add your name between parentheses in your own script behind the English transliteration. Present the authors' affiliation addresses (where the actual work was done) below the names. Indicate all affiliations with a lower-case superscript letter immediately after the author's name and in front of the appropriate address. Provide the full postal address of each affiliation, including the country name and, if available, the e-mail address of each author.
- **Corresponding author.** Clearly indicate who will handle correspondence at all stages of refereeing and publication, also post-publication. **This responsibility includes answering any future queries about Methodology and Materials. Ensure that phone numbers (with country and area code) are provided in addition to the e-mail address and that contact details are kept up to date by the corresponding author.**
- **Present/permanent address.** If an author has moved since the work described in the article was done, or was visiting at the time, a 'Present address' (or 'Permanent address') may be indicated as a footnote to that author's name. The address at which the author actually did the work must be retained as the main, affiliation address. Superscript Arabic numerals are used for such footnotes.

## Highlights

Highlights are optional yet highly encouraged for this journal, as they increase the discoverability of your article via search engines. They consist of a short collection of bullet points that capture the novel results of your research as well as new methods that were used during the study (if any). Please have a look at the examples here: [example Highlights](#).

Highlights should be submitted in a separate editable file in the online submission system. Please use 'Highlights' in the file name and include 3 to 5 bullet points (maximum 85 characters, including spaces, per bullet point).

## Abstract

A concise and factual abstract is required. The abstract should state briefly the purpose of the research, the principal results and major conclusions. An abstract is often presented separately from the article, so it must be able to stand alone. For this reason, References should be avoided, but if essential, then cite the author(s) and year(s). Also, non-standard or uncommon abbreviations should be avoided, but if essential they must be defined at their first mention in the abstract itself.

The abstract should be not longer than 400 words.

## **Keywords**

Immediately after the abstract, provide a maximum of 4-6 keywords, using American spelling and avoiding general and plural terms and multiple concepts (avoid, for example, "and", "of"). Be sparing with abbreviations: only abbreviations firmly established in the field may be eligible. These keywords will be used for indexing purposes.

## **Highlights of the manuscript**

As part of the submission process, authors are required to provide 3 or 4 highlights, each one sentence long. Beyond stating key discoveries, these highlights must explicitly establish why the work is novel and why it has an application to aquaculture. It is not sufficient to state that the species is one that is farmed.

## **Cover letter**

A cover letter stating why you would like to submit to Aquaculture should be uploaded. Please complete and upload the Cover letter. The required template can be downloaded [here](#).

## ***Abbreviations***

Define abbreviations that are not standard in this field in a footnote to be placed on the first page of the article. Such abbreviations that are unavoidable in the abstract must be defined at their first mention there, as well as in the footnote. Ensure consistency of abbreviations throughout the article.

## ***Acknowledgements***

Collate acknowledgements in a separate section at the end of the article before the references and do not, therefore, include them on the title page, as a footnote to the title or otherwise. List here those individuals who provided help during the research (e.g., providing language help, writing assistance or proof reading the article, etc.).

## ***Formatting of funding sources***

List funding sources in this standard way to facilitate compliance to funder's requirements:

Funding: This work was supported by the National Institutes of Health [grant numbers xxxx, yyyy]; the Bill & Melinda Gates Foundation, Seattle, WA [grant number zzzz]; and the United States Institutes of Peace [grant number aaaa].

It is not necessary to include detailed descriptions on the program or type of grants and awards. When funding is from a block grant or other resources available to a university, college, or other research institution, submit the name of the institute or organization that provided the funding.

If no funding has been provided for the research, it is recommended to include the following sentence:

This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

### ***Nomenclature and units***

Follow internationally accepted rules and conventions: use the international system of units (SI). If other quantities are mentioned, give their equivalent in SI. You are urged to consult [IUPAC: Nomenclature of Organic Chemistry](#) for further information.

1. Authors and editors are, by general agreement, obliged to accept the rules governing biological nomenclature, as laid down in the International Code of Botanical Nomenclature, the International Code of Nomenclature of Bacteria, and the International Code of Zoological Nomenclature.
2. All biota (crops, plants, insects, birds, mammals, etc.) should be identified by their scientific names when the English term is first used, with the exception of common domestic animals.
3. All biocides and other organic compounds must be identified by their Geneva names when first used in the text. Active ingredients of all formulations should be likewise identified.
4. For chemical nomenclature, the conventions of the International Union of Pure and Applied Chemistry and the official recommendations of the IUPAC IUB Combined Commission on Biochemical Nomenclature should be followed.

DNA sequences and GenBank Accession numbers. Many Elsevier journals cite "gene accession numbers" in their running text and footnotes. Gene accession numbers refer to genes or DNA sequences about which further information can be found in the databases at the National Center for Biotechnical Information (NCBI) at the National Library of Medicine. Authors are encouraged to check accession numbers used very carefully. **An error in a letter or number can result in a dead link.** Note that in the final version of the electronic copy, the accession number text will be linked to the appropriate source in the NCBI databases enabling readers to go directly to that source from the article.

Example 1: "GenBank accession nos. **AI631510**, **AI631511**, **AI632198**, and **BF223228**, a B-cell tumor from a chronic lymphatic leukemia (GenBank accession no. BE675048), and a T-cell lymphoma (GenBank accession no. **AA361117**)".

Authors are encouraged to check accession numbers used very carefully. An error in a letter or number can result in a dead link.

In the final version of the printed article, the accession number text will not appear bold or underlined (see Example 2 below).

Example 2: "GenBank accession nos. AI631510, AI631511, AI632198, and BF223228), a B-cell tumor from a chronic lymphatic leukemia (GenBank

accession no. BE675048), and a T-cell lymphoma (GenBank accession no. AA361117)".

In the final version of the electronic copy, the accession number text will be linked to the appropriate source in the NCBI databases enabling readers to go directly to that source from the article (see Example 3 below).

Example 3: "GenBank accession nos. AI631510, AI631511, AI632198, and BF223228), a B-cell tumor from a chronic lymphatic leukemia (GenBank accession no. BE675048), and a T-cell lymphoma (GenBank accession no. AA361117)".

### ***Math formulae***

Please submit math equations as editable text and not as images. Present simple formulae in line with normal text where possible and use the solidus (/) instead of a horizontal line for small fractional terms, e.g., X/Y. In principle, variables are to be presented in italics. Powers of e are often more conveniently denoted by exp. Number consecutively any equations that have to be displayed separately from the text (if referred to explicitly in the text).

Give the meaning of all symbols immediately after the equation in which they are first used. In chemical formulae, valence of ions should be given as, e.g. Ca<sup>2+</sup> and not Ca<sup>++</sup>. Isotope numbers should precede the symbols, e.g., <sup>18</sup>O. The repeated writing of chemical formulae in the text is to be avoided where reasonably possible; instead, the name of the compound should be given in full. Exceptions may be made in the case of a very long name occurring very frequently or in the case of a compound being described as the end product of a gravimetric determination (e.g., phosphate as P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>).

### ***Footnotes***

Footnotes should be used sparingly. Number them consecutively throughout the article. Many word processors can build footnotes into the text, and this feature may be used. Otherwise, please indicate the position of footnotes in the text and list the footnotes themselves separately at the end of the article. Do not include footnotes in the Reference list.

### ***Artwork***

#### ***Electronic artwork***

##### *General points*

- Make sure you use uniform lettering and sizing of your original artwork.
- Embed the used fonts if the application provides that option.
- Aim to use the following fonts in your illustrations: Arial, Courier, Times New Roman, Symbol, or use fonts that look similar.
- Number the illustrations according to their sequence in the text.
- Use a logical naming convention for your artwork files.
- Provide captions to illustrations separately.

- Size the illustrations close to the desired dimensions of the published version.
- Submit each illustration as a separate file.
- Ensure that color images are accessible to all, including those with impaired color vision.

A detailed [guide on electronic artwork](#) is available. **You are urged to visit this site; some excerpts from the detailed information are given here.**

### *Formats*

If your electronic artwork is created in a Microsoft Office application (Word, PowerPoint, Excel) then please supply 'as is' in the native document format. Regardless of the application used other than Microsoft Office, when your electronic artwork is finalized, please 'Save as' or convert the images to one of the following formats (note the resolution requirements for line drawings, halftones, and line/halftone combinations given below):  
 EPS (or PDF): Vector drawings, embed all used fonts.  
 TIFF (or JPEG): Color or grayscale photographs (halftones), keep to a minimum of 300 dpi.  
 TIFF (or JPEG): Bitmapped (pure black & white pixels) line drawings, keep to a minimum of 1000 dpi.  
 TIFF (or JPEG): Combinations bitmapped line/half-tone (color or grayscale), keep to a minimum of 500 dpi.

**Please do not:**

- Supply files that are optimized for screen use (e.g., GIF, BMP, PICT, WPG); these typically have a low number of pixels and limited set of colors;
- Supply files that are too low in resolution;
- Submit graphics that are disproportionately large for the content.

### *Color artwork*

Please make sure that artwork files are in an acceptable format (TIFF (or JPEG), EPS (or PDF), or MS Office files) and with the correct resolution. If, together with your accepted article, you submit usable color figures then Elsevier will ensure, at no additional charge, that these figures will appear in color online (e.g., ScienceDirect and other sites) regardless of whether or not these illustrations are reproduced in color in the printed version. **For color reproduction in print, you will receive information regarding the costs from Elsevier after receipt of your accepted article.** Please indicate your preference for color: in print or online only. [Further information on the preparation of electronic artwork.](#)

### *Figure captions*

Ensure that each illustration has a caption. Supply captions separately, not attached to the figure. A caption should comprise a brief title (**not** on the figure itself) and a description of the illustration. Keep text in the illustrations themselves to a minimum but explain all symbols and abbreviations used.

### *Text graphics*

Text graphics may be embedded in the text at the appropriate position. See further under Electronic artwork.

## **Tables**

Please submit tables as editable text and not as images. Tables can be placed either next to the relevant text in the article, or on separate page(s) at the end. Number tables consecutively in accordance with their appearance in the text and place any table notes below the table body. Be sparing in the use of tables and ensure that the data presented in them do not duplicate results described elsewhere in the article. Please avoid using vertical rules and shading in table cells.

## **References**

### ***Citation in text***

Please ensure that every reference cited in the text is also present in the reference list (and vice versa). Any references cited in the abstract must be given in full. Unpublished results and personal communications are not recommended in the reference list, but may be mentioned in the text. If these references are included in the reference list they should follow the standard reference style of the journal and should include a substitution of the publication date with either 'Unpublished results' or 'Personal communication'. Citation of a reference as 'in press' implies that the item has been accepted for publication.

### ***Reference links***

Increased discoverability of research and high quality peer review are ensured by online links to the sources cited. In order to allow us to create links to abstracting and indexing services, such as Scopus, Crossref and PubMed, please ensure that data provided in the references are correct. Please note that incorrect surnames, journal/book titles, publication year and pagination may prevent link creation. When copying references, please be careful as they may already contain errors. Use of the DOI is highly encouraged.

A DOI is guaranteed never to change, so you can use it as a permanent link to any electronic article. An example of a citation using DOI for an article not yet in an issue is: VanDecar J.C., Russo R.M., James D.E., Ambeh W.B., Franke M. (2003). Aseismic continuation of the Lesser Antilles slab beneath northeastern Venezuela. *Journal of Geophysical Research*, <https://doi.org/10.1029/2001JB000884>. Please note the format of such citations should be in the same style as all other references in the paper.

### ***Web references***

As a minimum, the full URL should be given and the date when the reference was last accessed. Any further information, if known (DOI, author names, dates, reference to a source publication, etc.), should also be given. Web references

can be listed separately (e.g., after the reference list) under a different heading if desired, or can be included in the reference list.

### ***Data references***

This journal encourages you to cite underlying or relevant datasets in your manuscript by citing them in your text and including a data reference in your Reference List. Data references should include the following elements: author name(s), dataset title, data repository, version (where available), year, and global persistent identifier. Add [dataset] immediately before the reference so we can properly identify it as a data reference. The [dataset] identifier will not appear in your published article.

### ***Preprint references***

Where a preprint has subsequently become available as a peer-reviewed publication, the formal publication should be used as the reference. If there are preprints that are central to your work or that cover crucial developments in the topic, but are not yet formally published, these may be referenced. Preprints should be clearly marked as such, for example by including the word preprint, or the name of the preprint server, as part of the reference. The preprint DOI should also be provided.

### ***References in a special issue***

Please ensure that the words 'this issue' are added to any references in the list (and any citations in the text) to other articles in the same Special Issue.

### ***Reference management software***

Most Elsevier journals have their reference template available in many of the most popular reference management software products. These include all products that support Citation Style Language styles, such as Mendeley. Using citation plug-ins from these products, authors only need to select the appropriate journal template when preparing their article, after which citations and bibliographies will be automatically formatted in the journal's style. If no template is yet available for this journal, please follow the format of the sample references and citations as shown in this Guide. If you use reference management software, please ensure that you remove all field codes before submitting the electronic manuscript. [More information on how to remove field codes from different reference management software.](#)

### ***Reference formatting***

There are no strict requirements on reference formatting at submission. References can be in any style or format as long as the style is consistent. Where applicable, author(s) name(s), journal title/book title, chapter title/article title, year of publication, volume number/book chapter and the article number or pagination must be present. Use of DOI is highly encouraged. The reference style used by the journal will be applied to the accepted article by Elsevier at the proof stage.

Note that missing data will be highlighted at proof stage for the author to correct. If you do wish to format the references yourself they should be arranged according to the following examples:

### **Reference style**

*Text:* All citations in the text should refer to:  
 1. *Single author:* the author's name (without initials, unless there is ambiguity) and the year of publication;  
 2. *Two authors:* both authors' names and the year of publication;  
 3. *Three or more authors:* first author's name followed by 'et al.' and the year of publication.

Citations may be made directly (or parenthetically). Groups of references can be listed either first alphabetically, then chronologically, or vice versa. Examples: 'as demonstrated (Allan, 2000a, 2000b, 1999; Allan and Jones, 1999)... Or, as demonstrated (Jones, 1999; Allan, 2000)... Kramer et al. (2010) have recently shown ...'

*List:* References should be arranged first alphabetically and then further sorted chronologically if necessary. More than one reference from the same author(s) in the same year must be identified by the letters 'a', 'b', 'c', etc., placed after the year of publication.

#### *Examples:*

Reference to a journal publication:  
 Van der Geer, J., Hanraads, J.A.J., Lupton, R.A., 2010. The art of writing a scientific article. *J. Sci. Commun.* 163, 51–59.  
<https://doi.org/10.1016/j.Sc.2010.00372>.

Reference to a journal publication with an article number:  
 Van der Geer, J., Hanraads, J.A.J., Lupton, R.A., 2018. The art of writing a scientific article. *Heliyon.* 19, e00205.  
<https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2018.e00205>.

Reference to a book:  
 Strunk Jr., W., White, E.B., 2000. *The Elements of Style*, fourth ed. Longman, New York.

Reference to a chapter in an edited book:  
 Mettam, G.R., Adams, L.B., 2009. How to prepare an electronic version of your article, in: Jones, B.S., Smith, R.Z. (Eds.), *Introduction to the Electronic Age*. E-Publishing Inc., New York, pp. 281–304.

Reference to a website:  
 Cancer Research UK, 1975. Cancer statistics reports for the UK. <http://www.cancerresearchuk.org/aboutcancer/statistics/cancerstatsreport/> (accessed 13 March 2003).

Reference to a dataset:  
 [dataset] Oguro, M., Imahiro, S., Saito, S., Nakashizuka, T., 2015. Mortality data for Japanese oak wilt disease and surrounding forest compositions. *Mendeley Data*, v1. <https://doi.org/10.17632/xwj98nb39r.1>.

Reference to software:  
 Coon, E., Berndt, M., Jan, A., Svyatsky, D., Atchley, A., Kikinon, E., Harp, D., Manzini, G., Shelef, E., Lipnikov, K., Garimella, R., Xu, C., Moulton, D., Karra, S., Painter, S., Jafarov, E., & Molins, S., 2020. *Advanced Terrestrial Simulator (ATS) v0.88 (Version 0.88)*. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3727209>.

## **Journal Abbreviations Source**

Define abbreviations that are not standard in this field at their first occurrence in the article: in the abstract but also in the main text after it. Ensure consistency of abbreviations throughout the article.

## **Video**

Elsevier accepts video material and animation sequences to support and enhance your scientific research. Authors who have video or animation files that they wish to submit with their article are strongly encouraged to include links to these within the body of the article. This can be done in the same way as a figure or table by referring to the video or animation content and noting in the body text where it should be placed. All submitted files should be properly labeled so that they directly relate to the video file's content. In order to ensure that your video or animation material is directly usable, please provide the file in one of our recommended file formats with a preferred maximum size of 150 MB per file, 1 GB in total. Video and animation files supplied will be published online in the electronic version of your article in Elsevier Web products, including [ScienceDirect](#). Please supply 'stills' with your files: you can choose any frame from the video or animation or make a separate image. These will be used instead of standard icons and will personalize the link to your video data. For more detailed instructions please visit our [video instruction pages](#). Note: since video and animation cannot be embedded in the print version of the journal, please provide text for both the electronic and the print version for the portions of the article that refer to this content.

## **Data visualization**

Include interactive data visualizations in your publication and let your readers interact and engage more closely with your research. Follow the instructions [here](#) to find out about available data visualization options and how to include them with your article.

## **Supplementary**

## **material**

Supplementary material such as applications, images and sound clips, can be published with your article to enhance it. Submitted supplementary items are published exactly as they are received (Excel or PowerPoint files will appear as such online). Please submit your material together with the article and supply a concise, descriptive caption for each supplementary file. If you wish to make changes to supplementary material during any stage of the process, please make sure to provide an updated file. Do not annotate any corrections on a previous version. Please switch off the 'Track Changes' option in Microsoft Office files as these will appear in the published version.

## **Research data**

This journal requires and enables you to share data that supports your research publication where appropriate, and enables you to interlink the data with your

published articles. Research data refers to the results of observations or experimentation that validate research findings. To facilitate reproducibility and data reuse, this journal also encourages you to share your software, code, models, algorithms, protocols, methods and other useful materials related to the project.

Below are a number of ways in which you can associate data with your article or make a statement about the availability of your data when submitting your manuscript. When sharing data in one of these ways, you are expected to cite the data in your manuscript and reference list. Please refer to the "References" section for more information about data citation. For more information on depositing, sharing and using research data and other relevant research materials, visit the [research data page](#).

### ***Data linking***

If you have made your research data available in a data repository, you can link your article directly to the dataset. Elsevier collaborates with a number of repositories to link articles on ScienceDirect with relevant repositories, giving readers access to underlying data that gives them a better understanding of the research described.

There are different ways to link your datasets to your article. When available, you can directly link your dataset to your article by providing the relevant information in the submission system. For more information, visit the [database linking page](#).

For [supported data repositories](#) a repository banner will automatically appear next to your published article on ScienceDirect.

In addition, you can link to relevant data or entities through identifiers within the text of your manuscript, using the following format: Database: xxxx (e.g., TAIR: AT1G01020; CCDC: 734053; PDB: 1XFN).

### **Research Elements**

This journal enables you to publish research objects related to your original research – such as data, methods, protocols, software and hardware – as an additional paper in Research Elements.

Research Elements is a suite of peer-reviewed, open access journals which make your research objects findable, accessible and reusable. Articles place research objects into context by providing detailed descriptions of objects and their application, and linking to the associated original research articles. Research Elements articles can be prepared by you, or by one of your collaborators.

During submission, you will be alerted to the opportunity to prepare and submit a Research Elements article.

More information can be found on the [Research Elements page](#).

***Data statement***

To foster transparency, we require you to state the availability of your data in your submission if your data is unavailable to access or unsuitable to post. This may also be a requirement of your funding body or institution. You will have the opportunity to provide a data statement during the submission process. The statement will appear with your published article on ScienceDirect. For more information, visit the [Data Statement page](#).