

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ

CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO VIVO E
MODELAGEM ESTATÍSTICA PARA SELEÇÃO GENÉTICA
EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*)**

Autora: Sheila Nogueira de Oliveira

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro

Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira

MARINGÁ

Estado do Paraná

Outubro – 2013

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ

CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO VIVO E
MODELAGEM ESTATÍSTICA PARA SELEÇÃO GENÉTICA
EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*)**

Autora: Sheila Nogueira de Oliveira

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro

Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira

**“Tese apresentada como parte das
exigências para obtenção do Título
de DOUTORA em ZOOTECNIA,
no Programa de Pós-Graduação
em Zootecnia da Universidade
Estadual de Maringá – Área de
Concentração: Produção Animal.”**

MARINGÁ

Estado do Paraná

Outubro – 2013

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

O48i Oliveira, Sheila Nogueira de
Interação genótipo x ambiente para peso vivo e modelagem estatística para seleção genética em tilápias do nilo (*Oreochromis niloticus*) / Sheila Nogueira de Oliveira. -- Maringá, 2013.
87 f. : il., tabs.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro.
Coorientador: 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, 2013.

1. Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) - Melhoramento genético. 2. Tilápia (*Oreochromis niloticus*) - Interação genótipo-ambiente. 3. Tilápia do Nilo - Linhagem GIFT. 4. Modelagem de dados - Genética quantitativa animal. 5. Inferência Bayesiana. I. Ribeiro, Ricardo Pereira, orient. II. Oliveira, Carlos Antonio Lopes de, coorient. III. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. IV. Título.

CDD 21.ed. 639.3774

MN-001385

“Ele nos libertou do império das trevas e nos transportou para o Reino do Filho do seu Amor, no qual temos a redenção, a remissão dos pecados. Este é a imagem do Deus invisível, o primogênito de toda a criação, pois, Nele foram criadas todas as coisas, nos céus e sobre a terra, as visíveis e as invisíveis, sejam tronos, sejam soberanias, quer principados, quer potestades. Tudo foi criado por meio Dele e para Ele. Ele É antes de todas as coisas. Nele tudo subsiste.”

Carta do Espírito Santo, através do apóstolo Paulo.

Colossenses 1:13-17

À Deus, criador,

À Jesus Cristo, redentor,

Ao Espírito Santo, consolador,

Pois sem Ele, nada sou.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Eterno e Único Deus.

À minha família, em especial meu esposo Júlio Cesar Vieira e minha doce e amada filha Bruna Oliveira Vieira.

Aos professores Dr. Ricardo Pereira Ribeiro e Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira pelos incentivos, orientação, dedicação, ensinamentos, amizade e confiança.

Aos verdadeiros amigos. Aos que me ajudaram de forma especial, fazem parte desta conquista: Nelson Maurício Lopera-Barrero, Jayme Povh, Danilo Streit, Darci Fornari, Luiz Alexandre Filho, Alexandra Inês dos Santos, Daniela Andressa Lino, Robson Rossi, Elias Nunes Martins, Aline Mayra Oliveira, Maria Del Pilar Rodriguez-Rodriguez.

À Universidade Estadual de Maringá pela oportunidade de um ensino gratuito, de qualidade e por possibilitar a realização deste trabalho, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – PPZ/UEM.

Ao CNPq pelo apoio, incentivo, confiança e investimento, através da bolsa.

À EMBRAPA pela parceria e apoio, em especial a Emiko Kawakami de Resende.

Ao Grupo de pesquisa PeixeGen, em especial a equipe da Piscicultura da Universidade Estadual de Maringá, Geraldo, Vitor e Cleiton.

A todos que de alguma maneira contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA DO AUTOR

Sheila Nogueira de Oliveira, filha de Haroldo Nogueira de Oliveira e Edine Fernando de Oliveira, nasceu na cidade de Laranjeiras do Sul, Paraná, no dia 02 de Abril de 1982. Em março de 2003, iniciou o Curso de Graduação em Informática, na Universidade Estadual de Maringá. Entretanto em janeiro de 2004 foi aprovada no vestibular para o Curso de Zootecnia, na mesma Universidade. Em março de 2004, iniciou o Curso de Graduação em Zootecnia, na Universidade Estadual de Maringá, realizando pesquisas na área de aqüicultura, pelo programa PIC sob orientação do Prof. Dr. Ricardo Pereira Ribeiro e sendo bolsista do grupo PET (Programa de Educação Tutorial)/Zootecnia sob orientação primeiramente do tutor Professor Doutor Ulysses Cecato e posteriormente do tutor Professor Doutor Carlos Eduardo Furtado.

No mês de novembro de 2008, submeteu-se à banca examinadora para defesa do Trabalho de Graduação em Zootecnia. Ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia em março de 2010. No dia 10 de março de 2011 obteve o título de Mestre em Produção Animal.

Em março de 2011, ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia, em nível de doutorado, área de concentração: Produção Animal, Universidade Estadual de Maringá, sob a orientação do Professor Doutor Ricardo Pereira Ribeiro e coorientação do Professor Doutor Carlos Antonio Lopes de Oliveira.

Em setembro de 2013 se submeteu a banca para qualificação da tese de doutorado.

Conteúdo

RESUMO.....	5
ABSTRACT	7
1. INTRODUÇÃO GERAL	9
1.1. Panorama Nacional.....	10
1.2. Tilápia	11
1.3. Melhoramento Genético de Peixes	12
1.4. Interação Genótipo x Ambiente.....	15
1.5. Estimação dos Parâmetros Genéticos	16
1.6. Modelos Estatísticos.....	18
LITERATURA CITADA.....	20
2. OBJETIVOS GERAIS	27
3. ARTIGO 1.....	28
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO VIVO EM TILÁPIAS DO NILO (<i>Oreochromis niloticus</i>) VARIEDADE GIFT	28
RESUMO	28
ABSTRACT	30
INTRODUÇÃO	31

MATERIAL E MÉTODOS	34
RESULTADOS E DISCUSSÕES	41
CONCLUSÃO	57
LITERATURA CITADA.....	58
4. ARTIGO 2.....	64
MODELAGEM ESTATÍSTICA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA PARA DESCREVER O GANHO EM PESO MÉDIO DIÁRIO EM TILÁPIAS (<i>Oreochromis niloticus</i>) variedade GIFT	64
RESUMO	64
ABSTRACT.....	66
INTRODUÇÃO	67
MATERIAL E MÉTODOS	71
RESULTADOS E DISCUSSÕES	75
CONCLUSÃO	81
LITERATURA CITADA.....	82

LISTA DE TABELAS

Artigo1. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO VIVO EM TILÁPIAS DO NILO (<i>Oreochromis niloticus</i>) VARIEDADE GIFT.....	28
Tabela 1. Descrição da média e desvio padrão para o peso vivo (PV - gramas) e idade (dias) por região experimental:.....	41
Tabela 2. Estimativas dos componentes das variâncias, para a característica, peso vivo (g), com respectivos intervalos de credibilidade (ICr) e região de alta densidade (HPD), obtidas nas análises unicaracterísticas:.....	43
Tabela 3. Estimativas da herdabilidade (h^2), da participação do ambiente comum de larvicultura (c^2) e ambiente comum de alevinagem (w^2) na variação fenotípica obtidas nas análises unicaracterísticas:	46
Tabela 4. Estimativas dos componentes de (co)variância genética ($\sigma_a^2; cov_a$) e correlações genética, fenotípica e residual ($r_a; r_y$), com respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, obtidos por meio de análises e bicaracterísticas:	48
Tabela 5. Estimativas da herdabilidade (h^2), da participação do ambiente comum de larvicultura (c^2), ambiente comum de alevinagem (w^2), na variação fenotípica, obtidas através de análise bicaráter:.....	51
Tabela 6. Correlação de Spearman acima da diagonal e de Pearson abaixo da diagonal, obtidos em análise unicaracterística:	53

Tabela 7. Classificação dos animais que apresentaram altos valores genéticos para peso vivo (g) de 1-10, valores genéticos intermediários de 11-20 e baixos valores genéticos 21-30, em análise unicaracterística:..... 53

Tabela 8. Ganho direto (gramas/geração de seleção) na diagonal principal e ganho indireto (gramas/geração de seleção) acima e abaixo da diagonal principal:..... 55

Tabela 9. Percentagem da participação do ganho indireto no ganho direto, considerando as três diferentes regiões:..... 57

Artigo2. MODELAGEM ESTATÍSTICA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA PARA DESCREVER O GANHO EM PESO MÉDIO DIÁRIO EM TILÁPIAS (Oreochromis niloticus) variedade GIFT
.....64

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância (σ^2) e covariância para efeito genético aditivo (σ_a^2), efeito genético materno (σ_m^2), efeito de ambiente comum de larvicultura (σ_c^2), efeito de ambiente comum de alevinagem (σ_w^2), efeito residual (σ_e^2) e fenotípico (σ_w^2)...... 75

Tabela 2. Estimativas para herdabilidade (h^2) e das participações dos efeito genético materno (m^2), efeito de ambiente comum de larvicultura (c^2) e de ambiente comum de alevinagem (w^2)...... 78

Tabela 3. Estimativas para DIC, logaritmo da densidade marginal para o Fator de Bayes e número de cadeias necessárias para atingir a convergência: 80

RESUMO

O presente trabalho avaliou a existência da interação genótipo x ambiente, para o peso vivo em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*), variedade GIFT, entre três cidades de diferentes regiões no Estado do Paraná. O conjunto de dados foi composto por 1.132 animais, machos e fêmeas, nascidos entre novembro de 2011 e fevereiro de 2012. As análises foram realizadas por meio de Inferência Bayesiana, considerando um modelo animal, que incluiu efeitos fixos de sexo, linear e quadrático da covariável idade do peixe (em dias), além dos efeitos considerados aleatórios, sendo os genéticos aditivos e de ambientes comum de larvicultura e alevinagem, em que o peso vivo foi tratado como uma característica diferente, em cada uma das regiões. Os resultados de herdabilidade foram considerados altos para as análises unicaracterísticas, sendo de 0,71; 0,72 e 0,67 para as cidades de Palotina (PL), Floriano (FL) e Diamante do Norte (DN), respectivamente. Os resultados para herdabilidade nas análises bicaracterísticas apresentaram valores similares. As correlações genéticas estimadas nas análises bicarater foram consideradas baixas, valores de 0,12 entre PL-FL, 0,06 para PL-DN e 0,23 para FL-DM. Os valores de correlação de Spearman apresentaram-se baixos, indicando mudança de ranking na seleção dos animais nos diferentes ambientes em estudo. Verificou-se heterogeneidade de variância fenotípica entre as três regiões e heterogeneidade de variância residual entre Palotina e Diamante do Norte. O ganho genético direto foi maior para a região de DN com valor de 281,35 g de ganho em peso vivo/geração, seguido por FL (198,24 g/geração) e PL (98,73 g/geração). Os ganhos genéticos indiretos variaram de 7,77 g/geração entre DN e PL a 74,66 g/geração entre FL e DN. Foram utilizados oito modelos estatísticos para verificar o que melhor

descreve o ganho em peso médio diário (GPD), de forma a realizar a melhor seleção genética nos animais submetidos ao programa de melhoramento genético de tilápias (*Oreochromis niloticus*), variedade GIFT, sendo que o conjunto de dados era composto por informações de 2.615 animais, proveniente da quarta geração de seleção (G4). As análises realizadas consideraram o modelo animal, que incluiu efeitos fixos de sexo, linear e quadrático da covariável idade do peixe, em dias, além dos efeitos genéticos aditivos. Os modelos foram modificados de forma a incluir ou não efeito genético materno e de ambientes comum de larvicultura e alevinagem. Os resultados de herdabilidade foram considerados médios para a maioria dos modelos, $M2=0,24$, $M4=0,23$, $M5=0,28$, $M6=0,30$, $M7=0,33$ e $M8=0,36$ e altos para os modelos $M1=0,83$ e $M3=0,79$. O critério *Informação da Deviance Bayesiana* (DIC), que informa qual é o modelo mais ajustado, mediante o menor valor obtido, sendo que o que mais se ajustou aos dados foi o M1 (DIC= -282,59) e o menos ajustado foi o M4 (DIC=1754,57). O critério log da densidade marginal para Fator de Bayes, outro critério para análise de ajuste de modelo, concordou com o DIC para o menor valor em que $M1=585,29$ e o maior valor apresentado neste critério foi para o $M5=1.837,37$.

ABSTRACT

This study evaluated the existence of genotype x environment interaction for body weight in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*), GIFT range between three cities in different regions in the Paraná state. The data set consisted of 1,132 animals, males and females, born between November 2011 and February 2012. Analyses were performed using Bayesian inference, considering an animal model that included fixed effects of sex, linear and quadratic covariate of fish age (in days), in addition to the effects considered random, and the additive genetic and common environment hatchery (c) and nursery (w) , where the weight was treated as a different trait in each of the regions. The results of heritability were high for univariate models, being 0.71 , 0.72 and 0.67 for the cities of Palotina (PL) , Floriano (FL) and Diamante do Norte (DN) , respectively , the results of heritability for the two-trait analyzes showed similar values. Genetic correlations estimated in bivariate analyzes were weak with values between 0.12 PL-FL, 0.06 for PL- DN and 0.23 for FL-DM. The Spearman correlation values were low, indicating change in ranking in the animals selection in different environments under study. There was heterogeneity of phenotypic variance between the three regions and heterogeneity of residual variance between PL and DN. The direct genetic gain was greater for DN region with the value of 281.35 g of weight gain per generation, followed by FL with 198.24 g per generation and finally PL with 98.73 g per generation. The indirect genetic gains ranged from 7.77 g per generation between DN and PL to 74.66 g per generation between FL and DN. Eight statistical models were used to check what best describes the average daily weight gain (ADG), in order to make the best selection in animals subjected to genetic breeding program of tilapia (*Oreochromis niloticus*), variety GIFT, and the data set consisted of information from

2,615 animals, from the fourth generation of selection (G4) . The analyzes considered the animal model that included fixed effects of sex, linear and quadratic covariate of fish age, in days, in addition to additive genetic effects. The models were modified to include or not maternal genetic effect (m) and common hatchery environments (c) and nursery (w) . The results of heritability were considered the average for most models, M2 = 0.24, M4 = 0.23, M5 = 0.28, = 0.30 M6, M7 and M8 = 0.33 = 0.36 and high for models M1 = M3 = 0.83 and 0.79 . The Bayesian deviance information criterion (DIC) was lower for M1 (DIC = -282.59) and higher for M4 (DIC = 1754.57) . The criterion of log marginal density for Bayes factor agreed with the DIC to the lowest value at which M1 = 585.29 and the highest value presented for this criterion was for M5 = 1837.37 .

1. INTRODUÇÃO GERAL

A demanda por alimentos está correlacionada de maneira positiva com o crescimento populacional. A Organização das Nações Unidas – ONU (2011) projetou que em 2050 a população mundial será de 9,3 bilhões de pessoas, significando um crescimento de 33% em 39 anos, com taxa média anual de 0,84%. O incremento na demanda por alimentos em níveis mundiais certamente duplicará com o aumento da população e o crescimento econômico dos países em desenvolvimento.

Os países produtores de alimentos serão beneficiados neste contexto. Segundo a Organização Mundial de Comércio – OMC (2011), o Brasil é o terceiro maior exportador mundial agrícola, depois da União Europeia e Estados Unidos. Tais projeções no aumento da demanda de alimentos gera um estímulo para a produção nacional, tanto para atender o mercado interno quanto para exportações, acarretando uma pressão na procura por produtos de qualidade, causando um futuro promissor para o mercado de alimentos.

Dentre os diversos setores de produção de alimentos, a aquicultura mundial vem de forma crescente contribuindo com a oferta de alimentos, com proteína animal de qualidade. A produção mundial de pescado (tanto da pesca extrativista quanto da aquicultura) foi de aproximadamente 168 milhões de toneladas em 2010, representando um incremento de aproximadamente 3% em relação a 2009 (Ministério da Pesca e Aquicultura – MPA, 2012). O Brasil neste contexto contribuiu com 1.264.765,0 toneladas em 2009, representando 0,75% da produção mundial sendo classificado em 19º lugar no ranking da produção mundial em 2010. Considerando apenas os países da América do Sul, o Brasil aparece em terceiro lugar, depois do Peru, que aparece em

primeiro lugar com 4,4 milhões de toneladas produzidas, seguido do Chile com 3,8 milhões de toneladas aproximadamente (MPA, 2012).

O Brasil possui grande potencial para produção de peixes, possuidor de um território com extensões continentais e contém 12% da água doce existente no mundo, oferece ambiente privilegiado e favorável para o cultivo de espécies aquícolas. No ano de 2011, obteve produção de aproximadamente 628.704,3 toneladas, considerando a aquicultura marinha e continental, sendo que a maior parcela de produção corresponde ao continente (544.490,0 t). Segundo o MPA (2012), estes resultados refletem um crescimento de 38,1% em relação ao ano de 2010. Deste cenário produtivo, o Sul do país obteve a maior produção com 153.674,5 toneladas, respondendo por 28,2% da produção nacional, onde o Paraná foi o mais produtivo com 73.831,1 t., seguido de Santa Catarina 53.641,8 t. e Rio Grande do Sul 26.201,5 t..

1.1. Panorama Nacional

Dentro do panorama nacional de aquicultura continental, as espécies mais cultivadas são a tilápia e o tambaqui (somadas representam 67% da produção), Tambacu, Carpa e Pacu (somadas representam 20,1% da produção). A espécie que merece destaque é a tilápia, sendo a mais produzida com 253.824,1t em 2011 (MPA, 2012). Dados anteriores já apresentavam a tilápia ocupando a primeira colocação na produção brasileira de peixes. O Ibama (2009) verificou que esta espécie produziu 95.091 toneladas, representando 43,7% da produção brasileira já em 2007.

1.2. Tilápia

As tilápias são peixes com comprovada importância econômica para a aquicultura, depois das carpas, a espécie *Oreochromis niloticus*, conhecida como tilápia do Nilo, é a espécie mais comum no mundo (Eknath et al., 1993; Bentesen et al., 1998) e no Brasil (Proença e Bittencourt, 1994), sendo que no ano de 2007, encontrava-se presente em 23 dos 27 Estados, demonstrando a capacidade adaptativa destes animais e seu potencial para o cultivo (Lopera-Barrero et al., 2011).

A primeira variedade de tilápia chegou em território brasileiro, em 1971, na cidade de Pentecostes no Estado do Ceará. Conhecida como Bouaké, vinda da Costa do Marfim, era composta por 60 exemplares importados por técnicos do DNOCS (Departamento Nacional de Obras Contra as Secas), com intuito de melhorar a produção por área (Castagnolli, 1992; Beyruth et al., 2004). A variedade conhecida como Chitralada, chegou ao Brasil no ano de 1996, quando 20.800 animais foram adquiridos por produtores do Paraná (Zimmermann, 1999). *O. niloticus* é um peixe que possui características de grande interesse zootécnico, com rápido crescimento, mesmo em sistemas intensivos, rusticidade, grande adaptabilidade, carne magra, com 2,1% de gordura, saborosa, sem espinhos intramusculares, com grande aceitação pelos consumidores.

Nos anos de 2002 e 2005, foram introduzidas duas variedades resultantes de programas de melhoramento, a tilápia GenoMar Supreme (GST), produzida por uma empresa Norueguesa – Genomar e introduzida no Brasil pela piscicultura Aquabel na cidade de Rolândia - PR e a tilápia GIFT (Genetically Improved Farmed Tilápia) - originária da Malásia, desenvolvida inicialmente pelo ICLARM (International Center

for Living Aquatic Resources Management), atual WorldFish Center. A variedade GIFT foi desenvolvida a partir de 20 anos de seleção, onde foram envolvidas quatro linhagens silvestres de tilápias capturadas entre os anos de 1988-1989 no Egito, Gana, Quênia e Senegal, e quatro linhagens confinadas, introduzidas nas Filipinas de 1979 a 1984, de Israel, Singapura, Tailândia e Taiwan (Bentsen, et al., 1998) e introduzida no Brasil pela Universidade Estadual de Maringá, em Maringá – PR, Brasil. A origem das linhagens GST e GIFT é a mesma, porém a partir de 1999 o desenvolvimento destas duas linhagens ocorreu de forma independente, sendo que a tilápia proveniente da empresa Genomar ficou conhecida definitivamente por GST, e a tilápia proveniente da Worldfish Center como GIFT (Zimmermann, 2003).

1.3. Melhoramento Genético de Peixes

No exemplo das espécies de animais terrestres (bovinos, suínos, aves), bem como o exemplo da agricultura, como a soja e o milho, que apresenta grande avanço na viabilidade e produtividade, é observada quanta tecnologia está incorporada para a obtenção do produto final, e a genética representa um ponto fundamental para alcançar tais objetivos. O melhoramento genético pode impulsionar o desenvolvimento de uma atividade pecuária, pois as mudanças geradas permitem avançar em termos produtivos (Ponzoni et al., 2005).

A piscicultura está desafiada a produzir de maneira mais eficiente, melhorando as taxas de crescimento e eficiência de conversão alimentar, oferecendo maior controle da reprodução e produção de animais geneticamente adaptados aos ambientes naturais de criação. Diante deste cenário, de acordo com Lopera-Barrero (2007), “a genética nos últimos anos vem proporcionando uma revolução técnica e acadêmica na piscicultura,

onde o monitoramento de populações naturais e de estoques mantidos em cativeiro mostra-se importante para conseguir ganhos expressivos na produção. Este procedimento é justificado em função da perda de variabilidade genética que ocorre no processo de estocagem dos animais que pode levar a alterações alélicas, podendo desencadear o aparecimento de endogamia e redução da adaptabilidade das espécies em ambientes naturais”.

Programas de melhoramento genético em peixes têm sido realizados desde a década de 70 do século passado, inicialmente com salmões e trutas (Gall & Cross, 1978; Gjerde & Gjedrem, 1984; Gjeren & Bentsen, 1997; Kinghorn, 1983; Refstie, 1980), obtendo resultados, em termos de ganho genético, similares aos de culturas tradicionais. Por exemplo, a variedade melhorada de salmão norueguês teve uma produção aumentada em mais de 60% e redução do custo médio de produção em mais de 65% de 1985 a 1995 e também aumento na produção de espécies tropicais como a tilápia e a carpa (Bentsen et al., 1998; Eknath et al., 1993; Eknath & Acosta, 1998; ICLARM, 2001; Ponzoni et al., 2007).

Atualmente, quase todo o plantel de tilápia cultivada comercialmente sofre por falta de seleção adequada, resultando em intensa consanguinidade com a utilização de poucos indivíduos que compõem o plantel de reprodutores, conseqüentemente causando queda na taxa de crescimento, falta de padronização do produto como, por exemplo, peso e tamanho do filé, sendo possível existir populações comerciais com desempenho pior que populações selvagens.

No Brasil, antes do ano de 2005, não havia nenhum programa de melhoramento genético de peixes estruturado, que utilizasse métodos quantitativos consolidados, com

controle individual de pedigree e avaliação genética por BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) (Santos, 2009). A inexistência deste tipo de ação caracteriza um sistema de produção de peixes, baseado no uso de espécies e linhagens não melhoradas, ou melhoradas por seleção massal (através do fenótipo) e sem discriminação de acasalamentos endogâmico que pode levar ao uso de animais com potencial produtivo menor ou igual aos animais disponíveis no ambiente natural (Ponzoni, 2006).

Os resultados obtidos com programas de melhoramento genético em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) são incentivadores, visto que a taxa de crescimento pode ser de 15% por geração desde que, em programas bem conduzidos (Ponzoni, et al., 2005). A escolha da espécie para implantar o programa, depende de domínio de técnicas de produção e reprodução, de adequação às condições específicas de produção, do ambiente e da demanda do mercado consumidor. Atender estes itens significa que a espécie possui potencial para a implantação e estruturação de uma cadeia produtiva e o estabelecimento de um programa de melhoramento genético (Ponzoni, 2006).

Segundo Santos (2009), “Escolher a espécie e selecionar os melhores animais para que estes sejam pais da próxima geração, permite melhorar e ou fixar alguma característica de importância, sendo que o critério de seleção é o processo de mensuração de uma característica ou de um conjunto delas, onde será realizada a escolha dos indivíduos, em tilápias a seleção vem sendo feita quase que exclusivamente sobre características de crescimento, como o ganho em peso e em peso corporal a despesca”.

Tal processo de selecionar os animais causa alteração nas frequências gênicas e, conseqüentemente, altera os parâmetros genéticos da população que ao longo das

gerações de seleção podem acarretar em heterogeneidade de variância e de covariância. Ignorar a heterocedasticidade em diferentes populações, diferentes famílias, diferentes linhagens, diferentes regiões, diferentes níveis de manejo e produção podem resultar num processo de avaliação genética e de seleção equivocados e ineficazes, resultando na escolha de animais que gerarão menor ganho genético, quando utilizados em programas de melhoramento genético animal (Winkelman & Schaeffer, 1988).

1.4. Interação Genótipo x Ambiente

O estudo da interação genótipo x ambiente é importante, pois pode provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, que resultam em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, dependendo do ambiente, onde genótipos considerados superiores em uma região podem não ser os mesmos em outras, visto que o genótipo e o ambiente podem interagir de diversas formas com variáveis respostas influenciando o fenótipo do animal. Desconsiderar tal interação pode acarretar o desconhecimento na alteração que pode ser causada no ranking dos animais selecionados em diferentes ambientes (Stanton et al., 1991; Costa et al., 2000; Cerón-Muñoz et al., 2004), tornando a seleção ineficiente e viesada, não alcançando as metas em ganho genético desejadas.

Em outros países já foram realizados trabalhos com este tipo de avaliação utilizando tilápias. Na Malásia, o desempenho GIFT foi avaliado em tanque de terra escavado e tanques-rede (Ponzoni, et al., 2008) e nas Filipinas em sete diferentes ambientes, constituindo diferentes regiões agroclimáticas e sistemas de produção (Eknath et al., 2007).

Neste íterim, verifica-se a grande importância da estimação dos componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos, pois estas informações são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento, para se proceder a seleção dos melhores indivíduos. Várias metodologias são propostas para este intuito, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente.

1.5. Estimação dos Parâmetros Genéticos

A estimação dos parâmetros genéticos deve ser realizada de forma adequada e eficiente para permitir prever o valor genético dos animais e a identificação dos animais superiores geneticamente. Diferenças genéticas da população, do ambiente, do tipo de análise e da forma em que serão estimados os componentes de (co)variância, podem interferir na análise, causando nos resultados, variações significativas.

A Inferência Bayesiana é de grande relevância na comunidade científica envolvida com a aplicação de métodos estatísticos no melhoramento genético animal, pois se trata de uma metodologia versátil na resolução de problemas nunca antes solucionados utilizando outros métodos, permite análise descritiva completa para cada parâmetro. Segundo Nogueira et al.(2003), é uma ferramenta de grande potencial, pois leva em conta a incerteza existente sobre todos os parâmetros do modelo, além de possibilitar a inclusão de informações passadas, através do uso de distribuições “a priori” informativas, uma vez que combinando a verossimilhança (informação dos dados) com “as prioris”, pelo teorema de Bayes, se obtém a distribuição “a posteriori” conjunta de todos os parâmetros.

Análises estatísticas, utilizando enfoque Bayesiano, ocorreram a partir de 1970, apesar de Jeffreys (1939) ter sido pioneiro nestes estudos, foi em meados de 1980 que a metodologia Bayesiana se apresenta como alternativa aos métodos Frequentista, até então utilizados (Rossi, 2011). O uso de métodos de simulação de Monte Carlo, como é o Amostrador de Gibbs (Gibbs Sampler - GS) baseados nas cadeias de Markov (MCMC – Markov Chain Monte Carlo), tem contribuído para o sucesso da Inferência Bayesiana, em que a dificuldade que era encontrada para se obter as distribuições marginais de interesse (Gelfand et al., 1990), que segundo Gianola & Fernando (1986), era impossível obter a distribuição marginal do parâmetro de interesse fazendo uso de métodos analíticos ou de integração numérica. Entretanto, com o aumento tecnológico e com os recursos computacionais que foram se aprimorando, estes problemas foram reduzindo. Já com o Gibbs Sampler, a integração analítica completa é possível tornando aplicável à Inferência Bayesiana no melhoramento genético animal (Magnobosco, 1997).

Quando se utiliza modelos muito complexos para processar as interações das Cadeias de Markov à distribuição de equilíbrio, pela correlação entre os valores das amostras geradas, é necessário adotar alguns procedimentos a fim de evitar execução de interações além das necessárias, como os testes de diagnóstico, tais como Heidelberg & Welch (1983), Gelman & Rubin (1992), Geweke (1992) e Raftery & Lewis (1992) e a utilização da monitoração da convergência das cadeias por meio de análise gráfica.

O programa MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Model) (Van Tassell & Van Vleck, 1995) é um conjunto de rotinas em linguagem Fortran, que se utiliza em processos de amostragem de Gibbs, em modelos animais por meio de

Inferência Bayesiana, para estimar as médias e as distribuições posteriores dos componentes de (co)variância, efeitos fixos, aleatórios e contraste em modelo unicaráter e multicaráter, podendo utilizar dados perdidos e usar efeitos fixos e covariáveis separados para cada característica. Além disto, é possível investigar a existência de heterogeneidade de variância com o uso de modelo multicaracterística, tomando a característica que se encontra em análise, como diferente característica, em cada classe de heterogeneidade de variância. Assim, o indivíduo é considerado possuidor da informação apenas para a característica dentro da classe a que ele pertence, apresentando nas demais classes como dados perdidos.

1.6. Modelos Estatísticos

Em se tratando de eficiência e eficácia, estimar os parâmetros genéticos, é extremamente importante a escolha do modelo para proceder tais estimativas. Um modelo busca representar de forma simplificada a realidade, procura descrever alguns aspectos de interesse, ignorando outros, ou seja, para considerar ou não efeitos em modelos de análise genética, testes devem ser realizados de forma a qualificar e quantificar tal influência.

Segundo Misztal (2008), os modelos devem conter os efeitos que são realmente importantes, aqueles cuja ausência causa importantes mudanças em parâmetros de interesse nas análises e não necessariamente porque são estatisticamente significativos.

Portanto, o objetivo de se modelar estatisticamente a ocorrência de um fenômeno é o de conseguir compreender melhor a ocorrência de um fenômeno em estudo, bem como poder prever a forma de sua ocorrência. A Inferência Bayesiana oferece

flexibilidade quanto aos diversos modelos de análise existentes, permitindo o ajuste de modelos de grande complexidade, fornecendo informações dos fenômenos alvo de estudo (como exemplo: ganho em peso, conversão alimentar, rendimento de filé). A busca pelo modelo mais parcimonioso, aquele que envolve o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e que explique bem o comportamento da variável é indispensável na tomada de decisão, em se proceder a escolha dos melhores animais.

LITERATURA CITADA

BENTSEN,H.B.;EKNATH,A.E.;PALADA-DE-VERA,M.S. et al. Genetic improvement of farmed tilápias: growth performance in a complete diallyl cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*,n.160,p. 145-173, 1998.

BEYRUTH,Z.;MAINARDES-PINTO,C.S.R.;FUSCO,S.M. et al. Utilização de alimentos naturais por *Oreochromis niloticus* em tanques de terra com arraçoamento. *Boletim do Instituto de Pesca*,n.30, p. 9-24, 2004.

CASTAGNOLLI, N. Criação de peixes de água doce. Jaboticabal: FUNEP. 1992.189p

CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Variance heterogeneity for Milk yield in Brazilian and Colombian Holstein herds. *Livestock Research for Rural Development*, v.16, n.4, p.1-8, 2004.

COSTA,R.B.; RESENDE,M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES,P.S.; HIGA, A.R. Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. *Genetic and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.23, n.3, p. 671-679, 2000.

EKNATH, A.E.,TAYAMEN,M.M.;PALADA-DE-VERA,M.S. et al. Genetic improvement of farmed tilápias: the growth performance og eigth strains of *Oreochomis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture*, n.111, p.171-188,1993.

EKNATH, A.E.; BENTSEN H.B.; PONZONI,R.W.; RYE, M. NGUYEN,N.H.; THODESEN, J.; GJERDE, B.Genetic improvement of farmed tilápias: Composition

and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture* 273: 1-14, 2007.

EKNATH, A.E.;ACOSTA, B., Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) Project: Final Report, march 1998 to december 1997. International Center for living aquatic resources management, 1998. Makati City, Philippines.

FAO. Fishery Statistical Detabases (Fishstat Plus, atualizado em março/2011). Disponível em: <HTTP://www.fao.org/fishery/statistics/programme/3,1,1>. 2011.

GALL, G.A.E.;GROSS, S.J.Genetic studies of growth in domesticated rainbow trout. *Aquaculture*, 13:225-234, 1978.

GELFAND, A.E., HILLS, S.E.;RACINE-POON, A., SMITH, A.F.M. Illustration of bayesian inference in normal data models using Gibbs Sampling. *Journal of the American Statistical Association*. 85:972-985, 1990.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. "Inference from Iterative Simulation using Multiple Sequences". *Statistical Science*, 7, p. 457–511, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER,J.O.; DAWID,A.P.; SMITH,A.F.M.(Ed.) *Bayesian Statistic 4*. Oxford: University Press, P.625-631, 1992.

GIANOLA, D.;FERNANDO,R.L.Bayesian methods in animal breeding theory. *Journal of Animal Science* 63:217-244, 1986.

GJEDREM, T. Selective breeding to improve aquaculture production World. Aquaculture, v.28, p. 33-45, 1997.

GJERDE, B.;GJEDREM,T. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. Aquaculture, 36:97-110, 1984.

GJEREN, H.M.;BENTSEN, H.B., Past, present and future of genetic improvement in salmon aquaculture. Journal of Marine Science, 54:1009-1014, 1997.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.

IBAMA, 2009. Estatística da Pesca 2007 Brasil:grandes regiões e unidades de Federação. Disponível em: HTTP://www.ibama.gov.br/recursos-pesqueiros/wp-content/files/estatistica_2007.pdf

ICLARM – Genetic improvement of carp species in Asia: Final report, Asian development bank regional technical assistance n°. 5711, WorldFish Center, Penang, Malaysia, 2001.

JEFFREYS,H. Theory of probability. 3 ed. Oxford: Clarington Press.,1939.

KINGHORN, B.P.A review of quantitative genetics in fish breeding. Aquaculture, 31:283-304, 1983.

LOPERA-BARRERO, N.M.. Diversidade Genética de Brycon orbignyanus em sistema reprodutivo seminatural, s.n., 92p., 2007. (tese doutorado)

LOPERA-BARRERO, N.M.;RIBEIRO,R.P.;SIROL,R.N. et al.Variabilidad genética de lotes de *Brycon orbignyana* utilizados em programas de repoblamiento: manejo y conservación.Acta Biológica Colombiana, n.13,p. 107-118, 2008.

LOPERA-BARRERO, N.M.; RIBEIRO, R.P.; POVH, J.A.; VARGAS, L.D.; POVEDA-PARRA,A.R. Produção de organismos aquáticos: uma visão no Brasil e no mundo. Guaíba, RS: Agrolivros, 320p. 2011.

MAGNOBOSCO,C.D.U. Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem de Gibbs. Tese de doutorado – Faculdade de medicina veterinária, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto. 89f. 1997.

MISZTAL,I. BLUPF90 family of programs. 2008. Available at: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Accessed on: 10 May 2011.

MPA – Ministério de Pesca e Aquicultura. Boletim Estatística da Pesca e Aquicultura 2012. Disponível em: <HTTP://www.mpa.gov.br>, 2010.

CERÓN-MUÑOZ, M.F.; TONHATI, H.; COSTA, C.N. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. Journal of Dairy Science, v.87, p.2687-2692, 2004.

NOGUEIRA, D.A.;SÁFADI, T.;BEARZOTI, E.;BUENO FILHO,J.S.S.Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. Ciência Agrotec. Lavras. Edição especial, p. 1614-1624, dez.,2003.

OLIVEIRA, C.A.L.; RESENDE, K.E.; LEGAT, A.P.; RIBEIRO, R.P., 2010. Melhoramento genético de peixes no Brasil, situação atual e perspectivas. XX Congresso Brasileiro de Zootecnia, Zootec , p. 237-249.

ONU – Organização das Nações Unidas. Boletim 2011/3. Disponível em: http://www.un.org/esa/population/publications/technicalpapers/TP2011-3_SevenBillionandGrowing.pdf

OMC – Organização Mundial do Comércio. Disponível em: <http://www.wto.org/>: Setembro de 2013.

PONZONI, R.W.;HAMZAH,A.;TAN,S. et al. Genetic parameters and response for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Aquaculture, n.247, p.203-210, 2005.

PONZONI, R.W.;NGUYEN, H.N.;KHAW, H.L. Importance and implementation of simple and advanced selective breeding programs for aquaculture species in developing countries. In Proc.: 8th World Congress on Genetics applied to livestock production, Belo Horizonte,Brazil.Webaccess at HTTP://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/9_683-1814.pdf. 2006.

PONZONI,R.W.,NGUYEN,N.H. KHAW, H.L. Economic appraisal of genetic improvement programs in carps: Na example in common carp, *Cyprinus carpio*, WorldFish Center, Penang, Malaysia, 2007.

PONZONI, R.W.;NGUYEN,H.N.;KHAW,H.L. et al. Genetic improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) – present and future. In: The eighth international

symposium on Tilapia in Aquaculture. Proceedings.. Cairo, Egypt. Vol. 1,p.33-52, 2008.

PROENÇA, C. E. M.; BITTENCOURT, P. R. L. Manual de piscicultura tropical. Brasília: Ibama, 1994. 196 p.

RAFTERY, A.E.; LEWIS S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO J.M.; BERGER J.O.; DAWID A.P. et al. (Eds.) Bayesian statistics 4. Oxford: Oxford University Press, p.763-773, 1992.

REFSTIE, T. Genetic and environmental sources of variation of body weight and length of rainbow trout fingerlings. *Aquaculture*, 19:351-357, 1980.

ROSSI, R.M. Introdução aos métodos bayesianos na análise de dados zootécnicos com uso do WinBUGS e R, p.191. Eduem, 2011.

SANTOS, A.I. Interação genótipo-ambiente e estimativas de parâmetros genéticos em Tilapias (*Oreochromis niloticus*), 85p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Programa de Pós-Graduação em Zootecnia/Universidade Estadual de Maringá, 2009.

SANTOS, A.I.; RIBEIRO, R.P.; VARGAS,L.; MORA,F.; FILHO,A.L.; FORNARI, D.C.; OLIVEIRA, S.N. Bayesian genetic parameters for body weight and survival of Nile tilapia farmed in Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.46, n.1, p.33-43, jan.2011.

STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. *Journal of Dairy Science*, v.74, p.1700-1714, 1991.

VAN TASSEL, C.P.;VAN VLECK, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of Fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT) Lincon: Departamento f Agriculture/Agricultural Research Service, 1995.

WINKELMAN, A.;SCHAEFFER, L.R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. J. Dairy Sci. 71(11):3033-3039, 1988.

ZIMMERMANN,S. Incubação artificial: técnica permite a produção de tilápias do Nilo geneticamente superiores. Panorama da Aquicultura,n.9, p.15-21,1999.

2. OBJETIVOS GERAIS

O objetivo do trabalho foi verificar a existência de interação genótipo x ambiente, avaliando a característica peso vivo (gramas), em *Oreochromis niloticus*, cultivada em tanques rede e viveiros escavados, em três diferentes regiões no Estado do Paraná, Brasil, por meio de Inferência Bayesiana.

Estimar o melhor modelo para descrever os parâmetros genéticos, de forma a oferecer melhor acurácia no processo de seleção dos indivíduos portadores de genótipos superiores para a característica de produção utilizada como critério de seleção: ganho em peso médio diário.

3. ARTIGO 1.

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA PESO VIVO EM TILÁPIAS DO NILO (*Oreochromis niloticus*) VARIEDADE GIFT

RESUMO

No presente trabalho avaliou-se a existência da interação genótipo x ambiente, para o peso vivo em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*), variedade GIFT, entre três cidades de diferentes regiões no Estado do Paraná, Brasil. O conjunto de dados foi composto por 1.132 animais, machos e fêmeas, nascidos entre novembro de 2011 e fevereiro de 2012. As análises foram realizadas por meio da Inferência Bayesiana, considerando um modelo animal, que incluiu efeitos fixos de sexo, linear e quadrático da covariável idade do peixe, em dias, além dos efeitos considerados aleatórios, sendo eles: os genéticos aditivos e de ambientes comum de larvicultura e alevinagem, onde o peso vivo foi tratado como uma característica diferente, em cada uma das regiões. Os resultados de herdabilidade foram considerados altos para análise unicaracterística, sendo de 0,71, 0,72 e 0,67 para as cidades de Palotina (PL), Florianópolis (FL) e Diamante do Norte (DN), respectivamente. Nas análises bicaracterísticas os resultados foram similares com valores entre 0,73 e 0,66. As correlações genéticas estimadas nas análises bicarater foram baixas com valores de 0,12 entre PL-FL, 0,06 para PL-DN e 0,23 para FL-DN. Os valores de correlação de Spearman apresentaram-se baixos, sendo inferiores a 0,30, indicando mudança de ranking na seleção dos animais nos diferentes ambientes em estudo. Verificou-se heterogeneidade de variância fenotípica entre as três regiões e heterogeneidade de variância residual entre PL e DN. O ganho genético direto foi maior

para a região de DN com valor de 281,35 g/geração, seguido por FL com 198,24 g/geração e finalmente PL com 98,74 g/geração. Os ganhos genéticos indiretos encontrados foram inferiores a 0,37 e acima de 0,02 g/geração. Os resultados indicam ocorrência de interação genótipo x ambiente.

Palavras-chave: peixe, ganho genético, peso, herdabilidade, correlação genética.

ABSTRACT

In this paper the existence of genotype x environment interaction for the average daily weight in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*), GIFT variety, between three cities in different regions in the state of Paraná. The data set consisted of 1,132 animals, males and females, born between November 2011 and February 2012. The analyzes used Bayesian inference, considering animal model that included the effects of sex and linear and quadratic covariate of age of the fish, in days, in addition to the effects considered random, and the additives genetic and common environments for hatchery (c) and nurseries (w), where the average daily weight was treated as a different characteristic in each of the regions. The results of heritability were high for analysis single-trait, being 0.71, 0.72 and 0.67 for the cities of Palotina (PL), Floriano (FL) and Diamante do Norte (DN), respectively, the results for heritability in the two-trait analyzes showed similar values. Genetic correlations estimated in bivariate analyzes were weak with values between 0.12 PL-FL, 0.06 for PL-DM and 0.23 for FL-DM. The Spearman correlation values were low, indicating change in ranking in the animals selection in different environments under study. There was heterogeneity of phenotypic variance between the three regions and heterogeneity of residual variance between PL and DN. The direct genetic gain was greater for the DN region with value gain of 198.24 g per generation, followed by FL with 98.73 g per generation and finally PL with 98.73 g per generation. The indirect genetic gains were lower than 0.37 and above 0.02 g per generation.

Keywords: fish, genetic gain, weight, heritability, genetic correlation.

INTRODUÇÃO

A projeção populacional mundial da ONU (2011) para o ano de 2050 é de 9,3 bilhões de pessoas, o que significa um crescimento de 33% em 39 anos, com taxa média anual de 0,84%. Somado ao aumento da população e o incremento na demanda de alimentos mundial, o crescimento econômico dos países em desenvolvimento poderá duplicar estas estimativas.

Neste contexto, a aquicultura mundial vem de forma crescente contribuindo com a oferta de alimentos, com proteína animal de qualidade. A produção aquícola originária de águas continentais, no Brasil, vem crescendo de forma significativa, de 2010 (394.340,0 ton. produzidas) para 2011 (544.490,0 ton.) o incremento foi de aproximadamente 38%. Este crescimento pode estar relacionado ao desenvolvimento no setor aquícola, que por sua vez, aconteceu pelas ampliações nas políticas públicas que facilitaram o acesso aos programas governamentais (MPA, 2012). A região Sul do país merece destaque, sendo que do total produzido em 2011 em 544.490 ton. (aquicultura continental), o Sul responde por 28,2%, tendo o Estado do Paraná como maior produtor (73.831,1 ton.), seguido de Santa Catarina (53.641,8 ton.) e Rio Grande do Sul (26.021,5 ton.), (MPA, 2012).

No Brasil, as espécies mais cultivadas em 2011 foram a tilápia e o tambaqui, que somadas representam 67% da produção nacional (MPA,2012). As tilápias são peixes extremamente importantes para a aquicultura, depois das carpas, a espécie *Oreochromis niloticus*, conhecida como tilápia do Nilo, é uma espécie cultivada há muito tempo no mundo (Eknath et al.,1993; Bentesen et al., 1998) e no Brasil (Proença e Bittencourt, 1994), sendo que, no ano de 2007, encontrava-se presente em 23 dos 27 Estados

brasileiros, demonstrando a capacidade adaptativa destes animais e seu potencial para o cultivo.

Mesmo com o potencial de produção, a tilápia cultivada comercialmente, até a alguns anos atrás, não recebia seleção adequada em seu plantel, que utilizasse métodos quantitativos consolidados que levam consideração informações individuais e a genealogia dos animais candidatos à seleção, fato que pode resultar em intensa consanguinidade com a utilização de poucos indivíduos na população de reprodutores, causando queda na taxa de crescimento, falta de padronização do produto e falta de qualidade.

Em 2005, uma parceria formada entre a Universidade Estadual de Maringá, Paraná, e um órgão não governamental, na Malásia, WorldFish Center, foi possível importar aproximadamente 600 animais (*O. niloticus* – GIFT), melhorados, resultantes de 20 anos de seleção (Bentsen, et al., 1998). Tal acontecimento deu início ao programa de melhoramento genético de tilápias no Estado do Paraná, Brasil, como descrito por Oliveira (2011).

Resultados animadores estão sendo obtidos com programas de melhoramento genético de peixes, especialmente, em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*) com taxa de crescimento chegando a 15% de ganho por geração de seleção em programas bem conduzidos (Ponzoni, et al., 2005). Entretanto, para atingir os ganhos desejados, o primeiro passo e o de maior importância é a escolha da espécie para implantar o programa. Esta escolha depende de alguns pré-requisitos, como domínio de técnicas de produção e reprodução, de adequação às condições específicas de produção, do

ambiente e da demanda do mercado consumidor, pré-requisitos que, no caso da espécie tilápia, são atendidos.

Para realizar a seleção dos animais geneticamente superiores é necessário conhecer os parâmetros genéticos e os componentes de (co)variâncias da característica que a ser melhorada. Segundo Resende (2007), estimativas de componentes de variância são essenciais em pelo menos três aplicações: (i) conhecimento do controle genético dos caracteres visando ao delineamento de eficientes estratégias de melhoramento; (ii) predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção; (iii) determinação do tamanho de amostra e forma de amostragem adequada para a estimação precisa de parâmetros genéticos e para a maximização da acurácia seletiva.

Sabendo que o fenótipo final é a característica que se pode observar, e que esta característica sofre não apenas influências genéticas, mas também influências ambientais (clima, qualidade de água, qualidade e quantidade de ração, manejo,...), bem como da interação das duas, ou seja, genéticas e ambientais, verifica-se a importância de estudos de interação genótipo x ambiente, em um país de grande extensão territorial com diversidade em clima e sistemas de cultivo para tilápias, e que, quando se considera a existência de uma série de ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação dos mesmos (Cruz, 1997).

Trabalhos de interação genótipo x ambiente já foram realizados no Brasil, com tilápias melhoradas como trata o trabalho de Santos (2009) e em outros países como na Malásia, que o desempenho de tilápias GIFT foi avaliado em tanque de terra escavado e

tanques-rede (Ponzoni, et al., 2008) e nas Filipinas em sete diferentes ambientes, constituindo diferentes regiões agroclimáticas e sistemas de produção (Eknath et al., 2007).

O estudo da interação genótipo x ambiente é importante, visto que esta interação pode provocar alterações nas variações genéticas, fenotípicas e ambientais, que resulta em mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, dependendo do ambiente, onde genótipos considerados superiores em uma região podem não ser os mesmos em outras, pois o genótipo e o ambiente podem interagir de diversas formas com variáveis respostas influenciando o fenótipo do animal. Desconsiderar tal interação pode acarretar o desconhecimento na alteração que pode ser causada no ranking dos animais selecionados em diferentes ambientes (Stanton et al., 1991; Costa et al., 2000; Cerón-Muñoz et al., 2004), tornando a seleção ineficiente e viesada, não alcançando as metas desejadas em ganho genético.

Desta maneira, o presente estudo propõe avaliar a existência de interação genótipo x ambiente para a característica peso vivo de tilápias avaliadas em três diferentes regiões do Paraná por meio de Inferência Bayesiana.

MATERIAL E MÉTODOS

As informações referentes aos 1.132 animais (machos e fêmeas) que compunham o banco de dados foram obtidas do Programa de Melhoramento Genético de Tilápias da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil. Este grupo de peixes pertencia à quinta geração (G5) melhorada geneticamente.

Para a coleta dos dados, acompanhou-se o experimento na piscicultura da Universidade (UEM), desde o início da estação reprodutiva dos animais da quarta geração (G4) melhorada (pais da G5). A proporção utilizada para os acasalamentos foi de um macho para duas fêmeas. Semanalmente, realizou-se o monitoramento de machos e fêmeas, reprodutores, para detecção de sinais ideais para o acasalamento: machos com papila genital intumescida e evidente, fêmeas com orifício genital avermelhado, intumescido e com ventre macio, indicando provável presença de ovos. Sempre que detectado estes sinais, o macho era transferido para junto da fêmea que apresentava melhores condições observáveis. O monitoramento seguia em todas as hapas, para verificar sinais de agressão entre os casais, desovas ou qualquer outro tipo de comportamento inadequado nos animais e ainda, possíveis problemas nas instalações para evitar perdas e mortes. Este acompanhamento seguiu até o final da estação de reprodução que durou em média quatro meses (novembro de 2011 a março de 2012). As larvas obtidas permaneceram no hapa da mãe durante toda a estação reprodutiva. Este período (permanência das larvas com as mães) foi denominado de “ambiente comum de larvicultura (c)”.

Ao final da estação de reprodução, todas as larvas foram retiradas dos hapas maternos e contadas. Logo em seguida, os grupos (famílias) de irmãos completos obtidos (G5), foram divididos em dois subgrupos e redistribuídos em dois hapas na estufa de alevinagem. Estes hapas ocupavam lugares distintos dentro do tanque. Este procedimento tinha o intuito de distribuir as famílias nas diferentes condições da estufa de alevinagem, impedindo que determinadas famílias recebessem exclusivamente condições específicas do tanque. Porém, esta prática adicionou um efeito comum, denominado efeito de “ambiente comum de alevinagem (w)”, que é caracterizado pela manutenção, no mesmo hapa, de indivíduos da mesma família no período compreendido

entre o final da estação reprodutiva até a transferência para os locais de avaliação. Aproximadamente 50 representantes de cada família, ao atingirem, no mínimo, 4 gr de peso vivo, foram individualizados através de “*passive integrated transponder (pit) tags*”, implantados na cavidade visceral. Cerca de sete dias após a identificação os animais foram enviados para os locais de avaliação, a saber: Palotina (PL), Floriano (FL) e Diamante do Norte (DN), mantendo conexão genética entre os três ambientes estudados.

Parte dos animais avaliados, que permaneceram na Unidade de Piscicultura da Universidade, na cidade de Floriano, estava em temperatura anual média de aproximadamente 21,9°C, sendo mantidos em hapões de 200 m³ em tanque de terra escavado. Outra parte dos animais foi transportada para a cidade de Diamante do Norte, com temperatura anual em torno de 24°C, os animais foram mantidos em tanques-rede de 600 m³ no rio “do Corvo”. E, ainda, outra parte de animais foi para a cidade de Palotina, cultivados em tanque de terra escavado.

O conjunto de dados foi vistoriado para garantir a veracidade e qualidade das informações através do programa computacional SAS® (Statistical Analysis System), sendo excluídos valores aberrantes (menos de 0,1% dos dados). Após esta verificação, o conjunto de dados final permaneceu com a informação de 1.132 animais.

As informações de peso vivo (gramas) e idade (em dias), considerados no presente estudo, referem-se a quinta e última biometria realizada nos animais.

A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para a característica peso vivo (gramas) foram por meio da Inferência Bayesiana, com auxílio

do programa estatístico MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models), desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995).

Empregou-se um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de sexo, efeito linear e quadrático da covariável idade, em dias, a última biometria. Adicionalmente, consideraram-se os efeitos genético aditivo, de ambiente comum de larvicultura (c) e efeito ambiente comum de alevinagem (w), e efeito residual. O modelo animal utilizado para as análises unicaracterísticas está descrito a seguir:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + Z_3w + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de observações;

X , Z_1 e Z_2 e Z_3 são matrizes de incidência dos efeitos de ambiente identificáveis; efeitos genéticos diretos e de ambiente comum de larvicultura e de alevinagem, respectivamente;

β é o vetor de efeitos de sexo, local de cultivo e idade;

a , c , w e e são, respectivamente, os vetores dos efeitos genéticos aditivos, de ambiente comum de larvicultura, de alevinagem e residual.

Para as análises bicaráter, o modelo utilizado foi:

$$Y = \quad = \quad + \quad + \quad + \quad + \quad ,$$

em que, y_1 , y_2 são os vetores de observação do peso vivo, os índices 1 e 2 indicam a região experimental.

X_1 e X_2 são as matrizes de incidência dos efeitos de sexo e idade, contidas nos vetores β_1 e β_2 , correspondentes a cada região em estudo.

e são matrizes de incidência dos efeitos genéticos aditivos contidos nos vetores a_1 e a_2 .

e são matrizes de incidência dos efeitos de ambiente comum de larvicultura contidos nos vetores c_1 e c_2 .

E as matrizes e são de incidência dos efeitos de ambiente comum de alevinagem contidos nos vetores w_1 e w_2 .

Finalmente, e são vetores dos erros aleatórios, associados aos vetores y_1 e y_2 .

Considerando que y , a , c , w e e possuem distribuição conjunta normal multivariada, na forma:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ w \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2C & Z_2W & I_n\sigma_e^2 \\ GZ_1' & G & \phi & \phi & \phi \\ CZ_2' & \phi & C & \phi & \phi \\ CZ_3' & \phi & \phi & W & \phi \\ I_n\sigma_e^2 & \phi & \phi & \phi & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\};$$

em que: $V = Z_1GZ_1' + Z_2CZ_2' + Z_3WZ_3' + R$, tal que, para as análises bicaracterística,

$G = G \otimes A$, em que:

A : é a matriz de parentesco;

\otimes : é o produto de Kronecker;

G : é a matriz de (co)variância genética aditiva:

$$G_* = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} \\ \sigma_{a_2 a_1} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix};$$

$$C = I_l \otimes C_*, \text{ em que:}$$

I_l é a matriz identidade, de ordem igual ao número de grupos de irmãos completos.

C_* é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum de larvicultura

(c), dada a seguir:

$$C_* = \begin{bmatrix} \sigma_{c1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{c2}^2 \end{bmatrix};$$

$$W = I_m \otimes W_*, \text{ em que:}$$

I_m é a matriz identidade, de ordem igual ao número de hapas da estrutura de alevinagem, utilizado em cada ano.

W_* é a matriz de (co)variância do efeito de ambiente comum de alevinagem (w) dada a seguir:

$$W_* = \begin{bmatrix} \sigma_{w1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{w2}^2 \end{bmatrix};$$

$$R = I_e \otimes R$$

I_e é a matriz identidade, de ordem igual ao número de hapas da estrutura de alevinagem, utilizado em cada ano.

R é a matriz de (co)variância do efeito residual:

$$R_* = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix};$$

Foram realizadas análises unicaracterísticas e bicaracterísticas, combinando as informações de peso vivo para cada região como características distintas.

Por meio do teste de diagnóstico Heidelberg e Welch (1983), verificou-se que todas as cadeias geradas, convergiram.

A intensidade de seleção foi considerada a mesma para machos e fêmeas, sendo obtida uma aproximação do ganho genético por geração de seleção.

O ganho genético direto foi calculado com base na expressão:

$$\text{---};$$

Sendo que:

: média genética dos machos selecionados;

: média genética das fêmeas selecionadas;

O ganho genético indireto foi calculado com base na equação:

$$\text{---};$$

em que:

= (co)variância genética entre as características entre o ambiente 1 e ambiente 2;

= variância genética aditiva para a característica, no ambiente 1.

A porcentagem de ganho (%) foi calculada para identificar a proporção que a seleção indireta participa da seleção direta, utilizando a seguinte fórmula:

—

Foram estimadas as correlações de Spearman para verificar as classificações dos animais, considerando os valores genéticos preditos nas análises bicaracter, para monitorar as diferentes classificações (ranking) ocupadas pelos indivíduos quando se alterava a região (PL, FL e DN), e correlações de Pearson para avaliar o grau de associação entre os diferentes ambientes. As correlações de Spearman e Pearson foram obtidas a partir dos valores genéticos preditos nas análises bicaracterísticas.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Uma breve descrição do conjunto de dados utilizados pode ser observada na Tabela 1.

Tabela 1. Descrição da média e desvio-padrão para o peso vivo (PV - gramas) e idade (dias) por região experimental:

Região		Nº animais	Média	Desvio-padrão
FL	PV	243	417,01	±137,18
PL		427	276,83	±90,51
DN		462	472,73	±214,03
FL	Idade	243	333,37	±15,78
PL		427	320,84	±18,52
DN		462	337,13	±16,27

FL: Florianópolis; PL: Palotina; DN: Diamante do Norte.

Os valores de desvio-padrão para a característica peso vivo (Tabela 1.) apresentam-se altos, que pode ter sido causado pelo diferente manejo adotado nos ambientes avaliados.

Encontram-se na Tabela 2 as estimativas e seus respectivos intervalos de credibilidade (ICr) e as regiões de alta densidade (HPD), para os componentes de variância nas três diferentes regiões, considerando a característica peso vivo (em gramas), obtidas por meio de análise unicaracterística.

Tabela 2. Estimativas dos componentes das variâncias, para a característica, peso vivo (g), com respectivos intervalos de credibilidade (ICr) e região de alta densidade (HPD), obtidas nas análises unicaracterísticas:

Local	Parâmetros	Médias	ICr		HPD	
			Baixo	Alto	Baixo	Alto
PL	σ_a^2	6.244	2.616	9.203	2.79	9.35
	σ_c^2	280	74	836	48	678
	σ_w^2	241	76	580	51	502
	σ_e^2	1.892	624	3.717	508	3.536
	σ_y^2	8.657	6.553	10.72	6.508	10.65
FL	σ_a^2	13.679	6.454	20.5	6.281	20.245
	σ_c^2	634	171	1.88	114	1.527
	σ_w^2	585	169	1.594	114	1.329
	σ_e^2	3.942	1.347	7.74	1.08	7.278
	σ_y^2	18.841	14.26	24.04	14.053	23.801
DN	σ_a^2	37.629	14.24	61.36	13.569	60.553
	σ_c^2	1.519	418	4.524	289	3.679
	σ_w^2	1.438	433	3.591	280	3.07
	σ_e^2	14.968	4.237	27.42	3.736	26.653
	σ_y^2	55.556	42.09	70.65	41.019	69.382

σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_c^2 : variância de ambiente comum de larvicultura; σ_w^2 : variância de ambiente comum de alevinagem; σ_e^2 : variância residual; σ_y^2 : variância fenotípica.

A maior variação genética foi observada no ambiente de cultivo da região de Diamante do Norte (DN) com valor de 37.629 e a menor variação no ambiente Palotina (PL), com 6.244 (Tabela 2). Estes resultados demonstram o grande progresso genético alcançado com o uso da seleção de animais superiores, sendo que variâncias genéticas

indicam possibilidade de prosseguir o ganho mesmo após gerações selecionadas (Ponzoni et al., 2005). Tais valores obtidos são superiores aos encontrados em análises realizadas com os animais GIFT da segunda geração de seleção (G2/2008), em que o valor para variação genética obtida para peso vivo (à despesca) foi de 2.216 (Santos, 2009). Rutten et al. (2005) encontraram variâncias genéticas aditivas entre 1.481 e 2.778, em animais GIFT acasalados com outras linhagens. Charo-Karisa et al. (2007) encontraram valores baixos para variação genética aditiva, com resultado de 782,8 para peso à despesca.

Observou-se que as diferenças encontradas nas médias “a posteriori”, para todos os parâmetros estudados são significativas ($p < 0,05$), para todas as regiões experimentais, mediante análise dos contrastes Bayesianos, demonstrando que a expressão genética difere entre os diversos ambientes, indicando interação genótipo x ambiente. Em todos os ambientes, a participação dos ambientes comum de larvicultura σ_c^2 : 280(PL), 634(FL), 1.519(DN) e alevinagem σ_w^2 : 241 (PL), 585(FL), 1.438(DN) apresentaram-se bastante semelhantes e relativamente baixos, quando comparados ao valor encontrado por Santos (2009), que obteve $\sigma_c^2 = 1.147,64$, porém estes autores trabalharam apenas com tanques-rede e consideraram o ambiente comum de larvicultura, como sendo efeito de mãe. Da mesma forma, as variações residuais: 1.892(PL) e 3.942(FL) foram consideradas baixas quando comparadas ao encontrado por Santos (2009), $\sigma_e^2 = 5.965$ e por Oliveira (2011), $\sigma_e^2 = 8.220,85$, já para a região DN a variação foi alta (14.968) se comparada com a literatura. As variâncias fenotípicas: 8.657(PL), 18.841(FL), 55.556(DN) se comportaram de maneira semelhante que a genética (relativamente baixas) entre as distintas regiões (Tabela 2).

As distribuições “a posteriori” de todos os parâmetros estudados são simétricas, observadas mediante a proximidade do intervalo de credibilidade e da região de alta densidade. Isto mostra que tanto a média quanto a mediana poderia ser escolhida para representar a distribuição. Assim, optou-se pela média “a posteriori”. Através dos intervalos de credibilidade, pode-se observar a ocorrência de heterogeneidade de variância residual entre os ambientes Palotina x Diamante, heterogeneidade de variância fenotípica entre os ambientes Palotina x Floriano. A heterogeneidade acontece quando se observa que o intervalo de credibilidade de uma região não está contido no intervalo de credibilidade de outra região, considerando o mesmo parâmetro nas diferentes regiões. Observa-se que o intervalo para Palotina ($ICr = 624 - 3.717$) não está contido no ICr de Diamante do Norte ($ICr = 4.237 - 27.420$), e também existe ocorrência de heterogeneidade de variância fenotípica entre Palotina ($ICr = 6.553 - 10.720$) x Diamante do Norte ($ICr = 42.090 - 70.650$) e Floriano ($ICr = 14.260 - 24.040$) x Diamante do Norte ($ICr = 42.090 - 70.650$). Este resultado pode ser fortemente explicado pela ocorrência de interação genótipo x ambiente (Tabela 2).

Estas diferenças ou heterogeneidades podem ocorrer pelas diferenças nos manejos adotados, fatores de estresses, sistema de cultivo (tanque de terra, tanque-rede), condições de cultivo, qualidade da água, qualidade da ração utilizada, número de tratamentos diários, diferenças climáticas, além de condições sanitárias que podem interferir diretamente no desempenho dos animais em cada região experimental. Diferenças de variâncias dentro de subclasses (regiões diferentes) podem causar diminuição na acurácia da predição de valores de reprodutores, que pode resultar em seleção inadequada de indivíduos em diferentes ambientes, resultando em redução do progresso genético (Weigel & Gianola, 1993). Quando as heterogeneidades residuais não são

consideradas, os resultados podem conduzir a uma supervalorização dos dados obtidos de animais criados em ambientes com grande variância residual.

Os valores estimados para herdabilidade (h^2) e participação genética na expressão fenotípica dos ambientes comum de larvicultura (c^2) e comum de alevinagem (w^2) são apresentados na Tabela 3, resultantes de análise unicaracterística.

Tabela 3. Estimativas da herdabilidade (h^2), da participação do ambiente comum de larvicultura (c^2) e ambiente comum de alevinagem (w^2) na variação fenotípica obtidas nas análises unicaracterísticas:

Região	Parâmetros	Médias	ICr		HPD	
			Baixo	Alto	Baixo	Alto
PL	h^2	0,71	0,38	0,89	0,4	0,9
	c^2	0,03	0,01	0,09	0,01	0,07
	w^2	0,03	0,01	0,06	0,01	0,05
FL	h^2	0,72	0,42	0,89	0,4	0,9
	c^2	0,03	0,01	0,09	0,01	0,07
	w^2	0,03	0,01	0,08	0,01	0,05
DN	h^2	0,67	0,32	0,89	0,3	0,9
	c^2	0,03	0,01	0,07	0,004	0,06
	w^2	0,03	0,01	0,06	0,01	0,05

Os valores de herdabilidade foram considerados altos para todas as regiões estudadas (0,71, 0,72 e 0,67 para PL, FL e DN, respectivamente); quando comparados com

valores encontrados em outros estudos, como de Oliveira (2011) com estimativas de h^2 para peso vivo de 0,15 (utilizando Inferência Bayesiana), e no trabalho de Santos (2009) com valores de herdabilidade de 0,39 para peso vivo a despesca, trabalhando com Inferência Frequentista.

Ponzoni et al.(2005) encontraram $h^2=0,34$ para peso vivo, valor similar ao encontrado por Nguyen et al. (2007) com valores de herdabilidade em média de 0,35. Resultado mais próximo ao do presente trabalho foi encontrado por Charo-Karisa et al. (2007;2006) com estimativa de herdabilidade, para peso à despesca de 0,60 (Tabela 3).

Quando a estimativa para herdabilidade tem valores altos, a ênfase na seleção acontece em nível individual, ou seja, os melhores indivíduos são escolhidos para compor o plantel de reprodutores, entretanto quando as estimativas para h^2 possuem valores de médio a baixo, dá-se maior importância na seleção das melhores famílias. Seleção individual oferece respostas mais rápidas em ganho genético/geração, porém possui a desvantagem em causar redução da variabilidade em menor tempo, que a seleção realizada dentro de família. No presente trabalho, em que as h^2 apresentam-se altas (acima de 0,67 – Tabela 3), a seleção não corre o risco da redução da variabilidade como na seleção individual, pois a cada geração, são mantidas todas as famílias, mantendo os melhores animais de cada família ano a ano, sucessivamente.

As participações na variação genética dos ambientes comuns de larvicultura e alevinagem foram próximas de zero, similares aos valores encontrados por Oliveira (2011) e baixas, quando comparadas ao valor encontrado por Santos (2009) que foram de 0,20 a 0,05 para σ_c^2 (ambiente comum materno = ambiente comum de larvicultura). Os valores altos para as herdabilidades (0,89) podem ser explicados por todos os

animais, estarem sobre processo de seleção genética, sendo esta a quinta geração de seleção, e que o critério de seleção é o ganho em peso médio diário.

Os valores próximos para intervalo de credibilidade (ICr) e região de alta densidade (HPD) demonstram distribuições “a posteriori” simétricas (Tabela 3). O pequeno intervalo de credibilidade, para todos os parâmetros demonstram que as estimativas foram geradas com grande precisão.

As análises bicaracterística apresentadas na Tabela 4 produziram as médias posteriores para as variâncias genéticas aditivas e correlações genéticas, residual e fenotípica, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade (todos com valores positivos), para as três regiões consideradas.

Tabela 4. Estimativas dos componentes de (co)variância genética (σ_a^2 ; cov_a) e correlações genética, fenotípica e residual (r_a ; r_y), com respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, obtidos por meio de análises e bicaracterísticas:

	Parâmetro	Média	ICr		HPD	
			Baixo	Baixo	Baixo	Alto
FL-PL	σ_{a1}^2	13.641	6.384	20.400	6.341	20.356
	σ_{a2}^2	6.171	2.393	-9.314	2.507	9.409
	COV_{a12}	1.035	-4.887	6.770	-4.826	6.823
	r_{a12}	0,12	-0,5	0,6	-0,4	0,7
	r_{y12}	0,08	-0,37	0,5	-0,35	0,5
PL-DN	σ_{a1}^2	8.065	3.855	10.530	4.304	10.774
	σ_{a3}^2	46.170	18.490	67.610	19.243	68.205
	COV_{a13}	1.320	-11.860	14.380	-11.765	14.436
	r_{a13}	0,06	-0,5	0,6	-0,5	0,6
	r_{y13}	0,05	-0,4	0,5	-0,4	0,5
FL-DN	σ_{a2}^2	14.203	6.761	20.780	7.048	21.001
	σ_{a3}^2	37.564	14.180	61.490	14.553	61.813
	COV_{a23}	5.152	-10.480	20.060	-9.905	20.481
	r_{a13}	0,23	-0,5	0,7	-0,3	0,7
	r_{y13}	0,11	-0,3	0,5	-0,2	0,5

As estimativas bicaracterísticas (Tabela 4) são bastante similares às estimativas unicaracterísticas (Tabela 2), fortalecendo todos os resultados obtidos que indicam interação genótipo x ambiente (heterogeneidade de variância). Este resultado demonstra que a análise unicaracterística é suficiente para explicar de forma clara o comportamento dos parâmetros genéticos estudados.

As correlações genéticas e fenotípicas foram baixas. Tais valores demonstram que não houve nenhum tipo de correlação, ou seja, que as regiões avaliadas, interferem

de forma completamente diferente nas variações genéticas e fenotípicas em todos os animais para a característica peso vivo (Tabela 4).

Na Malásia, tilápias GIFT foram avaliadas em dois ambientes diferentes (tanque de terra e tanques-rede) e os autores encontraram valores de correlação genética para peso vivo de 0,70 (Khaw et al., 2009). Outra pesquisa realizada por Eknath et al. (2007), avaliando também tilápias GIFT em sete diferentes regiões das Filipinas, encontrou correlações positivas variando de 0,36 a 0,99, concluindo que em ambientes semelhantes às correlações são altas (entre tanques de terra: 0,76 a 0,99, e entre tanques-rede: 0,99), já em ambientes distintos as correlações tendem a ser menores (entre tanques de terra e tanques rede: 0,36 a 0,86). Este comportamento também foi observado em estudo realizado no Brasil (Santos, 2009), no qual foram observados valores de correlação genética de 0,89 para animais cultivados em ambientes similares (tanques-rede), demonstrando inexistência de interação genótipo x ambiente e valores de 0,58 a 0,65 para ambientes distintos, (tanques-rede e tanque de terra), demonstrando provável ocorrência de interação. No Vietnã também foi realizado um recente estudo com tilápias avaliando peso à despesca, em grupos de animais cultivados em água salobra e outro grupo cultivado em água doce, o resultado foi de uma correlação genética de 0,45 (Luan et al., 2008).

Em pesquisas realizadas há alguns anos atrás, Robertson, (1959) demonstraram que quando a correlação genética é maior do que 0,8 a interação genótipo x ambiente pode ser descartada. Entretanto, segundo este autor quando as correlações são menores que 0,8-0,7, considera-se a ocorrência desta interação.

Em outros estudos encontramos que o ganho genético pleno, só será obtido quando os animais forem selecionados e cultivados no mesmo ambiente (Mulder et al.,2006), ou seja, valores de correlação abaixo de 0,7 indicam ocorrência de interação genótipo x ambiente. No presente estudo, as correlações apresentam-se muito abaixo destes valores o que pode indicar existência desta interação.

Os resultados apresentados na Tabela 5 retratam os valores obtidos para as herdabilidades e intervalos de credibilidade e região de alta densidade.

Tabela 5. Estimativas da herdabilidade (h^2), da participação do ambiente comum de larvicultura (c^2), ambiente comum de alevinagem (w^2), na variação fenotípica, obtidas através de análise bicaráter:

	Parâmetro	Média	ICr	
			Baixo	Alto
FL-PL	h_1^2	0,71	0,4	0,8
	h_2^2	0,70	0,3	0,8
	c_1^2	0,03	0,01	0,1
	c_2^2	0,03	0,01	0,1
	w_1^2	0,03	0,01	0,1
	w_2^2	0,03	0,01	0,1
PL-DN	h_1^2	0,73	0,4	0,8
	h_2^2	0,66	0,3	0,8
	c_1^2	0,03	0,01	0,1
	c_2^2	0,03	0,01	0,1
	w_1^2	0,03	0,01	0,1
	w_2^2	0,03	0,01	0,1
FL-DN	h_2^2	0,71	0,4	0,8
	h_3^2	0,70	0,3	0,8

c_2^2	0,03	0,01	0,1
c_3^2	0,03	0,01	0,1
w_2^2	0,03	0,01	0,1
w_3^2	0,03	0,01	0,1

As estimativas realizadas em análises unicaracterísticas (Tabela 2) foram próximas das análises bicaracterísticas (Tabela 5), confirmando resultados para altos valores de herdabilidade. Os intervalos de credibilidade para análise bicaracterística foram pequenos. Os valores encontrados na análise bicaracterística demonstra grande precisão na obtenção dos resultados finais (Tabela 5).

A correlação de Spearman, obtida em análise unicaráter (Tabela 6), foi considerada baixa, sendo a mais alta de 0,30 entre DN x FL, e a mais baixa de 0,08, entre FL x DN. Estes resultados para correlação de Spearman são inferiores aos comparados com os valores encontrados por Santos (2009), onde os valores foram de 0,75 a 0,84 (entre tanque de terra e tanque-rede) e de 0,96 (entre tanques-rede). Os valores baixos obtidos no presente estudo indicam que houve alteração no ranking dos animais. O mesmo ocorreu com as associações genéticas observadas na correlação de Pearson que se mostravam, abaixo de 0,30 (DN x PL: 0,22 e FL x PL: 0,16) chegando a 0,01 (FL x DN). Estes resultados indicam que depois de realizada a seleção dos melhores animais de uma região, eles possivelmente não serão os mesmos em outra região, outro forte indicativo da ocorrência de interação genótipo x ambiente.

Tabela 6. Correlação de Spearman acima da diagonal e de Pearson abaixo da diagonal, obtidos em análise unicaracterística:

Regiões	PL	FL	DN
PL	1	0,30	0,15
FL	0,16	1	0,08
DN	0,22	0,01	1

Verificou-se a ocorrência de alteração na classificação dos animais selecionados nas diferentes regiões experimentais (Tabela 7), sendo que em nenhuma das regiões a classificação de nenhum animal foi a mesma, fato que confirma a existência da interação genótipo x ambiente para peso médio diário, por inúmeros fatores ambientais, dentre eles as diferenças climáticas, de manejo e do sistema de cultivo adotados.

Tabela 7. Classificação dos animais que apresentaram altos valores genéticos para peso vivo (g) de 1-10, valores genéticos intermediários de 11-20 e baixos valores genéticos 21-30, em análise unicaracterística:

Animais	PL	FL	DN
1	29434	608452	28096
2	27916	453960	26684
3	27034	617198	27400
4	27586	783030	26396
5	28904	394902	28140

6	27334	643694	26368
7	29368	463342	26802
8	27542	681374	29338
9	29584	404818	26606
10	26466	382628	27462
11	629846	27420	788162
12	628512	27382	737586
13	617066	27356	729932
14	616766	27348	729366
15	612106	27276	728194
16	610114	27240	675966
17	484180	27016	670974
18	466206	26936	659210
19	465854	26916	648460
20	456676	26876	640496
21	26854	724550	25636
22	27578	642532	25680
23	27932	24628	27250
24	28834	477780	26810
25	25776	692706	27808
26	26852	672762	27438
27	29706	609290	25290
28	26692	837096	26700
29	28282	627940	26364
30	26766	477778	27566

PL: Palotina; FL: Florianópolis; DN: Diamante do Norte

Outro indicativo da ocorrência de interação genótipo x ambiente, foram ganhos genéticos diretos com valores muito superiores aos indiretos (Tabela 8), resultados que indicam que os animais cultivados nas mesmas condições onde foram selecionados, responderão com a plenitude do potencial genético de que dispõem, resultando em maiores ganhos, quando comparados a animais cultivados em ambiente distinto de sua

seleção. Este resultado pode direcionar futuras tomadas de decisões quanto à seleção, mostrando que a implantação de núcleos de seleção e cultivo, em cada ambiente ou região, do Brasil, intensificaria os resultados obtidos com o melhoramento genético.

Tabela 8. Ganho direto (gramas/geração de seleção) na diagonal principal e ganho indireto (gramas/geração de seleção) acima e abaixo da diagonal principal:

Ganho	PL	FL	DN
PL	98,74	16,38	16,43
FL	15,01	198,24	74,66
DN	7,77	38,52	281,35

PL: Palotina; FL: Florianópolis; DN: Diamante do Norte

A implantação de núcleos de seleção e cultivo requer grande investimento inicial, o que nem sempre é possível. Porém, tal investimento pode ser evitado, visto que os resultados mostram (Tabela 8) que apesar de os ganhos apresentarem-se baixos com a seleção indireta, ocorreram ganhos genéticos, isto é, não existiu nenhuma situação avaliada com perdas, sem nenhum valor negativo. Isto demonstra que para situações em que não seja possível realizar seleção direcionada, com animais escolhidos para determinadas condições de cultivo, clima ou manejo, pode-se realizar seleção indireta com ganhos genéticos, menores que a seleção com ganhos diretos, mas com vantagem ainda assim, pois peixes melhorados podem aumentar a produtividade (Gjedrem, 2000; Hulata, 2001).

O maior valor de ganho genético direto se verificou na região de Diamante do Norte (281,35 g/geração de seleção), causado porque gerações anteriores foram

selecionadas em tanque-rede e o acúmulo de ganho genético nas gerações pode ter beneficiado a presente geração em análise e causado tal efeito positivo. Os valores de Floriano (198,24 g/geração de seleção) e Palotina (98,74 g/geração de seleção) são bastante distintos (chegando a 100 g de diferença), sendo significativos, em se tratando de dois ambientes similares, com uso de tanque de terra escavado. Esta diferença pode ter sido causada pelos diferentes manejos adotados em cada região experimental como, uma vez que não foi padronizado o manejo e assim cada local de cultivo manteve os padrões utilizados para o cultivo dos animais. Tais diferenças podem ser devido a qualidade da ração, número de tratos ração/dia, qualidade da água, uso ou não de adubação nos tanques, fornecimento de plâncton, já que as tilápias são animais onívoros filtradores, que podem também se alimentar deste recurso quando disponível.

As diferenças observadas entre os ambientes PL e FL são ainda mais pronunciadas quando se consideram os animais selecionados em DN e avaliados em PL, chegando ao menor ganho genético de 7,77 g/geração de seleção e quando se consideram os animais selecionados em FL e avaliados em DN que os ganhos são de 74,66 gr/geração de seleção (Tabela 8).

A baixa participação dos ganhos genéticos indiretos nos ganhos diretos são resultados que também apontam para a ocorrência da interação genótipo x ambiente, dentre os DN e PL com 0,0276 de g/geração de seleção e a maior foi de 0,3766 entre FL e DN (Tabela 9).

Tabela 9. Percentagem da participação do ganho indireto no ganho direto, considerando as três diferentes regiões:

Ganho (%)	PL	FL	DN
PL	1	16,58	16,63
FL	7,57	1	37,66
DN	2,76	13,69	1

CONCLUSÃO

A interação genótipo x ambiente foi comprovada por meio das análises unicaracterísticas e bicaracterísticas, em que se verificou a ocorrência de heterogeneidade nas variâncias fenotípicas entre as três diferentes regiões avaliadas, baixa correlação genética, alteração no ranking dos animais selecionados nos diferentes ambientes e por meio dos valores de ganhos genéticos diretos que apresentaram valores superiores aos ganhos indiretos, além da baixa participação (%) dos ganhos indiretos nos ganhos diretos, resultados que podem nortear o programa de melhoramento genético de peixes.

LITERATURA CITADA

BENTSEN,H.B.; EKNATH,A.E.; PALADA-DE-VERA,M.S. et al. Genetic improvement of farmed tilápias: growth performance in a complete diallyl cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*,n.160,p. 145-173, 1998.

CERÓN-MUÑOZ, M.F. et al. Variance heterogeneity for Milk yield in Brazilian and Colombian Holstein herds. *Livestock Research for Rural Development*, v.16, n.4, p.1-8, 2004.

CHARO-KARISA, H.; BOVENHUIS, H.; REZK M.A.; et al. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds. *Aquaculture*. v. 273. p. 15-23. 2007.

CHARO-KARISA, H.; KOMEN, J., REZK, M.A.; et al. Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture* 261, p. 479-486. 2006b.

COSTA,R.B.; RESENDE,M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES,P.S.; HIGA, A.R. Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. *Genetic and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.23, n.3, p. 671-679, 2000.

CRUZ, C.D. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV. 390p. 1997.

EKNATH, A.E.; TAYAMEN, M.M.; PALADA-DE-VERA, M.S. et al. Genetic improvement of farmed tilápias: the growth performance og eigh strains of *Oreochomis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture*, n.111, p.171-188,1993.

EKNATH, A.E.; BENTSEN H.B.; PONZONI, R.W.; RYE, M. NGUYEN, N.H.; THODESEN, J.; GJERDE, B. Genetic improvement of farmed tilápias: Composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture* 273: 1-14, 2007.

GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water species. *Aquaculture Research* 31, p. 25-33. 2000.

HEIDELBERGER, P. AND WELCH, P.D. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. *Operations Research* 31:1109-1144. 1983.

HULATA, G. Genetic manipulation in aquaculture: a review of stock improvement by classical and modern technologies. *Genetica* 111, p. 155-173. 2001.

KHAW, H.L.; BOVENHUIS, H.; PONZONI, R.W.; et al. Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture* 294, p.37-42. 2009.

LUAN, T.D.; OLESEM, I.; ODEGARD, J.; et al., Genotype by environment interaction for harvest body weigth and survival of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)

in brackish and fresh water ponds. Proceeding from the Eighth International Symposium on Tilapia Aquaculture 1, p.231-240. 2008.

MPA – Ministério de Pesca e Aquicultura. Boletim Estatística da Pesca e Aquicultura 2010. Disponível em: <HTTP://www.mpa.gov.br>, 2011.

MULDER, H.A.; VEERKAMP, R.F.; DUCRO, B.J.; et al. Optimization of dairy cattle breeding programs for different environment with genotype by environment interaction. J. Dairy Sci. 89, p. 1740-1752. 2006.

NGUYEN N.H.; KHAW H.L.; PONZONI R.W.; et al. Can sexual dimorphism and body shape be altered in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) by genetic means? Aquaculture 272S1. p. S38-S46. 2007.

OLIVEIRA, C.A.L.; RESENDE, K.E.; LEGAT, A.P.; RIBEIRO, R.P., 2010. Melhoramento genético de peixes no Brasil, situação atual e perspectivas. XX Congresso Brasileiro de Zootecnia, Zootec , p. 237-249.

OLIVEIRA S.N. Parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Dissertação Mestrado. s.n. 39p. 2011.

ONU – Organização das Nações Unidas. Boletim 2011/3. Disponível em: http://www.un.org/esa/population/publications/technicalpapers/TP2011-3_SevenBillionandGrowing.pdf

PONZONI, R.W.;HAMZAH,A.;TAN,S. et al. Genetic parameters and response for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, n.247, p.203-210, 2005.

PONZONI, R.W.;NGUYEN, H.N.;KHAW, H.L. Importance and implementation of simple and advanced selective breeding programs for aquaculture species in developing countries. In Proc.: 8th World Congress on Genetics applied to livestock production, Belo Horizonte,Brazil. Webaccess at HTTP://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/9_683-1814.pdf. 2006.

PONZONI,R.W.,NGUYEN,N.H. KHAW, H.L. Economic appraisal of genetic improvement programs in carps: Na example in common carp, *Cyprinus carpio*, WorldFish Center, Penang, Malaysia, 2007.

PONZONI, R.W. NGUYEN,N.H. KHAW, H.L.KAMARUZZAMAN N.,HAMZAH A.,ABU BAKAR K.R. YEE H.Y. Genetic Improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*), present and future, 33-52. In Proceedings of the Eight International Symposium on Tilapia in Aquiculture, eds. H. Elghobashy, K. Fitzsimmons, A.S. Diab. Egypt, 12-14 October, vol. 1, 2008.

PROENÇA, C. E. M.; BITTENCOURT, P. R. L. Manual de piscicultura tropical. Brasília: Ibama, 196 p. 1994.

RESENDE, M.D.V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo - Embrapa Florestas, 362p. 2007.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469, 1959.

RUTTEN, M.J.M. KOMEN, H., BOVENHUIS, H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model. *Aquaculture*, 246, 101-113. 2005.

SANTOS, A.I. Interação genótipo-ambiente e estimativas de parâmetros genéticos em Tilapias (*Oreochromis niloticus*), 85p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Programa de Pós-Graduação em Zootecnia/Universidade Estadual de Maringá, 2009.

SAS Institute. SAS/STAT[®]. User's guide: statistics, version 8.1.4 ed., v.2. Cary: SAS Institute, 2000.

STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L. genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. *Journal of Dairy Science*, v.74, p.1700-1714, 1991.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of Fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT) Lincon: Departamento f Agriculture/Agricultural Research Service, 1995.

WEIGEL, K.A.; GIANOLA, D. A computationally simple Bayesian method for estimation of heterogeneous within-herd phenotypic variances. *Journal of Dairy Science*, v.76, n.5, p.1455-1465, 1993.

WINKELMAN, A., SCHAEFFER, L.R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, 71(11):3033-3039. 1988.

4. ARTIGO 2.

MODELAGEM ESTATÍSTICA UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA PARA DESCREVER O GANHO EM PESO MÉDIO DIÁRIO EM TILÁPIAS (*Oreochromis niloticus*) variedade GIFT

RESUMO

O objetivo do presente estudo foi realizar uma análise Bayesiana de oito modelos estatísticos para verificar o que melhor descreve o ganho em peso médio diário (gramas), de forma a realizar a melhor seleção genética possível nos animais submetidos ao programa de melhoramento genético de tilápias (*Oreochromis niloticus*), variedade GIFT. O conjunto de dados foi composto por informações de 2.615 animais, proveniente da quarta geração de seleção. As análises foram realizadas por meio, considerando modelo animal, que incluiu efeitos fixos de sexo, linear e quadrático da covariável idade do peixe, em dias, além dos efeitos genéticos aditivos. Os modelos eram modificados de acordo com as informações disponíveis, incluindo ou não efeitos, como o efeito genético materno e de ambientes comum de larvicultura e alevinagem. Os resultados de herdabilidade foram considerados médios para a maioria dos modelos, $M2=0,24$; $M4=0,23$; $M5=0,28$; $M6=0,30$; $M7=0,33$ e $M8=0,36$ e altos para os modelos $M1=0,83$ e $M3=0,79$. O critério de seleção de modelo (DIC) foi menor para o M1 com -282,59 e maior com valor de 1754,57 para o M4. Outro critério de seleção de modelo utilizado foi o log da densidade marginal para Fator de Bayes, que concordou com o DIC apenas para o menor valor em que $M1=585,29$, já que o maior valor apresentado neste critério foi para o $M5=1837,37$. O menor esforço computacional para se alcançar a convergência das cadeias foi para o modelo M1 com 15.000 cadeias, e o maior número

de cadeias geradas foi de 90.000 para o modelo M7. Os resultados indicam o modelo M1, como o melhor modelo para explicar e predizer o fenômeno.

Palavras-chave: Fator de Bayes, melhoramento genético, peixe, modelo

ABSTRACT

The aim of this study was to perform a Bayesian analysis of eight statistical models to check what best describes the average daily weight gain (g) in order to make the best possible genetic selection in animals subjected to the breeding program of Tilapia (*Oreochromis niloticus*), variety GIFT. Since the data set consisted of information from 2,615 animals, from the fourth generation of selection (G4). Analyses were performed by means of Bayesian inference, considering an animal model that included fixed effects of sex, linear and quadratic covariate of fish age, in days, in addition to additive genetic effects. The models were modified according to the information available, with or without effects, such as maternal genetic effect (m) and common hatchery environments (c) and nursery (w). The results of heritability were considered the average for most models, $M2 = 0.24$, $M4 = 0.23$, $M5 = 0.28$, $M6 = 0.30$, $M7 = 0.33$, $M8 = 0.36$ and high for models $M1 = 0.83$ and $M3 = 0.79$. The model selection criterion (DIC) was lower with -282.59 for the M1 and higher with 1754.57 value for the M4. Another selection criterion used was the log model of the marginal density for Bayes factor, which agreed with the DIC only to the lowest value at $M1 = 585.29$, and the highest value to this criterion has been introduced for the $M5 = 1837.37$. The lower computational effort to achieve convergence of the chains was for Model M1 with 15,000 chains, and the largest number of chains generated was 90,000 for the model M7. The results indicate the model M1, as the best model to explain and predict the phenomenon.

Keywords: Bayes factor, breeding fish, model;

INTRODUÇÃO

No melhoramento genético é importante definir onde se deseja chegar, determinando qual ou quais características se deseja melhorar, e assim estabelecer estratégias claras de seleção rumo ao objetivo definido.

Na produção animal, a expectativa é encontrar produtos padronizados e de alta qualidade e o melhoramento ou a seleção atuam como uma estratégia de caráter econômico para atingir padrão e qualidade mediante o ganho genético na característica ou no conjunto de características de produção. A(s) característica(s) escolhida(s) deve(m) responder à seleção (ou seja, sofrer a melhoria esperada ou próxima) e ser economicamente viável do ponto de vista do produtor, da indústria e do mercado consumidor, uma vez que a implantação de programas de melhoramento genético pode incrementar a produtividade de culturas aquáticas (Gjedrem, 2000; Hulata, 2001).

A definição de qual a(s) característica(s) que será critério de seleção exige certo rigor quanto à quantidade de informações e o conhecimento dos parâmetros genéticos e fenotípicos dessa(s) característica(s). Em tilápias, programas de seleção tem adotado a característica taxa de crescimento (Ponzoni et al., 2005), como foco principal.

Em 2005, com a transferência de 30 famílias da variedade GIFT de tilápia do Nilo, iniciou o Programa de Melhoramento Genético de Tilápias na Universidade Estadual de Maringá, PR. Esta experiência brasileira com melhoramento mostra-se promissora com resultados de ganho genético de 2,6% (peso médio diário/geração de seleção) de uma geração foi para 8,1% na geração seguinte, (Oliveira, 2011), e segundo

a literatura este resultado pode ser de 15% por geração em programas bem conduzidos (Ponzoni et al., 2005).

A característica ganho em peso médio diário (GPD), em peixes, é muito relevante para o programa de melhoramento, pois está fortemente relacionada com a característica de produção: peso vivo (gramas), chegando a 0,95 e 0,89 as correlações fenotípicas e genéticas, respectivamente (Oliveira, 2011), além de ser uma característica de fácil mensuração, são alguns dos motivos pelos quais esta característica vem sendo utilizada como critério de seleção no Programa de Melhoramento Genético de Tilápias na Universidade Estadual de Maringá, PR.

Predizer os valores genéticos e obter excelência nos resultados da seleção exigem estimativas fidedignas de componentes de variância, que devem ser estimados com a maior precisão possível. Além disto, a escolha do modelo estatístico apropriado é muito importante para a análise dos dados. É necessário então buscar o modelo mais parcimonioso, ou seja, aquele que envolve o mínimo de parâmetros possíveis a serem estimados e explique com eficiência o comportamento da variável resposta, utilizando uma inferência estatística acessível, segura e precisa (Bozdangan, 1987).

Desde 1986 (Gianola & Fernando, 1986), a Inferência Bayesiana é proposta como uma estratégia conceitual para resolução de problemas em melhoramento animal, entretanto somente na década de 1990 ela tornou-se rotineira para o melhoramento animal (Gianola & Foulley, 1990; Jensen et al., 1994; Rekaya, 1997).

A teoria Bayesiana está fundamentada em uma distribuição conjunta de dados amostrais, denominada função de verossimilhança, e nas distribuições “a priori” a

respeito dos parâmetros. Estes componentes determinam a distribuição “a posteriori”, dada pelo produto verossimilhança x “priori”, onde se realiza toda inferência (Silva et al., 2005). E no Brasil a Inferência Bayesiana vem sendo recomendada amplamente para a avaliação genética em melhoramento genético animal (Magnobosco,1997; Rosa,1999).

O Modelo Animal considera de forma geral, os efeitos genéticos aditivos e residuais, para cada indivíduo, entretanto, avaliações com este modelo podem variar de acordo com o conjunto de dados e informações disponíveis como, por exemplo, efeito genético materno e efeitos de ambiente comum ou de efeito permanente, de maneira a alterar o resultado final e conseqüentemente as estimativas do mérito genético dos animais. Neste caso, é importante saber quais informações são relevantes para incluir no Modelo Animal, segundo Misztal (2008), pois nos modelos devem conter os efeitos que são realmente importantes, aqueles cuja ausência causa importantes mudanças em parâmetros de interesse nas análises e não necessariamente porque são estatisticamente significativos.

Existem vários critérios para a seleção de modelos (Bozdongan, 1987; Wolfinger, 1993; Littell et al.,2002), dentre eles os critérios baseados no máximo da função de verossimilhança são os mais utilizados, enfatizando o teste da Razão de Verossimilhança (LRT), que é apropriado para testar dois modelos, desde que um deles, seja um caso especial do outro (aninhado ou encaixado), o Critério de Informação de Akaike (AIC) (Akaike, 1974) que admite a existência de um modelo “real” que descreve os dados que é desconhecido e tenta escolher, dentre um grupo de modelos avaliados aquele que minimiza a divergência de Kullback-Leibler (K-L), sendo o mais

ajustado, com o menor valor de AIC, a *Deviance Information Criterion* (DIC) (Spiegelhalter et al., 2002), é relativa a AIC e igual, quando existem modelos apenas com efeitos fixos instalados, outro critério é o Critério Bayesiano de Schwarz (BIC) (Schwarz, 1978), que tem como pressuposto a existência de um “modelo verdadeiro” que descreve a relação entre a variável dependente e as diversas variáveis explanatórias. Este modelo é definido como a estatística que maximiza a probabilidade de se identificar o verdadeiro modelo dentre os avaliados, o modelo com menor valor de BIC possui o melhor ajuste.

É possível também selecionar um modelo através da densidade preditiva dos dados, aplicando o escore logaritmo no Fator de Bayes (FB), (Kauss e Raftery, 1995). Esta metodologia consiste em aplicar logaritmo nas probabilidades marginais de cada observação y , condicionada às demais observações, resultando em um escore preditivo, ou seja, uma medida de predição dos dados. O Fator de Bayes é similar ao teste da razão de verossimilhança (LRT) da Inferência Frequentista e pode ser usado para comparar modelos, sendo matematicamente resumido como desvio, sendo $-2\log L$ verossimilhança (Gelman et al., 2004), isto é, $D(y|\theta) = -2 \log [p(y|\theta)]$. Pelo desenvolvimento do programa BUGS para Inferência Bayesiana (Gilks, Thomas & Spiegelhalter, 1994) este desvio é definido de forma diferente da Inferência Frequentista. Na Inferência Frequentista, o desvio (D) de um modelo reduzido é comparado a um modelo completo. Já na Inferência Bayesiana o menor desvio (DIC) esperado é o que tem a maior probabilidade posterior (Gelman et al., 2004).

O objetivo deste trabalho foi utilizar a Inferência Bayesiana para avaliar modelos estatísticos, permitindo conhecer qual deles permite descrever melhor o comportamento

dos parâmetros e conseqüentemente tornar a seleção de tilápias (variedade GIFT) geneticamente superiores, mais acurada.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas informações de 2.615 animais da quarta geração melhorada geneticamente, que compunham o banco de dados do Programa de Melhoramento Genético de Tilápias da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil. Os animais tinham média para o ganho em peso médio diário (GPD) de $1,37 \pm 0,477$ g.

O experimento teve início na piscicultura na UEM, com os acasalamentos entre os animais da terceira geração (G3) melhorada, para a obtenção da quarta geração (G4), que gerou os grupos de irmãos completos e meio-irmãos dos quais foram individualizados através de *Passive Integrated Transponder (PIT) tags* (Oliveira, 2011), e após período de recuperação (1 semana aproximadamente), transferidos e cultivados em tanques-rede, no município de Diamante do Norte, Paraná, com temperatura anual em torno de 24°C. Os animais foram mantidos em tanques-rede de 6 m³, com densidade controlada de 150 peixes/m³. Os tanques mantiveram conexão genética de meio-irmãos e irmãos-completos.

O conjunto de dados foi vistoriado para garantir a veracidade e qualidade das informações através do programa computacional SAS® (Statistical Anaysis System), sendo excluídos valores inconsistentes. Logo após esta verificação, o conjunto de dados final permaneceu com a informação de 2.615 animais.

A estimação dos componentes de (co)variância utilizou amostragem de Gibbs, em Inferência Bayesiana, por meio do programa GIBBS1f90 (Mistal et al., 2002),

empregando um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de sexo, efeito linear e quadrático da covariável idade, em dias, à última biometria (5ª biometria). Foram avaliados oito diferentes modelos, em análises univariadas, sendo que o modelo 8 (M8), considerado mais completo, descrito através da forma matricial abaixo:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3c + Z_4w + e;$$

em que:

y é o vetor de observações;

X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 são matrizes de incidência dos efeitos de ambiente identificáveis; efeitos genéticos diretos; efeito genético materno e de ambiente comum de larvicultura e de alevinagem, respectivamente;

β é o vetor de efeitos de sexo, local de cultivo e idade;

a , m , c , w e e são, respectivamente, os vetores dos efeitos genéticos aditivos, genéticos materno, de ambiente comum de larvicultura, de alevinagem e residual.

Todos os modelos consideraram os efeitos genéticos aditivos e residuais. O modelo 1 (M1) considerou apenas efeito genético aditivo (a), o modelo 2 (M2) considerou o efeito de ambiente comum de larvicultura (c); o modelo 3 (M3) considerou efeitos de ambiente comum de alevinagem (w); o modelo 4 (M4) considerou tanto os efeitos de ambiente comum de larvicultura (c), quanto os de alevinagem (w); o modelo 5 (M5) considerou apenas o efeito genético aditivo e o materno (m); o modelo 6 (M6) considerou efeito materno (m) e de larvicultura (c); o modelo 7 (M7) considerou efeito

materno (m) e de alevinagem (w) e o modelo 8 (M8) considerou conjuntamente os efeitos materno (m), de larvicultura (c) e alevinagem (w).

O número de animais considerados na matriz de parentesco (A^{-1}) foi de 10.301.

Foram necessárias as seguintes cadeias de Gibbs para atingir convergência nos modelos avaliados: M1: 15.000; M2: 30.000; M3: 25.001; M4: 30.000; M5: 60.000; M6: 50.001; M7: 90.000 e M8: 50.001. Todas com descarte inicial de 10% do número de iterações iniciais.

As análises consideraram os efeitos genéticos aditivos, materno, comum de ambientes de larvicultura e alevinagem e residual, como tendo distribuição normal para as análises e as distribuições “a priori” para todos os parâmetros, como não informativas. A convergência foi testada e verificada por meio dos programas POSTGIBBSf90 (Misztal et al., 2002) que utiliza o teste de diagnóstico Geweke (1992) e Heidelberg & Welch (1983), implementado na biblioteca CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis), versão 0.4, desenvolvido por Cowles et al. (1995), implantado no programa R (version 2.8.1).

Na Inferência Bayesiana, o método mais comum de avaliar o mérito de um modelo estatístico estimado é uma generalização do método Frequentista, Critério de Informação de Akaike (AIC). Entretanto, Spiegelhalter et al. (2002) desenvolveram um critério de informação, no qual o número efetivo de parâmetros é dado por:

$$pD = D^* - D(\theta'');$$

em que $D(\theta) = -2\ln p(y|\theta)$ é a função deviance, $\theta'' = E(\theta|y)$ e $D^* = E(D(\theta''))|y$

O critério de informação é o DIC (*Deviance Information Criterion*), que é definido por:

$$\text{DIC} = -2 \log p(y|\theta^*) + 2pD.$$

D^* mede o ajuste do modelo e pD mede sua complexidade. O DIC generaliza o AIC e valores pequenos de DIC podem ser considerados mais adequados, pois apresentam ajuste ponderado pelo grau de complexidade e segundo os autores, o seguinte critério pode ser adotado:

$$D = |\text{DIC}_A - \text{DIC}_B| \text{ (comparando-se dois modelos):}$$

Se $D < 5$: não significativo;

Se $5 \leq D \leq 10$: significativo;

Se $D > 10$: altamente significativo.

Tal critério foi utilizado no presente estudo.

O software GIBBS1f90, utilizado na realização das análises, fornece além do DIC, outro critério nominado de Fator de Bayes (FB), que é um instrumento usado na seleção de modelos, que pode ser calculado através de métodos computacionais, como o de Monte Carlo ou utilizando métodos numéricos viáveis para cada situação, como o método de aproximação de Laplace. Este Fator está relacionado com o teste da razão da verossimilhança, onde o parâmetro é maximizado, ao invés de integrado (Missão,2007). O FB é uma medida da evidência provida pelos dados a favor de um modelo estatístico. Em 1961, Jeffreys sugeriu interpretar o Fator em quatro intervalos. Kass e Raftery (1995) propõem considerar duas vezes o logaritmo do FB, com o fim de obter intervalos mais precisos do que foi proposto por Jeffreys e desta forma, o valor obtido fica na mesma escala do teste da razão de verossimilhança, adotando o critério:

$$\begin{array}{l} 2\log_e(B_{10}) \\ 0 - 2 \end{array} \quad \begin{array}{l} B_{10} \\ 1 - 3 = \end{array} \quad \text{Insignificante}$$

2 – 6	3 – 20 =	Significativa
6 -10	20 – 150 =	Forte
> 10	> 150 =	Muito forte

Em termos computacionais, o DIC é mais atrativo do que os diversos Fatores de Bayes, pois seus termos podem ser facilmente incorporados dentro de rotinas MCMC (Zhu e Carlin, 2000; Berg, Meyer e Yu (2002). No presente estudo, optou-se por analisar os dois critérios DIC e FB, fornecidos pelo programa utilizado para realizar as análises (GIBBS1f90).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Verificou-se que os modelos que melhor explicam as variações genéticas aditivas são os modelos M1 (0,17) e M3 (0,16) e os modelos que menos conseguem explicar esta variação são os modelos M2 (0,04) e M4 (0,04). M1 e M3 diferiram quanto à inclusão no modelo M3 do efeito comum de alevinagem (w^2), demonstrando que a inclusão deste efeito (w^2) pouco altera na variação genética aditiva. M2 e M4 têm em comum o efeito de ambiente comum de larvicultura (c^2), indicando que quando este efeito está presente, pouco contribui para a compreensão do valor genético aditivo. M4 tem além do efeito c^2 o efeito w^2 , a redução da variação genética neste modelo em comparação M3 é bastante significativa, porém não significativa quando comparado com o M2, indicando que a variável c^2 , interfere de forma prejudicial na explicação da variação genética aditiva (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância (σ^2) e covariância para efeito genético aditivo (σ_a^2), efeito genético materno (σ_m^2), efeito de ambiente comum de

larvicultura (σ_c^2), efeito de ambiente comum de alevinagem (σ_w^2), efeito residual (σ_e^2) e fenotípico (σ_w^2).

Modelo	σ_a^2	cov_{AM}	σ_m^2	σ_c^2	σ_w^2	σ_e^2	σ_y^2
M1	0,17	-	-	-	-	0,03	0,20
M2	0,04	-	-	0,04	-	0,09	0,18
M3	0,16	-	-	-	0,004	0,04	0,20
M4	0,04	-	-	0,04	0,003	0,09	0,18
M5	0,07	-0,04	0,08	-	-	0,08	0,24
M6	0,05	-0,02	0,007	0,03	-	0,09	0,19
M7	0,09	-0,07	0,09	-	0,004	0,07	0,26
M8	0,09	-0,05	0,04	0,03	0,004	0,07	0,23

Os modelos que levaram em consideração o efeito genético materno, M5 e M7 se comportaram da mesma forma que M1 e M3, visto que as estimativas para variância genética aditiva não se alteram com a inclusão do efeito de ambiente comum de alevinagem (Tabela 2). Entretanto, M5 e M7 diferem de M1 e M3, quando se analisa a inclusão do efeito materno, onde as estimativas de σ_a^2 que eram 0,17 (M1) e 0,16 (M3), baixaram para 0,07 (M5) e 0,09 (M7). Este resultado demonstra que incluir o efeito materno não melhora as estimativas, na verdade as torna menos consistentes.

As estimativas obtidas para as variâncias de c^2 e de w^2 foram baixas, entre 0,0004-0,09. As menores variâncias residuais foram para os modelos M1 (0,03) e M3 (0,04) (Tabela 1). Este comportamento na variação genética aditiva nos diferentes modelos, em relação à inclusão dos efeitos c^2 e ou w^2 , pode ser pelo conteúdo e a forma que cada variável se apresenta, sendo que estes resultados foram estimados a partir da última biometria (5ª biometria), onde animais tinham em média 294 dias de idade, e que o efeito de ambiente comum de larvicultura (c^2) já se encontrava distantes no tempo, do fenótipo obtido nesta última medição, e o efeito comum de alevinagem ser uma informação temporalmente mais próxima da quinta biometria.

A herdabilidade demonstra a proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação genotípica das características e indica o grau de facilidade e dificuldade para melhorar determinadas características, sendo as de maior herdabilidade de maior facilidade. As maiores herdabilidades são apresentadas pelos modelos M1 com 0,83 e M3 com 0,79. As menores herdabilidades são observadas nos modelos M2 (0,24) e M4 (0,23) (Tabela 2). Este resultado indica que o modelo M1 tem capacidade de proporcionar ao pesquisador melhor entendimento da expressão do genótipo através de seu fenótipo, de maneira a oferecer uma seleção mais acurada, valorizando de forma mais acentuada o valor genético individual e não apenas o valor genético das famílias. De acordo com Lush (1936), quando o valor de h^2 é alto para certa característica, pode-se dar mais destaque à seleção dita massal, ou seja, selecionar os animais pelo seu valor fenotípico ou mérito aparente. À medida que o valor da herdabilidade se torna menor, o destaque deve se dar para a escolha dos indivíduos pelo seu valor intrínseco, avaliado a partir do desempenho dentro de famílias.

Tabela 2. Estimativas para herdabilidade (h^2) e das participações do efeito genético materno (m^2), efeito de ambiente comum de larvicultura (c^2) e de ambiente comum de alevinagem (w^2) para os modelos avaliados.

Modelo	h^2	m^2	c^2	w^2
M1	0,83	-	-	-
M2	0,24	-	0,23	-
M3	0,79	-	-	0,02
M4	0,23	-	0,21	0,02
M5	0,28	0,35	-	-
M6	0,30	0,04	0,18	-
M7	0,33	0,36	-	0,02
M8	0,36	0,16	0,14	0,02

Ao proceder a seleção dos animais com alto valor de herdabilidade, o ganho genético será acentuado, porém, em se tratando de alta h^2 , em que a ênfase é no desempenho individual e não nas famílias, corre-se o risco de perder variabilidade, prejudicando significativamente os programas de melhoramento genético. Este fato, entretanto, não ocorre com o melhoramento genético de tilápias, pois todas as famílias são mantidas a cada geração de seleção, através de suas progênes-representantes.

Assim, são selecionados os melhores animais de todas as famílias que compõem o plantel do núcleo de melhoramento, o que permite garantir a variabilidade indispensável para a longevidade do programa. Desta forma, o modelo M1 é o que melhor explica a fração da variância fenotípica, que é atribuída às diferenças genéticas dos indivíduos, com o maior valor de h^2 pode ser utilizado sem prejudicar a variabilidade genética das futuras gerações.

O modelo M1 apresenta as melhores estimativas com maior explicação da variação genética aditiva (Tabela 1) e maior herdabilidade (Tabela 2). A variância de ambiente está na dependência das condições de criação ou manejo e maiores variações das condições, reduzem a herdabilidade e maiores uniformidades das condições aumentam a herdabilidade (Falconer,1987). Entretanto, as informações ambientais (larvicultura e alevinagem) que se dispõe, podem ser ignoradas pela baixa participação na expressão do fenótipo ganho em peso médio diário (GPD), de acordo com todos os resultados obtidos.

Mediante os critérios do DIC e do log da densidade marginal para FB obtidos, observaram-se diferenças estatísticas entre todos os modelos avaliados. Verifica-se que o melhor modelo em termos de ajuste para DIC é o modelo M1, que agrega somente os valores genéticos aditivos e efeito residual na obtenção de sua estimativa, com -282,59 de *Deviance Information Criterion*, e o modelo menos ajustado para DIC é o M4 com valor de 1.754,57 (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas para DIC, logaritmo da densidade marginal para o Fator de Bayes e número de cadeias necessárias para atingir a convergência:

Modelo	DIC	-2log(p) para	n° de
		Factor Bayes	Cadeias
M1	-282,59	585,29	15.000
M2	1.710,51	1.823,79	30.000
M3	81,19	912,26	25.001
M4	1.754,57	1.782,47	30.000
M5	1.481,02	1.837,37	60.000
M6	1.300,91	1.803,18	50.001
M7	999,72	1.831,30	90.000
M8	1.004,24	1.786,99	50.001

Existe a possibilidade de se encontrar DIC com valores negativos, como aconteceu no presente estudo (DIC M1:-282,59), isto pode se dar, em algumas circunstâncias, como amostragem de distribuições log-não côncavas (por exemplo, distribuição t-Student), quando existe conflito substancial entre os dados e “a priori”, quando a distribuição da “posteriori” para um parâmetro é extremamente assimétrica ou simétrica bimodal, ou em outras situações em que a média “a posteriori” é muito pobre estatisticamente, resultando em um grande desvio (disponível em: The Bugs Projec <<http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/winbugs/dicpage.shtml#q7>> outubro, 2013). No

caso dos parâmetros estimados por meio do modelo M1, “a posteriori” apresenta-se extremamente assimétrica, justificando o valor negativo encontrado.

Uma vez que o melhor modelo é o portador do menor desvio (Gelman et al., 2004), observa-se que modelo M1, com o menor DIC é também o que apresenta menor desvio, sendo $-2\log(p)$ para $FB=585,29$. O modelo com maior desvio foi o M5 com 1837,37. O menor esforço computacional foi obtido pelo modelo M1 com 15.000 cadeias necessárias para atingir convergência dos parâmetros do modelo, e o maior esforço foi obtido por M7, que precisou gerar 90.000 cadeias para alcançar a convergência (Tabela 3).

CONCLUSÃO

O modelo M1 é o que se mostrou mais parcimonioso, utilizando o menor número de efeitos para explicar e prever de forma eficiente o fenômeno ganho em peso médio diário em tilápias. Visto que foi o modelo que apresentou a melhor explicação da variação genética aditiva, obteve a maior estimativa de herdabilidade, forneceu os melhores valores para critérios de avaliação de modelos, sendo eles DIC e log da densidade marginal para FB, além de ser o modelo gerado com o menor esforço computacional.

LITERATURA CITADA

AKAIKE, H. New look at the statistical model identification. IEEE Transactions in Automatic Control, AC-19, 716-723. 1974.

BENTSEN, H.B.; EKNATH, A.E.; PALADA-DE VERA, M.S., et al. Genetic Improvement of farmed tilápias: growth performance in a complete diallel cross experiment with eith strains of *Oreochromis niloticus*. Aquaculture, v.160, p. 145-173, 1998.

BERG, A., MEYER, R. e YU, J. Deviance information criterion for comparing stochastic volatility models Working Paper, Tech. Rep., 2002.

Bozdongan. H. Model selection and Akaike's Information Criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. Psychometrika. v.52, n.3, 345-370, Sep. 1987.

COWLES, K.; BEST, N.; VINES, K. Convergence diagnosis and output analysis. Cambridge: MRC Biostatistics Unit, UK. Version 0.40. 1995.

FALCONER, D.S. Introdução a genética quantitativa. Trad. Martinho de Almeida e Silva e José Carlos da Silva. Viçosa: Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa. 279p., 1987.

GELMAN, A., CARLIN, J.B., STERN, H.S. & Rubin, D.B. Bayesian data analysis. Second edition. Boca Raton: Chapman & Hall. 2004.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M.(Ed.) Bayesian Statistics 4. Oxford: University Press, 1992. p.625- 631.

GIANOLA, D.;FERNANDO,R.L.Bayesian methods in animal breeding theory. Journal of Animal Science 63:217-244, 1986.

GIANOLA,D.; FOULLEY, J.L. Variance estimation from integrated likelihood (VEIL). Genetics, selection, evolution, v.22, p.403-417, 1990.

GILKS, W.R.; THOMAS, A.; SPIEGELHALTER, D.J. A language and program for complex Bayesian modelling. The Statistician, v.43, p.169-177, 1994.

GJEDREM, T. Genetic improvement of cold-water species. Aquaculture Research 31, p. 25-33. 2000.

GJERDE, B.; GJEDREM, T. Estimates of phenotypic and genetic parameters for carcass traits in Atlantic salmon and rainbow trout. Aquaculture, 36:97-110, 1984.

GJEREN, H.M.; BENTSEN, H.B.Past, present and future of genetic improvement in salmon aquaculture. Journal of Marine Science, 54:1009-1014, 1997.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P.D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. Operations Research, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1983.

HOSTED by the MRC Bioestatistic Unit, Cambridge, UK. The BUGS Project. <<http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/winbugs/dicpage.shtml#q7>>. Acesso outubro 2013.

HULATA, G. Genetic manipulation in aquaculture: a review of stock improvement by classical and modern technologies. *Genetica* 111, p. 155-173. 2001.

ICLARM – Genetic improvement of carp species in Asia: Final report, Asian development bank regional technical assistance n°. 5711, WorldFish Center, Penang, Malaysia, 2001.

JENSEN, J.; WANG, C.S.; SORENSEN, D.A. et al. Bayesian inference on variance and covariance for traits influenced by maternal and direct effects, using the Gibbs sampler. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Sciences*, v.44, p.193- 201, 1994.

KASS, R.E.;RAFTERY, A.E. Bayes Factor. *Journal of the American Statistical Association*, 92, p.773-795. 1995.

LITTELL, R. C.; MILLIKEN, G. A. STROUP, W. W & WOLFINGER, R. D. SAS System for Mixed Models. Cary: Statistical Analysis System Institute, 633p, 2002.

LUSH, J.L. Genetics aspects of the Danish system of progeny testing swine. *Iowa Research Bulletin*, n. 204, 17p, 1936.

MAGNOBOSCO, C.U. Estimativas de parametros genéticos em características de crescimento de animais da raça nelore usando os métodos REML e amostragem de Gibbs. Ribeirão Preto: USP / FMRP. 83p. Tese de Doutorado, 1997.

MISSÃO, E.C.M. Uma revisão do fator de Bayes com aplicação à modelos com misturas. Dissertação Mestrado. UFSCar, 99p. 2007.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier, France. **Anais...** Montpellier: WCGALP, p.7. 2002.

OLIVEIRA S.N. Parâmetros genéticos para características de desempenho e morfométricas em tilápias do Nilo (*Oreochromis niloticus*). Dissertação Mestrado. s.n. 39p. 2011.

PONZONI, R.W.; HAMZAH, A.; TAN, S. et al. Genetic parameters and response for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, n.247, p.203-210, 2005.

PONZONI, R.W.; NGUYEN, N.H.; KHAW, H.L. Economic appraisal of genetic improvement programs in carps: Na example in common carp, *Cyprinus carpio*, WorldFish Center, Penang, Malaysia, 2007.

R Development Core Team, R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2008. Disponível em: [HTTP:// www.R-project.org](http://www.R-project.org)

REFSTIE, T. Genetic and environmental sources of variation of body weight and length of rainbow trout fingerlings. *Aquaculture*, 19:351-357, 1980.

REKAYA, R. Analisis Bayesiano de datos de producción en lós días de control para la selección de caracteres lecheros. Madrid: Universidad Politécnica de Madrid. 183p, Doctoral Thesis, 1997.

ROSA, G.J.M. Robust mixed linear models in quantitative genetics: Bayesian analysis via Gibbs sampling. In: International Symposium on animal breeding and genetics. 1999. Viçosa. Proceedings... Viçosa: Ed.da Universidade Federal de Viçosa, p.133-159, 1999.

SAS Institute. SAS/STAT[®]. User's guide: statistics, version 8.1.4 ed., v.2. Cary:SAS Institute, 2000.

SCHAWARZ, G. Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*, 6, 461–464, 1978.

SILVA, F.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H.; SÁFADI, T. Abordagem Bayesiana da curva de lactação de cabras Saanen de primeira e segunda ordem de parto. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.40, p.27-33, 2005.

SPIEGELHALTER, D. J., BEST, N. G., CARLIN, B. P.; LINDE, A. V. D. Bayesian measures of model complexity and fit (with discussion). *Journal of The Royal Statistical Society*, 64, 583–639, 2002.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. *Communications in Statistics – Simulation*, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

WORLD FISH CENTER, GIFT technology manual: na AID to tilapia selective breeding. Penang, Malaysia. 46p., 2004.

ZHU, L. e CARLIN, B. Comparing hierarchical models for spatio-temporally misaligned data using the deviance information criterion. *Statistics in Medicine*, P. 94, 2000.