

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 20/12/2023.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CENTRO DE AQUICULTURA DA UNESP

**ANÁLISES GENÔMICAS PARA ASSOCIAÇÃO DE
*SNPS COM RESISTÊNCIA À AEROMONAS
HYDROPHILA E RENDIMENTO DE FILÉ NO
TAMBAQUI (COLOSSOMA MACROPOMUM)***

Raquel Belini Ariede

Bióloga

Jaboticabal, São Paulo

2021

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CENTRO DE AQUICULTURA DA UNESP

**ANÁLISES GENÔMICAS PARA ASSOCIAÇÃO DE
*SNPS COM RESISTÊNCIA À AEROMONAS
HYDROPHILA E RENDIMENTO DE FILÉ NO
TAMBAQUI (COLOSSOMA MACROPOMUM)***

Raquel Belini Ariede

Orientador: Dr. Diogo Teruo Hashimoto

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Aquicultura do Centro de Aquicultura da UNESP - CAUNESP, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor.

Jaboticabal, São Paulo

2021

A698a Ariede, Raquel Belini
Análises genômicas para associação de SNPs com resistência à *Aeromonas hydrophila* e rendimento de filé no tambaqui (*Colossoma macropomum*) / Raquel Belini Ariede. -- Jaboticabal, 2021
iv, 129 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Centro de Aquicultura, 2021

Orientador: Diogo Teruo Hashimoto

Banca examinadora: Fabiana Pilarski, Fabio Porto-Foresti, Gabriela Vanina Villanova, Gustavo Moraes Ramos Valladão

Bibliografia

1. Aquicultura. 2. Resistência à doenças. 3. Genética Animal. 4. Peixes.
I. Título. II. Jaboticabal-Centro de Aquicultura.

CDU 636.3.09

Ficha Catalográfica elaborada pela STATI - Biblioteca da UNESP
Campus de Jaboticabal/SP - Karina Gimenes Fernandes - CRB 8/7418



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Centro de Aquicultura da Unesp - CAUNESP



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: Análises genômicas para associação de SNPs com resistência à *Aeromonas hydrophila* e rendimento de filé no tambaqui (*Colossoma macropomum*)

AUTORA: RAQUEL BELINI ARIEDE

ORIENTADOR: DIOGO TERUO HASHIMOTO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em AQUICULTURA, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. DIOGO TERUO HASHIMOTO (Participação Virtual)
Laboratório de Genética de Peixes, Centro de Aquicultura da Unesp, Caunesp -, Jaboticabal-SP

Prof. Dr. FABIO PORTO FORESTI (Participação Virtual)
Departamento de Ciências Biológicas / FC/UNESP, Bauru-SP

Profa. Dra. FABIANA PILARSKI (Participação Virtual)
Laboratório de Microbiologia e Parasitologia de Organismos Aquáticos / Centro de Aquicultura da Unesp, Caunesp, Jaboticabal-SP

Prof. Dr. GUSTAVO MORAES RAMOS VALLADÃO (Participação Virtual)
Programa de Pós Graduação em Aquicultura / Universidade Nilton Lins, Manaus-AM

Profa. Dra. GABRIELA VANINA VILLANOVA (Participação Virtual)
Consejo Nacional De Investigaciones Cientificas Y Técnicas, CONICET, Argentina

Jaboticabal, 20 de dezembro de 2021

Centro de Aquicultura da Unesp
Coordenação do Programa de Pós-Graduação
Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellani, s/n CEP 14884-900 Jaboticabal SP Brasil
Tel 55 16 32032110 ramal 214 fax 55 16 32032268
pgaqui@caunesp.unesp.br www.caunesp.unesp.br

Sumário	
Resumo	4
Abstract	5
1. Introdução Geral	6
1.1 Produção aquícola e caracterização do tambaqui <i>Colossoma macropomum</i>	6
1.2 Melhoramento genético em peixes	7
1.3 Características de crescimento e rendimento de filé	8
1.4 Resistência a doenças	9
1.5 Genômica aplicada ao melhoramento genético de peixes	11
1.6 Referências	12
2. Objetivos	21
2.1 Objetivo geral	21
2.2 Objetivos específicos	21
3. Atividades desenvolvidas	22
3.1 Capítulo I	24
3.2 Capítulo II	26
3.2.1 Material biológico	26
3.2.2 Construção das bibliotecas e seleção dos SNPs	26
3.2.3 Validação do Axiom array em tambaqui	30
Anexo I	35
Abstract	35
Introduction	36
Results	37
Discussion	39
Methods	41
Data Availability	44
References	44
Acknowledgements	48
Author contributions	48
Additional Information	48
Code Availability	48
Competing interests	49
Figures	49
Tables	49
3.3 Capítulo III	55
3.3.1 Introdução	57

3.3.2	Material e Métodos	59
3.3.3	Resultados	63
3.3.4	Discussão	70
3.3.5	Conclusão	74
3.3.6	Referências	75
3.4	Capítulo IV	85
3.4.1	Introdução	86
3.4.2	Material e Métodos	88
3.4.2.1	Comitê de Ética	88
3.4.2.2	População experimental	89
3.4.2.3	Experimento do desempenho de crescimento e rendimento de filé	89
3.4.2.4	Sistema de visão computacional e Deep Learning	92
3.4.2.5	Análises genômicas	94
3.4.2.6	Modelos estatísticos	96
3.4.2.7	Análise de associação genômica ampla (GWAS) para rendimento de filé	98
3.4.3	Resultados	100
3.4.3.1	Estatísticas descritivas	100
3.4.3.2	Parâmetros genéticos	106
3.4.3.3	Correlações fenotípicas e genéticas	108
3.4.3.4	Análises genômicas	111
3.4.4	Discussão	117
3.4.5	Referências	122

Dedicatória

*Ao meu avô Rodolfo Bellini,
minha maior saudade.*

Agradecimentos

Agradeço a Deus primeiramente por todo o cuidado comigo e com as pessoas que eu amo durante estes anos. Agradeço também cada pessoa que Ele colocou em meu caminho para tornar a caminhada mais leve.

Agradeço meus pais, irmãos, cunhados e sobrinhos que sempre foram meu porto seguro e minha alegria. Minha motivação vem deles.

Sou grata pelo meu namorado e sua família que me acolheram e foram minha segunda casa. Obrigada pelo cuidado e apoio sempre.

Ao prof. e orientador Diogo Hashimoto, pelo direcionamento e atenção desde o mestrado, foram seis anos de muito aprendizado e evolução. Obrigada por estar ao meu lado me ajudando.

A todos do laboratório LaGeAC e todos que passaram por ele durante todo este período, Milena, Rubens, John, Carol, Vito, Valéria, Celma, Marcelo e Shisley meus sinceros agradecimentos por toda ajuda, sempre acreditei que ninguém faz nada sozinho e se eu consegui chegar até aqui foi porque vocês estiveram comigo. Obrigada!

Minhas amigas Ariadne, Bruna e Yasmim, obrigada por cada conversa e momentos juntas, vocês me deram força e são mulheres incríveis que me inspiram a ser melhor a cada dia.

Obrigada a todos vocês!

Apoio Financeiro

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (número do processo 2017/19717-3) pela Bolsa de Doutorado, e a FAPESP pela Bolsa Estágio de Pesquisa no Exterior - BEPE (número do processo 2019/10662-7).

Resumo

Tambaqui (*Colossoma macropomum*) é o peixe neotropical mais importante da aquicultura de água doce na América do Sul. Surto da doença causados pela bactéria *Aeromonas hydrophila* resultam em perdas significativas para a produção de tambaqui. Além disso, o aumento da produção dessa espécie em aquicultura é limitado pela falta de programas de melhoramento genético, especialmente para características de resistência a doenças e rendimento de filé. O objetivo desse estudo foi caracterizar o desempenho zootécnico de famílias de tambaqui *C. macropomum* para resistência à *Aeromonas hydrophila* e características de crescimento/rendimento de filé, por meio de genética quantitativa e associação genômica de SNPs (*single nucleotide polymorphisms*). Primeiramente, os resultados dos parâmetros genéticos para resistência a *A. hydrophila* e a correlação genética com o ganho de peso diário em juvenis de tambaqui demonstraram que é possível incluir essas características em programas de melhoramento seletivo. Em seguida, para avançar com as análises genômicas, foi desenvolvido um denso SNP *array* para o tambaqui, com a caracterização de 30 mil SNPs candidatos para a plataforma de genotipagem Axiom/ThermoFischer (30K SerraSNP *array*). Após essa etapa, foi investigado a arquitetura genética da resistência a *A. hydrophila* em tambaqui por um estudo de associação do genoma (GWAS) para identificar loci de características quantitativas (QTLs) e genes putativos associados a esta característica em tambaqui. Um denso mapa de ligação foi desenvolvido para o tambaqui usando os dados do genótipo; resultando em 17.374 SNPs distribuídos em 27 grupos de ligação. A análise GWAS identificou vários QTLs candidatos associados à resistência de *A. hydrophila*, distribuídos em seis grupos de ligação. Vários genes candidatos relacionados à resposta imune foram localizados próximos aos QTLs putativos. Em relação as características de crescimento/rendimento, as análises de genética quantitativa revelaram moderada-alta herdabilidades, o que demonstra que estão sob moderado controle genético e devem responder à seleção genética. Uma abordagem de *deep learning* e sistema de visão computacional (CVS) também foi validada para obter as medidas morfométricas do tambaqui em larga escala e de forma automatizada. As análises de GWAS para essas características confirmaram que estão sob controle poligênico, com a identificação de apenas alguns QTLs com significância estatística. Em conclusão, ambas as características avaliadas neste estudo, resistência a *A. hydrophila* e características de crescimento e rendimento corpóreo, demonstram estar sob controle genético e influenciadas por várias regiões genômicas, e podem ser inseridas em programas de melhoramento para tambaqui.

Palavras-Chave: tambaqui, SerraSNP array, desafio bacteriano, crescimento, SNPs associados.

Abstract

Tambaqui (*Colossoma macropomum*) is the most important neotropical fish in freshwater aquaculture in South America. Disease outbreaks caused by the bacteria *Aeromonas hydrophila* result in significant losses for tambaqui production. Furthermore, the increase in production of this species in aquaculture is limited by the lack of genetic improvement programs, especially for disease resistance traits and fillet yield. The objective of this study was to characterize the performance of tambaqui *C. macropomum* families for resistance to *Aeromonas hydrophila* and fillet growth/yield traits, through quantitative genetics and genomic association of SNPs (single nucleotide polymorphisms). First, the results of genetic parameters for resistance to *A. hydrophila* and the genetic correlation with daily weight gain in tambaqui juveniles demonstrated that it is possible to include these traits in selective breeding programs. Then, to proceed with genomic analyses, a dense SNP array for tambaqui was developed, with the characterization of 30,000 candidate SNPs for the Axiom/ThermoFischer genotyping platform (30K SerraSNP array). After this, the genetic architecture of resistance to *A. hydrophila* in tambaqui was investigated by a genome-wide association study (GWAS) to identify quantitative trait loci (QTLs) and putative genes associated with this trait in tambaqui. A dense linkage map was developed for tambaqui using genotype data; resulting in 17,374 SNPs distributed in 27 linkage groups. GWAS analysis identified several candidate QTLs associated with *A. hydrophila* resistance, distributed into six linkage groups. Several candidate genes related to the immune response were located close to the putative QTLs. Regarding growth/yield traits, quantitative genetic analysis revealed moderate-high heritability, which demonstrates that they are under moderate genetic control and must respond to genetic selection. A deep learning approach and computer vision system (CVS) was also validated to obtain the morphometric measurements of tambaqui on a large scale and in an automated way. GWAS analyzes for these traits confirmed that they are under polygenic control, with the identification of only a few QTLs with statistical significance. In conclusion, both traits evaluated in this study, resistance to *A. hydrophila* and growth and body yield traits, demonstrate to be under genetic control and influenced by several genomic regions, and can be included in improvement programs for tambaqui.

Keyword: tambaqui, SerraSNP array, bacterial challenge, growth, associated SNPs.

1. Introdução Geral

1.1 Produção aquícola e caracterização do tambaqui *Colossoma macropomum*

Segundo dados da *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO), em 2018, a produção total da aquíicultura foi de 82 milhões de toneladas (FAO, 2020). De forma geral, a Ásia foi a que mais contribuiu com a produção de peixes cultivados para consumo humano, e o Brasil encontra-se em 13º lugar dos países que mais contribuíram com a aquíicultura mundial (FAO, 2020). Além disso, em termos de aquíicultura de água doce, o Brasil ocupa a oitava posição no ranking global, com valores mais baixos apenas em relação à China, Índia, Indonésia, Vietnã, Bangladesh, Egito e Mianmar (FAO, 2020). A aquíicultura brasileira apresentou expressivo avanço nos últimos anos e, em 2018, segundo dados do IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), atingiu um valor de produção de R\$ 3,3 bilhões. A produção total de peixes foi de 519,3 mil toneladas em 2018, representando um aumento de 3,4% em relação ao ano anterior (IBGE, 2019).

O tambaqui *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818) é um peixe neotropical e corresponde ao maior peixe da ordem Characiformes da bacia Amazônica. Esta espécie pode medir até um metro de comprimento, pesar 30 kg, e se alimenta principalmente de frutos, sementes e zooplâncton (Gouding and Carvalho, 1982). Esta espécie é amplamente distribuída nos rios Amazonas e Orinoco (Jégu, 2003), com ocorrência natural no Brasil, Venezuela, Colômbia, Peru e Bolívia (Araujo-Lima e Goulding, 1997).

Em termos de produção na aquíicultura, o tambaqui é a espécie nativa da América do Sul mais cultivada nas pisciculturas. No Brasil, está em segundo lugar no ranking das espécies mais produzidas, atrás somente da tilápia (IBGE, 2019). Em 2018, a produção nacional alcançou o valor de 102 mil toneladas. Além disso, o tambaqui é utilizado para cruzamentos com outras espécies de Serrasalminidae (*Piaractus mesopotamicus* e

Piaractus brachypomus), resultando em híbridos interespecíficos, que são muito utilizados nas regiões Centro-Oeste e Sudeste (Hashimoto *et al.*, 2012).

Além da aceitação de mercado, características produtivas e adaptações favoráveis aos sistemas de cultivo, o destaque do tambaqui se deve especialmente aos avanços em pesquisa e estudos científicos (Gomes *et al.*, 2010; Oliveira *et al.*, 2012). Por isso, é considerado o principal peixe nativo da aquicultura sul-americana e, desta forma, uma espécie alvo para programas de melhoramento genético, que já tem sido feito por universidades, centros de pesquisa e empresas, especialmente no Brasil.

3.3.5 Conclusão

A fim de melhorar a seleção para resistência a doenças em tabaqui, geramos e aplicamos ferramentas genômicas para entender a arquitetura genômica de resistência contra *A. hydrophila* através da construção de um mapa de ligação e análise GWAS. Nossos resultados indicam que a resistência de *A. hydrophila* está sob controle poligênico em tabaqui e mais estudos são necessários para validar se os genes putativos encontrados aqui desempenham um papel na variação genética para resistência. A implementação da seleção assistida por marcadores provavelmente não é a abordagem mais eficiente para melhorar a resistência contra *A. hydrophila* em tabaqui, ao contrário do que foi sugerido para bagres em um estudo GWAS semelhante [19]. A seleção

3.4.5 Referências

- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta S., Lawlor T.J. (2010). Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, 93(2), 743-752.
- Ahmad, F., Azevedo, J.L., Cortright, R., Dohm, G.L., Goldstein, B.J. (1997). Alterations in skeletal muscle protein-tyrosine phosphatase activity and expression in insulin-resistant human obesity and diabetes. *J Clin Invest* 100:449–458.
- Ali, A., Al-Tobasei, R., Lourenco, D., Leeds, T., Kenney, B., Salem, M. (2020). Genome-wide identification of loci associated with growth in rainbow trout. *BMC genomics*, 21(1), 1-16.
- Almeida, F. D., Lopes, J. S., Crescencio, R., Izel, A. C. U., Chagas, E. C., Boijink, C. (2016). Early puberty of farmed tambaqui (*Colossoma macropomum*): Possible influence of male sexual maturation on harvest weight. *Aquaculture*, 452, 224-232.

- Ariede, R. B., Freitas, M. V., Agudelo, J. F., Borges, C. H., Lira, L. V., Yoshida, G. M., Pilarski, F., Yáñez, J.M., Hashimoto, D. T. (2020). Genetic (co) variation between resistance to *Aeromonas hydrophila* and growth in tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Aquaculture*, 523, 735225. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735225>
- Ariede, R.B., Freitas, M.V., Hata, M.E., Mastrochirico-filho, V.A., Pilarski, F., Batlouni, S.R., Porto-Foresti, F., Hashimoto, D.T. (2018). Microsatellites associated with growth performance and analysis of resistance to *Aeromonas hydrophila* in Tambaqui *Colossoma macropomum*. *Front. Genet.* 9, 3. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00003>.
- Bak, A., Jacob, A.I., Aga-Mizrachi, S., Brutman-Barazani, T., Sampson, S.R., Elson, A. (2008). Cytosolic protein tyrosine phosphatase- ϵ is a negative regulator of insulin signaling in skeletal muscle. *Endocrinology* 149:605–614.
- Catchen, J. M., Amores, A., Hohenlohe, P., Cresko, W., Postlethwait J. H. (2011). Stacks: building and genotyping loci de novo from short-read sequences. *G3: Genes|genomes|genetics*, 1(3), 171-182.
- Catchen, J., Amores, A., & Bassham, S. (2020). Chromonomer: a tool set for repairing and enhancing assembled genomes through integration of genetic maps and conserved synteny. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10(11), 4115-4128.
- Cibert, C., Fermon, Y., Vallod, D.J., Meunier, F. (1999). Morphological screening of carp *Cyprinus carpio*: relationship between morphology and fillet yield. *Aquatic Living Resources* 12, 1–10.
- Dupont-Nivet, M., Chevassus, B., Mauger, S., Haffray, P., Vandeputte, M. (2010). Side effects of sexual maturation on heritability estimates in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture Research* 41, e878–e880.
- Einen, O., Mørkøre, T., Rørå, A.M.B., Thomassen, M.K. (1999). Feed ration prior to slaughter - a potential tool for managing product quality of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 178, 149–169.
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 1996. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 3.
- Fernandes, A. F., Turra, E. M., de Alvarenga, É. R., Passafaro, T. L., Lopes, F. B., Alves, G. F., Singhc, V., Rosa, G.J.M. (2020). Deep Learning image segmentation for extraction of fish body measurements and prediction of body weight and carcass traits in Nile tilapia. *Computers and electronics in agriculture*, 170, 105274.

- Fraslin, C., Dupont-Nivet, M., Haffray, P., Bestin, A., Vandeputte, M. (2018). How to genetically increase fillet yield in fish: new insights from simulations based on field data. *Aquaculture*, 486, 175-183.
- Freitas, M. V., Lira, L. V., Ariede, R. B., Agudelo, J. F., Borges, C. H., Mastrochirico-Filho, V. A., Garcia Neto, B. F., Carvalheiro, R., Hashimoto, D.T. (2020). Genotype by environment interaction and genetic parameters for growth traits in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, 735933. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735933>
- Gjedrem, T. (2012). Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: a personal opinion review. *Aquaculture* 344–349, 12–22. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.03.003>.
- Gjerde, B., Mengistu, S. B., Ødegård, J., Johansen, H., Altamirano, D. S. (2012). Quantitative genetics of body weight, fillet weight and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 342, 117-124.
- Gong, J., Zhao, J., Ke, Q., Li, B., Zhou, Z., Wang, J., Zhou, T., Zheng, W., Xu, P. (2021). First genomic prediction and genome-wide association for complex growth-related traits in Rock Bream (*Oplegnathus fasciatus*). *Evolutionary Applications*.
- Gonzalez-Pena, D., Gao, G., Baranski, M., Moen, T., Cleveland, B.M., Kenney, P.B., Vallejo, R.L., Palti, Y., Leeds, T.D. (2016). Genome-wide association study for identifying loci that affect fillet yield, carcass, and body weight traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Front Genet* 7:203.
- Gunsett, F.C. (1987). Merit of utilizing the heritability of a ratio to predict the genetic change of a ratio. *J. Anim. Sci.* 65, 936–942.
- Gutierrez, A. P., Yáñez, J. M., Fukui, S., Swift, B., Davidson, W. S. (2015). Genome-wide association study (GWAS) for growth rate and age at sexual maturation in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *PloS one*, 10(3), e0119730.
- Haffray, P., Bugeon, J., Pincet, C., Chapuis, H., Mazeiraud, E., Rossignol, M.-N., Chatain, B., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., (2012). Negative genetic correlations between production traits and head or bony tissues in large all-female rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*:368–369 145–152. [10.1016/j.aquaculture.2012.09.023](https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.09.023).
- Haffray, P., Bugeon, J., Rivard, Q., Quittet, B., Puyo, S., Allamelou, J.M., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M. (2013). Genetic parameters of in-vivo prediction of carcass, head and fillet yields by internal ultrasound and 2D external imagery in large

- rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*:410–411 236–244. 10.1016/j.aquaculture.2013.06.016.
- He, K., Gkioxari, G., Dollár, P., & Girshick, R. (2017). Mask r-cnn. In *Proceedings of the IEEE international conference on computer vision* (pp. 2961-2969).
- Hilsdorf, A. W. S., Silva, M. U., Coutinho, L. L., Montenegro, H., Almeida-Val, V. M. F., Pinhal, D. (2021). Genome assembly and annotation of the tambaqui (*Colossoma macropomum*): an emblematic fish of the Amazon River basin. *bioRxiv*.
- Houle, D., Govindaraju, D. R., & Omholt, S. (2010). Phenomics: the next challenge. *Nature reviews genetics*, 11(12), 855-866.
- IBGE. (2019). Pesquisa Pecuária Municipal – 2018. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/quadros/brasil/2018>
- Kause, A., Paananen, T., Ritola, O., Koskinen, H., (2007). Direct and indirect selection of visceral lipid weight, fillet weight, and fillet percentage in a rainbow trout breeding program. *Journal of Animal Science* 85, 3218–3227.
- Koch, R.M., Swiger, L.A., Chambers, D., Gregory, K.E. (1963). Efficiency of feed use in beef cattle. *Journal of Animal Science* 22, 486–494.
- Kocour, M., Mauger, S., Rodina, M., Gela, D., Linhart, O., Vandeputte, M. (2007). Heritability estimates for processing and quality traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) using a molecular pedigree. *Aquaculture* 270, 43–50. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2007.03.001>.
- Li, H., and Durbin, R. (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *bioinformatics*, 25(14), 1754-1760.
- Li, Y., Zhang, B., Lu, S., Tian, Y., Yang, Y., Chen, S. (2018). Genetic parameters estimates for growth performance traits at harvest in Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). *Aquaculture*, 489, 56-61.
- Liu, Y. X., Wang, G. X., Wang, Y. F., Si, F., Sun, Z. H., Zhang, X. Y., Wang, J.D.; Liu, H. J. (2011). Estimation of genetic parameters for growth traits of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* using an animal model. *Fisheries Science*, 77(1), 87-93.
- Marcos, R., Povh, J. A., Fornari, D. C., Oliveira, C. A. L., Ribeiro, P., Lopera-Barrero, N. M., Filho, R. A. C. C., Abreu, J. S., Murari, P. J. F. (2016). Weight gain and morphometric growth of genetically improved tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Semina: Ciências Agrárias* 37(4), 2521-2528. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2016v37n4Sup1p2521>.

- Mello, F. D., Oliveira, C. A. L., Streit, Jr. D., Resende, E. K., Oliveira, S. N., Fornari, D. C., Barreto, R. V., Povh, J. A., Ribeiro, R. P. (2016). Estimation of Genetic Parameters for Body Weight and Morphometric Traits to Tambaqui *Colossoma macropomum*. *J. Fisheries Sciences* 10(2), 096-100.
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648-4655.
- Navarro, A., Zamorano, M.J., Hildebrandt, S., Ginés, R., Aguilera, C., Afonso, J.M., (2009). Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth and carcass traits in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.), under industrial conditions. *Aquaculture* 289, 225–230.
- Nguyen, N. H., Ponzoni, R. W., Abu-Bakar, K. R., Hamzah, A., Khaw, H. L., Yee, H. Y. (2010). Correlated response in fillet weight and yield to selection for increased harvest weight in genetically improved farmed tilapia (GIFT strain), *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 305(1-4), 1-5.
- Nunes, J. R. S., Pértille, F., Andrade, S. C. S., Perazza, C. A., Villela, P. M. S., Almeida-Val, V. M. F., Gao, Z.X., Coutinho, L.L., Hilsdorf, A. W. S. (2020). Genome-wide association study reveals genes associated with the absence of intermuscular bones in tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Animal Genetics*, 51(6), 899-909.
- Pearson, K. (1897). Mathematical contributions to the theory of evolution. On a form of spurious correlation which may arise when indices are used in the measurement of organ. *Proceedings of the Royal Society of London* 60, 489–498.
- Perazza, C. A., Ferraz, J. B. S., Almeida-Val, V. M. F., Hilsdorf, A. W. S. (2019). Genetic parameters for loin eye area and other body traits of an important Neotropical aquaculture species, *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818). *Aquaculture Research*. <https://doi.org/10.1111/are.14245>.
- Peterson, B. K., Weber, J. N., Kay, E. H., Fisher, H. S., Hoekstra, H. E. (2012). Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS one*, 7(5), e37135.
- Powell, J., White, I., Guy, D., Brotherstone, S., (2008). Genetic parameters of production traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 274 (2–4), 225–231.
- Prchal, M., Bugeon, J., Vandeputte, M., Kause, A., Vergnet, A., Zhao, J., Gela, D., Genestout, L., Bestin, A., Haffray, P., Kocour, M. (2018). Potential for genetic

- improvement of the main slaughter yields in common carp with in vivo morphological predictors. *Frontiers in genetics*, 9, 283.
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I.W., Daly, M.J., Sham, P.C. (2007). PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American journal of human genetics*, 81(3), 559-575.
- Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H., Komen, H. (2005). Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture* 246, 101–113.
- Saillant, E., Dupont-Nivet, M., Sabourault, M., Haffray, P., Laureau, S., Vidal, M.-O.O., Chatain, B. (2009). Genetic variation for carcass quality traits in cultured sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Aquat. Living Resour.* 22, 105–112. <https://doi.org/10.1051/alr/2009010>.
- Sang, N., Thomassen, M., Klemetsdal, G., Gjøen, H. M. (2009). Prediction of fillet weight, fillet yield, and fillet fat for live river catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). *Aquaculture*, 288(3-4), 166-171.
- Sutherland, T.M. (1965). The correlation between feed efficiency and rate of gain, a ratio and its denominator. *Biometrics* 21, 739–749.
- Tian, Y., Xu, T., Liang, Y., Chen, S. (2011). Estimates of genetic and phenotypic parameters for weight and length in *Paralichthys olivaceus* (Temminck et Schlegel). *Acta Oceanologica Sinica*, 30(6), 58-64.
- Trọng, T. Q., Mulder, H. A., van Arendonk, J. A., Komen, H. (2013). Heritability and genotype by environment interaction estimates for harvest weight, growth rate, and shape of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) grown in river cage and VAC in Vietnam. *Aquaculture*, 384, 119-127.
- Tsai, H. Y., Hamilton, A., Tinch, A. E., Guy, D. R., Gharbi, K., Stear, M. J., Matika, O., Bishop, S.C., Houston, R. D. (2015). Genome wide association and genomic prediction for growth traits in juvenile farmed Atlantic salmon using a high density SNP array. *BMC genomics*, 16(1), 1-9.
- Vandeputte, M., Bugeon, J., Bestin, A., Desgranges, A., Allamellou, J. M., Tyran, A. S., Allal, F., Dupont-Nivet, M., Haffray, P. (2019). First evidence of realized selection response on fillet yield in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*, using sib selection or based on correlated ultrasound measurements. *Frontiers in genetics*, 10, 1225.

- Vandeputte, M., Fraslin, C., Haffray, P., Bestin, A., Allal, F., Kocour, M., Prchal, M., Dupont-Nivet, M. (2020). How to genetically increase fillet yield in fish: Relevant genetic parameters and methods to predict genetic gain. *Aquaculture*, 519, 734877.
- Vandeputte, M., Garouste, R., Dupont-Nivet, M., Haffray, P., Vergnet, A., Chavanne, H., Laureau, S., Ron, T.B., Pagelson, G., Mazorra, C., Ricoux, R., Marques, P., Gameiro, M., Chatain, B. (2014). Multi-site evaluation of the rearing performances of 5 wild populations of European sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *Aquaculture* 424–425 239–248. <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.01.005>.
- Vandeputte, M., Puleda, A., Tyran, A. S., Bestin, A., Coulombet, C., Bajek, A., Baldit, G., Vergnet, A., Allal, F., Bugeon, J., Haffray, P. (2017). Investigation of morphological predictors of fillet and carcass yield in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) for application in selective breeding. *Aquaculture*, 470, 40–49.
- Vaughan, L.K., Wiener, H.W., Aslibekyan, S., Allison, D.B., Havel, P.J., Stanhope, K.L., O'Brien, D.M., Hopkins, S.E., Lemas, D.J., Boyer, B.B. (2015). Linkage and association analysis of obesity traits reveals novel loci and interactions with dietary n-3 fatty acids in an Alaska Native (Yup'ik) population. *Metab Clin Exp* 64:689–697.
- Wang, H., Misztal, I., Aguilar, I., Legarra, A., Fernando, R. L., Vitezica, Z., Okimoto, R., Wing, T., Hawken, R., Muir, W.M. (2014). Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes in a single-step (ssGWAS) for 6-week body weight in broiler chickens. *Frontiers in Genetics*, 5, 134.
- Wang, X., Liu, X., Deng, D., Mei, Y., Li, X. (2016). Genetic determinants of pig birth weight variability. *BMC Genet* 17:S15.
- Wang, X., Qu, M., Liu, Y., Schneider, R. F., Song, Y., Chen, Z., Zhang, H., Zhang, Y., Yu, H., Zhang, S., Li, D., Qin, G. *et al.*, (2021). Genomic basis of evolutionary adaptation in a warm-blooded fish. *The Innovation*, 100185.
- Wojnárovich, A., & Van Anrooy, R. (2019). Field guide to the culture of tambaqui (*Colossoma macropomum*, Cuvier, 1816). *FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper*, (624), I-121.
- Wu, L., Yang, Y., Li, B., Huang, W., Wang, X., Liu, X., Meng, Z., Xia, J. (2019). First genome-wide association analysis for growth traits in the largest coral reef-dwelling bony fishes, the Giant grouper (*Epinephelus lanceolatus*). *Marine Biotechnology*, 21(5), 707-717.

- Yang, X., Zhang, S., Liu, J., Gao, Q., Dong, S., Zhou, C. (2021). Deep learning for smart fish farming: applications, opportunities and challenges. *Reviews in Aquaculture*, 13(1), 66-90.
- Yoshida, G. M., Lhorente, J. P., Correa, K., Soto, J., Salas, D., Yáñez, J. M. (2019). Genome-wide association study and cost-efficient genomic predictions for growth and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 9(8), 2597-2607.