

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP CENTRO
DE AQUICULTURA DA UNESP**

**Estudos genéticos de características de crescimento e
rendimento corpóreo por meio da análise de imagens em
pacu (*Piaractus mesopotamicus*)**

Milena Vieira de Freitas

Bióloga

Jaboticabal, São Paulo

2022

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP CENTRO
DE AQUICULTURA DA UNESP**

**Estudos genéticos de características de crescimento e
rendimento corpóreo por meio da análise de imagens em
pacu (*Piaractus mesopotamicus*)**

Milena Vieira de Freitas

Orientador: Pro. 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

2022

F866e Freitas, Milena Vieira
Estudos genéticos de características de crescimento e rendimento corpóreo por meio da análise de imagens em pacu (*Piaractus mesopotamicus*) / Milena Vieira Freitas. – – Jaboticabal, 2022
xvii, 101 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Centro de Aquicultura, 2022
Orientador: Diogo Teruo Hashimoto
Banca examinadora: Liane Bassini, Fabio Porto Foresti, Luciana Shiotsuki, Ricardo Utsunomia
Bibliografia

1. Genética animal. 2. Melhoramento genético. 3. Peixes. 4. Rendimento. 5. Inteligência artificial. I. Título. II. Jaboticabal-Centro de Aquicultura.

CDU 639.3:636.082

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: Estudos genéticos de características de crescimento e rendimento corpóreo por meio da análise de imagens em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

AUTORA: MILENA VIEIRA DE FREITAS

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 / Centro de Aquicultura da Unesp, Jaboticabal-SP



Prof. Dr. RICARDO UTSUNOMIA (Participação Virtual)

Departamento de Genética / Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, UFRRJ, Rio de Janeiro-RJ



Pesquisadora LUCIANA SHIOTSUKI (Participação Virtual)

Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas-TO



Prof. Dr. Fábio Porto Foresti

Departamento de Ciencias Biologicas / Faculdade de Ciencias de Bauru - UNESP



Profa. Dra. LIANE NEY BASSINI (Participação Virtual)

Universidad Andrés Bello, Santiago-Chile

Jaboticabal, 30 de março de 2022

Centro de Aquicultura da Unesp
Coordenação do Programa de Pós-Graduação
Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, 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

DEDICATÓRIA

*A minha mãe Tereza F. Vieira e minha irmã Fabiana Vieira
Que sempre me apoiaram durante a minha caminhada*

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 88882.433852/2019-01.

Primeiramente agradeço a Deus por ter cuidado de mim durante todo esse período e ter me dado forças para enfrentar as dificuldades que apareceram no meu caminho.

Agradeço imensamente a minha mãe, Tereza, que mesmo com todas as dificuldades sempre se dedicou a conseguir o melhor para a minha formação e estudos. Agradeço por ela sempre ter acreditado em mim, principalmente quando eu mesma mais duvidei. Mãe, muito obrigada ! você é, e sempre será a minha maior inspiração.

Sou grata ao Prof. Dr. Diogo Teruo Hashimoto pela oportunidade, por ter me orientado durante toda a minha pós-graduação, desde o mestrado até agora. Muito obrigada pelos seus ensinamentos, e por toda a ajuda durante o desenvolvimento dessa tese.

A todos do Laboratório de Genética em Aquicultura e Conservação e que passaram por ele durante este período, Raquel, Celma, Marcelo, Rubens, John, Carol, Shisley, Valeria e Vito. Sou imensamente grata por toda ajuda durante meus experimentos, afinal, não conseguimos fazer nada sozinhos. Acredito que Deus coloca as pessoas certas em nosso caminho, para aprendermos e contribuirmos de alguma forma, assim como aprendi muito com vocês espero também ter contribuído de alguma forma para a vida de vocês.

Em especial agradeço a Raquel, Celma e Marcelo no qual desenvolvi laços que espero levar para minha vida. Meus queridos, muito obrigada pela ajuda, conselhos, por toda força durante os meus piores dias, por trazerem um sorriso no meu rosto mesmo nos dias mais nublados. Eu sou imensamente grata por tudo que fizeram por mim e pelo cuidado que tiveram comigo durante esse tempo em Jaboticabal.

Aos meus colegas do Centro de Aquicultura da UNESP e aos técnicos Valdecir e Márcio que sempre estiveram disponíveis para a realização dos experimentos e coletas, sempre com muito bom humor, deixando os momentos mais estressantes mais descontraídos. Meus sinceros agradecimentos.

RESUMO

O pacu (*Piaractus mesopotamicus*) é uma espécie nativa das bacias do rio Paraná-Paraguai e corresponde a uma das espécies mais produzidas no Brasil. Contudo, o aumento da produção dessa espécie é limitado devido à falta de programas de melhoramento genético, principalmente com relação aos seus aspectos de crescimento e rendimento corpóreo. Tendo isso em vista este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, interação genótipo ambiente (GxE) e rendimento corpóreo no pacu. Além disso, um sistema de visão computacional (CVS) foi desenvolvido com a finalidade de automatizar o processo de medição desses animais e realizar correlações indiretas com o rendimento corpóreo. Ao total, os parâmetros de genética quantitativa foram avaliados em 48 famílias de irmãos completos para dez características de crescimento (peso inicial, peso final, ganho médio diário, comprimento total, comprimento padrão, comprimento da cabeça, comprimento da pelve, altura total, altura da cabeça e altura da região posterior) em dois ambientes distintos (núcleo de melhoramento: env1; piscicultura comercial: env2) aos 15 e 28 meses de idade. Apenas 20 famílias compartilhavam os dois ambientes simultaneamente, e somente os peixes do env1 foram avaliados aos 28 meses de idade, nos quais o sexo também foi registrado e foi realizada a filetagem, para a obtenção dos seguintes cortes: cabeça, costela, lombo e filé. De forma geral os resultados obtidos para as características de crescimento indicaram elevada herdabilidade e correlação entre as medidas morfométricas, além disso, também foi observada fortes correlações entre as características de crescimento e rendimento corpóreo no pacu. O CVS se mostrou eficiente para a automatização das medidas morfométricas. Dessa forma, as informações geradas por este projeto, aliadas a estudos de desempenho zootécnico, permitirão acelerar e maximizar a produção do principal grupo de peixes nativos, auxiliando na demanda e produção de melhor qualidade.

ABSTRACT

Pacu (*Piaractus mesopotamicus*) is a native species of the Paraná-Paraguay River basins and corresponds to one of the most produced species in Brazil. However, the increase in the production of this species is limited due to the lack of genetic improvement programs, mainly in relation to its growth and body yield aspects. With that in mind, this work aimed to estimate genetic parameters for growth traits, genotype-environment interaction (GxE) and body yield in pacu. In addition, a computer vision system (CVS) was developed with the aim of automating the measurement process of these animals and performing indirect correlations with body performance. Quantitative genetic parameters were evaluated in 48 full-sib families for ten growth traits (initial weight, final weight, average daily gain, total length, standard length, head length, pelvis length, total height, height head, height of posterior region) in two distinct environments (breeding nucleus: env1; commercial fish farming: env2) at 15 and 28 months of age. Only 20 families shared the two environments simultaneously, and only fish from env1 were evaluated at 28 months of age, in which sex was also recorded, and filleting was performed to obtain the following cuts: head, rib, loin and fillet. In general, the results obtained for the growth traits indicated high heritability and correlation between the morphometric measures, in addition, strong correlations were also observed between the growth traits and body yield in pacu. The CVS proved to be efficient for the automation of morphometric measurements. That way, the information generated by this project, combined with studies of zootechnical performance, will allow accelerating and maximizing the production of the main group of native fish, helping to demand and produce better quality.

I. LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Capítulo 1:

Interação genótipo ambiente e parâmetros genéticos para características de crescimento no peixe neotropical pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Figura 1.** Medidas morfométricas para características de crescimento em pacu: comprimento total (tl); comprimento padrão (sl); comprimento da cabeça (hl); comprimento da pelve (pl), altura total (th); altura da cabeça (hh), altura na região posterior (ph).
- **Figura 2.** Média de peso entre as famílias de pacu nos dois ambientes analisados.
- **Figura 3.** Análise de componentes principais e morfotipos de pacu. Morfótipos elípticos (abaixo) e arredondados (acima). fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pelve

Capítulo 2:

Fenotipagem de alto rendimento por deep learning para predição genética da forma corporal em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Figura 1.** Elipticidade do pacu, realizada pelas proporções de comprimento total (tl) e altura total (th)
- **Figura 2.** Segmentação manual pelo software Labelbox das regiões do corpo: A) cabeça (ha); B) corpo (ba); C) nadadeiras (fa); e D) pelve (pa).

- **Figura 3.** Gráfico de avaliação: A) representa a perda de treinamento (sem suavização) e B) representa a perda de treinamento (fator de suavização 0.9).
- **Figura 4.** Segmentação de instâncias por deep learning das regiões do corpo. A) (forma elíptica) e B) (forma arredondada) são os resultados do CVS inicial incluindo apenas cabeça (azul), corpo (vermelho) e nadadeiras (branco). C) é o CVS final incluindo todas as regiões de interesse: cabeça (vermelho), corpo (amarelo), nadadeiras (azul) e pelve (roxo).
- **Figura 5.** $\text{Log}_{10}(w_1 \text{ e } w_2)$ plotado contra $\text{Log}_{10}(tl)$ aos 15 e 28 meses de idade.

Capítulo 3

Avaliação de parâmetros genéticos para desempenho de crescimento e rendimento corpóreo em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Figura 1.** **A)** Características morfométricas mensuradas no pacu e suas áreas; área da cabeça (ha) em azul e área do corpo (ba) em verde; **B)** Área do dorso (da); **C)** Cortes realizados para rendimento corpóreo: L= lombo e R = costela e F = Filé.

II. LISTA DE TABELAS

Capítulo 1:

Interação genótipo ambiente e parâmetros genéticos para características de crescimento no peixe neotropical pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Tabela 1.** Média e desvio padrão das características analisadas em diferentes ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).
- **Tabela 2.** Estimativas de herdabilidade (erro padrão) para peso e características morfométricas em pacu.
- **Tabela 3.** Correlação genética (erro padrão) (acima) e correlação fenotípica (erro padrão) (abaixo) para medidas corporais, peso final e ganho médio diário em pacu.
- **Tabela 4.** Autovetores (λ_i) e proporção (%) sobre os oito componentes para análise de componentes principais (PCA).
- **Tabela 5.** Correlação de genótipo por ambiente (erro padrão) entre dois ambientes (env1 e env2).

Material suplementar:

- **Tabela S1.** Médias dos mínimos quadrados (LSM) (erro padrão) para as características das 20 famílias presentes em ambos os ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).

- **Tabela S2.** Médias dos mínimos quadrados (LSM) (erro padrão) para as características analisadas em diferentes ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).

- **Tabela S3.** Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_p^2) e variância fenotípica (σ_e^2) (erro padrão) para peso e características morfométricas em pacu. iw: peso inicial; fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pelve e adg: ganho médio diário

Capítulo 2:

Fenotipagem de alto rendimento por deep learning para predição genética da forma corporal em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Tabela 1.** Média e desvio padrão para o fator de condição (K) e elipticidade (E), aos 15 e 28 meses.

- **Tabela 2.** Herdabilidade para fator de condição (K) e elipticidade nos dois ambientes de cultivo aos 15 e 28 meses.

- **Tabela 3.** Os resultados da avaliação.

Capítulo 3

Avaliação de parâmetros genéticos para desempenho de crescimento e rendimento corpóreo em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

- **Tabela 1.** Estatísticas descritivas para as características morfométricas (mm) e rendimento corpóreo (g) no pacu.
- **Tabela 2.** Média e desvio padrão para as características analisadas no pacu. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetro (mm).
- **Tabela 3.** Estimativas de herdabilidade, componentes de variância genética aditiva e variância residual para características de desempenho de crescimento utilizando modelo linear animal.
- **Tabela 4.** Correlação genética $\pm$ desvio padrão (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) para características de crescimento e rendimento no pacu (*Piaractus mesopotamicus*).
- **Tabela 5.** Correlações genéticas e desvio padrão entre características morfométricas e características de rendimento expressa em porcentagem.
- **Tabela 6.** Correlações genéticas e desvio padrão entre características de rendimento expressa como porcentagem e log-residual.
- **Tabela 7.** Correlações genéticas e desvio padrão entre a área da cabeça (ha), do corpo (ba) e área do dorso (da) em relação ao peso das partes corporais no momento do abate.

SUMÁRIO

I.	LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	6
II.	LISTA DE TABELAS	8
1.	INTRODUÇÃO	1
1.1.	Aspectos gerais da produção aquícola	1
1.2.	Produção e caracterização do pacu (<i>Piaractus mesopotamicus</i>)	2
1.3.	Melhoramento genético em peixes	3
1.4.	Seleção para taxas de crescimento e características morfométricas.....	4
1.5.	Seleção para características de aparência	6
1.6.	Interação genótipo ambiente (GxE)	7
1.7.	Uso do deep learning para análise de imagens.....	9
2.	OBJETIVOS	11
2.1.	Objetivo geral	11
2.2.	Objetivos específicos	11
3.	DESENVOLVIMENTO.....	12
Capítulo 1		13
Interação genótipo ambiente e parâmetros genéticos para características de crescimento no peixe neotropical pacu (<i>Piaractus mesopotamicus</i>.....		13
RESUMO.....		14
1.	INTRODUÇÃO	16
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	18
2.1.	Comitê ética	18
2.2.	População experimental.....	19
2.3.	Experimento de performance de crescimento.....	21
2.4.	Modelo estatístico.....	23
2.5.	Estimativa dos parâmetros genéticos.....	25
3.	RESULTADOS.....	26
3.1.	Estatísticas descritivas.....	26
3.2.	Parâmetros genéticos	27
3.3.	Correlações genéticas e fenotípicas.....	28
3.4.	Análise de componentes principais	29
3.5.	Interação Genótipo x Ambiente.....	30
4.	DISCUSSÃO	31
4.1.	Parâmetros genéticos	31
4.2.	Identificação de morfotipos	33
4.3.	Interação genótipo ambiente (GxE)	35
5.	CONCLUSÃO	36
6.	MATERIAL SUPLEMENTAR	37

7. REFERENCIAS.....	41
Capítulo 2	48
<i>Fenotipagem de alto rendimento por deep learning para predição genética da forma corporal em pacu (Piaractus mesopotamicus)</i>	48
RESUMO.....	49
1. INTRODUÇÃO	50
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	52
2.1. Experimento de crescimento.....	52
2.2. Aquisição do banco de dados de imagem e conjuntos de dados.....	54
2.3. Segmentação e análise das imagens.....	55
2.4. Modelo estatístico para as análises genéticas	58
3. RESULTADOS.....	60
3.1. Sistema de visão computacional	60
3.2. Estatísticas descritivas.....	62
3.3. Parâmetros genéticos para a forma do corpo	64
4. DISCUSSÃO	64
4.1. Estratégia Deep learning	64
4.2. Parâmetros genéticos para forma do corpo	67
4. CONCLUSÃO	68
5. REFERENCIAS.....	69
Capítulo 3	73
<i>Avaliação de parâmetros genéticos para desempenho de crescimento e rendimento corpóreo em pacu (Piaractus mesopotamicus)</i>	73
RESUMO.....	74
1. INTRODUÇÃO	75
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	76
2.1. Comitê de ética	77
2.2. População experimental.....	77
2.3. Experimento de desempenho de crescimento e rendimento corpóreo	77
2.4. Modelos estatísticos.....	79
3. RESULTADOS	81
3.1. Estatísticas descritivas.....	81
3.2. Análises dos parâmetros genéticos	83
3.3. Estudo das correlações genéticas e fenotípicas.....	84
4. DISCUSSÃO	87
4.1. Estimativas de herdabilidade	87
4.2. Estudo das correlações genéticas e fenotípicas.....	89
5. CONCLUSÃO	90

6. <i>REFERENCIAS</i>	91
5. <i>CONSIDERAÇÕES FINAIS</i>	95
7. <i>BIBLIOGRAFIA</i>	95

1. INTRODUÇÃO

1.1. *Aspectos gerais da produção aquícola*

O consumo de produtos de origem animal, principalmente de pescado vem aumentando ao longo dos anos. Este aumento expressivo está relacionado ao crescimento populacional, aumento da riqueza, urbanização e a preferência por uma alimentação mais saudável (Bacher, 2015). Segundo o relatório da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO, 2020), o consumo per capita no ano de 2017 foi de 20 kg, sendo um dos maiores já registrado.

No ano de 2018, os índices de captura pela pesca predatória atingiram valores máximos de 96,4 milhões de toneladas, caracterizando uma sobre-exploração deste recurso ao longo dos anos e, conseqüentemente, a estagnação da pesca (FAO, 2020). De acordo com a FAO, a produção de peixes pela aquicultura apresentou um rápido aumento ao decorrer dos anos e, atualmente, a aquicultura é responsável por metade de todos os peixes destinados ao consumo humano (FAO, 2016).

O Brasil possui a maior reserva de água doce do mundo, com aproximadamente 8 mil km³ e mais de 3,5 milhões de hectares de lâmina d'água que podem ser aproveitadas para a aquicultura. A fim de consolidar o Brasil como um potencial produtor de pescado, uma série de políticas públicas e investimentos foram adotadas pelo extinto Ministério da Pesca e Aquicultura, como o Plano Safra da Pesca e Aquicultura, que investiu aproximadamente 4 bilhões no setor (MPA, 2014). Como consequência, foi possível observar um incremento significativo na produção nacional, que resultou em uma produção de 599 mil toneladas de pescado no ano de 2019 (IBGE, 2019). Diante do exposto, a utilização de produtos oriundos de melhoramento genético e práticas genéticas nos sistemas de produção são fundamentais para atender a demanda do mercado nacional.

1.2. Produção e caracterização do pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

O pacu *Piaractus mesopotamicus* é um peixe nativo das bacias dos rios Paraná, Paraguai e Uruguai (Resende, 2003). É uma das mais importantes espécies Neotropicals cultivadas na América do Sul, especialmente no Brasil (IBGE, 2019; Valladão et al., 2016). Porém, os estoques das populações selvagens de pacu têm diminuído nas últimas décadas, principalmente devido à sobrepesca e às alterações em seu habitat (Resende, 2003). Esta espécie representa um dos peixes mais capturados em águas continentais do Brasil e já foi considerada como criticamente em perigo no Estado SP (Decreto Estadual – Nº 56.031). Assim, o aproveitamento desta espécie pela piscicultura tem sido uma alternativa para suprir a demanda do mercado e reduzir o impacto nas populações naturais devido ao alto nível de exploração pela pesca.

No Brasil, o cultivo de pacu (juntamente com seu híbrido com a pirapitinga) alcança o quarto maior valor de produção de pescado entre as espécies nativas (aproximadamente 12 mil toneladas). Do total, a produção se apresenta distribuída por quase todo o país, e concentrada nas regiões Sudeste (31.76%), Centro-Oeste (19.50%) e Norte (17.78%) (IBGE, 2019). Essa espécie também tem considerável importância econômica para a aquicultura de outros países da América do Sul (especialmente Argentina), e em países asiáticos (China, Mianmar, Tailândia e Vietnã) (Flores Nava, 2007; Honglang, 2007; FAO 2010).

A seleção de genótipos superiores para o pacu poderá maximizar a produção sustentável deste pescado, principalmente se estes subsídios forem desenvolvidos para uso rotineiro em programas de manejo e melhoramento genético.

1.3. *Melhoramento genético em peixes*

Existem basicamente duas alternativas para piscicultores melhorarem o desempenho produtivo nos sistemas de cultivo. O primeiro é por meio de uma ampliação em suas instalações, o que frequentemente é inviável, pois nem sempre existem áreas ou volume de água disponíveis (especialmente devido a atual crise hídrica do planeta), além da ampliação quase sempre resultar em elevação nos custos de produção. O segundo é maximizar sua produtividade, ou seja, aprimorar o rendimento da produção do peixe por unidade de área cultivada, tanto por meio de melhorias ambientais e práticas de manejo adequadas (ex., equilibrada taxa de arrazoamento e controle da qualidade da água), quanto por meio de um programa de melhoramento genético com o objetivo de aumentar o ganho genético nos peixes que estão sendo cultivados (Tave, 1995; Nguyen, 2016).

A seleção genética de plantas e animais terrestres tem sido praticada desde que a agricultura começou (Brander, 2007). Em comparação com as principais espécies da pecuária, que têm sido selecionados por milhares de anos, os piscicultores de salmão e tilápia têm selecionado os peixes por apenas algumas décadas. Em animais terrestres a maior parte da produção baseia-se em espécies geneticamente melhoradas (Gjedrem et al., 2012). Entretanto, a maioria da produção aquícola (mais de 90%) ainda é baseada em unidades geneticamente não tratadas, ou em populações selvagens, ou seja, a aplicação de princípios genéticos quantitativos para peixes é limitada até recentemente.

Ainda existem vários entraves para que o melhoramento genético baseado na seleção seja amplamente difundido para as principais espécies da aquicultura, como insuficiente conhecimento sobre a biologia de espécies e programas de melhoramento, além da captura regular de espécimes selvagens para reposição de matrizes reprodutoras (Gjedren, 2005). A América do Sul apresenta excelentes recursos naturais e uma rica biodiversidade de peixes com

potencial para melhoramento genético. Aproximadamente 40 espécies nativas são utilizadas para aquicultura brasileira (Godinho, 2007).

Embora apresentem potencial, a maioria dos cultivos na América do Sul é realizada com espécies exóticas de outros países, especialmente a tilápia, carpa e truta (Valadão et al., 2016). Contudo, o desenvolvimento de programas genéticos para espécies nativas é uma realidade a ser explorada. Estudos recentes têm elucidado a viabilidade de melhoramento para características de resistência a doenças em duas espécies nativas (pacu e tambaqui) (Mastrochirico-Filho et al., 2019; Lira et al., 2020 Ariede et al., 2020), além disso estudos de parâmetros genéticos para crescimento e características morfométricas em tambaqui identificaram alta herdabilidade para estas características de interesse (Mello et al., 2016; Perazza et al., 2019). Tendo isso em vista, as respostas promissoras para estas espécies apontam o desenvolvimento desta área no Brasil.

A tilápia GIFT (Genetically Improved Farmed Tilapia), uma variedade que sofreu um processo de seleção genética, é a principal espécie cultivada no Brasil. Esta variedade foi desenvolvida em dez anos de pesquisa (1988-1997), conduzido pela cooperação do WorldFish Center com AKVAFORSK, além de várias instituições de pesquisa nas Filipinas (WorldFish Center, 2004; Ponzoni et al., 2011). Após cinco gerações, o desempenho de crescimento da GIFT resultou em ganhos na ordem superior a 80% (WorldFish Center, 2004). Isto demonstra que são necessários investimentos em projetos de melhoramento genético na América do Sul, para que as espécies nativas neotropicais também possam suprir a demanda de pescado com qualidade.

1.4. Seleção para taxas de crescimento e características morfométricas

O crescimento é a característica mais visada nos programas de melhoramento genético (Gjedrem, 2005). Os custos com a alimentação durante o período de crescimento representam

o maior investimento na maioria dos sistemas de produção (Edwards et al., 2000; El-Sayed, 2006; Parker, 2012). Levando isso em consideração, os produtores começaram a se preocupar mais efetivamente com o manejo dessa característica, principalmente em resposta a uma maior eficiência alimentar (Henryon et al., 2002).

Estudos demonstram uma grande variação entre os valores de herdabilidade para as taxas de crescimento nas diferentes espécies da aquicultura (0 a 0,83) (Gjedrem et al., 2005). Sabe-se que parte dessa variação ocorre pelo fato das estimativas de herdabilidade serem afetadas por diversos fatores, dentre eles: histórico genético, variabilidade, tamanho amostral, condições de cultivo e as gerações pelas quais a população já foi submetida (Gjedrem et al, 2005; Visscher Hill e Wray, 2008).

Contudo, estima-se que o ganho genético para o peso corporal pode variar de 2,3% a 42% por geração com média geral de 12,7%. Um resultado notável principalmente se comparado com as demais espécies convencionais de cultivo (Eikje et al., 2008; Andersen-Ranberg, 2013).

Mais adiante, essa característica tem os seus componentes baseados principalmente em medidas e índices morfométricos (Reist, 1985). Tendo isso em vista, compreender os processos envolvidos no crescimento, tais como alterações no tamanho, formato e composição corpórea é de importância para o processo de seleção e produção animal, refletindo diretamente no produto destinado ao consumidor (Lawrence e Fowler, 1997; Allaman et al., 2013).

Além disso, análises de parâmetros genéticos para medidas morfométricas podem ser usadas para prever respostas correlacionadas no peso e no rendimento de filé, assim como observado para tilápia do Nilo, onde forte correlação genética entre comprimento, altura e espessura corporal com o peso de abate foi observada (Rutten et al., 2005; Charo-Karisa et al., 2006; Nguyen et al., 2007; Gjerde et al., 2012). Sabe-se que animais com uma maior largura e

profundidade levam a um maior rendimento, e são em grande parte os preferidos pelos consumidores (Nguyen et al., 2007).

Logo, a produção de peixes geneticamente melhorados para taxas de crescimento e medidas morfométricas levam a uma maior eficiência produtiva, aumentando a produção por unidade de área e otimizando o uso de recursos, melhorando em grande parte o valor econômico dos produtos aquícolas e contribuindo para uma aquicultura mais sustentável e lucrativa (Jobling, 2003; Dumas et al., 2010; Gjedrem et al., 2012).

1.5. Seleção para características de aparência

Com o passar do tempo a seleção para características de aparência se tornaram valiosas no comércio de pescado. Grande parte das características tradicionais de seleção, como tamanho e qualidade de carne já não são mais suficientes para o mercado consumidor. Tendo isso em vista, a obtenção de animais com uma aparência mais desejável, seja ela no formato do corpo ou pigmentação, se tornaram alvos frequentes nos programas de melhoramento (Colihueque e Araneda, 2014).

Contudo, o manejo destas características não é facilmente adquirido, já que grande parte dos fenótipos envolvem complexos processos genéticos e ambientais, principalmente nos peixes (Colihueque e Araneda, 2014). Por exemplo, em populações selvagens o formato do corpo está extremamente associado com seus comportamentos de forrageamento, predação, natação e ambiente (como velocidade do fluxo da água) (Webb, 1984; Walker, 1997).

Alterações externas também são observadas no processo de domesticação e cultivo. A seleção para determinadas características de interesse comercial pode influenciar indiretamente na aparência externa dos animais (Colihueque e Araneda, 2014). Estudos recentes já demonstram que a seleção para rápido crescimento, por exemplo, pode levar a obtenção de animais mais arredondados, devido a correlação positiva entre a massa corporal e o fator de

condição (Gjerde e Schaeffer, 1989; Kause et al., 2003) dessa forma, a seleção de animais com um crescimento mais acelerado tende a gerar peixes com um ganho de massa associado ao aumento na largura e altura, e não ao comprimento.

Dentre os diferentes métodos usados para a análise da forma corpórea, o fator de condição (K) é o parâmetro mais comum utilizado neste âmbito. A aplicação do fator de condição (K) na identificação da forma do corpo já foi observada em diversos estudos com espécies de relevância comercial, dentre elas, truta arco-íris (*Salmo gairdneri*) (Gjerde, 1989), dourada (*Sparus auratus*) (Navarro et al., 2009), linguado (*Paralichthys olivaceus*) (Kim et al., 2011) e tilápia do Nilo (Trong et al., 2013).

Contudo apenas o fator de condição não consegue descrever notoriamente a aparência dos peixes. Tendo isso em vista a utilização da elipticidade (E) também tem sido observada com o intuito de identificar padrões morfométricos, tais como em *Solea Solea* e tilápia do Nilo (Blonk et al., 2010; Trong et al., 2013).

Atualmente, estimativas de parâmetros genéticos para o fator de condição (K) e elipticidade (E) para o pacu são inexistentes, assim como a utilização destes coeficientes na identificação de diferentes padrões morfométricos (redondo e elíptico). Desta forma, a aplicação destas metodologias se faz necessária, principalmente a fim de se determinar um melhor padrão morfotípico para o mercado consumidor.

1.6. Interação genótipo ambiente (GxE)

Idealmente os processos de seleção tendem a almejar um melhor desempenho produtivo independentemente do ambiente em que esse animal esteja inserido. Contudo, as grandes diferenças ambientais nos sistemas de produção, principalmente quando falamos da produção aquícola, pode submeter estes animais a uma forte interação genótipo ambiente (GxE). Logo, quando objetiva-se melhorar geneticamente o desempenho animal simultaneamente em

diferentes ambientes a possível interação GxE é um fator a ser levado em consideração (Falconer 1952; Mulder e Bijma 2005; Martinez et al. 2006; Ponzoni et al. 2008; Sae-Lim et al. 2013).

A interação genótipo ambiente (GxE) já foi extensamente estudada em diferentes espécies de interesse comercial, tais como, tilápia do Nilo (Bentsen et al., 2012; Khaw et al., 2009, 2012; Thodesen et al., 2011), carpa comum (*Cyprinus carpio*) (Moav et al., 1975), robalo europeu (*Dicentrarchus labrax*) (Dupont-Nivet et al., 2010), truta arco-íris (Kause et al., 2003; Sylvén et al., 1991), e outros salmonídeos (Hutchings, 2011). Grande parte dos resultados apresentados para a tilápia do Nilo não evidenciaram fortes interações GxE para peso corporal, variando de 0,73 a 0,99. Contudo interações substanciais foram apresentadas para taxa de crescimento por Dupont-Nivet et al., 2010 no robalo europeu.

Um dos principais problemas associados a presença da interação GxE é a reclassificação dos animais, ou seja, os genótipos de melhor desempenho em um determinado ambiente não necessariamente apresentarão a mesma performance em um ambiente produtivo diferente do qual foi selecionado. Dessa forma, quando a reclassificação ocorre, um viés na seleção é observado (Sae-Lim et al., 2016).

O uso da correlação genética (r_g) pode ser uma ferramenta usada para identificar a presença de reclassificação de uma determinada característica em diferentes ambientes de cultivo (Falconer, 1952), sendo consideravelmente significativa quando r_g é inferior a 0,8 (Robertson, 1959). Portanto, como observado, a reclassificação dos genótipos é um desafio particularmente interessante no processo de seleção, e que precisa ser levada em consideração durante o processo de desenvolvimento de programas de melhoramento, já que os a identificação de melhores genótipos em um ambiente não necessariamente resultará em melhores desempenhos em outros ambientes (Sae-Lim et al., 2016).

Desta forma, para o desenvolvimento do programa de melhoramento genético do pacu possíveis estudos relacionados a interação genótipo ambiente se fazem necessários, principalmente por esta espécie ser atualmente produzida em diferentes condições de cultivo ao longo do país.

1.7. *Uso do deep learning para análise de imagens*

Como observado anteriormente, a medição individual de características externas (morfometria e forma do corpo) são essenciais para os sistemas de produção e programas de melhoramento genético. Contudo, atualmente, grande parte dos métodos utilizados para a obtenção destas características requerem medições manuais, o que leva a um processo extremamente trabalhoso e estressante para os animais envolvidos, podendo afetar negativamente o desempenho ou até mesmo levar estes animais a morte.

Desta forma, o desenvolvimento de métodos otimizados para a medição destas características é fundamental para a aquicultura. Atualmente, os sistemas de visão computacional podem ser utilizados como uma ferramenta valiosa a respeito da otimização das medidas morfométricas em peixes, já que a utilização de fotos e vídeos de cada animal podem ser adquiridos e utilizados para medir as características virtualmente. Ademais, a evolução recente em inteligência artificial tem demonstrado respostas propícias nas áreas de processamento e segmentação de imagens na previsibilidade de características de interesse (Goodfellow et al., 2016).

Dos diversos métodos de classificação e segmentação de imagens descritos, a metodologia *deep learning* tem se destacado nos últimos anos, apresentando uma melhor eficácia comparada com as demais tecnologias já desenvolvidas e aprimorando o *machine learning*. O primeiro uso bem-sucedido desta técnica foi apresentado para o reconhecimento

óptico de caracteres, aplicados por Lecun e colaboradores em 1998, desenvolvendo uma rede neural artificial (rede neural convolucional – CNN).

Atualmente, diversos estudos já têm inserido a visão computacional na aquicultura, principalmente em trabalhos relacionados a classificação, comportamento, contagem e medição dos animais (principalmente comprimento) (Hao et al., 2016; Saberioon et al., 2017). Contudo, pouquíssimos trabalhos sobre mensuração da área corporal ou previsão do peso corporal são observados utilizando esta metodologia (Fernandes et al., 2015; Turra et al., 2018).

Até então o desenvolvimento e aplicação de CVS para a otimização da medição de características morfométricas no pacu são inexistentes. Além disso, a necessidade de uma segmentação eficiente para as demais áreas do corpo do animal também é necessária, principalmente para futuros trabalhos com relação ao seu rendimento de filé e aplicação para demais espécies da aquicultura brasileira.

2. OBJETIVOS

2.1. *Objetivo geral*

- Estimar parâmetros genéticos para uma melhor taxa de crescimento e rendimento corpóreo, por meio da integração de análises de visão computacional (CVS). no pacu (*Piaractus mesopotamicus*).

2.2. *Objetivos específicos*

- Verificar parâmetros de genética quantitativa das famílias de pacu em relação às características de crescimento;
- Avaliar a presença de interação genótipo ambiente (GxE) em diferentes ambientes de cultivo para o pacu;
- Identificar os principais fatores relacionados a forma do corpo do pacu no programa de melhoramento genético;
- Desenvolver um sistema automatizado de visão computacional (CVS) para a obtenção de medidas morfométricas e identificação de morfotipos no pacu.
- Correlacionar as medidas preditas pelo CVS com o rendimento corpóreo do pacu

3. DESENVOLVIMENTO

Os dados desta tese serão apresentados por meio de três capítulos sendo eles:

- **Capítulo 1:** Interação genótipo ambiente e parâmetros genéticos para características de crescimento do peixe Neotropical pacu (*Piaractus mesopotamicus*).
- **Capítulo 2:** Fenotipagem de alto rendimento por *deep learning* para predição genética da forma corporal em pacu (*Piaractus mesopotamicus*).
- **Capítulo 3:** Avaliação de parâmetros genéticos para desempenho de crescimento e rendimento corpóreo em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

O primeiro capítulo foi previamente publicado em 2021 na revista Aquaculture (<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735933>). Posteriormente, pretende-se publicar o segundo e terceiro capítulos no mesmo periódico. O material e métodos estará detalhadamente explicado nos devidos capítulos.

Capítulo 1

Interação genótipo ambiente e parâmetros genéticos para características de crescimento no peixe neotropical pacu (*Piaractus mesopotamicu*)

RESUMO

O pacu (*Piaractus mesopotamicus*) pertence ao principal grupo de peixes nativos destinados a aquicultura continental da América do Sul. Contudo, programas de melhoramento genético não estão disponíveis para esta espécie. Desta forma, a estimativa de parâmetros para diferentes características e em diferentes ambientes são necessários para configurar programas de melhoramentos otimizados. Portanto, os objetivos deste estudo foram estimar parâmetros genéticos, avaliar a interação genótipo ambiente (GxE) e identificar morfotipos para características de crescimento no pacu, utilizando dados experimentais de uma população com *pedigree* no Brasil. Dados de 1,380 indivíduos correspondentes a 48 famílias de irmãos completos foram avaliados para dez características de crescimento (peso inicial, peso final, ganho de peso diário, comprimento total, comprimento padrão, comprimento da cabeça, comprimento da pelve, altura total, altura da cabeça e altura de região posterior) em dois ambientes distintos (núcleo de melhoramento: env1; piscicultura comercial: env2) aos 15 meses de idade. A média de peso ao final do experimento foi de 591.90 ± 274.60 g no env1 e $1,035.80 \pm 270,00$ g no env2. As estimativas de herdabilidade foram registradas como moderada/alta, variando de $h^2 = 0.27$ a 0.70 . Os valores de correlação entre as características de crescimento foram positivos e baixo-alto, variando entre 0.32 ± 0.04 a 0.96 ± 0.10 (fenotípica) e 0.33 ± 0.10 a 0.98 ± 0.01 (genética). Nossos resultados também revelaram diferentes padrões morfológicos para o pacu (elíptico e arredondado). A interação GxE foi considerada baixa para todas as características entre os dois ambientes (valores de correlação de 0.80 ± 0.34 a 0.98 ± 0.23). Em conclusão, nossos resultados sugerem que as características de crescimento podem ser incorporadas em programas de melhoramento para o pacu, ademais, os animais avaliados de forma superior no núcleo de melhoramento, também são previstos

como superiores no ambiente comercial. Além disso, a seleção pode ser conduzida de acordo com o morfotipo desejado comercialmente para o pacu.

1. INTRODUÇÃO

O pacu (*Piaractus mesopotamicus*) é um peixe de água doce pertencente a mesma família das famosas piranhas (Serrasalminidae). Embora o formato do corpo seja similar ao das piranhas (peixes com formato arredondado), o pacu é considerado um peixe onívoro, com preferência por frutos e sementes. Naturalmente, o pacu está distribuído em cinco países da América do Sul (Brasil, Uruguai, Bolívia, Paraguai e Argentina).

Em relação a produção aquícola, o pacu é uma das espécies de peixes mais cultivadas da América do Sul. No Brasil, a produção do pacu (em conjunto com seu híbrido com a piraptinga, *Piaractus brachypomus*) representa um dos principais grupos de peixes nativos produzidos (cerca de 13 mil toneladas) (IBGE, 2017). Devido a viabilidade produtiva, seu cultivo tem aumentado inclusive em outras partes do mundo, tais como, China, Mianmar, Tailândia e Vietnã (Honglang, 2007; FAO, 2010).

Os programas de melhoramento genético destinados aos peixes foram implementados recentemente, e a maior parte da produção aquícola (mais de 90%) ainda é baseada em populações não selecionadas (Gjedrem et al., 2012). Em geral, cerca de 100 programas de melhoramento de base familiar foram estabelecidos na aquicultura, no entanto, a maioria deles é relatado para a tilápia, seguida pelo salmão do atlântico, truta arco-íris e ciprinídeos (Neira, 2010; Rye et al., 2010). A aquicultura continental de espécies nativas da América do Sul ainda é resultante de peixes geneticamente não selecionados, revelando a necessidade de projetos de melhoramento genético para as espécies neotropicais, principalmente para o pacu.

O desempenho de crescimento é o principal objetivo dos programas de melhoramento para espécies da aquicultura (Gjedrem e Rye, 2018). Atualmente, não há informações sobre parâmetros genéticos para características de crescimento no pacu. O elevado número de estudos relacionados ao crescimento nos peixes reflete a importância econômica de aumentar o peso

final rapidamente. Por ser de mais fácil mensuração, muitos programas de melhoramento optam por selecionar apenas o peso como critério de seleção; no entanto, estudos associando o peso corporal e comprimento tem ganhado destaque na aquicultura, sugerindo que a seleção para características morfométricas é viável para espécies da aquicultura, principalmente porque pode resultar em um melhor rendimento de filé (Kause et al., 2003; Gejdrem e Rye, 2018; Vu et al., 2019). Na tilápia (*Oreochromis niloticus*), a herdabilidade para o peso e características morfométricas foi estimada como moderada ($h^2 = 0.28 - 0.31$), e as correlações genéticas entre essas características foram todas superiores a 0.8 (Reis-Neto et al., 2014). Em tambaqui (*Colossoma macropomum*), espécie intimamente relacionada ao pacu, os valores de herdabilidade foram estimados como moderados para peso corporal ($h^2 = 0.4$), e baixo-moderados para características morfométricas ($h^2 = 0.1$ a 0.4) (Melo et al., 2016; Perazza et al., 2019).

Diversos fatores podem modificar a forma corporal dos peixes, tais como, o ambiente de criação, densidade e dieta (Colihueque e Araneda, 2014). Em truta arco-íris, por exemplo, animais selecionados para o desempenho de crescimento resultam em peixes mais redondos, principalmente porque a massa corporal é positivamente correlacionada com a forma do corpo e fator de condição, ou seja, o ganho de massa nos peixes é conseguido com o aumento da largura e altura do corpo, ao invés do aumento do comprimento do corpo (Gjerde e Schaeffer, 1989; Kause et al., 2003).

A variação fenotípica total resulta de fontes de variação genéticas e ambientais, bem como da interação entre elas (Falconer, 1990). Para estabelecer e gerenciar programas de melhoramento de forma eficiente, o conhecimento da interação genótipo ambiente (GxE) é crucial para evitar reações genéticas reduzidas (Mulder e Bijma, 2005). A interação GxE, é importante para os programas de melhoramento, especialmente devido a possível reclassificação de genótipos na qual genótipos superiores em um ambiente não são

necessariamente os mesmos em ambientes diferentes (Sae-Lim et al., 2010, 2014). Segundo Sae-Lim et al., (2013), o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de peixes separadamente é recomendado quando a correlação genética é inferior a 0.7. Além disso, devido à alta fecundidade observada na criação dos peixes, espera-se um ponto de correlação mais alto (correlação genética ≥ 0.7) levando a uma maior intensidade de seleção (Sae-Lim et al., 2015). Alguns autores não relatam efeitos significativos de reclassificação para características de crescimento em espécies da aquicultura, como em tilápia do Nilo e barramundi, por exemplo (Trọng et al., 2013; Domingos et al., 2013). No entanto, uma forte reclassificação foi observada em *Solea solea* e robalo europeu (Dupont-Nivet et al., 2010; Mas-Muñoz et al., 2012).

A fim de incluir características de crescimento como objetivo em programas de melhoramento, a estimativa de parâmetros genéticos é necessária para entender o nível de variação genética e a relação entre as características analisadas. A produção de pacu é realizada em sistemas distintos de produção e manejo, portanto, as correlações de uma mesma característica em diferentes ambientes também são necessárias para estabelecer programas de melhoramento otimizados. Desta forma, o presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos, analisar a interação genótipo ambiente (GxE) e identificar morfotipos para a característica de crescimento em pacu, utilizando dados experimentais de uma população de *pedigree* do Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Comitê ética

Este estudo foi conduzido em estrita conformidade com as recomendações do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA) (Ministério da Ciência,

Tecnologia e Inovação) e foi aprovado pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA nº 19.005/17) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus Jaboticabal, SP, Brasil.

2.2. População experimental

Foram obtidos dados de 1,380 indivíduos de pacu *P. mesopotamicus* pertencentes a 48 famílias de irmãos completos, gerados por esquema de acasalamento fatorial parcial. Este sistema foi composto predominantemente por grupos de 3x3 (ou seja, acasalamentos de 3 fêmeas com 3 machos). Inicialmente, foram gerados 10 grupos de acasalamento fatorial utilizando cerca de 30 fêmeas e 30 machos, o que resultou em aproximadamente 90 famílias. No entanto, várias famílias não foram viáveis devido a problemas na progênie nas fases iniciais de vida, como baixa taxa de fertilização, baixa taxa de eclosão de ovos e alta mortalidade de larvas. Portanto, apenas 48 famílias de irmãos completos foram viáveis para o estudo de crescimento, provenientes de 16 fêmeas e 20 machos. As famílias foram produzidas durante o período de aproximadamente 30 dias (época reprodutiva de dezembro de 2018).

Os reprodutores foram obtidos a partir de cinco diferentes pisciculturas comerciais do Brasil, com a finalidade de obter uma representação adequada de variação genética presentes nos estoques da aquicultura, similarmente ao que foi utilizado em Mastrochirico et al. (2019a, b). Esses estudos prévios revelaram a partir de marcadores moleculares *multilocus* que a formação do estoque de reprodutores para a iniciação de programas de melhoramento genético para o pacu deve ser formada a partir de diferentes pisciculturas com a finalidade de aumentar a diversidade genética e evitar riscos de endogamia. Além disso, com base na análise de parentesco, acasalar criadores de uma piscicultura com os de outra é a estratégia mais viável a ser adotada para obter acasalamentos não aparentados (Mastrochirico et al. 2019a, b). Assim, as famílias do presente estudo foram resultantes de acasalamentos entre machos de uma

piscicultura com fêmeas de outra piscicultura. Devido a ocorrência de híbridos interespecíficos utilizados como reprodutores (principalmente entre pacu *Piaractus mesopotamicus* e pirapitinga *Piaractus brachypomus*), todos os reprodutores aqui utilizados foram avaliados por técnicas moleculares confirmando a pureza da espécie, conforme protocolos descritos por Hashimoto et al. (2011).

A desova induzida foi realizada com extrato de hipófise de carpa dissolvido em solução salina (0,9% NaCl) e aplicado em duas dosagens, com intervalo de 12 h (primeira e segunda dosagem de 0.6 e 5.4 mg/kg, respectivamente). As fêmeas também receberam 2 ml de prostaglandina sintética (Ciosin®, contendo 0.25 mg/ml de cloprostenol) no momento da segunda dosagem do extrato hipofisário, conforme protocolo descrito por Criscuolo-Urbinati et al. (2012). Para os machos, foi utilizada uma dose única, ao mesmo tempo da segunda dose das matrizes, equivalente a 1.5 mg/kg de extrato hipofisário de carpa. Após a eclosão em incubadoras cônicas de fibra de vidro de 20 l, as larvas foram transferidas para hapas familiares (250 l). As larvas foram alimentadas com náuplios de artêmia por 20 dias. Gradualmente, a ração foi substituída por 50% de proteína bruta. Na fase de alevino foram utilizadas rações peletizadas de 1.2 mm (40% de proteína bruta) e fornecidas duas vezes ao dia (ração comercial Nutripiscis Presence).

A população experimental foi marcada por inoculação intraperitoneal quando o menor animal atingiu um mínimo de 5.0 g (aproximadamente 4 meses de idade), para manter as informações de *pedigree* durante os experimentos. Todo o processo de marcação foi realizado em um período de sete dias. Os peixes que apresentaram anormalidades morfológicas foram excluídos dos experimentos. Todos os experimentos foram conduzidos no Laboratório de Genética em Aquicultura e Conservação (LaGeAC), da Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal (Estado de São Paulo, Brasil).

2.3. *Experimento de performance de crescimento*

Cada família de irmãos completos foi mantida separadamente em hapas individuais até a marcação. Após marcação (cerca de 4 meses de idade), os juvenis de diferentes famílias foram distribuídos aleatoriamente em tanques de 1 m³, mantidos em sistema de recirculação de água, dotados de filtros mecânicos e biológicos, sistema de aeração externa e temperatura controlada a 30°C (SD= 0.50) usando controlador térmico conectado a aquecedores (2x500 w). Temperatura, oxigênio dissolvido e pH foram medidos com um Multiparameter Water Quality Checker U-50 (Horiba, Kyoto, Japão). Animais de diferentes famílias compartilharam este ambiente comum (tanques) até cerca de 8 meses de idade. Nesse momento, o peso de todos os animais foi registrado por balança analítica (chamada de peso inicial **iw**). O **iw** médio foi de 30 g.

Em seguida, os peixes foram avaliados por 6 meses em dois ambientes diferentes, denominados como **env1**, tanques de concreto experimentais (220 m², de cerca de 10x22m); e **env2**, viveiros de uma piscicultura comercial (800 m², de cerca de 18x44m). Os tanques experimentais pertencem às instalações onde está localizado o núcleo de criação (Centro de Aquicultura da Unesp, Caunesp, Jaboticabal, Brasil), enquanto os viveiros comerciais são provenientes das instalações de uma piscicultura localizada no Estado de São Paulo (Brasil), que foi selecionada para validar o pescado em condições comerciais. Esta empresa é considerada uma das principais pisciculturas do Estado de São Paulo que realiza engorda de pacus. Esta piscicultura foi selecionada devido às diferenças ambientais observadas em relação ao núcleo de criação (parâmetros da água, tanque concretado x viveiros escavados), o que permitiu testar a interação genótipo por ambiente (GxE). Além disso, a outra razão se deve à confiabilidade do piscicultor em realizar um ensaio experimental com procedimentos de manejo rigorosos para o experimento de crescimento. Durante a avaliação, os peixes foram

alimentados *ad libitum* por ração peletizada de 2 a 6 mm (36% de proteína bruta, ração comercial Nutripiscis Presence) duas vezes ao dia em ambos os ambientes.

No env1 foram avaliadas 20 famílias, com aproximadamente 21 indivíduos por família, distribuídos aleatoriamente em três tanques. Assim, cada tanque do env1 foi composto por cerca de 140 animais (7 indivíduos x 20 famílias = 140), representando um total de 420 peixes (140 indivíduos x 3 tanques). No env2, foram avaliadas 48 famílias; cerca de 20 indivíduos por família foram distribuídos aleatoriamente em dois viveiros. Cada viveiro do env2 era composto por 480 peixes (10 indivíduos x 48 famílias = 480), representando o sistema de produção desta piscicultura (no total, 960 animais no env2). A diferença no número de famílias avaliadas em cada ambiente se deve ao fato de os tanques env1 serem menores e devido ao baixo número de indivíduos disponíveis em cada família, ou seja, apenas 20 famílias apresentaram número amostral suficiente para serem avaliadas em ambos os ambientes simultaneamente. Portanto, 28 famílias foram avaliadas exclusivamente em env2. No entanto, tanto os tanques quanto os viveiros apresentaram densidades semelhantes, de aproximadamente 1,6 peixes por m². Os valores médios dos parâmetros da água medidos em env1 e env2 foram, respectivamente: temperatura (28.30 ± 1.36 e 31.20 ± 1.65 °C), pH (6.60 ± 0.29 e 6.60 ± 0.34) e oxigênio (5.60 ± 1.10 e 5.80 ± 1.21 mg /l)

Dez características de crescimento foram avaliadas (Figura 1) através das seguintes medidas: peso inicial (**iw**); peso final (**fw**); comprimento total (**tl**); comprimento padrão (**sl**); comprimento da cabeça (**hl**); comprimento da pelve (**pl**), compreendido entre a base anterior da nadadeira pélvica e a base anterior da nadadeira anal; altura total (**th**); altura da cabeça (**hh**); altura na região posterior (**ph**), entre a base anterior da nadadeira adiposa e a base anterior da nadadeira anal. Para análise ganho de peso diário (**adg**), foi utilizada a seguinte equação: $adg = (\text{peso individual final} - \text{peso individual inicial})/\text{dias}$.

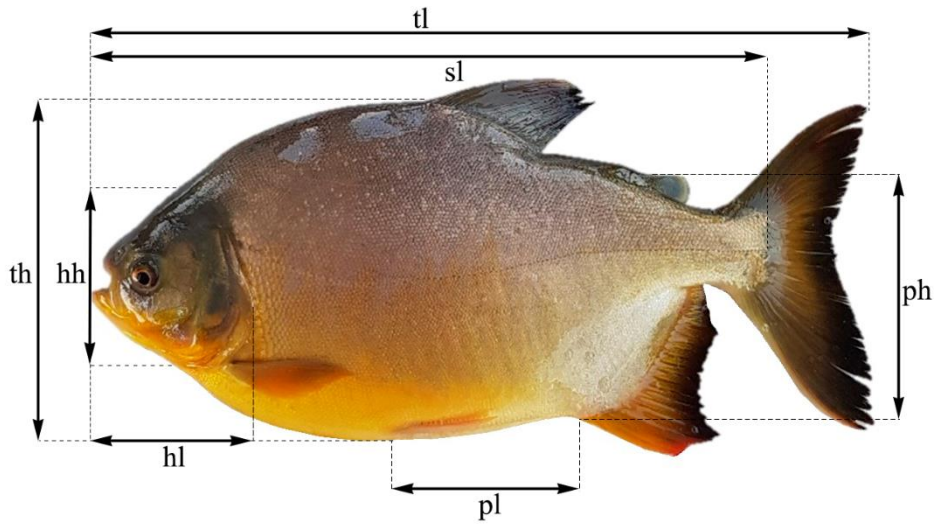


Figura 1. Medidas morfométricas para características de crescimento em pacu: comprimento total (tl); comprimento padrão (sl); comprimento da cabeça (hl); comprimento da pelve (pl), altura total (th); altura da cabeça (hh), altura na região posterior (ph).

2.4. Modelo estatístico

Primeiramente, todas as características foram analisadas usando um modelo animal univariado (modelo 1), conforme definido abaixo:

$$y_{ij} = \mu + t_i + k_j + a_j + e_{ij} \quad [1]$$

Onde y_{ij} foi o fenótipo observado para o peixe j (peso ou medidas morfométricas), no tanque ou viveiro i ; μ foi o efeito fixo da média geral; t_i foi o efeito fixo do tanque ou viveiro i , e a covariável do peso inicial iw (não incluído para adg); k_i foi o efeito aleatório (hapa) familiar para o peixe j (efeito do ambiente familiar comum, que foi utilizado apenas para analisar iw ; ou seja, o efeito causado quando os animais foram alocados em hapas até serem marcados); a_j efeito aleatório genético animal do indivíduo j ; e e_{ij} foi o efeito residual aleatório para o peixe j . Assumiu-se que: $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$ e $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$, onde σ_a^2 e σ_e^2 são as variâncias

genéticas aditivas e residuais, respectivamente. A e I são as matrizes de relacionamento do numerador e as matrizes de identidade, respectivamente.

Em segundo lugar, um modelo animal bivariado foi ajustado para estimar a correlação genética entre todas as características, aplicando o seguinte (modelo 2):

$$\begin{bmatrix} y_{ij} \\ y_{tj} \end{bmatrix} = \mu + t_i + k_j + a_j + e_{ij} \quad [2]$$

onde y_{ij} e y_{tj} são as diferentes características medidas para o mesmo peixe j . Os efeitos fixos e aleatórios foram os mesmos descritos no modelo 1 e estão ligadas as características i e t , respectivamente. As correlações foram classificadas de acordo com Navarro et al. (2009), sendo os valores 0 – 0.40 considerados baixos, 0.45-0.55 moderados e 0.60-1 altos.

Por fim, realizamos modelo animal bivariado para estimar a interação genótipo por ambiente considerando a mesma característica como distinta em env1 e env2. A correlação genética entre a característica medida em ambos os ambientes pode indicar a tendência e magnitude da interação GxE (Falconer e Mackay, 1996). O modelo de interação GxE para todas as características pode ser representado como (modelo 3):

$$\begin{bmatrix} y_{i_{env1}} \\ y_{i_{env2}} \end{bmatrix} = \mu + t_i + k_j + a_j + e_{ij} \quad [3]$$

onde env1 e env2 representam o traço i medidos nos diferentes ambientes. Os demais parâmetros são os mesmos descritos anteriormente, exceto pela covariância residual entre os ambientes que agora foi definida como 0, pois as características foram registradas em indivíduos de apenas um ambiente de cada vez, ou seja, a covariância residual é uma matriz diagonal para estes modelos. Além disso, os animais do env1 são classificados como ausentes

para o env2 e vice-versa. Os demais efeitos são os mesmos descritos nos modelos 1 e 2. Todas as análises foram realizadas utilizando o programa ASReml 4.0 (Gilmour et al., 2015).

2.5. Estimativa dos parâmetros genéticos

Por meio do modelo 1 a herdabilidade (h^2) foi calculada como: $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$, onde σ_a^2 é a variância genética aditiva e σ_e^2 é a variância residual. A correlação genética (r_g) foi calculada pelos parâmetros estimados no modelo 2 e 3 usando: $r_g = \frac{\sigma_{it}}{\sqrt{\sigma_i^2 \sigma_t^2}}$, onde, σ_{it} é a covariância genética aditiva entre as características i e t , σ_i^2 e σ_t^2 são as variâncias genéticas aditivas da característica i e t , respectivamente. Quando i e t são características diferentes medidas no mesmo ambiente, a correlação genética indica puramente em que medida eles são influenciados por alguns dos mesmos genes, também chamados de pleiotropia. Por outro lado, quando essas características são as mesmas registradas em diferentes ambientes, é possível estimar a tendência e a magnitude da interação GxE.

Os componentes principais (PC) foram calculados a partir da autodecomposição da matriz de covariâncias usando a função *eigen* implementada no software R (R Code Team, 2017). O autovalor do PC está associado à variância de todas as características incluídas no PC. Cada autovalor tem um vetor unitário correspondente (peso) denominado autovetor (Rencher, 2002), que representa a força e a direção da variância de cada variável dentro do PC. Assim, na prática, os PCs são uma combinação de traços que potencialmente têm um significado biológico. Utilizou-se o critério de Kaiser (Kaiser, 1960) para identificar os PCs que explicavam a maior proporção da variação genética total das características. De acordo com o critério Kaiser, apenas os PCs com autovalores acima da unidade devem ser considerados. O primeiro PC (PC1) explica o maior percentual da variação genética dos caracteres, enquanto o segundo (PC2) explica o segundo maior percentual, e assim

sucessivamente. Esta análise foi realizada para identificar morfotipos comerciais de pacu que possam ser utilizados para fins de seleção.

3. RESULTADOS

3.1. Estatísticas descritivas

As estatísticas descritivas para cada ambiente tanque/viveiro durante o período de avaliação de crescimento está apresentados na Tabela 1 e no material suplementar Tabela S1 e Tabela S2. A média geral do peso corporal ao final do experimento foi de $813.90 \text{ g} \pm 220.80$; e o peso médio foi de $591.90 \pm 274.60 \text{ g}$ e $1,035.80 \pm 270.00 \text{ g}$ para o env1 e env2, respectivamente (Tabela 1). O indivíduo com maior peso apresentou $1,755.00 \text{ g}$ no env2, enquanto o indivíduo de menor peso registrou 206.00 g no env1. O peso variou de 260.00 a $1,390.00 \text{ g}$ no env1 e 455.00 a $1,755.00 \text{ g}$ no env2. As famílias com maior média de peso apresentaram 773.50 (família 5 no env1) e $1,297.80 \text{ g}$ (família 39 no env2), enquanto as famílias com menor peso médio foram registradas com 449.20 (família 15 no env1) e 856.20 g (família 19 no env2) (Figura 2). Em relação as medidas morfométricas, os indivíduos do env2 apresentaram as maiores medidas (mm) (Tabela1)

Tabela 1. Média e desvio padrão das características analisadas nos diferentes ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).

		fw	hh	th	ph	hl	tl	sl	pl
env1	tanque 1	568.15 ± 271.30	72.60 ± 6.70	116.30 ± 15.40	83.90 ± 10.70	66.70 ± 6.80	248.90 ± 28.60	185.00 ± 23.60	57.60 ± 9.60
	tanque 2	698.20 ± 274.50	73.70 ± 6.70	122.80 ± 15.60	87.00 ± 10.80	65.50 ± 6.80	254.00 ± 29.00	190.80 ± 23.90	62.50 ± 9.70
	tanque 3	507.90 ± 274.00	68.80 ± 6.70	111.30 ± 15.60	80.10 ± 10.80	62.00 ± 6.80	241.20 ± 28.90	178.60 ± 23.80	56.50 ± 9.70
	média	591.90 ± 274.60	71.80 ± 6.70	116.80 ± 15.60	83.70 ± 10.80	64.80 ± 6.80	248.10 ± 29.00	184.90 ± 23.90	58.90 ± 9.70
env2	viveiro 4	$1,072.00 \pm 270.10$	80.00 ± 6.60	144.50 ± 15.30	102.80 ± 10.70	74.50 ± 6.70	292.10 ± 28.60	221.00 ± 23.60	73.50 ± 9.60
	viveiro 5	997.70 ± 270.10	82.60 ± 6.60	139.60 ± 15.30	100.60 ± 10.70	74.00 ± 6.70	291.40 ± 28.60	220.40 ± 23.60	69.40 ± 9.60
	média	$1,035.80 \pm 270.00$	81.20 ± 6.70	142.10 ± 15.40	101.70 ± 10.70	74.20 ± 6.70	291.80 ± 28.60	220.70 ± 23.70	71.50 ± 9.70
	Geral	813.90 ± 220.80	76.50 ± 5.37	129.50 ± 12.60	92.70 ± 8.70	69.50 ± 5.34	270.00 ± 22.7	202.80 ± 19.00	65.20 ± 7.80

fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pélvis



Figura 2. Peso médio entre as famílias de pacu nos dois ambientes analisados.

3.2. Parâmetros genéticos

Os componentes de variância e herdabilidade estimados para cada característica são apresentados no material suplementar Tabela S3 e Tabela S2. De forma geral, a herdabilidade das características variou de moderada a alta, com hh apresentando o menor valor ($h^2 = 0.37 \pm 0.09$) e iw o maior valor ($h^2 = 0.57 \pm 0.15$). Em relação aos dois ambientes, foram observados valores similares de herdabilidade entre as características, principalmente levando em consideração o erro padrão. Os resultados das estimativas de herdabilidade para todas as características no env2 usando apenas as famílias que também estavam presentes no env1 ($n = 20$) foram semelhantes ao utilizar todas as famílias ($n = 48$), portanto, apenas os últimos resultados foram relatados.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade (erro padrão) para peso e características morfométricas em pacu.

	iw	fw	hh	hl	tl	sl	th	ph	pl	adg
env1	-	0.27 ± 0.12	0.34 ± 0.14	0.53 ± 0.17	0.69 ± 0.19	0.74 ± 0.19	0.30 ± 0.13	0.42 ± 0.15	0.59 ± 0.18	0.70 ± 0.18
env2	-	0.41 ± 0.10	0.40 ± 0.10	0.40 ± 0.10	0.51 ± 0.12	0.47 ± 0.11	0.34 ± 0.09	0.40 ± 0.10	0.33 ± 0.09	0.50 ± 0.13
Geral	0.57 ± 0.15	0.45 ± 0.10	0.37 ± 0.09	0.40 ± 0.09	0.50 ± 0.10	0.51 ± 0.11	0.38 ± 0.09	0.41 ± 0.10	0.39 ± 0.10	0.50 ± 0.10

iw: peso inicial, fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pélvis, adg: ganho de peso diário

3.3. Correlações genéticas e fenotípicas

As correlações genéticas e fenotípicas para as características analisadas estão presentes na tabela 3. Os valores de correlação entre as características de crescimento foram positivos e baixo-alto, variando entre 0.32 ± 0.04 a 0.96 ± 0.10 (fenotípica) e 0.33 ± 0.10 a 0.98 ± 0.01 (genética). As correlações genéticas entre o peso final e as características morfométricas foram significativos e altos (variando de 0.74 ± 0.10 a 0.88 ± 0.05).

Tabela 3. Correlação genética (erro padrão) (acima) e correlação fenotípica (erro padrão) (abaixo) para as medidas corporais, peso final e ganho de peso médio diário em pacu

	fw	hh	hl	tl	sl	th	ph	pl	adg
fw	*	0.70 ± 0.10	0.82 ± 0.07	0.80 ± 0.07	0.80 ± 0.08	0.78 ± 0.08	0.88 ± 0.05	0.74 ± 0.10	0.90 ± 0.01
hh	0.57 ± 0.02	*	0.85 ± 0.06	0.42 ± 0.10	0.37 ± 0.10	0.92 ± 0.04	0.77 ± 0.09	0.38 ± 0.10	0.90 ± 0.02
hl	0.61 ± 0.02	0.57 ± 0.02	*	0.67 ± 0.10	0.56 ± 0.10	0.71 ± 0.10	0.75 ± 0.10	0.58 ± 0.10	0.90 ± 0.02
tl	0.75 ± 0.02	0.52 ± 0.04	0.59 ± 0.03	*	0.98 ± 0.01	0.34 ± 0.10	0.61 ± 0.10	0.86 ± 0.06	0.90 ± 0.01
sl	0.69 ± 0.02	0.45 ± 0.04	0.40 ± 0.04	0.94 ± 0.0	*	0.33 ± 0.10	0.59 ± 0.10	0.86 ± 0.05	0.90 ± 0.02
th	0.69 ± 0.02	0.6 ± 0.02	0.50 ± 0.03	0.60 ± 0.04	0.6 ± 0.04	*	0.83 ± 0.06	0.37 ± 0.10	0.90 ± 0.01
ph	0.88 ± 0.02	0.66 ± 0.02	0.52 ± 0.03	0.73 ± 0.02	0.7 ± 0.02	0.80 ± 0.01	*	0.55 ± 0.10	0.90 ± 0.01
pl	0.56 ± 0.03	0.32 ± 0.04	0.33 ± 0.04	0.70 ± 0.02	0.7 ± 0.02	0.52 ± 0.03	0.56 ± 0.03	*	0.80 ± 0.03
adg	0.90 ± 0.10	0.70 ± 0.09	0.80 ± 0.10	0.80 ± 0.10	0.8 ± 0.07	0.91 ± 0.10	0.96 ± 0.10	0.80 ± 0.10	*

fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pélvis, adg: ganho de peso diário

3.4. Análise de componentes principais

A Tabela 4 apresenta os autovalores, proporção e soma cumulativa da variância explicada pelos oito componentes. Os primeiros PCs representam 91 % da variância genética aditiva total para os caracteres. O PC1 explicou 72% da variação e apresentou valores negativos e semelhantes para todas as características, contrastando peixes com alto e baixo desempenho (peixes “grandes x pequenos”). O PC2, que explicou 19% da variação genética, não está associado ao peso, e diferencia os peixes principalmente de acordo com dois morfotipos: elíptico e arredondado (Figura 3).

Table 4. Autovalores (λ_i) e proporção (%) sobre os oito componentes para a análise de componentes principais (PCA).

traços	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8
fw	-0.41	-0.01	0.26	-0.03	-0.30	0.61	-0.19	-0.52
hh	-0.33	0.43	-0.33	0.12	0.52	-0.24	-0.22	-0.44
hl	-0.37	0.16	-0.66	-0.33	-0.39	0.11	-0.07	0.35
tl	-0.35	-0.41	-0.09	-0.30	0.24	-0.05	0.71	-0.20
sl	-0.34	-0.45	0.15	-0.12	0.47	0.13	-0.49	0.41
th	-0.33	0.46	0.25	0.40	0.15	0.28	0.39	0.45
ph	-0.37	0.21	0.52	-0.33	-0.27	-0.60	-0.07	0.05
pl	-0.33	-0.40	-0.15	0.71	-0.32	-0.32	-0.04	-0.03
λ_i	5.7	1.5	0.3	0.2	0.1	0.07	0.00	-0.02
(%)	0.72	0.19	0.04	0.02	0.01	0.00	0.00	-0.00

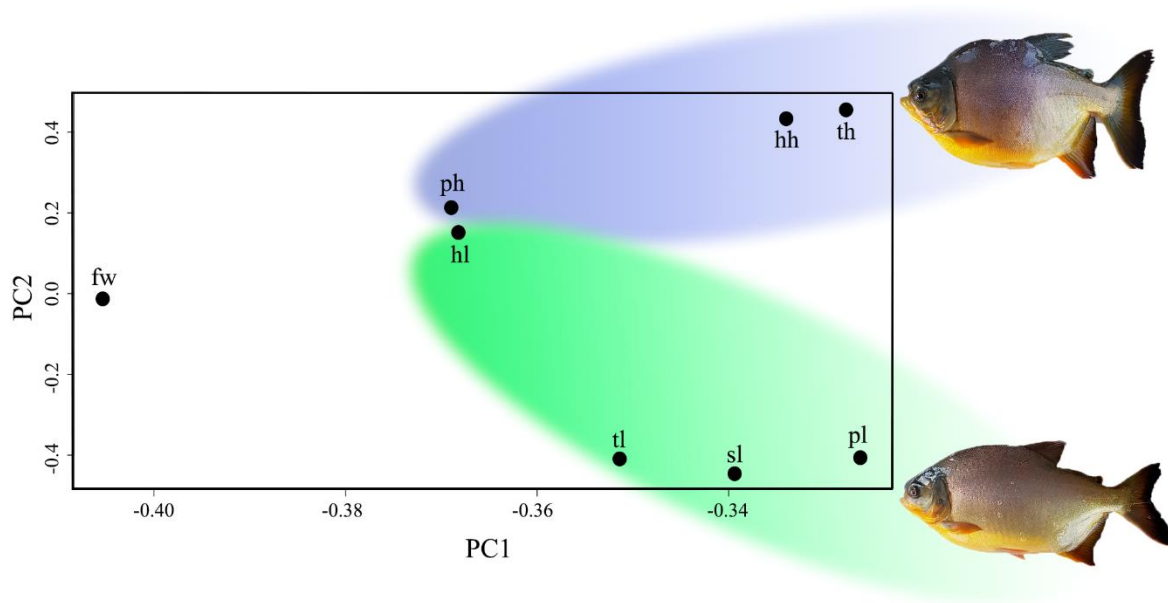


Figura 3. Análise de componentes principais e morfotipos de pacu. Morfótipos elípticos (abaixo) e arredondados (acima). fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pelve

3.5. Interação Genótipo x Ambiente

As correlações genótipo ambiente (GxE) de todas as características estão descritas na Tabela 5. As correlações GxE entre os dois ambientes foram altas e positivas, variando entre 0.80 ± 0.34 (th) e 0.96 ± 0.01 (fw), o que indica baixa interação GxE entre as características analisadas nos dois ambientes.

Tabela 5. Correlação genótipo ambiente (erro padrão) entre dois ambientes (env1 e env2).

Traits	GxE correlation
fw	0.96 ± 0.01
hh	0.81 ± 0.29
hl	0.93 ± 0.31
tl	0.92 ± 0.17
sl	0.98 ± 0.23
th	0.80 ± 0.34
ph	0.85 ± 0.22
pl	0.84 ± 0.26
adg	0.90 ± 0.01

fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pélvis, adg: ganho de peso diário

4. DISCUSSÃO

4.1. Parâmetros genéticos

Considerável potencial para o melhoramento genético tem sido relatado em espécies da aquicultura, especialmente para características como taxa de crescimento e resistência a doenças (Gjedrem e Rye, 2018). Recentemente, foram descritos parâmetros genéticos para resistência a bactéria *Aeromonas hydrophila* no pacu, o que indicou uma variação fenotípica significativa e que a resistência contra esse patógeno pode ser melhorada por meio de melhoramento seletivo (Mastrochirico-Filho et al., 2019). Da mesma forma, o presente estudo registrou variação genética significativa para o desempenho de crescimento (peso e características morfométricas) em pacu, demonstrando o potencial de aplicação da seleção genética para aumentar sua produção na aquicultura.

No presente estudo, os parâmetros de herdabilidade para o peso corporal foram significativos e corroboram valores de moderado a alto parâmetros em várias espécies de peixes, incluindo o robalo ($h^2 = 0.29-0.61$) (Dupont-Nivet et al., 2010), tilápia do Nilo ($h^2 = 0.19-0.55$) (Gjerde et al., 2012; Trong et al., 2013), e tambaqui ($h^2 = 0.26-0.49$) (Mello et al., 2016; Perazza et al., 2019), espécie proximamente relacionada ao pacu. Estimativas de herdabilidade para características morfométricas também foram relatadas como moderada-altas em tambaqui (Mello et al., 2016, Perazza et al., 2019), com maiores valores atribuídos ao comprimento total ou comprimento corporal padrão, da mesma forma que detectamos aqui para o pacu. Em contraste, a herdabilidade para o comprimento da cabeça foi demonstrada como baixa-moderada no tambaqui ($h^2 = 0.10-0.29$), enquanto se revelou maior no pacu ($h^2 = 0.40$). Esta característica é interessante para ser incorporada em programas de seleção, pois o pacu

apresenta uma cabeça menor que o tambaqui, o que é atrativo para o setor comercial por aumentar o rendimento corpóreo.

De forma geral, nossos dados revelaram diferenças nas estimativas de herdabilidade para i_w ($h^2 = 0.57 \pm 0.15$) e f_w ($h^2 = 0.45 \pm 0.10$), o que pode ser atribuído ao efeito de ambiente comum resultante do processo de criação das famílias de irmãos completos antes do período de marcação. Essa condição também foi registrada em diferentes espécies de peixes, nas quais os valores de herdabilidade são superestimados devido aos efeitos de ambiente comum (Gallardo et al., 2010; Vandeputte and Haffray, 2014). Portanto, a avaliação de características de crescimento por períodos mais longos também é mais adequada (melhor do que em fases iniciais de vida, como peso em juvenis de pacu – i_w), devido aos reduzidos efeitos ambientais (e de erro) sobre os fenótipos ao longo do tempo e por acumulação dos efeitos genéticos aditivos em períodos mais longos (Domingos et al., 2013). Em termos práticos, o efeito de ambiente comum poderia ser reduzido usando a estratégia de manter todas as famílias unidas desde o processo inicial de criação (sem marcação) e, então, reconstruir o *pedigree* por meio de análises moleculares (Dupont-Nivet et al., 2008). No entanto, devido aos maiores custos e maior tempo de genotipagem por marcadores moleculares, a estratégia de *pit-tagging* foi mais vantajosa no presente estudo.

Neste trabalho, foi possível verificar ligeira divergência nos valores de herdabilidade comparando todas as características entre os dois ambientes (env1 e env2); no entanto, essas diferenças não foram significativas, principalmente considerando o erro padrão (SE). Portanto, qualquer hipótese para discutir essas pequenas discrepâncias será superficial, principalmente porque o SE é influenciado pelo baixo número amostral e a herdabilidade pelas diferenças na composição populacional em cada ambiente.

Outra informação destacada deste estudo é a variação nas estimativas de herdabilidade para f_w ($h^2 = 0.27 \pm 0.12$) e ad_g ($h^2 = 0.70 \pm 0.18$), principalmente em env1, o que indica que ad_g

poderia ser uma característica melhor (do que usando apenas fw) para ser incorporado ao processo de seleção em pacu, como também relatado em outras espécies de peixes (Bureau et al., 2000).

A maioria das correlações genéticas entre as características de crescimento em pacu foram descritas como positivas (favoráveis) e de alta magnitude, com exceção das características envolvendo altura (th, ph and hh) e comprimento (tl, sl and pl), cujos baixos valores de correlação positiva foram detectados. Além disso, também foi encontrada moderada correlação para hl (comprimento da cabeça) contra outras características de comprimento (tl, sl e pl), indicando que a seleção para comprimento do corpo não resulta necessariamente em uma cabeça mais longa. De forma geral, o peso (fw e adg) foi altamente correlacionado com as características morfométricas (altura e comprimento), sugerindo que ganhos genéticos em peso podem ser obtidos pelas respostas correlacionadas dessas características (exceto para características de cabeça, que não são desejáveis). Da mesma forma, no presente estudo, valores altos e positivos de correlação genética foram observados, o que já haviam sido reportados para o tambaqui (*Colossoma macropomum*) (Mello et al., 2016; Perazza et al., 2019), *flatfish* (*Paralichthys olivaceus*) (Li et al., 2018; Liu et al., 2011; Tian et al., 2011) e tilápia do Nilo (Rutten et al., 2005), no qual também sugere a previsão de rendimento de filé.

4.2. Identificação de morfotipos

A forma do corpo e a pigmentação da pele tornaram-se características valiosas de aparência em peixes comerciais (Colihueque e Araneda, 2014). Devido a crescente sofisticação do mercado, o tamanho do peixe, a qualidade da carne e outras características tradicionais não são os únicos atributos que influenciam a escolha do consumidor na venda, especialmente quando o peixe é vendido inteiro. Portanto, para satisfazer as demandas do mercado moderno e aumentar a lucratividade, os produtores são obrigados a gerenciar características externas de

forma mais intensiva e em escala industrial, em particular a forma do corpo e a cor da pele (Colihueque e Araneda, 2014). Na maioria dos casos, a seleção ocorre apenas para desempenho de crescimento nas espécies da aquicultura; no entanto, a seleção multirracaracterísticas tem sido aplicada em muitas espécies (Gjedrem e Rye, 2018), onde várias características podem ser selecionadas para aumentar o tamanho do corpo e rendimento do filé. Portanto, com base na análise de correlação, na qual foi observada baixa magnitude para características envolvendo altura e comprimento, investigamos a ocorrência de diferentes morfotipos no pacu. Nós identificamos um PC significativo (PC2) que distinguiu dois morfotipos animais: elíptico e arredondado.

Moderadas correlações genéticas de elipticidade com peso de abate e taxa de crescimento foram observadas para tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) (Trong et al., 2013). Na truta arco-íris, os animais selecionados para um crescimento mais rápido resultaram em peixes mais arredondados, o que se deve a uma correlação positiva entre a massa e forma corporal (Gjerde and Schaeffer., 1989, Kause et al., 2003), ou seja, o ganho de massa ocorre aumentando a largura e a altura do corpo e não pelo comprimento. Esses resultados apoiam a observação geral de que a seleção para o crescimento rápido levará a peixes mais redondos (Elvingson e Johansson, 1993; Gjerde e Schaeffer, 1989; Kause et al., 2003). Portanto, uma condição semelhante pode estar associada aos diferentes morfotipos observados no pacu; no entanto, ainda são necessários mais estudos para corroborar essa hipótese e verificar qual morfotipo (elíptico e arredondado) apresentará melhor rendimento de filé.

Nossos resultados sugerem que o PCA pode ser implementado em programas de melhoramento de pacu para realizar a seleção para um morfotipo específico. Por exemplo, como o pacu é consumido principalmente como peixe inteiro, animais elípticos poderiam ser selecionados para esse mercado consumidor. No entanto, quando utilizados como subprodutos processados (por exemplo, costela e lombo), peixes arredondados podem ter preferência para

fins de seleção, principalmente porque esse morfotipo pode estar associado a maior rendimento de lombo, semelhante ao descrito em truta e tilápia para rendimento de filé (Gjerde e Schaeffer, 1989; Kause et al., 2003; Trong et al., 2013).

4.3. Interação genótipo ambiente (GxE)

Em programas de melhoramento genético, particularmente para a aquicultura, forte GxE pode resultar em um ganho genético abaixo do ideal (Ponzoni et al., 2008), principalmente quando a prole do núcleo de melhoramento é transferida para um ambiente de produção. Em contraste, fraca GxE sugere que os indivíduos com genótipos superiores não são significativamente diferentes entre os dois ambientes (núcleo x ambiente de cultivo), similarmente ao que foi observado no presente estudo, ou seja, a baixa interação GxE entre os ambientes env1 e env2 ($r_g > 0.8$). Essa situação também foi relatada para características relacionadas ao crescimento em outras espécies da aquicultura em diferentes ambientes, como: tilápia do Nilo ($r_g = 0.85\text{--}0.96$), robalo europeu ($r_g = 0.96\text{--}0.99$), e barramundi ($r_g > 0.97$) (Dupont-Nivet et al., 2008; Trong et al., 2013; Domingos et al., 2013).

Embora tenhamos detectado baixa interação GxE, o peso final médio em env1 (591.90 ± 274.60) foi menor que em env2 ($1,035.80 \pm 270.00$). Essa diferença pode ser atribuída a dois fatores: 1) diferenças ambientais, principalmente a menor temperatura da água em env1, de modo que os peixes crescem lentamente; 2) composição da população, pois foi encontrado desempenho semelhante para todas as características ao analisar apenas as 20 famílias em ambos os ambientes (ver material complementar Tabela S1 e Tabela S2), ou seja, as 28 famílias adicionais avaliadas apenas em env2 provavelmente estão influenciando os valores mais altos para características de crescimento em env2.

No entanto, as estimativas de interação G×E em espécies da aquicultura podem diferir entre os estudos, dependendo do grau de diferenças entre os macroambientes, incluindo

temperatura, fotoperíodo, dieta, densidade de estocagem, qualidade da água, substrato, localização da piscicultura e sistema de criação (Mas-Muñoz et al., 2013; Sae-Lim et al., 2013; Li et al., 2019). Portanto, mais estudos sobre a interação G×E em pacu usando desenhos de estudo mais robustos (ou seja, testando ambientes e condições extremas) são necessários para confirmar nossos achados. Se esta hipótese for corroborada, a fraca interação G×E encontrada em diferentes ambientes indica que animais de um único programa de reprodução seletiva podem ser amplamente dispersos no sistema de produção comercial em pacu, onde os pequenos produtores são predominantes. Isto é particularmente interessante para esta espécie, que é considerada um peixe não modelo com baixo investimento aplicado em programas de melhoramento.

5. CONCLUSÃO

No geral, as estimativas de herdabilidade para desempenho de crescimento (peso e características morfométricas) sugerem que essas características estão sob controle genético moderado-alto e devem responder à seleção. O peso apresentou alta correlação genética com as características morfométricas, o que implica que a seleção simultânea pode ser realizada entre essas características de crescimento. A análise de componentes principais revelou que os dois primeiros componentes principais são suficientes para explicar a maior parte da variância genética para peso, altura e comprimento em pacu, indicando que a seleção para morfotipo específico pode ser realizada (morfotipos elípticos e arredondados). Nossos resultados sugerem fraca reclassificação de genótipos (baixa interação G×E) para características de crescimento entre os ambientes; portanto, espera-se que os animais superiores avaliados no núcleo de reprodução sejam superiores neste ambiente comercial. Em conclusão, a significativa variação

genética encontrada para as características de crescimento indica que o melhoramento seletivo é uma abordagem viável para aumentar a produtividade do pacu na aquicultura.

6. MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1. Médias dos mínimos quadrados (LSM) (erro padrão) para as características das 20 famílias presentes em ambos os ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).

Média dos mínimos quadrados (LSM)																					
		Famílias																			
	Traços	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
env1	fw	718.0 0 ± 37.40	655.00 ± 32.70	783.00 ± 37.40	583.00 ± 40.00	619.00 ± 34.30	673.00 ± 34.30	711.00 ± 38.60	624.00 ± 37.40	632.00 ± 36.30	693.00 ± 32.70	676.00 ± 40.0	478.00 ± 36.30	505.00 ± 41.50	591.00 ± 38.60	447.00 ± 34.30	505.00 ± 41.50	469.00 ± 37.40	469.00 ± 37.40	497.00 ± 38.60	461.00 ± 38.60
	tl	269.0 0 ± 4.55	263.00 ± 3.98	272.00 ± 4.55	243.00 ± 4.87	256.00 ± 4.18	264.00 ± 4.18	266.00 ± 4.70	251.00 ± 4.55	253.00 ± 4.42	264.00 ± 3.98	255.00 ± 4.87	231.00 ± 4.70	235.00 ± 4.18	250.00 ± 5.05	225.00 ± 4.29	233.00 ± 4.55	230.00 ± 4.70	227.00 ± 4.55	238.00 ± 4.70	229.00 ± 4.70
	sl	203.0 0 ± 3.78	197.00 ± 3.30	203.00 ± 3.78	181.00 ± 4.04	192.00 ± 3.46	197.00 ± 3.46	200.00 ± 3.90	186.00 ± 3.78	190.00 ± 3.66	196.00 ± 3.30	192.00 ± 4.04	170.00 ± 3.66	176.00 ± 4.04	186.00 ± 3.90	165.00 ± 3.46	173.00 ± 4.19	170.00 ± 3.56	170.00 ± 3.78	176.00 ± 3.90	169.00 ± 3.90
	hl	67.80 ± 1.17	67.80 ± 1.02	69.20 ± 1.17	63.90 ± 1.25	66.20 ± 1.07	67.50 ± 1.07	68.50 ± 1.21	66.30 ± 1.17	66.20 ± 1.13	70.50 ± 1.02	67.00 ± 1.25	62.40 ± 1.13	61.40 ± 1.25	64.50 ± 1.21	60.10 ± 1.07	61.50 ± 1.30	60.40 ± 1.10	59.20 ± 1.17	62.90 ± 1.21	61.20 ± 1.21
	pl	61.80 ± 1.54	62.30 ± 1.34	65.90 ± 1.54	57.70 ± 1.64	61.10 ± 1.41	65.00 ± 1.41	66.00 ± 1.59	60.80 ± 1.54	60.30 ± 1.49	63.40 ± 1.34	64.20 ± 1.64	51.80 ± 1.49	54.80 ± 1.64	59.00 ± 1.59	51.90 ± 1.41	54.00 ± 1.71	53.30 ± 1.45	53.30 ± 1.45	55.90 ± 1.59	53.10 ± 1.59
	th	125.0 0 ± 2.38	122.00 ± 2.07	131.00 ± 2.38	117.00 ± 2.54	119.00 ± 2.18	120.00 ± 2.18	123.00 ± 2.45	119.00 ± 2.18	120.00 ± 2.18	122.00 ± 2.07	124.00 ± 2.54	109.00 ± 2.30	113.00 ± 2.54	118.00 ± 2.45	106.00 ± 2.18	110.00 ± 2.64	109.00 ± 2.24	109.00 ± 2.38	110.00 ± 2.45	112.00 ± 2.45
	hh	74.30 ± 1.08	73.70 ± 0.95	77.20 ± 1.08	71.30 ± 1.16	72.50 ± 0.99	73.00 ± 1.12	74.30 ± 1.08	71.90 ± 1.05	73.60 ± 0.95	75.30 ± 1.16	76.30 ± 10.05	69.70 ± 1.16	68.60 ± 1.12	72.00 ± 0.99	67.40 ± 1.20	69.70 ± 1.02	68.00 ± 1.08	67.70 ± 1.12	69.50 ± 1.12	69.5 ± 1.12
	ph	88.80 ± 1.63	86.50 ± 1.43	90.80 ± 1.63	82.40 ± 1.75	84.20 ± 1.50	87.50 ± 1.50	88.60 ± 1.69	84.70 ± 1.63	86.30 ± 1.58	88.20 ± 1.43	87.60 ± 1.75	79.80 ± 1.58	81.60 ± 1.75	85.80 ± 1.69	76.70 ± 1.50	78.30 ± 1.81	78.50 ± 1.54	77.80 ± 1.63	79.80 ± 1.69	79.60 ± 1.69
	adg	4.71 ± 0.13	4.62 ± 0.11	4.96 ± 0.13	4.47 ± 0.14	4.75 ± 0.12	5.05 ± 0.12	4.86 ± 0.13	4.83 ± 0.13	4.86 ± 0.12	4.77 ± 0.11	4.94 ± 0.14	4.35 ± 0.12	4.59 ± 0.14	4.73 ± 0.13	4.23 ± 0.12	4.43 ± 0.14	4.38 ± 0.13	4.38 ± 0.13	4.50 ± 0.13	4.47 ± 0.13
env2	fw	1149. 00 ± 33.40	1038.00 ± 32.50	1033.00 ± 34.50	964.00 ± 35.60	1018.00 ± 29.40	1092.00 ± 31.60	1098.00 ± 34.50	976.00 ± 36.80	1084.0 0 ± 38.2	1056 ± 29.40	1089 ± 38.20	904.00 ± 38.20	872.00 ± 38.20	917.00 ± 35.60	904.00 ± 43.60	905.00 ± 36.80	879.00 ± 36.80	890.00 ± 45.90	854.00 ± 35.60	944.00 ± 35.60
	tl	305.0 0 ± 3.61	299.00 ± 3.51	291.00 ± 3.72	279.00 ± 3.84	299.00 ± 3.17	300.00 ± 3.42	298.00 ± 3.72	281.00 ± 3.98	292.00 ± 4.13	296.00 ± 3.17	291.00 ± 4.13	280.00 ± 3.84	278.00 ± 4.13	280.00 ± 3.84	276.00 ± 4.71	279.00 ± 3.98	277.00 ± 3.98	274.00 ± 4.96	283.00 ± 3.84	274.00 ± 3.84
	sl	233.0 0 ± 3.23	227.00 ± 3/14	221.00 ± 3.33	212.00 ± 3.44	226.00 ± 2.84	229.00 ± 3.05	228.00 ± 3.33	214.00 ± 3.56	220.00 ± 3.69	222.00 ± 2.84	221.00 ± 3.69	209.00 ± 3.69	212.00 ± 3.69	213.00 ± 3.44	209.00 ± 3.56	208.00 ± 3.56	209.00 ± 3.56	209.00 ± 4.44	213.00 ± 3.44	207.00 ± 3.44
	hl	75.20 ± 0.98	73.80 ± 0.95	73.80 ± 1.00	70.50 ± 1.04	75.00 ± 0.86	73.80 ± 0.92	74.80 ± 1.11	73.30 ± 1.07	76.70 ± 1.11	76.40 ± 0.86	74.80 ± 1.11	72.60 ± 1.11	70.70 ± 1.11	71.20 ± 1.04	71.90 ± 1.27	72.80 ± 1.07	70.80 ± 1.07	67.60 ± 1.34	72.30 ± 1.04	71.90 ± 1.04

pl	88.80 ± 1.63	86.50 ± 1.63	90.80 ± 1.63	82.40 ± 1.75	84.20 ± 1.50	87.50 ± 1.50	88.60 ± 1.69	84.70 ± 1.63	86.30 ± 1.58	88.20 ± 1.43	87.60 ± 1.75	79.80 ± 1.58	81.60 ± 1.75	85.80 ± 1.69	76.70 ± 1.50	78.30 ± 1.81	78.50 ± 1.54	77.80 ± 1.63	79.80 ± 1.69	79.60 ± 1.69
th	125.0 0 ± 2.38	122.00 ± 2.07	131.00 ± 2.38	117.00 ± 2.54	119.00 ± 2.18	120.00 ± 2.30	123.00 ± 2.45	119.00 ± 2.38	120.00 ± 2.30	122.00 ± 2.07	124.00 ± 2.54	109.00 ± 2.30	113.00 ± 2.54	118.00 ± 2.45	106.00 ± 2.18	110.00 ± 2.64	109.00 ± 2.24	109.00 ± 2.38	110.00 ± 2.45	112.00 ± 2.45
hh	81.60 ± 0.98	79.50 ± 0.95	81.20 ± 1.01	78.30 ± 1.04	79.90 ± 0.86	82.40 ± 0.92	82.70 ± 1.01	81.70 ± 1.08	84.60 ± 1.12	81.40 ± 0.86	84.50 ± 1.12	78.20 ± 1.12	78.60 ± 1.04	76.60 ± 1.04	78.00 ± 1.27	80.80 ± 1.08	78.30 ± 1.08	76.30 ± 1.34	78.00 ± 1.04	79.40 ± 1.04
ph	88.80 ± 1.63	86.50 ± 1.43	90.80 ± 1.63	82.40 ± 1.75	84.20 ± 1.50	87.50 ± 1.50	88.60 ± 1.69	84.70 ± 1.63	86.30 ± 1.58	88.20 ± 1.43	87.60 ± 1.75	79.80 ± 1.58	81.60 ± 1.75	85.80 ± 1.69	76.70 ± 1.50	78.30 ± 1.81	78.50 ± 1.54	77.80 ± 1.63	79.80 ± 1.69	79.60 ± 1.69
adg	4.71 ± 0.13	4.62 ± 0.11	4.96 ± 0.13	4.47 ± 0.14	4.75 ± 0.12	5.05 ± 0.12	4.86 ± 0.13	4.83 ± 0.13	4.86 ± 0.12	4.77 ± 0.11	4.94 ± 0.14	4.35 ± 0.12	4.59 ± 0.14	4.73 ± 0.13	4.23 ± 0.12	4.43 ± 0.14	4.38 ± 0.12	4.38 ± 0.13	4.50 ± 0.13	4.47 ± 0.13

Tabela S2. Médias dos mínimos quadrados (LSM) (erro padrão) para as características analisadas em diferentes ambientes. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetros (mm).

	Média dos mínimos quadrados (LSM)								
	fw	hh	hl	tl	sl	th	ph	pl	adg
Tanque 1	584.00 ± 14.25	73.10 ± 0.42	67.30 ± 0.43	251.00 ± 1.64	187.00 ± 1.40	117.00 ± 0.82	84.60 ± 0.57	58.40 ± 0.63	4.24 ± 0.02
Tanque 2	708.00 ± 14.85	74.00 ± 0.44	65.70 ± 0.45	255.00 ± 1.71	192.00 ± 1.46	123.00 ± 0.85	87.40 ± 0.59	62.90 ± 0.66	5.18 ± 0.02
Tanque 3	512.00 ± 15.15	69.00 ± 0.45	62.20 ± 0.46	242.00 ± 1.74	179.00 ± 1.49	112.00 ± 0.87	80.30 ± 0.60	56.70 ± 0.67	4.60 ± 0.02
Viveiro 4	1072.00 ± 8.15	80.00 ± 0.24	74.50 ± 0.24	292.00 ± 0.94	221.00 ± 0.80	145.00 ± 0.47	102.80 ± 0.32	73.50 ± 0.36	4.43 ± 0.01
Viveiro 5	994.00 ± 8.27	82.60 ± 0.24	74.00 ± 0.25	291.00 ± 0.95	220.00 ± 0.81	139.00 ± 0.47	100.50 ± 0.33	69.40 ± 0.36	4.04 ± 0.01

Tabela S3. Estimativas de variância genética aditiva (σ_a^2), variância residual (σ_p^2) e variância fenotípica (σ_e^2) (erro padrão) para peso e características morfométricas em pacu. iw: peso inicial; fw: peso final; hh: altura da cabeça; th: altura total; ph: altura posterior; hl: comprimento da cabeça; tl: comprimento total; sl: comprimento padrão; pl: comprimento da pelve

	Traços	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2
Geral	iw	78.64 ± 22.16	123.19 ± 11.64	44.54 ± 11.75
	fw	7115.80 ± 2156.20	15679.00 ± 1193.00	8563.39 ± 1221.60
	hh	6.99 ± 2.14	18.50 ± 1.24	11.51 ± 1.27
	hl	7.85 ± 2.40	19.59 ± 1.37	11.74 ± 1.40
	tl	130.11 ± 38.80	255.54 ± 20.98	125.42 ± 21.44
	sl	100.55 ± 30.52	196.86 ± 16.41	96.31 ± 16.83
	th	23.46 ± 7.42	61.459 ± 4.26	37.99 ± 4.40
	ph	11.37 ± 3.48	27.63 ± 1.97	16.25 ± 2.02
	pl	16.65 ± 5.26	42.33 ± 2.99	25.68 ± 3.09
env1	fw	3,673.00 ± 1864.6	1,3402.70 ± 2597.2	9,729.70 ± 1408.6
	hh	5.50 ± 2.60	16.02 ± 3.80	10.50 ± 1.80
	hl	8.52 ± 3.40	15.99 ± 5.20	7.47 ± 2.00
	tl	182.01 ± 70.10	261.01 ± 55.80	79.00 ± 38.40
	sl	143.40 ± 53.70	192.17 ± 34.40	48.77 ± 28.90
	th	17.92 ± 8.60	58.01 ± 12.70	40.09 ± 6.20
	ph	11.05 ± 4.80	26.23 ± 7.80	15.18 ± 3.00
	pl	20.80 ± 8.60	35.15 ± 10.11	14.32 ± 4.90
	adg	0.88 ± 0.17	1.09 ± 0.14	0.21 ± 0.09
env2	fw	7,391.90 ± 2349.4	17,828.90 ± 5226.8	10,437.00 ± 1430.50
	hh	7.90 ± 2.40	19.76 ± 5.50	11.85 ± 1.50
	hl	8.09 ± 2.50	19.94 ± 5.70	11.85 ± 1.50
	tl	125.02 ± 38.30	241.39 ± 82.20	116.37 ± 21.80
	sl	92.48 ± 29.30	196.37 ± 65.40	103.89 ± 17.10
	th	21.43 ± 7.00	61.82 ± 15.20	40.39 ± 4.50
	ph	10.94 ± 3.40	27.17 ± 7.70	16.23 ± 2.10
	pl	15.64 ± 5.20	46.06 ± 11.00	30.42 ± 3.40
	adg	0.41 ± 0.16	0.87 ± 0.20	0.47 ± 0.09

7. REFERENCIAS

Bureau, D., Azevedo, P., Tapia-salazar, M., Cuzon, G., 2000. Pattern and cost of growth and nutrient deposition in fish and shrimp: Potential implications and applications. *Avances En Nutrición*. 111–140.

Colihueque, N., & Araneda, C., 2014. Appearance traits in fish farming: Progress from classical genetics to genomics, providing insight into current and potential genetic improvement. *Front. Genet.* 5, 251. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00251>

Criscuolo-Urbiniati, E., Kuradomi, R.Y., Urbiniati, E.C., Batlouni, S.R., 2012. The administration of exogenous prostaglandin may improve ovulation in pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Theriogenology*. 78 (9), 2087-2094. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2012.08.001>

De Mello, F. Oliveira, C.A.L., Streit Jr., D., De 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.com*. 10 (2), 096-100.

Hashimoto, D.T., Mendonça, F.F., Senhorini, J.A., De Oliveira, C., Foresti, F., Porto-Foresti, F., 2011. Molecular diagnostic methods for identifying Serrasalmid fish (Pacu, Pirapitinga, and Tambaqui) and their hybrids in the Brazilian aquaculture industry. *Aquaculture*, 321 (1-2), 49-53. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2011.08.018>

Domingos, J.A., Smith-Keune, C., Robinson, N., Loughnan, S., Harrison, P., Jerry, D. R., 2013. Heritability of harvest growth traits and genotype-environment interactions in barramundi, *Lates calcarifer* (Bloch). *Aquaculture*, 402–403, 66–75. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2013.03.029>.

Dupont-Nivet, M., Karahan-Nomm, B., Vergnet, A., Merdy, O., Haffray, P., Chavanne, H., Chatain, B., Vandeputte M., 2010. Genotype by environment interactions for growth in

European seabass (*Dicentrarchus labrax*) are large when growth rate rather than weight is considered. Aquaculture. 306 (1-4), 365-368.

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.05.025>

Dupont-Nivet, M., Vandeputte M., Vergnet, A., Merdy, O., Haffray, P., Chavanne, H., Chatain, B., 2008. Heritabilities and GxE interactions for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) using a marker-based pedigree. Aquaculture. 275 (1-4), 81-87.

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2007.12.032>

Elvingson, P., & Johansson, K., 1993. Genetic and environmental components of variation in body traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in relation to age. Aquaculture. 118 (3-4), 191–204. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(93\)90456-9](https://doi.org/10.1016/0044-8486(93)90456-9).

Falconer, D.S., & Mackay, T.F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. Harlow, Essex, UK: Longmans Green. 3, (1996).

Falconer, D.S., 1990. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. Genet. Res. 56 (1), 57–70. <https://doi.org/10.1017/S0016672300028883>.

FAO. 2010. The state of world Fisheries and aquaculture 2010. Rome, FAO (2010).

Gallardo, J.A., Lhorente, J.P., Neira, R., 2010. The consequences of including non-additive effects on the genetic evaluation of harvest body weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). Genet. Sel. Evol. 42 (1), 19. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-19>.

Gilmour, A., Gogel, B., Cullis, B., Thompson, R., Butler, D., Cherry, M., Collins, D., Dutkowski, G., Harding, S., Haskard, K., 2009. ASReml User Guide Release 3.0. 275 VSN International Ltd, UK.

Gjedrem, T., & Rye, M., 2018. Selection response in fish and shellfish: A review. Rev. Aquacult. 10 (1), 168-179. <https://doi.org/10.1111/raq.12154>.

Gjedrem, T., Robinson, N., Rye, M., 2012. The importance of selective breeding in aquaculture to meet future demands for animal protein: A review. *Aquaculture* 350–353.117–129. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.04.008>.

Gjerde, B., & Schaeffer, L.R., 1989. Body traits in rainbow trout: II. Estimates of heritabilities and of phenotypic and genetic correlations. *Aquaculture*, 80 (1-2) 25-44. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(89\)90271-8](https://doi.org/10.1016/0044-8486(89)90271-8).

Hair, J.F., Black, W.C., Babin, B.J., Anderson, R.E., 2009. *Multivariate data analysis*. Prentice Hall: Upper Saddle River, NJ.

Honglang H. 2007. Freshwater fish seed resources in China. In: Bondad-Reantaso, M.G. (Ed.), *Assessment of freshwater fish seed resources for sustainable aquaculture*. FAO. Fisheries technical paper. 501, 185-199.

IBGE. 2018. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. *Produção pecuária municipal 2018 vol. 44*, IBGE, Rio de Janeiro (2018).

Kaiser, H.F., 1960. The application of electronic computers to factor analysis. *Educ. Psychol. Meas.* 20 (1), 141–151. <https://doi.org/10.1177/001316446002000116>.

Kause, A., Mulder, H.A., Martin, K.E., Barfoot, A.J., 2013. Genotype-by-environment interaction of growth traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*): A continental scale study. *J. Anim. Sci.* 91 (12), 5572-5581. <https://doi.org/10.2527/jas2012-5949>.

Li, Y., Yang, Y., Zheng, W., Cheng, J. 2019. Genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits and survival of olive flounder (*Paralichthys olivaceus*) in recirculating aquaculture system and flow-through system. *Aquaculture*. 510 (106), 56–60. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.05.043>.

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 (106), 56–61. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.01.010>.

Liu, Y., & Yang, R., 2018. Estimation of Heritability for Growth-related Traits in *Paralichthys olivaceus* Using a Microsatellite-based Pedigree. J. World. Aquacult. Soc. 49 (2), 412–419. <https://doi.org/10.1111/jwas.12420>.

Liyong, X.U., Wei, W., Jie, K., Sheng, L., Yulong, H.U., Yu, M.A., 2015. Estimates of heritability and correlation for growth traits of Turbot (*Scophthalmus maximus* L.) under low temperature conditions. Acta. Oceanol. Sin. 34 (2), 63–67. <https://doi.org/10.1007/s13131-015-0616-9>.

Mas-Muñoz, J., Blonk, R., Schrama, J. W., Arendonk, J. Van, Komen, H., 2013. Genotype by environment interaction for growth of sole (*Solea solea*) reared in an intensive aquaculture system and in a semi-natural environment. Aquaculture. 410–411, 230–235. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2013.06.012>.

Mastrochirico-Filho, V.A., Ariade, R.B., Freitas, M.V., Lieschen V.G.L., Agudelo, J.F.G., Pilarski, F., Reis-Neto, R.V., Yáñez, J.M., Hashimoto, D.T., 2019 Genetic parameters for resistance to *Aeromonas hydrophila* in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). Aquaculture 513, 734442. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.734442>.

Mastrochirico-Filho, V.A., Del-Pazo, F., Hata, M.E., Villanova, G.V., Foresti, F., Vera M., Martínez, P., Porto-Foresti, F., Hashimoto D.T., 2019. Assessing Genetic Diversity for a Pre-Breeding Program in *Piaractus mesopotamicus* by SNPs and SSRs. Genes. 10 (9), 668. <https://doi.org/10.3390/genes10090668>.

Mulder, H.A., & Bijma P., 2005. Effects of genotype × environment interaction on genetic gain in breeding programs. J. Anim. Sci. 83 (1), 49-61. <https://doi.org/10.2527/2005.83149x>.

Neira, R., 2010. Breeding in Aquaculture Species: Genetic improvement programs in breeding in aquaculture species: Genetic improvement programs in developing countries. 8. (2010).

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). Aquac. Res. 50 (10), 2907-2916. <https://doi.org/10.1111/are.14245>

Ponzoni, R. W., Hong, N., Ling, H., Huu, N., 2008. Accounting for genotype by environment interaction in economic appraisal of genetic improvement programs in common carp *Cyprinus carpio*. Aquaculture. 285 (1-4), 47-55. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.08.012>.

Reis Neto, R.V., Oliveira, C.A.L., Ribeiro, R.P., Freitas R.T.F., Allaman, I.B., Oliveira, S.N., 2014. Genetic parameters and trends of morphometric traits of GIFT tilapia under selection for weight gain. Sci. Agric. 71 (4), 259-265. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2013-0294>.

Rencher, A.C., 2002. Methods of Multivariate Analysis. Wiley-Interscience, New York, NY, USA.

Rutten, M. J. M., Bovenhuis, H., Komen, H., 2005. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). Aquaculture. 246 (1-4), 125-132. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.01.006>.

Rye, M., Gjerde, B., & Gjedrem, T., 2010. Genetic improvement programs for aquaculture Species in developed countries. In: Proceedings of the 9th world congress on genetics applied to livestock production. 8.

Sae-lim, P., Kause, A., Janhunnen, M., Vehviläinen, H., Koskinen, H., Gjerde, B., Lillehammer, M., Mulder, H.A., 2015. Genetic (co) variance of rainbow trout (*Oncorhynchus*

mykiss) body weight and its uniformity across production environments. Genet. Sel. Evol. 47, 46 <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0122-8>.

Sae-lim, P., Komen, H., Kause, A., 2010. Bias and precision of estimates of genotype-by-environment interaction: A simulation study. Aquaculture, 310 (1–2), 66–73. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2010.10.020>.

Sae-Lim, P., Komen, H., Kause, A., Martin, K.E., Crooijmans, R., van Arendonk, J.A.M., Parsons, J.E., 2013. Enhancing selective breeding for growth, slaughter traits and overall survival in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Aquaculture. 372-375, 89–96. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.10.031>.

Sae-Lim, P., Komen, H., Kause, A., Mulder, H.A., 2014. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*): Reaction norm and factor analytic models. Genet. Sel. Evol. 46 (1), 1-11. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-16>.

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. Oceanol. Sin. 30 (6), 58-64. <https://doi.org/10.1007/s13131-011-0161-0>.

Trong, T.Q., Mulder, H.A., van Arendonk, J.A.M., 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, 384–387, 119–127. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.12.022>.

Vandeputte, M., Haffray, P., 2014. Parentage assignment with genomic markers: a major advance for understanding and exploiting genetic variation of quantitative traits in farmed aquatic animals. Front. Genet. 5, 432. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00432>.

Vu, N.T., Sang, N.V., Phuc H.T., Vuong, N.T., Nguyen, N.H., 2019. Genetic evaluation of a 15-year selection program for high growth in striped catfish *Pangasianodon*

hypophthalmus. Aquaculture. 509, 221-226.
<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.05.034>.

Capítulo 2

Fenotipagem de alto rendimento por deep learning para predição genética da forma corporal em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

RESUMO

Deep learning (DL) é uma tecnologia de ponta que permite a fenotipagem de alto rendimento na aquicultura. A aplicação rotineira do DL oferece novas oportunidades para a seleção genética de traços de aparência, especialmente aqueles relacionados à forma do corpo. Os critérios atualmente utilizados para a seleção de características de interesse comercial, como crescimento rápido e ganho de peso, podem influenciar diretamente na aparência do animal, que é critério de venda e lucro. Diferentes morfotipos de pacu *Piaractus mesopotamicus* (elíptico e arredondado) foram descritos anteriormente e podem representar diferentes tendências comerciais. Portanto, este estudo teve como objetivo 1) desenvolver um sistema de visão computacional (CVS) por meio de *deep learning* que visa a predição de medidas morfométricas e forma corporal (morfotipos) em pacu, 2) analisar se os morfotipos variam de acordo com o ambiente, sexo e/ou idade, e 3) estimar parâmetros genéticos para a forma corporal, utilizando como critérios o fator de condição (K) e a elipticidade (E). Dados de 1,380 indivíduos correspondentes a 48 famílias de irmãos completos foram avaliados em dois ambientes distintos (núcleo de criação: env1; piscicultura comercial: env2). Os animais foram avaliados quanto ao seu peso e medidas morfométricas aos 15 e 28 meses de idade (estágio de crescimento). Usamos o modelo de máscara R-CNN como algoritmo para o *deep learning*, que foi otimizado para uma arquitetura ResNet com apenas 18 camadas. Isso resultou em um período de treinamento mais rápido (8 GB NVIDIA 2060 RTX em menos de um dia), o que requer menos esforço computacional. O CVS do pacu foi efetivamente desenvolvido para dar conta da segmentação de diversas regiões do corpo dos peixes (cabeça, corpo, nadadeiras e pelve), conforme corroborado pelas altas correlações de medidas previstas manual e automaticamente. Detectamos variação de K em diferentes estádios de crescimento, em que valores mais altos foram associados a uma forma arredondada, e essa característica revelou

uma alta correlação genética com o ganho de peso diário. A herdabilidade da forma do corpo indica que esta característica está sob controle genético moderado a alto e deve responder à seleção. Em conclusão, este estudo estabeleceu um CVS eficiente para pacu que é resiliente às condições de campo, permitindo a fenotipagem de alto rendimento para a avaliação rotineira da forma do corpo em programas de melhoramento para esta espécie.

1. INTRODUÇÃO

A produção aquícola mundial cresceu em média 5.3% ao ano no período 2001-2018, consistindo em 82,1 milhões de toneladas (US\$ 250,1 bilhões) de animais aquáticos em 2018 (FAO, 2020). Na América Latina, a aquicultura avançou consideravelmente, particularmente no Chile e no Brasil (FAO 2020). Novas tecnologias são agora necessárias para apoiar o crescente volume da produção e a procura pelo consumo de peixes, particularmente em termos de segurança alimentar e bioeconomia. Portanto, abordagens de ponta na aquicultura podem acelerar o progresso em direção a uma maior produtividade e sistemas de produção sustentáveis. A fenotipagem em larga escala (fenômica) é uma abordagem emergente que provavelmente melhorará a compreensão de alguns fenômenos biológicos, particularmente pela automação da medição de dados de todas as variáveis importantes (Houle et al., 2010). Tecnologias de fenotipagem de alto rendimento estão se tornando disponíveis, especialmente aquelas que usam inteligência artificial e *deep learning*, o que criará oportunidades para incorporar uma piscicultura inteligente na indústria aquícola (Yang et al., 2021).

O *deep learning* é um caminho específico no *machine learning* que permite o processamento de dados extraindo automaticamente recursos não lineares e complexos por meio de sequências de várias camadas (LeCun et al., 2015), fornecendo ferramentas analíticas

potentes para revelar, quantificar e entender a grande quantidade de informações em *big data* (Liu et al., 2019). Atualmente, esta tecnologia tem várias aplicações na aquicultura, como reconhecimento e contagem de peixes, classificação de espécies, estimativa de biomassa, análise de comportamento e identificação de sexo (Yang et al., 2021; Zhao et al., 2021). Recentemente, um sistema de visão computacional foi desenvolvido com sucesso por processamento e segmentação de imagens para tilápias, resultando em uma abordagem automatizada, rápida e não invasiva para mensuração de área corporal e características biométricas para predição de peso corporal e de carcaça (Fernandes et al., 2020).

A seleção genética e os programas de melhoramento estão entre os principais métodos para alcançar uma indústria aquícola eficiente (Gjedrem e Rye, 2018). No entanto, a produção aquícola de peixes nativos no Brasil ainda é baseada em animais que não passaram por um processo de seleção genética, ou seja, seu desenvolvimento é limitado pela captura de grandes conjuntos de dados fenotípicos. O desempenho de crescimento (particularmente o peso corporal) é o principal objetivo de melhoramento incorporado aos programas de seleção genética. Além do alto valor da melhoria do peso corporal ao longo das gerações na indústria da aquicultura, essa característica é facilmente capturada no nível individual e é de baixo custo simplesmente usando uma balança. No entanto, outros traços de interesse, como a forma do corpo, são alvos dos consumidores do mercado; no entanto, seus fenótipos são difíceis de adquirir devido à capacidade limitada de medição corporal manual (altura, comprimento e largura). Medidas diretas de características biométricas podem ser realizadas em tempo real em um ambiente aquático, que é estressante e invasivo para os peixes, ou indiretamente por aquisição de imagens digitais e posterior coleta manual de dados por *software* de processamento de imagens, embora seja demorado. Essas características podem ser facilmente incorporadas em programas de melhoramento combinando estratégias de *deep learning*.

Recentemente, morfotipos de pacu *Piaractus mesopotamicus*, que podem ser classificados como peixes arredondados ou elípticos, têm sido descritos como características valiosas para a indústria da aquicultura (Freitas et al., 2021). Alguns fatores podem alterar a forma do corpo dos peixes, como o ambiente de criação, a densidade de estocagem e a dieta (Colihueque e Araneda, 2014). Até o momento, nenhum estudo avaliou tais condições em pacu. Além disso, faltam no pacu parâmetros genéticos que testem se a forma do corpo pode ser incluída como objetivo de criação e determinem seus critérios de seleção por meio de medidas corporais usando sistemas de visão computacional.

O presente estudo teve como objetivo aplicar uma abordagem *deep learning* para desenvolver um sistema automatizado de visão computacional (CVS) que permita a fenotipagem de alto rendimento da forma do corpo em pacu *Piaractus mesopotamicus*, facilitando assim a incorporação dessa característica como objetivo de seleção. Além disso, testamos se a forma do corpo varia de acordo com o ambiente, sexo e/ou idade e estimamos parâmetros genéticos para a forma do corpo usando o fator de condição (K) e a elipticidade (E) como critérios de seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Experimento de crescimento

A população experimental deste estudo foi a mesma utilizada por Freitas et al. (2021), compreendendo um total de 1,380 pacus pertencentes a 48 famílias de irmãos completos, gerados por esquema fatorial parcial (3×3). Em resumo, os animais foram gerados durante a estação reprodutiva de dezembro de 2018. Cada família de irmãos completos foi mantida separadamente em hapas individuais até a marcação. Todos os peixes foram marcados quando o menor animal atingiu um mínimo de 5.0 g (aproximadamente 4 meses de idade). Para

informações detalhadas sobre o sistema de acasalamento e reprodução, consulte Freitas et al. (2021) (Capítulo 1).

Para avaliar se o ambiente poderia interferir na forma do corpo, os peixes foram registrados aos 15 meses de idade em dois ambientes distintos, denominados como env1, tanques de concreto experimental (220 m², de cerca de 10x22m); e env2, viveiros de uma piscicultura comercial (800 m², de cerca de 18x44m). No env1 foram avaliadas 20 famílias, com aproximadamente 21 indivíduos por família, distribuídos aleatoriamente em três tanques, representando um total de 420 peixes. Na env2, foram avaliadas 48 famílias; cerca de 20 indivíduos por família foram distribuídos aleatoriamente em dois viveiros (no total, 960 animais em env2). Apenas 20 famílias apresentaram número amostral suficiente para serem avaliadas nos dois ambientes simultaneamente; portanto, 28 famílias foram avaliadas exclusivamente em env2. Para informações sobre a localização da piscicultura e os parâmetros da água, consulte Freitas et al. (2021) (Capítulo 1)

No presente estudo, o conjunto de dados do fenótipo também foi aumentado pela avaliação de registros para um período de crescimento mais longo (420 animais de env1), principalmente para medir a influência da idade na forma do corpo. Assim, todos os animais da env1 cresceram por um período maior até o peso de abate e foram registrados aos 28 meses de idade.

Sete características morfométricas foram avaliadas: comprimento total (**tl**); comprimento da cabeça (**hl**); altura total (**th**); e altura da cabeça (**hh**), comprimento da pelve (**pl**), área da cabeça (**ha**) e área do corpo (**ba**). As características pl, ha e ba não foram utilizadas para analisar a forma do corpo, mas serão aplicadas em um estudo posterior envolvendo o rendimento de partes corporais. Também registramos o ganho de peso diário (dwg), que foi registrado em gramas, de acordo com:

$dwg = (W_f - W_i)/T$, onde W_f foi o peso no final do período de medição (28 meses), W_i foi o peso no início do período de medição (15 meses) e T foi o total tempo ao longo do período de medição (dias).

Adotamos a elipticidade (E) (Figura 1) (Merigot et al., 2007) e o fator de condição (K) (Weatherley et al., 1987) para comparar a forma corporal entre ambiente, sexo e/ou idade, de acordo com as seguintes fórmulas:

$$E = \frac{(tl - th)}{(tl \pm th)}$$

$$K = \frac{w}{tl^3} \times 10^5$$

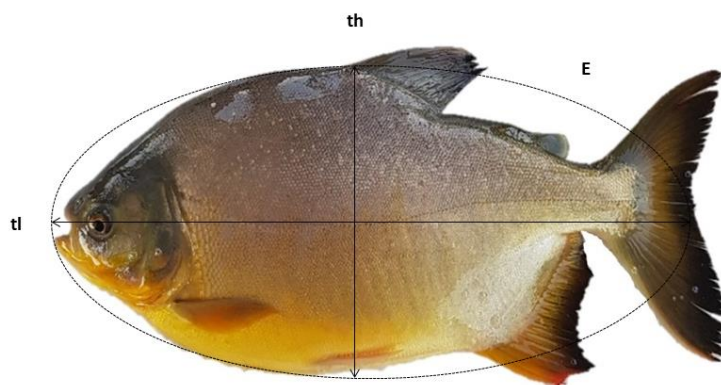


Figura 1. Elipticidade do pacu, realizada pelas proporções de comprimento total (tl) e altura total (th)

2.2. Aquisição do banco de dados de imagem e conjuntos de dados

Imagens de todos os animais foram coletadas durante os experimentos de crescimento, tanto aos 15 quanto aos 28 meses de idade. As imagens foram obtidas por meio de uma câmera digital de 12 megapixels integrada ao *smartphone* Motorola One Action, configurada para

resolução máxima e foco automático. O *smartphone* foi acoplado a uma plataforma fixa a 0.8 cm do alvo para manter a mesma distância em todas as imagens; no entanto, diferenças sutis durante a fixação da câmera em cada dia de medição resultaram em uma variação de *pixel* para cm entre as imagens (detalhado na seção Resultados). Todas as imagens foram capturadas em condições naturais de iluminação (condições de campo, ou seja, iluminação não controlada) na lateral dos tanques onde os animais foram criados. Os peixes foram anestesiados com benzocaína (0.1 mg/l) e o peso corporal foi registrado em balança digital. Os peixes foram colocados em uma plataforma de isopor com uma régua fixa para a captura das imagens. A plataforma foi colocada no solo (em cima da grama) para obter um fundo diversificado e, conseqüentemente, desenvolver um CVS robusto. O *software Image J* foi utilizado para a medição manual das sete características morfométricas em cada peixe com base em suas imagens digitais (*pixels* calibrados diretamente no comprimento da régua no sistema métrico).

2.3. Segmentação e análise das imagens

O conjunto de dados utilizado para o desenvolvimento do sistema de visão computacional consistiu em 1,800 imagens de pacu. Esse conjunto de dados foi dividido aleatoriamente em três subconjuntos: treinamento (85%), desenvolvimento (5%) e validação (10%). O conjunto de desenvolvimento foi utilizado para ajustar os hiperparâmetros e realizar a experimentação, evitando assim o uso direto do conjunto de validação e possivelmente o sobreajuste.

O conjunto de treinamento foi utilizado para segmentação manual das áreas de interesse utilizando o software Labelbox (Figura 2): cabeça (ha), corpo (ba), nadadeiras (fa) e pelve (pa). O pa compreendeu uma subárea de três lados que foi conectada usando três pontos de referência: 1) base anterior da nadadeira pélvica, 2) base anterior da nadadeira anal e 3) base anterior da nadadeira dorsal. Essa região foi delimitada para obter o comprimento da pelve (ou seja, o comprimento da base do triângulo, correspondente à distância entre a base anterior da

pelve e as nadadeiras anais) de acordo com a estrutura da caixa delimitadora (detalhada abaixo). As imagens segmentadas foram agrupadas para construir um conjunto de dados rotulado, onde cada *pixel* da imagem original correspondia a uma das classes previamente definidas (ha, ba, fa e pa). Apesar da sobreposição entre ba e pa, cada *pixel* classificado como pa não foi contado novamente como ba durante a etapa de segmentação. No entanto, todos os *pixels* classificados como ba e pa foram mesclados para obter o valor correto da área corporal total. Para evitar viés de padronização e erros individuais, a segmentação manual das imagens foi realizada por apenas um profissional e todas as classes foram posteriormente selecionadas e aprovadas por um avaliador treinado. Se a segmentação não fosse aceita, a mesma imagem era enviada de volta ao rotulador para reavaliação.

Para segmentação de imagens por meio do *deep learning* (DL), adotamos um método baseado em uma família de métodos conhecidos como redes neurais convolucionais de proposta de região (R-CNN). Foi baseado em um processo de duas etapas. O primeiro estágio é chamado de “estágio de proposta de região”, que consiste em selecionar regiões candidatas e extrair recursos usando CNN da imagem original para serem processados posteriormente no pipeline. O segundo estágio é chamado de “estágio de classificação e regressão”, que usa os recursos extraídos do primeiro estágio para prever as caixas delimitadoras e máscaras de instância para cada região de interesse na imagem.

Especificamente, ajustamos a implementação do método de máscara R-CNN (He et al., 2018) para atender às restrições de campo relacionadas ao orçamento computacional. Para minimizar o estresse dos peixes durante o processo de medição, o modelo treinado tinha que ser compacto e rápido o suficiente para funcionar em um dispositivo de borda o mais próximo possível dos tanques de criação. O método R-CNN de máscara original emprega uma rede neural de 50 camadas chamada Resnet-50 como extrator de recursos. Mais camadas convolucionais aumentaram o custo computacional do modelo. Para reduzir o custo

computacional, usamos uma variante da arquitetura ResNet com apenas 18 camadas, o que efetivamente reduziu o número de operações de ponto flutuante (FP) necessárias para alcançar resultados comparáveis.

Como o requisito de memória para calcular a escala das camadas convolucionais é proporcional ao tamanho da entrada, as imagens foram redimensionadas para 0.5 da resolução original e preenchidas com zeros para tornar o tamanho da entrada constante. Como estratégia de aumento de dados, adotamos um simples flip horizontal aleatório com probabilidade de 0.5. Usamos um tamanho *batch* de 2 para caber na memória da GPU de 8 GB. A métrica otimizada foi a interseção sobre união (IoU). Ao final de cada época, calculamos a razão IoU para o conjunto de desenvolvimento. Interrompemos o treinamento para otimizar a taxa de aprendizado, que era mais sensata durante o treinamento e experimentação usando o conjunto de desenvolvimento. A IoU foi calculada usando a área A prevista e a área B esperada (anotada) com a seguinte fórmula $A \cap B / A \cup B$. Um valor de IoU próximo a 1.0 representou alta precisão das previsões.

Com base na segmentação de instâncias do modelo de máscara R-CNN, usamos a detecção de objetos de caixa delimitadora das máscaras segmentadas (ha, ba e pa) para prever as medidas morfométricas.

A correlação de Pearson foi realizada entre as medidas estimadas manualmente (*Image J*) e automaticamente (CVS) para validar o método de *deep learning* na predição das medidas morfométricas.

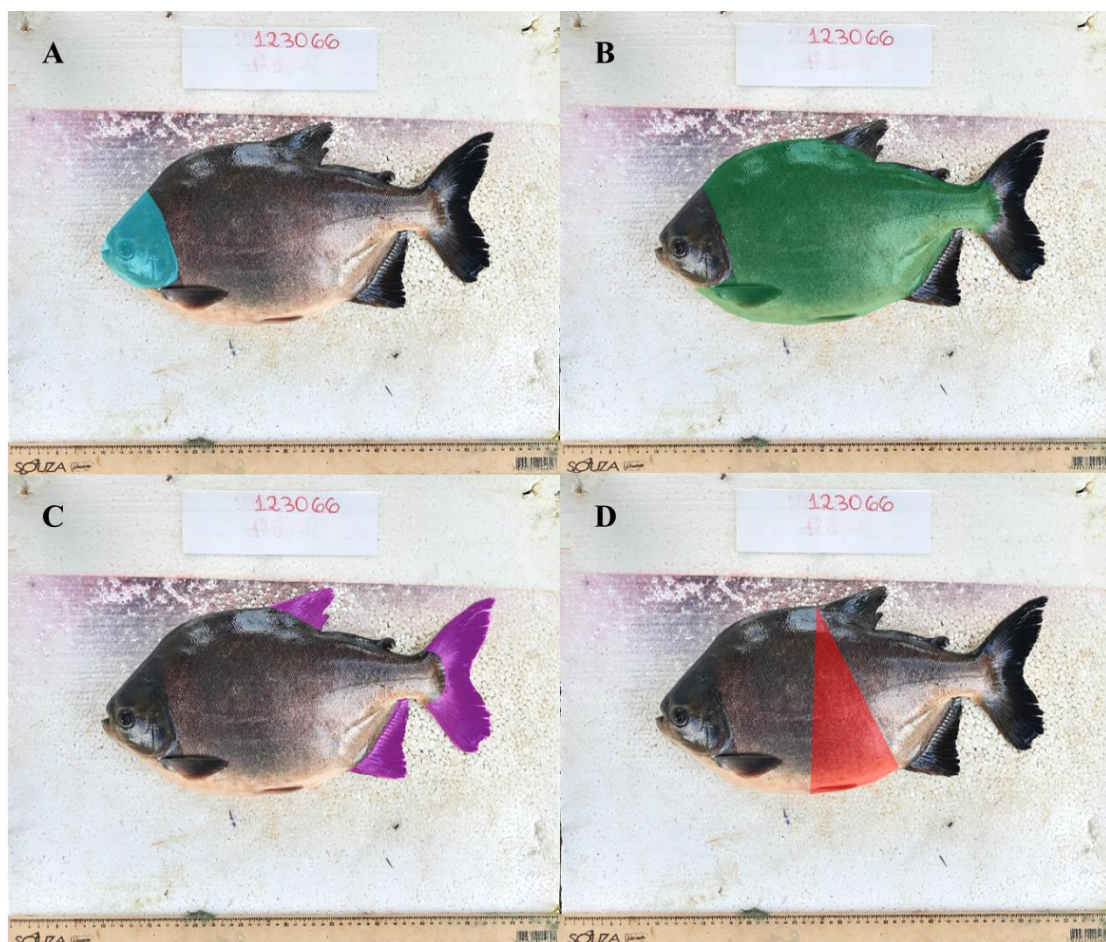


Figura 2. Segmentação manual pelo software Labelbox das regiões do corpo: A) cabeça (ha); B) corpo (ba); C) nadadeiras (fa); e D) pelve (pa).

2.4. Modelo estatístico para as análises genéticas

Primeiramente, todas as características foram analisadas usando um modelo animal univariado (modelo 1), conforme definido abaixo:

$$y_{ij} = \mu \pm t_i \pm s_g \pm k_j \pm a_j \pm e_{igj} \quad [1]$$

onde y_{ij} foi o fenótipo observado para o peixe j (K or E), no tanque ou viveiro i ; μ foi o efeito fixo da média geral; t_i foi o efeito fixo do tanque ou viveiro i , s_g foi o efeito fixo do sexo (g) e covariável de peso inicial (iw), peso no momento da marcação (*pit-tagging*); k_i foi o efeito

familiar aleatório (hapa) para o peixe j (efeito de ambiente comum; ou seja, o efeito causado quando os animais foram alocados em hapas até serem marcados); a_j o efeito aleatório genético animal do indivíduo j ; e e_{ij} foi o efeito aleatório residual para os peixes j . Assumiu-se que: $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$ e $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$, onde σ_a^2 e σ_e^2 são as variâncias genéticas aditivas e residuais respectivamente. A e I são as matrizes de relacionamento do numerador e as matrizes de identidade, respectivamente.

Em segundo lugar, um modelo animal bivariado foi ajustado para estimar a correlação genética entre K ou E com ganho de peso diário (dwg) aplicando o seguinte (modelo 2):

$$\begin{bmatrix} y_{ij} \\ y_{tj} \end{bmatrix} = \mu \pm t_i \pm s_g \pm k_j \pm a_j \pm e_{tj} \quad [2]$$

onde y_{ij} e y_{tj} são as diferentes medidas no mesmo peixe j . Os efeitos fixos e aleatórios foram os mesmos descritos no modelo 1 e estão ligadas as características i e t , respectivamente. As correlações foram classificadas de acordo com Navarro et al. (2009), sendo os valores 0-0.40 considerados baixos, 0.45-0.55 moderados, e 0.60-1 altos.

Por fim, um modelo animal bivariado foi utilizado para estimar a interação genótipo ambiente considerando a mesma característica (K ou E) distinta em env1 e env2. A correlação genética entre a característica medida em ambos os ambientes pode indicar a tendência e magnitude da interação GxE (Falconer e Mackay, 1996). O modelo de interação GxE para todas as características pode ser representado como (modelo 3):

$$\begin{bmatrix} y_{ienv1} \\ y_{ienv2} \end{bmatrix} = \mu \pm t_i \pm s_g \pm k_j \pm a_j \pm e_{tj} \quad [3]$$

onde env1 e env2 representam o traço i medido nos diferentes ambientes. Os demais parâmetros são os mesmos descritos anteriormente, exceto pela covariância residual entre os ambientes, que agora foi definida como 0, pois as características foram registradas em indivíduos em apenas um ambiente de cada vez, ou seja, a covariância residual é uma matriz diagonal para estes modelos. Além disso, os animais de env1 são classificados como ausentes para env2 e vice-versa. Os demais efeitos são os mesmos descritos nos modelos 1 e 2. Todas as análises foram realizadas utilizando o programa BLUP (Misztal et al., 2018).

3. RESULTADOS

3.1. *Sistema de visão computacional*

Em relação à otimização do modelo de *deep learning* usando uma variante da arquitetura ResNet com apenas 18 camadas, o sistema foi treinado de ponta a ponta em uma NVIDIA 2060 RTX de 8 GB em menos de um dia. A implementação original do extrator de recursos Resnet-50 exigiu aproximadamente uma semana para concluir o treinamento com o mesmo conjunto de dados. Portanto, como não houve melhorias significativas no uso de uma arquitetura mais profunda, a mais simples (18 camadas) foi escolhida como a melhor solução. O treinamento foi interrompido quando a perda total suavizada atingiu um platô com oscilações periódicas. O algoritmo foi treinado usando uma taxa de aprendizado de 10^{-6} em 333 épocas. O gráfico de avaliação é mostrado na Figura 3.

Foi observada uma baixa variação durante a calibração do *pixel* para o sistema métrico, em que 1 cm variou de 46.68 a 51.67 *pixels* (média de 49.49 *pixels*). Portanto, as medidas corporais foram redimensionadas de acordo com a calibração de *pixels* para centímetros em cada imagem.

Os resultados revelaram que o CVS pode ser implementado com confiança para estimar medidas morfométricas de pacu, pois o sistema mostrou-se resiliente mesmo para diferentes fundos de imagem sob condições de campo ou sem controle de iluminação, conforme demonstrado nos resultados de segmentação automática (Figura 4). Um CVS preliminar foi desenvolvido com sucesso para segmentação de ha, ba e fa (Figura 4A e 4B). Em seguida, o CVS final foi gerado incluindo pa que revelou resultados semelhantes de segmentação, ou seja, pa foi eficientemente segregado de ba (Figura 4C). Em relação ao desempenho de classificação entre cabeça e nadadeiras versus corpo e pelve, não houve diferenças visíveis nas imagens, ou seja, os pixels foram atribuídos corretamente a cada categoria. Além disso, não foram detectados erros de alocação entre as categorias de peixes do corpo e o fundo da imagem.

Os valores de correlação entre as medidas previstas manual e automaticamente pelo CVS foram altos e positivos para as medidas morfométricas (tl: 0.95, th: 0.90, hl: 0.87, hh: 0.78, pl: 0.75, ha: 0.92 ba: 0.98), indicando que este pode ser usado para a fenotipagem automatizada e em larga escala para prever a forma do corpo no pacu.

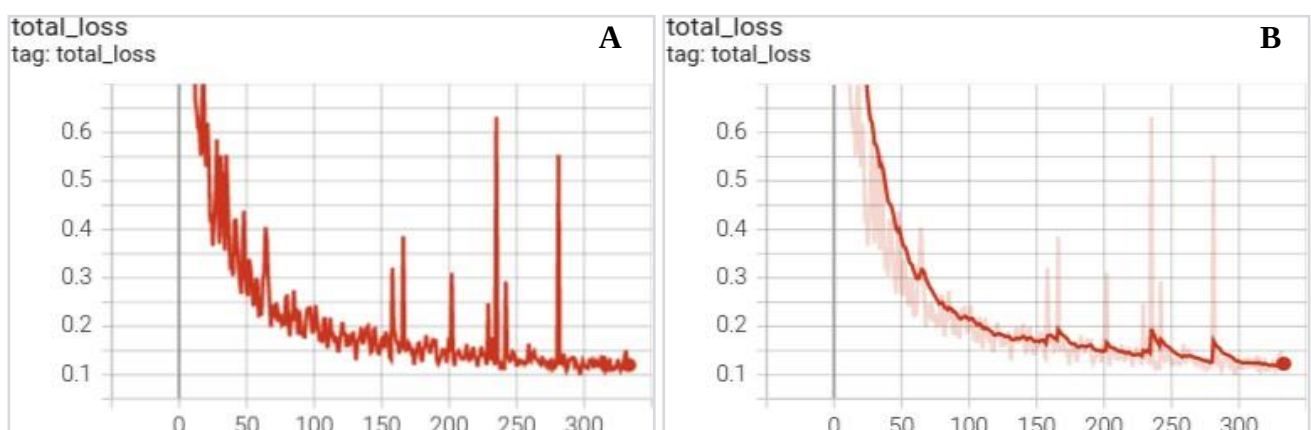


Figura 3. Gráfico de avaliação: A) representa a perda de treinamento (sem suavização) e B) representa a perda de treinamento (fator de suavização 0.9).



Figura 4. Segmentação de instâncias por deep learning das regiões do corpo. A) (forma elíptica) e B) (forma arredondada) são os resultados do CVS inicial incluindo apenas cabeça (azul), corpo (vermelho) e nadadeiras (branco). C) é o CVS final incluindo todas as regiões de interesse: cabeça (vermelho), corpo (amarelo), nadadeiras (azul) e pelve (roxo).

3.2. Estatísticas descritivas

As estatísticas descritivas de K e E em relação ao ambiente, idade e sexo são apresentadas na Tabela 1. Os valores médios de K e E não variaram entre os ambientes ou sexos. Observou-se variação ao comparar animais de diferentes idades, com valores de K de 2.49 ± 0.31 e 2.86 ± 0.61 para os 15 e 28 meses, respectivamente. A mesma tendência foi observada pela regressão do peso (escala logarítmica) em relação ao comprimento total (escala logarítmica), pois a inclinação foi maior aos 15 meses (0.25) em comparação com 28 meses (0.09), conforme mostrado na Figura 5. Em geral, os maiores valores de K estão associados a animais arredondados, ou seja, os animais tendem a ter formas arredondadas ao longo do tempo.

Tabela 1. Média e desvio padrão para fator de condição (K) e elipticidade (E) aos 15 e 28 meses.

	Geral	Macho		Fêmea		Env 2	Env 1	
		15 meses	28 meses	15 meses	28 meses	15 meses	15 meses	28 meses
Slope	0.27	0.26	0.1	0.24	0.07	0.27	0.25	0.09
K	2.74 ± 0.36	2.67 ± 0.35	2.91 ± 0.64	2.70 ± 0.31	2.89 ± 0.65	2.74 ± 0.31	2.49 ± 0.31	2.86 ± 0.61
E	0.40 ± 0.01	0.41 ± 0.01	0.42 ± 0.02	0.41 ± 0.01	0.41 ± 0.01	0.41 ± 0.01	0.42 ± 0.01	0.41 ± 0.02

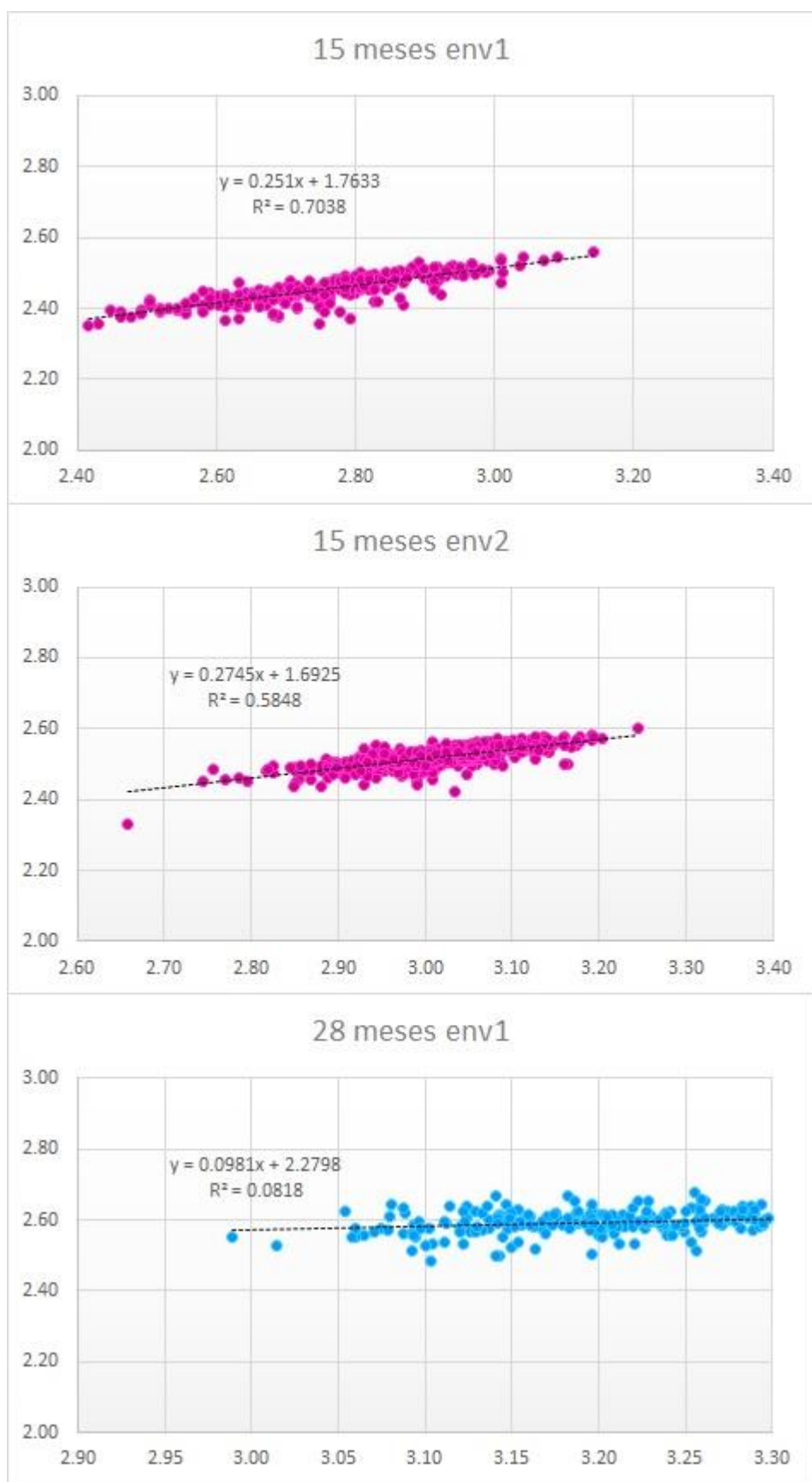


Figura 5. Log10 (w1 e w2) plotado contra Log10 (tl) aos 15 e 28 meses de idade.

3.3. Parâmetros genéticos para a forma do corpo

Os valores de herdabilidade para a forma do corpo estão apresentados na tabela 2. Os valores de herdabilidade variaram de baixo a alto para K, com o menor valor observado em env1 aos 28 meses (0.12 ± 0.08) e o maior em env2 aos 15 meses (0.46 ± 0.12). Os valores de herdabilidade para E foram altos (0.51 – 0.72), exceto para env1 aos 28 meses de idade, cujo valor não foi significativo.

Tabela 2. Herdabilidade para fator de condição (K) e elipticidade (E) nos dois ambientes de cultivo aos 15 e 28 meses.

	Env 2	Env 1	
	15 meses	15 meses	28 meses
K	0.46 ± 0.12	0.25 ± 0.12	0.12 ± 0.08
E	0.72 ± 0.14	0.51 ± 0.17	0.01 ± 0.009

Moderadas correlações genéticas foram identificadas entre E e dwg ($rg = 0.47 \pm 0.17$), enquanto um alto valor foi detectado em relação a K com dwg ($rg = 0.99 \pm 0.43$), o que sugere que peixes arredondados crescem mais rápido. Não houve interação genótipo-ambiente para K (0.99 ± 0.52); entretanto, foi detectada correlação moderada para E (0.68 ± 0.05), o que significa que há interação genótipo-ambiente para esta característica.

4. DISCUSSÃO

4.1. Estratégia Deep learning

A análise de imagens digitais tem sido frequentemente usada para medir características comerciais nos programas de melhoramento de peixes, tais como medidas de forma corporal e crescimento (Blonk et al., 2010; Omasaki et al., 2016; Cardoso et al., 2021). No entanto, a mensuração dessas características geralmente é realizada manualmente por meio de programas específicos, que são demorados e exaustivos para aplicação rotineira em programas de

melhoramento com grandes conjuntos de dados de fenótipos. O desenvolvimento de um CVS que capture automaticamente as medidas do corpo dos peixes é relevante para a incorporação de características comerciais (por exemplo, forma do corpo) que muitas vezes não são usadas como critérios de seleção devido a sua dificuldade de obtenção. Portanto, o principal objetivo deste estudo foi o desenvolvimento do primeiro CVS por meio de *deep learning* em pacu, que nos permitiu a fácil captura de medidas corporais em animais vivos, mesmo em condições de campo sem fundo e iluminação controlados.

No passado, vários estudos tentaram desenvolver um CVS automatizado para os peixes, contudo, em condições controladas, como iluminação, e remoção de nadadeiras (Costa et al., 2013; Jeong et al., 2013; Navarro et al., 2016). Recentemente, avanços significativos foram feitos em tilápia do Nilo, criando o primeiro CVS para peixes vivos que poderiam ser utilizados em ambientes sem condições de iluminação controlada (Fernandes et al., 2020). Outro desenvolvimento neste CVS de tilápia foi a remoção bem-sucedida de nadadeiras do corpo do peixe, que também foi realizada anteriormente no robalo asiático (Konovalov et al., 2018). No entanto, o CVS para a tilápia foi projetado com fundo controlado (mesa coberta com fundo verde), o que resultou em um sistema menos resiliente que sofreu interferência de fundos texturizados ou de cores corporais diferentes (em relação ao modelo de treinamento). Em nosso estudo, uma conquista notável foi o desenvolvimento do primeiro CVS que reconheceu automaticamente regiões e sub-regiões do pacu (cabeça, corpo, nadadeiras e região da pelve) em condições de campo. Além disso, notou-se uma pequena perda nas regiões limítrofes entre o corpo e a área da pelve. A segmentação da cabeça em pacu é desejável, pois esta característica pode ser facilmente incorporada em programas de seleção, ou seja, uma cabeça menor significa maior rendimento de carne, o que é atraente para o setor comercial (Freitas et al., 2021).

Em relação ao método de *deep learning* aqui aplicado, o R-CNN é um modelo aprimorado derivado de uma CNN, que é uma das arquiteturas de modelo mais populares usando

aprendizado supervisionado, onde os dados são apresentados como amostras rotuladas. R-CNN requer altos recursos computacionais (Girshick et al., 2014); portanto, modelos avançados foram propostos para reduzir drasticamente os esforços computacionais compartilhando convoluções entre propostas, como R-CNN mais rápido (Ren et al., 2016) que atinge taxas quase em tempo real usando redes muito profundas. Por fim, Mask R-CNN é uma extensão intuitiva do Faster R-CNN, que adiciona uma ramificação para prever máscaras de segmentação em paralelo com a ramificação existente para classificação e regressão de caixa delimitadora (He et al., 2017). Essa estrutura é baseada na segmentação de instâncias, que combina elementos das tarefas clássicas de visão computacional de detecção de objetos (ou seja, classificar objetos e localizar cada um usando uma caixa delimitadora) e segmentação semântica (ou seja, classificar cada pixel em um conjunto fixo de categorias sem diferenciar instâncias de objetos). No presente estudo, aplicamos com sucesso a Mask R-CNN usando uma variante da arquitetura ResNet com apenas 18 camadas para a segmentação de regiões do corpo em pacu (cabeça, corpo e nadadeiras), pois foram observadas fortes correlações entre os valores preditos pelo CVS e medições manuais. Essa estratégia diminui substancialmente o custo computacional do modelo sem afetar a qualidade da segmentação das instâncias; portanto, pode ser implementado em um dispositivo de borda (sistema móvel) para prever automaticamente a forma do corpo em tempo real na lateral dos tanques de criação em condições de campo. Assim, milhares de peixes podem ser medidos diariamente com o mínimo de estresse possível, o que permite a fenotipagem em larga escala para programas de reprodução e pode ser utilizado em sistemas de produção comercial para separar diferentes formas corporais (morfotipos) em pacu de acordo com a demanda do mercado consumidor.

4.2. *Parâmetros genéticos para forma do corpo*

Durante o processo de melhoramento, diferentes características de interesse foram selecionadas para aumentar a produtividade, incluindo crescimento rápido, resistência e engorda. No entanto, com a sofisticação do mercado consumidor, o aumento da busca por animais com aparências externas mais desejáveis, e a seleção de características de aparência, principalmente aquelas relacionadas à forma corporal, tem ganhado destaque nos sistemas de produção (Colihueque e Araneda, 2014). A plasticidade morfológica é comumente observada em peixes (Wimberger, 1992). Isso porque esses animais têm grande parte de seu fenótipo resultante de diferentes pressões genéticas e ambientais, principalmente a união de características morfológicas, comportamentais e fisiológicas (Reid e Peichel, 2010). Recentemente, diferentes morfotipos de pacu (arredondado e elíptico) foram identificados em condições de cultivo por Freitas et al. (2021). No presente estudo, maiores valores de K (ou seja, peixes arredondados) foram obtidos para animais mais velhos, o que pode estar associado aos principais processos biológicos e fisiológicos do desenvolvimento, como a maturação sexual. Em geral, o processo de seleção para melhores taxas de crescimento também resultou em formas arredondadas nos peixes, como relatado para truta arco-íris e tilápia do Nilo, em que o ganho de massa está associado à espessura e altura dos animais (Gjerde e Schaeffer, 1989; Kause et al., 2003; Trong et al., 2013). Esses resultados também são consistentes com nosso estudo devido à forte correlação genética entre K e dwg em pacu.

Parâmetros genéticos já foram descritos para características de crescimento em pacu (peso e características morfométricas) (Freitas et al., 2021), demonstrando valores de herdabilidade moderados a altos. Da mesma forma, o presente estudo registrou variação genética significativa na forma do corpo em pacu (exceto E aos 28 meses de idade), revelando o potencial de aplicação da seleção genética para aumentar a produção de características desejadas na aquicultura. As estimativas de herdabilidade para a forma do corpo em pacu corroboraram os

valores moderados a altos em várias espécies de peixes, como *Solea Solae* (0.34), truta arco-íris (*Oncorhynchus mykiss*) (0.31 – 0.40) e tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) (Kause et al., 2004; Blonk et al., 2010; Trong et al., 2013).

Além disso, foi observada uma fraca interação genótipo-ambiente ($G \times E$) para o fator de condição (K) (0.99 ± 0.35), semelhante aos valores obtidos anteriormente para outras características de crescimento em pacu (Freitas et al., 2021). Esse resultado sugere que animais superiores do núcleo reprodutor podem ser amplamente dispersos no ambiente comercial, onde predominam os pequenos produtores (Freitas et al., 2021). No entanto, $G \times E$ moderado foi observado para E; portanto, os animais podem apresentar diferentes desempenhos de acordo com o ambiente, e a seleção precisa ser direcionada especialmente para cada piscicultura.

4. CONCLUSÃO

Este estudo aplica um modelo de *deep learning* rápido para desenvolver o primeiro CVS em pacu, que pode ser efetivamente usado para medição de traços morfométricos para prever a forma do corpo, como demonstrado pela alta correlação entre medições manuais e automáticas. Nosso CVS também é aplicável para segmentação e mensuração de cabeças, característica desfavorável ao mercado consumidor que pode ser reduzida pela seleção genética em pacu. No geral, as estimativas de herdabilidade para a forma do corpo sugerem que essas características estão sob controle genético moderado-alto e devem responder à seleção. Animais mais velhos tendem a ser arredondados, e esse fenótipo está geneticamente correlacionado com o aumento do dwg. Nossos resultados sugerem fraca reclassificação de genótipos (baixa interação $G \times E$) para K, mas valor moderado para E entre os ambientes (núcleo reprodutor e ambientes comerciais).

5. REFERENCIAS

Blonk, R. J. W., Komen, J., Tenghe, A., Kamstra, A., & Van Arendonk, J. A. M. (2010). Heritability of shape in common sole, *Solea solea*, estimated from image analysis data. *Aquaculture*, 307(1-2), 6-11.

Cardoso, A. J. D. S., Oliveira, C. A. L. D., Campos, E. C., Ribeiro, R. P., Assis, G. J. D. F., & Silva, F. F. E. (2021). Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*.

Casselman, J. M. (1987). Determination of age and growth. *The biology of fish growth*, 209-242.

Charo-Karisa, H., Komen, H., Rezk, M. A., Ponzoni, R. W., van Arendonk, J. A., & Bovenhuis, H. (2006). Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture*, 261(2), 479-486.

Colihueque, N., & Araneda, C. (2014). Appearance traits in fish farming: progress from classical genetics to genomics, providing insight into current and potential genetic improvement. *Frontiers in Genetics*, 5, 251.

FAO. (2020). The State of World Fisheries and Aquaculture 2020. Sustainability in action. Rome.

Fernandes, A. F., Turra, E. M., de Alvarenga, É. R., Passafaro, T. L., Lopes, F. B., Alves, G. F., ... & Rosa, G. J. (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.

Freitas, M. V., Lira, L. V., Ariede, R. B., Agudelo, J. F., de Oliveira Neto, R. R., Borges, C. H., ... & Hashimoto, D. T. (2021). Genotype by environment interaction and genetic

parameters for growth traits in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, 530, 735-743.

Gjerde, B. A., & Schaeffer, L. R. (1989). Body traits in rainbow trout: II. Estimates of heritabilities and of phenotypic and genetic correlations. *Aquaculture*, 80(1-2), 25-44.

Houle, D., Govindaraju, D. R., & Omholt, S. (2010). Phenomics: the next challenge. *Nature reviews genetics*, 11(12), 855-866.

Kause, A., Ritola, O., & Paananen, T. (2004). Breeding for improved appearance of large rainbow trout in two production environments. *Aquaculture Research*, 35(10), 924-930.

Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Eskelinen, U., & Mäntysaari, E. (2003). Big and beautiful? Quantitative genetic parameters for appearance of large rainbow trout. *Journal of Fish Biology*, 62(3), 610-622.

Khaw, H. L., Bovenhuis, H., Ponzoni, R. W., Rezk, M. A., Charo-Karisa, H., & Komen, H. (2009). Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture*, 294(1-2), 37-42.

Le Boucher, R., Quillet, E., Vandeputte, M., Lecalvez, J. M., Goardon, L., Chatain, B., ... & Dupont-Nivet, M. (2011). Plant-based diet in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum): Are there genotype-diet interactions for main production traits when fish are fed marine vs. plant-based diets from the first meal?. *Aquaculture*, 321(1-2), 41-48.

Le Boucher, R., Vandeputte, M., Dupont-Nivet, M., Quillet, E., Ruelle, F., Vergnet, A., ... & Chatain, B. (2013). Genotype by diet interactions in European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.): Nutritional challenge with totally plant-based diets. *Journal of animal science*, 91(1), 44-56.

LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *nature* 521 (7553), 436-444. *Google Scholar Google Scholar Cross Ref Cross Ref*.

Liu, X., Shin, H., & Burns, A. C. (2019). Examining the impact of luxury brand's social media marketing on customer engagement: Using big data analytics and natural language processing. *Journal of Business Research*.

Mérigot, B., Letourneur, Y., & Lecomte-Finiger, R. (2007). Characterization of local populations of the common sole *Solea solea* (Pisces, Soleidae) in the NW Mediterranean through otolith morphometrics and shape analysis. *Marine Biology*, 151(3), 997-1008.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. (2018). Manual for BLUPF90 family of programs, University of Georgia.

Omasaki, S. K., Charo-Karisa, H., Kahi, A. K., & Komen, H. (2016). Genotype by environment interaction for harvest weight, growth rate and shape between monosex and mixed sex Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 458, 75-81.

Reid, D. T., & Peichel, C. L. (2010). Perspectives on the genetic architecture of divergence in body shape in sticklebacks. *Integrative and comparative biology*, 50(6), 1057-1066.

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.

Walker, J., & Westneat, M. (1997). Labriform propulsion in fishes: kinematics of flapping aquatic flight in the bird wrasse *Gomphosus varius* (Labridae). *The Journal of experimental biology*, 200(11), 1549-1569.

Webb, P. W. (1984). Form and function in fish swimming. *Scientific American*, 251(1), 72-83.

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.

Zhao, T., Hu, Y., & Cheng, L. (2021). Deep-DRM: a computational method for identifying disease-related metabolites based on graph deep learning approaches. *Briefings in Bioinformatics*, 22(4), bbaa212.

Capítulo 3

Avaliação de parâmetros genéticos para desempenho de crescimento e rendimento corpóreo em pacu (*Piaractus mesopotamicus*)

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para características de crescimento e rendimento corpóreo no pacu (*Piaractus mesopotamicus*), por meio da utilização de um sistema de visão computacional (CVS) desenvolvido previamente para esta espécie. O cálculo de herdabilidade e correlações genéticas foram estimados para 20 famílias de irmãos completos pertencentes ao núcleo de melhoramento genético do Centro de aquicultura da UNESP, ao total 420 animais foram avaliados. Ao final do experimento dez características de crescimento foram avaliadas, sendo elas: peso de abate (**hw**), comprimento total (**tl**); comprimento da cabeça (**hl**); altura da cabeça (**hh**); altura total (**th**); altura posterior (**ph**), comprimento da pelve (**pl**); área da cabeça (**ha**); área do corpo (**ba**) e área do dorso (**da**). Tanto as medidas morfométricas quanto as áreas analisadas foram obtidas por meio da tecnologia *deep learning* desenvolvida para o pacu. Após a biometria cada animal foi processado nas seguintes regiões corporais: cabeça, costela, lombo, filé, CY (costela + lombo + filé) e carcaça (correspondendo ao esqueleto vertebral, nadadeiras e vísceras). As estimativas de herdabilidade para as características de crescimento e peso das partes corporais no abate variaram de moderada a alta. Altas correlações genéticas foram observadas entre as características de crescimento e rendimento corpóreo, indicando a possibilidade de seleção por medidas indiretas e não invasivas

1. INTRODUÇÃO

O pacu (*Piaractus mesopotamicus*) corresponde a uma das mais importantes espécies Neotropicais cultivadas na América do Sul, especialmente no Brasil (IBGE, 2019; Valladão et al., 2016). O cultivo do pacu (juntamente com seu híbrido com a pirapitinga) alcança o quarto maior valor de produção de pescado entre as espécies nativas (aproximadamente 12 mil toneladas), compreendendo o principal grupo de peixes nativos de interesse para a aquicultura (Serrasalmídeos) que juntos correspondem a 30 % da produção nacional (IBGE, 2020). Tendo isso em vista, o melhoramento genético desta espécie é fundamental para uma melhor exploração e incremento da sua produção.

Diversas características têm sido alvo nos programas de melhoramento durante os anos, contudo, o peso corporal ainda é o critério mais visado pelos produtores e melhoristas a fim de se incrementar o desempenho de crescimento (Gjedrem, 2012; Fraslin et al., 2018). Estudos prévios já realizados para o pacu e sua espécie próxima, o tambaqui, tem demonstrado moderada-alta herdabilidade e correlação genética para características de crescimento (morfometria e peso) (Marcos et al., 2016; Mello et al., 2016; Perazza et al., 2019; Ariede et al., 2018, 2020; Freitas et al., 2021), demonstrando o potencial de seleção para estas características nessa espécie.

Levando em consideração o recente estudo de parâmetros genéticos para o pacu (Freitas et al., 2021) e os resultados positivos com relação a seleção para as características de crescimento, visa-se a possibilidade de se estabelecer uma correlação direta entre as características morfométricas e o rendimento corpóreo em pacu. Desde então nenhum estudo ainda foi realizado nesse âmbito para o pacu, contudo, estudos com demais espécies da aquicultura tem indicado a possibilidade de seleção para as características de rendimento, tais

como em tilápia do Nilo (0.33 ± 0.10 ; 0.25 ± 0.07) (*Oreochromis niloticus*), European seabass (0.26 ± 0.12) (*Dicentrarchus labrax*) e *Pangasianodon hypophthalmus* (Nguyen et al., 2009; 2010; Vandeputte et al., 2017).

Por se tratar de uma característica de difícil mensuração, já que exige o abate do animal, o rendimento normalmente não é uma característica utilizada em programas de seleção (Kause et al., 2007). Dessa forma, a utilização de correlações positivas entre medidas morfométricas não invasivas e o rendimento podem indicar uma solução para a inserção dessa característica nos programas de melhoramento.

A fenômica (fenotipagem em larga escala) é uma área nova que tem demonstrado potencial para uma melhor abordagem e compreensão dos fenômenos biológicos, principalmente por meio da automação para aquisição de medidas e variáveis de importância (Houle et al., 2010). A utilização da inteligência artificial e *deep learning* na aquicultura possibilitará a criação de uma piscicultura inteligente (Yang et al., 2021), principalmente, utilizando essa técnica para a predição de características de rendimento corpóreo. Tendo isso em vista um sistema de visão computacional foi desenvolvido com sucesso para pacu *Piaractus mesopotamicus* (Capítulo 2), possibilitando uma abordagem rápida e não invasiva para a obtenção de medidas morfométricas podendo também ser usado para predição do formato corpóreo (capítulo 2).

Portanto, o objetivo deste estudo foi estimar componentes de variância e herdabilidade para desempenho de rendimento corpóreo no pacu (*Piaractus mesopotamicus*), assim como as correlações genéticas/fenotípicas com medidas morfométricas, obtidas por meio de um sistema de visão computacional (CVS) estabelecido para o pacu por *deep learning*.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. *Comitê de ética*

Todos os procedimentos com os peixes deste projeto foram analisados e aprovados pelo Comitê de Ética em Uso Animal (CEUA nº 019006/17) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus Jaboticabal, SP, Brasil. Os peixes foram anestesiados durante os experimentos com benzocaína (40 mg / L) e todos os esforços foram feitos para garantir o bem-estar e minimizar o sofrimento animal.

2.2. *População experimental*

A população experimental deste estudo foi a mesma utilizada por Freitas et al. (2021) compreendendo um total de 420 animais (**env1**) pertencentes a 20 famílias de irmãos completos de pacu (*Piaractus mesopotamicus*) que foram mantidos durante um período mais longo de crescimento até atingirem o peso de abate (**hw**). Em resumo, os animais foram gerados durante a estação reprodutiva de dezembro de 2018. Cada família de irmãos completos foi mantida separadamente em hapas individuais até a marcação. Todos os peixes foram marcados quando o menor animal atingiu um mínimo de 5.0 g (aproximadamente 4 meses de idade). Informações detalhadas sobre o sistema de acasalamento e reprodução estão disponíveis em Freitas et al. (2021) (capítulo 1).

2.3. *Experimento de desempenho de crescimento e rendimento corpóreo*

Para avaliação do rendimento corpóreo, foram analisadas 20 famílias (para mais detalhes sobre a formação das famílias ver capítulo 1), com aproximadamente 21 indivíduos por família. Estes animais foram distribuídos aleatoriamente em três tanques, cada tanque compreendendo cerca de 140 animais (7 indivíduos x 20 famílias = 140). Estes animais foram mantidos neste ambiente até atingirem o peso de abate (cerca de 28 meses). Os valores médios

dos parâmetros da água medidos em env1 foram, respectivamente: temperatura ($28,30 \pm 1,36$ °C), pH ($6,60 \pm 0,29$) e oxigênio ($5,60 \pm 1,10$ mg/l).

Onze características de crescimento foram avaliadas (Figura 1), obtendo-se as seguintes medidas: peso aos 15 meses (**w₁**) (capítulo 2); peso de abate (**hw**), comprimento total (**tl**); comprimento da cabeça (**hl**); altura da cabeça (**hh**); altura total (**th**); altura posterior (**ph**), comprimento da pelve (**pl**); área da cabeça (**ha**); área do corpo (**ba**) e área do dorso (**da**). Tanto as medidas morfométricas quanto as áreas analisadas foram obtidas por meio da tecnologia *deep learning* desenvolvida no capítulo 2 (exceto para altura posterior e área do dorso), além disso, a fim de comparação e validação das áreas preditas as áreas também foram obtidas manualmente por meio do software *ImageJ*.

Após a biometria, cada peixe foi processado nas seguintes regiões corporais: cabeça, costela, lombo, filé, CY (costela + lombo + filé) (Figura 1) e carcaça (correspondendo ao esqueleto vertebral, nadadeiras e vísceras). As regiões corporais foram pesadas individualmente com balança analítica, gerando as seguintes variáveis: peso da cabeça (**pcab**), peso da costela (**pcost**), peso do lombo (**plomb**), peso do filé (**pfilé**) e peso de CY (**pCY**). A filetagem foi realizada por apenas uma pessoa. Os rendimentos foram calculados dividindo o peso das diferentes regiões corporais pelo peso corporal total rendimento de cabeça (**%pcab**), rendimento de costela (**%pcost**), rendimento de lombo (**%plomb**), rendimento do filé (**%pfile**), rendimento de CY (**%CY**).

Além do rendimento corpóreo outras características foram mensuradas, a fim de se determinar uma relação menos tendenciosa entre os resultados, visto que o rendimento é representado por uma proporção, podendo inclinar os resultados a ganhos não reais (Gunsett, 1987), já que os componentes das razões podem ser altamente correlacionados (ver Pearson, 1897 e Sutherland, 1965). Tendo isso em vista, o resíduo da regressão linear entre os pesos das partes corporais e o peso de abate transformados em log também foi utilizado nesse estudo

como uma alternativa ao rendimento de filé, assim como sugerido por Koch et al. (1963) e outros estudos prévios (Haffray et al., 2013; Haffray et al., 2012; Prchal et al., 2018; Vandeputte et al., 2017; Vandeputte et al., 2014). Dessa forma, obteve-se novas variáveis (resíduos) da regressão linear dos pesos das regiões corporais, peso de abate (**hw**) transformados em log (**rLog Cabeça**, **rLog Costela**, **rLog Lombo**, **rLog Filé**, **rLog CY**).

O fator de condição K também foi avaliado na intenção de se observar a correlação entre os morfotipos descritos no capítulo 1 e 2 (redondo ou elíptico) e os rendimentos das partes corporais. Por fim, o sexo dos animais do presente estudo foi identificado por inspeção visual das gônadas.

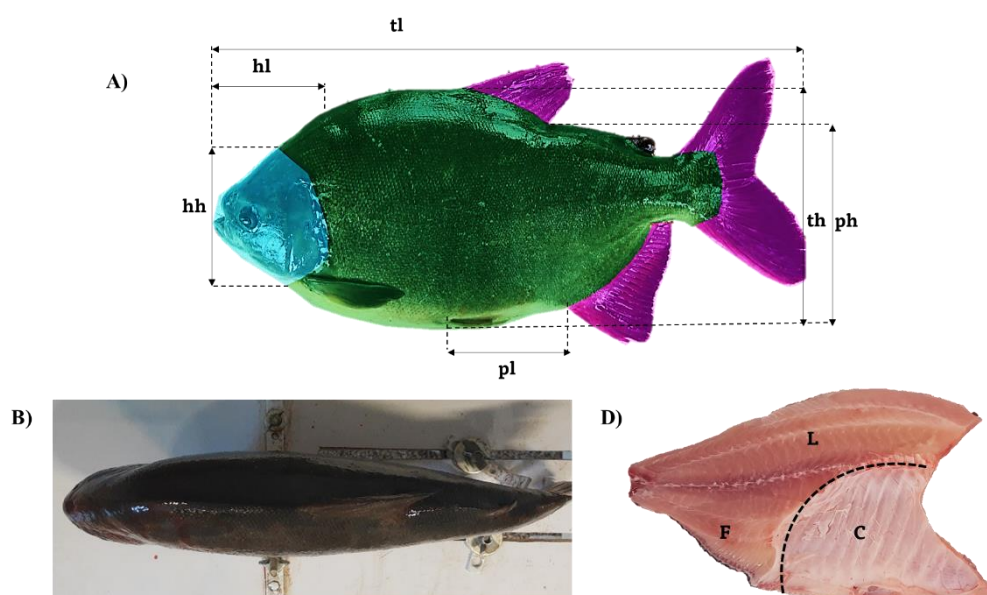


Figura 1. A) Características morfométricas mensuradas no pacu e suas áreas; área da cabeça (**ha**) em azul e área do corpo (**ba**) em verde; B) Área do dorso (**da**); C) Cortes realizados para rendimento corpóreo: **L**= lombo e **C** = costela e **F** = Filé.

2.4. Modelos estatísticos

Todas as características de crescimento foram analisadas por meio de um modelo animal univariado, conforme definido abaixo:

$$y_{ij} = \mu \pm t_i \pm s_g \pm a_j \pm e_{igj}$$

Onde, y_{ij} foi o fenótipo para o peixe j (peso, medidas morfométricas, variáveis de rendimento), no tanque i ; μ foi o efeito fixo da média geral; t_i foi o efeito fixo do tanque i , s_g foi o efeito fixo do sexo g e covariável peso inicial; a_j foi o efeito aleatório genético animal do indivíduo j ; e e_{igj} foi o resíduo aleatório para o peixe j .

O modelo foi ajustado no software BLUPF90 (Misztal et al., 2009). No modelo, o efeito aleatório genético animal foi assumido como sendo $\sim N(0, A\sigma_a^2)$, onde A é a matriz de parentesco genético aditiva baseada no pedigree entre todos os animais incluídos na população e σ_a^2 é a variância genética aditiva. Os resíduos foram assumidos como $\sim N(0, I\sigma_e^2)$, onde I é uma matriz de identidade e σ_e^2 é a variância residual. A herdabilidade foi calculada como:

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

Onde, σ_a^2 foi a variância genética aditiva e σ_e^2 a variância residual. As correlações genéticas $r_g(m,n)$ entre características de crescimento e rendimento foram calculadas a partir dos componentes de covariância estimados utilizando análises bivariadas independentes, por meio de ajustes no modelo animal conforme definido acima, conforme descrito por Falconer e Mackay, 1996

$$r_{g(m,n)} = \frac{Cov_{g(m,n)}}{\sqrt{Var_{g(m)} \times Var_{g(n)}}}$$

Onde, $Cov_{g(m,n)}$ foi a covariância genética entre as duas características, $Var_{g(m)}$ e $Var_{g(n)}$ foi a variância genética aditiva da característica m e característica n , respectivamente.

As correlações foram classificadas de acordo com Navarro et al. (2009), com os valores de 0-0.40 considerados baixos, 0.45 – 0.55 moderados e 0.60 - 1 altos.

A correlação fenotípica $r_{p(m,n)}$ foi calculada como:

$$r_{p(m,n)} = \frac{Cov_p(m,n)}{\sqrt{Var_p m \times Var_p n}}$$

Onde, $Cov_p(m,n)$ foi a covariância fenotípica entre as duas características, $Var_p m$ e $Var_p n$ foi a variância fenotípica da característica m e característica n , respectivamente.

3. RESULTADOS

3.1. Estatísticas descritivas

A média final para cada característica de crescimento e rendimento corpóreo estão apresentados na tabela 1. Para o peso de abate (**hw**), a média geral foi de 1,827.79 g (± 422.60). A maior média de **hw** foi apresentada pela família 1 (3,198.28), e a família de menor média para esta característica foi a família 12 (1,587.88), conforme observado na tabela 2. Os menores índices morfométricos foram apresentados pela família 11, enquanto os maiores índices pelas famílias 7 e 8.

Em relação ao rendimento corpóreo, as famílias 19 e 17 apresentaram a menor porcentagem para o peso da cabeça (12.0%), enquanto a família 18 apresentou a maior porcentagem (14.28%). Para porcentagem do peso da costela, o maior valor foi observado na família 3 (31.29%) e o menor valor observado na família 11 (20.48%); em relação a porcentagem do peso do lombo, a família 19 também se destaca com os menores índices (19.98%), enquanto as famílias 5 e 3 apresentam a maior proporção (25.23% e 26.05%,

respectivamente). De forma geral, foi possível observar que a família 19 foi a que apresentou os menores valores em relação as proporções corpóreas.

Tabela 1. Estatísticas descritivas para as características morfométricas (mm) e rendimento corpóreo (g) no pacu.

Variável	Média	¹ SD	² CV	Macho	Fêmea	³ Min	⁴ Max
hw	1827.79	422.60	0.23	1609.17	2116.82	974	3200
hl	78.65	5.86	0.07	78.49	78.79	56.12	97.36
hh	92.38	23.68	0.26	92.66	91.92	68.04	115.05
tl	397.08	22.13	0.06	398.42	395.62	305.87	477.80
sl	363.86	12.44	0.03	366.32	361.05	281.72	448.30
th	165.19	9.21	0.06	167.03	162.93	129.7	209.50
pl	86.88	9.31	0.11	87.86	85.51	63.2	118.97
ph	128.58	0.65	0.01	129.03	128.02	100.85	162.03
%pcab	13.24	1.36	0.10	13.20	13.26	9.72	19.25
%pcost	29.57	1.82	0.06	29.55	29.60	14.36	44.23
%pfilé	6.13	0.72	0.11	6.07	6.21	4.1	10.18
%plomb	24.03	1.94	0.08	23.90	24.22	11.75	39.61
%CY	62.59	15.16	0.24	67.24	56.58	38.13	90.77
pcab	235.16	108.37	0.46	234.63	235.72	129	375
pcost	534.52	20.83	0.04	534.28	571.99	256	1014
pfile	109.78	87.93	0.80	108.96	111.13	55	215
plomb	431.40	42.61	0.10	433.19	430.45	89	822
pCY	1057.41	1.99	0.00	1058.30	1097.20	405	1963
rLog hw	1.54394E-15	0.08	5.59594E+13	-0.040091596	0.053293304	-1.78	1.57
rLog pcab	-9.13081E-16	0.10	-1.14083E+14	0.003929513	-0.005535985	-2.33	0.24
rLog pcost	1.94514E-15	0.13	6.78798E+13	0.007218627	-0.00858691	-2.68	1.05
rLog pfilé	3.08096E-15	0.11	3.71033E+13	0.0036668	-0.004298099	-2	0.33
rLog plomb	-6.41923E-16	0.13	-2.08692E+14	0.007120041	-0.008133144	-2.59	0.33
rLog CY	-2.81118E-15	0.13	-4.85199E+13	0.00788933	-0.009436611	-2.98	0.79

¹Desvio padrão; ²Coefficiente de variação; ³Mínimo; ⁴Máximo.

Tabela 2. Média e desvio padrão por família para as características analisadas no pacu. O peso está em gramas (g) e as medidas morfométricas em milímetro (mm).

Família	hw	hl	hh	tl	sl	th	pl	ph	%pcab	%pcost	%pfilé	%plomb	%CY
1	3198.28	78.66	92.13	392.30	362.37	162.13	80.17	122.31	13.64	29.28	6.09	24.55	50.73
2	1973.68	78.36	92.23	394.51	369.00	165.53	81.62	121.31	13.55	29.85	6.26	24.32	49.34
3	1951.75	78.77	91.26	393.96	364.96	165.21	80.25	122.88	13.96	31.29	6.76	26.05	52.18
4	1680.81	78.33	91.78	389.54	358.92	162.10	79.87	122.21	12.83	27.80	5.66	22.21	52.66
5	2063.05	79.05	92.49	393.71	363.48	162.85	80.68	122.23	13.60	31.07	6.69	25.23	52.52
6	2076.48	78.63	92.31	396.77	362.80	164.94	87.45	129.15	12.91	30.35	6.29	24.64	56.06
7	1816.07	80.32	93.23	400.80	368.50	164.96	82.91	124.82	12.66	27.33	5.91	22.20	62.91
8	1608.00	80.39	93.20	400.48	368.03	164.77	82.92	124.83	13.76	29.78	6.04	24.52	62.18
9	2035.00	77.81	92.21	397.76	361.79	166.17	92.08	133.59	13.33	29.93	6.11	25.14	63.20
10	1689.47	79.75	92.99	395.51	363.12	163.08	82.08	123.65	12.68	28.73	5.84	23.63	55.51
11	1591.23	77.47	91.58	384.36	353.72	159.45	79.82	121.01	13.66	20.48	5.79	24.24	60.41
12	1587.88	77.96	92.11	399.48	363.68	167.26	92.42	134.30	13.88	29.32	6.36	23.73	61.61
13	1618.64	77.97	91.76	398.28	362.38	166.59	92.59	133.90	14.09	29.32	6.36	23.73	61.61
14	1596.85	77.98	92.08	399.56	363.74	167.25	92.24	134.23	13.61	30.30	6.17	24.17	50.93

15	1606.50	77.96	92.09	399.09	363.20	167.17	92.51	134.63	14.14	29.00	6.26	24.93	60.69
16	1705.08	78.07	92.04	399.89	364.19	167.42	92.66	134.55	14.14	30.26	6.35	23.55	58.90
17	1699.23	77.97	91.79	397.02	362.33	166.17	92.35	134.55	12.49	29.25	6.01	23.84	59.23
18	1603.11	78.00	91.83	397.58	362.14	166.47	91.96	133.74	14.28	29.79	6.58	23.01	60.17
19	1600.56	77.98	91.97	398.97	363.26	166.96	92.64	134.46	12.00	25.96	5.32	19.98	53.86
20	1647.38	78.95	92.44	398.85	364.43	165.93	88.54	221.59	13.47	29.86	6.78	22.74	58.67

Ao final do experimento de crescimento e rendimento corporal, foi possível observar discrepâncias em relação ao sexo dos animais analisados. No qual as fêmeas apresentaram uma maior média em relação aos machos.

3.2. *Análises dos parâmetros genéticos*

Os valores estimados para os resultados de herdabilidade e variância estão apresentados na tabela 3. De forma geral, as herdabilidades para as características de crescimento durante a fase de abate variaram de baixo a alto. Sendo as características relacionadas com o tamanho da cabeça as que apresentaram o menor valor de herdabilidade, sendo $h^2 = 0.09 \pm 0.07$ e 0.11 ± 0.07 para altura da cabeça (**hh**) e comprimento da cabeça (**hl**), respectivamente. A maior herdabilidade foi observada para a área do corpo (**ba**) ($h^2 = 0.41 \pm 0.15$).

Em relação aos valores observados para o peso das partes corpóreas, os valores variaram de moderado a altos, sendo o menor valor observado para o peso da costela (**pcost**) ($h^2 = 0.23 \pm 0.11$) e o maior valor para o peso da cabeça (**pcab**) ($h^2 = 0.39 \pm 0.14$). Para porcentagem de rendimento (% do peso das partes corpóreas), os valores foram baixos, sendo a porcentagem de CY (soma da costela, lombo e filé) a que apresentou o maior valor de herdabilidade (**%CY**) ($h^2 = 0.28 \pm 0.11$). Os valores de herdabilidade dos resíduos da regressão das partes corporais não foram significativos.

Tabela 3. Estimativas de herdabilidade, componentes de variância genética aditiva e variância residual para características de desempenho de crescimento utilizando modelo linear animal.

Traço	h^2 (SD)	σ_a^2 (SD)	σ_e^2 (SD)
hw	0.24 ± 0.11	391993 ± 20198	0.11 ± 15818
hl	0.11 ± 0.07	5.31 ± 3.88	39.94 ± 4.10
hh	0.09 ± 0.07	5.16 ± 3.88	47.77 ± 4.76
tl	0.15 ± 0.09	139.22 ± 91.90	765.34 ± 87.51
sl	0.23 ± 0.12	193.74 ± 105.94	629.27 ± 83.80
th	0.06 ± 0.06	19.50 ± 19.36	265.78 ± 26.04
pl	0.32 ± 0.13	36.33 ± 16.34	75.17 ± 11.47
ph	0.31 ± 0.12	36.83 ± 16.95	81.54 ± 12.12
ha	0.18 ± 0.10	0.50 ± 0.31	0.22 ± 0.27
ba	0.41 ± 0.15	0.27 ± 0.11	0.37 ± 0.73
da	0.24 ± 0.11	0.18 ± 0.93	0.57 ± 0.75
%pcab	0.12 ± 0.80	7.84 ± 5.05	53.29 ± 5.51
%pcost	0.26 ± 0.11	33.10 ± 15.66	91.04 ± 12.06
%pfilé	0.02 ± 0.04	1.60 ± 2.84	64.33 ± 5.68
%plomb	0.21 ± 0.10	21.47 ± 10.76	77.16 ± 9.20
%CY	0.28 ± 0.11	109.64 ± 50.21	278.53 ± 37.80
pcab	0.39 ± 0.14	659.34 ± 286.74	1016.40 ± 185.23
pcost	0.23 ± 0.11	4464.90 ± 2267.1	14285 ± 1828.5
pfile	0.34 ± 0.13	219.77 ± 101.26	425.79 ± 69.12
plomb	0.24 ± 0.11	3098.40 ± 1564	9346.10 ± 12.30.7
pCY	0.25 ± 0.11	17804 ± 8940.3	52816 ± 7002
r pcab	0.01 ± 0.04	0.00 ± 0.00	0.09 ± 0.00
r pcost	0.01 ± 0.04	0.00 ± 0.00	0.12 ± 0.01
r pfilé	0.04 ± 0.05	0.00 ± 0.00	0.06 ± 0.00
r plomb	0.02 ± 0.03	0.00 ± 0.00	0.11 ± 0.00
r CY	0.03 ± 0.03	0.00 ± 0.00	0.14 ± 0.01

3.3. *Estudo das correlações genéticas e fenotípicas*

As correlações genéticas e fenotípicas estão apresentadas na tabela 4. De forma geral, as correlações apresentaram valores altamente correlacionados, principalmente entre as características morfométricas e o peso das partes corpóreas = do abate. É possível observar que as medidas relacionadas ao comprimento da pelve (**pl**) e altura posterior (**ph**) estão fortemente correlacionadas com os pesos corpóreos, principalmente com o peso da costela (**pcost**), do lombo (**plomb**) e do filé (**pfilé**).

Tabela 4. Correlação genética $\pm$ desvio padrão (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) para características de crescimento e rendimento no pacu (*Piaractus mesopotamicus*).

	hl	hh	tl	th	pl	ph	k	hw	pcab	pcost	pfile	plomb	CY	W ₁
hl	1	0.97 $\pm$ 0.02	0.95 $\pm$ 0.03	0.90 $\pm$ 0.07	0.26 $\pm$ 0.55	0.42 $\pm$ 1.00	1.00 $\pm$ 0.00	0.20 $\pm$ 0.62	0.33 $\pm$ 0.49	0.99 $\pm$ 0.00	0.81 $\pm$ 0.00	0.62 $\pm$ 0.00	0.76 $\pm$ 0.00	0.25 $\pm$ 2.15
hh	1.00	1	0.97 $\pm$ 0.007	0.96 $\pm$ 0.03	0.54 $\pm$ 0.43	0.55 $\pm$ 0.43	1.00 $\pm$ 0.00	0.93 $\pm$ 0.26	0.32 $\pm$ 0.00	0.41 $\pm$ 2.40	0.21 $\pm$ 0.84	0.93 $\pm$ 0.00	0.34 $\pm$ 0.69	0.39 $\pm$ 3.15
tl	0.95	0.95	1	0.98 $\pm$ 0.01	0.68 $\pm$ 0.23	0.43 $\pm$ 0.11	0.46 $\pm$ 3.42	0.73 $\pm$ 0.24	0.70 $\pm$ 0.32	0.74 $\pm$ 0.27	0.73 $\pm$ 0.40	0.70 $\pm$ 0.50	0.75 $\pm$ 0.24	0.74 $\pm$ 0.62
th	0.99	0.99	0.97	1	0.79 $\pm$ 0.23	0.86 $\pm$ 0.14	0.57 $\pm$ 3.34	0.88 $\pm$ 0.09	0.79 $\pm$ 0.24	0.84 $\pm$ 0.22	0.82 $\pm$ 0.28	0.80 $\pm$ 0.30	0.84 $\pm$ 0.21	0.71 $\pm$ 2.18
pl	0.99	0.99	0.94	0.99	1	0.99 $\pm$ 0.00	0.95 $\pm$ 0.06	0.99 $\pm$ 0.00	0.99 $\pm$ 0.17	0.99 $\pm$ 0.00	0.98 $\pm$ 0.02	0.99 $\pm$ 0.01	0.99 $\pm$ 0.00	0.95 $\pm$ 0.11
ph	0.99	0.99	0.95	0.99	1.00	1	0.93 $\pm$ 0.08	1.00 $\pm$ 0.00	1.00 $\pm$ 0.00	1.00 $\pm$ 0.00	0.99 $\pm$ 0.26	0.99 $\pm$ 0.15	0.59 $\pm$ 0.17	0.97 $\pm$ 0.07
k	0.73	0.73	0.69	0.73	0.73	0.73	1	0.96 $\pm$ 0.03	0.94 $\pm$ 0.05	0.96 $\pm$ 0.03	0.91 $\pm$ 0.06	0.95 $\pm$ 0.04	0.95 $\pm$ 0.04	0.75 $\pm$ 0.44
hw	0.21	0.22	0.31	0.27	0.80	0.78	0.59	1	0.81 $\pm$ 0.00	0.99 $\pm$ 0.00	0.75 $\pm$ 2.76	0.99 $\pm$ 0.35	1.00 $\pm$ 0.00	0.96 $\pm$ 0.05
pcab	0.04	0.13	0.28	0.29	0.67	0.80	0.48	0.88	1	0.99 $\pm$ 0.26	0.99 $\pm$ 0.01	0.99 $\pm$ 0.35	0.96 $\pm$ 0.87	0.97 $\pm$ 0.05
pcost	-0.02	0.05	0.23	0.26	0.80	0.76	0.59	0.96	0.85	1	1.00 $\pm$ 0.00	1.00 $\pm$ 0.00	0.99 $\pm$ 0.00	0.97 $\pm$ 0.06
pfile	-0.07	-0.06	0.17	0.19	0.72	0.59	0.54	0.84	0.73	0.84	1	0.99 $\pm$ 0.00	0.99 $\pm$ 0.09	0.96 $\pm$ 0.07
plomb	0.04	0.07	0.18	0.21	0.76	0.68	0.58	0.91	0.80	0.89	0.82	1	0.99 $\pm$ 0.00	1.00 $\pm$ 0.01
CY	0.44	0.04	0.23	0.23	0.74	0.65	0.51	0.86	0.84	0.97	0.87	0.96	1	0.99 $\pm$ 0.05
W ₁	0.17	0.11	0.18	0.15	0.37	0.55	0.24	0.49	0.52	0.45	0.43	0.40	0.40	1

Além disso, foi observada elevada correlação genética entre o fator de condição K e os pesos das partes no abate, principalmente com relação ao peso da costela (**pcost** = 0.96 ± 0.03) e peso do lombo (**plomb** = 0.95 ± 0.04). Com relação os morfotipos, foi observado que os maiores valores de K estão associados a animais com maior peso (tanto de abate como das partes separadas), indicando que o morfotipo redondo pode estar associado a maiores valores de rendimento corpóreo.

Apesar da correlação entre as características morfométricas e as porcentagens de rendimento também tenham tido valores significativos, foi possível observar moderada correlação entre as características (tabela 5), destacando o fator de condição (K) no qual apresentou elevada correlação com % de lombo (**plomb** = 1.00 ± 0.00), % de filé (**pfilé** = 0.97 ± 0.00) e de CY (**CY** = 0.93 ± 0.00). As correlações genéticas entre a porcentagem das partes corporais e o log residual foram altas (tabela 6), contudo com elevado desvio padrão.

Tabela 5. Correlações genéticas e desvio padrão entre características morfométricas e características de rendimento expressa em porcentagem.

	%pcab	%pcost	%pfilé	%plomb	%CY
hw	0.61 ± 0.72	0.36 ± 1.82	0.30 ± 0.58	0.29 ± 0.54	0.27 ± 0.00
hl	0.25 ± 0.98	0.52 ± 0.26	0.01 ± 0.00	0.92 ± 0.20	-0.93 ± 1.26
hh	0.22 ± 0.00	0.39 ± 1.67	0.39 ± 0.31	0.33 ± 0.35	0.36 ± 1.90
tl	0.75 ± 0.00	0.64 ± 0.00	0.32 ± 0.54	0.38 ± 0.36	0.32 ± 1.63
sl	0.30 ± 0.00	0.38 ± 1.59	0.29 ± 0.00	0.23 ± 0.33	0.35 ± 1.53
th	0.98 ± 0.00	0.38 ± 2.92	0.30 ± 0.55	0.24 ± 0.00	0.24 ± 0.55
pl	0.12 ± 0.00	0.39 ± 1.55	0.31 ± 0.51	0.46 ± 0.31	0.24 ± 0.66
ph	0.55 ± 0.00	0.34 ± 2.13	0.28 ± 0.47	0.31 ± 0.60	0.29 ± 0.99
k	0.99 ± 0.89	0.29 ± 1.31	0.97 ± 0.00	1.00 ± 0.00	0.93 ± 0.00
ha	0.13 ± 0.00	1.00 ± 0.00	0.23 ± 0.13	0.30 ± 0.14	0.21 ± 0.00
ba	0.42 ± 1.48	0.39 ± 1.75	0.26 ± 0.42	0.31 ± 0.31	0.20 ± 0.64
da	0.99 ± 0.89	0.99 ± 0.89	0.99 ± 1.15	1.00 ± 0.00	1.00 ± 0.00

Tabela 6. Correlações genéticas e desvio padrão entre características de rendimento expressa como porcentagem e log-residual.

Característica	Correlação genética	SD
r pcab ~ % cab	0.98	0.95
r pcost ~ % cost	0.74	1.95
r pfilé ~ % filé	0.99	1.21
r plomb ~ % lomb	0.99	1
r CY ~ % CY	0.99	1.9

Moderada correlação foi observada entre as áreas e o peso das partes corporais no abate, destacando a alta correlação entre a área do corpo (**ba**), o peso da costela (**pcost**) (0.98 ± 0.00) Além disso, baixas correlações foram observadas entre a área da cabeça (**ha**) e os pesos corporais, principalmente com relação ao peso do lombo na qual a correlação é negativa. Com relação a área do dorso (**da**) elevadas correlações foram observadas (tabela 7).

Tabela 7. Correlações genéticas e desvio padrão entre a área da cabeça (**ha**), do corpo (**ba**) e área do dorso (**da**) em relação ao peso das partes corporais no momento do abate.

	Correlação genética		
	ha	ba	da
pcab	0.16 ± 0.46	0.30 ± 0.00	0.99 ± 1.17
pcost	0.23 ± 0.55	0.98 ± 0.00	0.99 ± 0.71
pfile	0.26 ± 0.43	0.67 ± 0.00	0.99 ± 0.77
plomb	-0.75 ± 0.29	0.29 ± 0.00	0.99 ± 0.50
CY	0.23 ± 0.47	0.21 ± 0.00	0.96 ± 2.23

4. DISCUSSÃO

4.1. Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade variaram de forma moderada a alta para as principais características de interesse, tanto com relação a morfometria ($h^2 = 0.18 - 0.41$) quanto ao peso das partes corporais no momento de abate ($h^2 = 0.25 - 0.39$). Além do mais, baixa herdabilidade foi observada para a altura (**hh**) e comprimento (**hl**) de cabeça ($h^2 = 0.09 \pm 0.07$ 0.11 ± 0.07), característica essa indesejável durante o processo de seleção.

Altos valores de herdabilidade para características morfométricas e de crescimento já haviam sido reportadas para o pacu ($h^2 = 0,27-0,74$) (capítulo 1) e para demais espécies da aquicultura, como o tambaqui ($h^2 = 0,22-0,49$) (Mello et al., 2016), tilápia do Nilo ($h^2 = 0,19-0,55$) (Gjerde et al., 2012; Trong et al., 2013) e seabass ($h^2 = 0,29-0,61$) (Dupont-Nivet et al., 2010). Baixo valor para características de cabeça, principalmente comprimento também foram reportados para o tambaqui ($h^2 = 0,11 \pm 0,01$) (Perazza et al., 2019), similarmente ao observado para o pacu durante o nosso período de estudo.

Os resultados reportados para as características morfométricas e peso das partes corporais no abate indicam que os animais poderão ser selecionados durante o processo de melhoramento genético, visto que, parte da variação observada é de componente genético.

Com relação a porcentagem de rendimento, valores baixos foram observados, principalmente se comparados com as demais características apresentadas neste estudo. Dessa forma, os dados sugerem que a porcentagem de rendimento em relação as características morfométricas ou peso durante o período de abate apresenta uma menor composição genética. Logo, para uma melhor condução dos programas de melhoramento a opção da escolha da porcentagem de rendimento pode não ser bem aproveitada.

Embora o rendimento tenha sido altamente utilizado como métrica nos programas de seleção, estudos atuais indicam que por se tratar de uma proporção as respostas à seleção inclinam-se a serem tendenciosas (Gunsett, 1987). Tendo isso em vista, diversos autores têm optado pela utilização do resíduo da regressão (rLog) do peso do filé sobre o peso corporal como alternativa ao rendimento do filé (Haffray et al., 2013; Haffray et al., 2012; Prchal et al., 2018; Vandeputte et al., 2017; Vandeputte et al., 2014). Herdabilidades não significativas foram observadas para o Log residual nesse estudo, assim como também observado para o tambaqui (Ariede, 2022).

No geral, as estimativas de herdabilidade para as características de crescimento (morfometria e peso das partes durante o abate) se encontram sob moderada-alta influência genética, indicando a possibilidade de seleção para estas características. Contudo, destaca-se que o rendimento e o log residual não são características viáveis durante o processo de seleção, visto que baixa influência genética foi observada nessas características.

4.2. *Estudo das correlações genéticas e fenotípicas*

Em relação a correlação genética, foi possível observar correlações positivas e altas para o peso de abate (**hw**) (aos 28 meses), peso aos 15 meses (**w₁**) e as demais características de crescimento (morfometria e peso das partes corporais no abate). Diante disso, os ganhos genéticos observados para o peso podem ser indiretamente utilizados para as demais características de interesse, além do mais, a alta correlação genética observada no peso aos 15 meses (**w₁**) e as demais características de crescimento sugerem que a seleção pode ocorrer antes do abate, visto que estão altamente correlacionadas.

Por se tratar de uma característica que exige o abate animal para posterior mensuração, a seleção de animais com rendimento superior geralmente é realizada de forma indireta, seja por meio de características correlacionadas ou por meio da seleção de irmãos que podem apresentar as mesmas características de forma hereditária (Haffray et al., 2013). Diante disso, a correlação positiva entre as características de crescimento (principalmente as características morfométricas), o peso das partes no período de abate e o rendimento são de valia nos programas de seleção, tendo em vista a possibilidade da seleção de animais com maior rendimento por meio da correlação com medidas não invasivas. Levando isso em consideração, as altas correlações observadas entre a morfometria, o rendimento e peso das partes corporais neste trabalho, indicam a possibilidade de seleção de animais de maior rendimento ou peso por meio de medidas indiretas, tais como comprimento da pelve (**pl**) e altura posterior (**ph**),

altamente correlacionadas com o peso da costela (**pcost**), lombo (**plomb**) e filé (**pfile**). Além disso, a alta correlação genética entre a área do corpo (**ba**) e as demais características também indicam a possibilidade de seleção de forma indireta e não invasiva, principalmente para peso de costela (**pcost**).

Adicionalmente, as altas correlações observadas entre o fator de condição K e os pesos corporais na fase de abate indicam a possibilidade da seleção de um morfotipo específico (redondo ou elíptico) no processo de seleção, principalmente, ao observarmos que animais com maior fator de condição (redondos) tendem a ter um maior rendimento em relação a animais elípticos. Este fator é corroborado ao observado no segundo capítulo, indicando que os animais mais redondos obtiveram um crescimento em espessura e não em comprimento durante a fase de crescimento.

Como observado anteriormente a utilização de técnicas não invasivas e mensuração indireta são importantes para a possibilidade de predição de animais com maior rendimento corpóreo, por meio de respostas altamente correlacionadas. Logo, a validação desse método permite uma fenotipagem em larga escala, sem a necessidade de sacrifício animal, otimizando o sistema de medidas em campo e realizando a predição de rendimento de forma não invasiva.

5. CONCLUSÃO

De forma geral, nosso trabalho demonstrou a eficiência e validação de um método automatizado para a fenotipagem em larga escala para o pacu. Identificando um melhor perfil para seleção por meio da predição de rendimento de forma não invasiva. Desta forma, possibilitando a inserção desta nova característica nos programas de melhoramento genético para esta espécie.

6. REFERÊNCIAS

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>.

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

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>.

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.

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.

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

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

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/10.5433/1679-0359.2016v37n4Supl1p2521>.

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. FisheriesSciences* 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.

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

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>

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

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,

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, 119-127.113.

Valladão, G. M. R., Gallani, S. U., & Pilarski, F. (2018). South American fish for continental aquaculture. *Reviews in Aquaculture*, 10(2), 351-369.

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

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.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados apresentados indicam a possibilidade da realização de programas de melhoramento genético para crescimento e características morfométricas no pacu. Além disso, a identificação de diferentes morfotipos, possibilita a seleção para esta característica, seguindo o mercado consumidor e valorizando o produto de melhor venda para o piscicultor. A utilização da metodologia de visão computacional (CVS) se mostrou eficiente para a predição de características morfométricas, bem como, para a identificação de morfotipos em pacu. Além disso, a aplicação dessa metodologia para correlações com o rendimento corpóreo indicou a possibilidade do uso dessa nova tecnologia na predição de animais com maior rendimento de forma não invasiva.

6. BIBLIOGRAFIA

Akvaforsk, Å. (2005). Selection and breeding programs in aquaculture (Vol. 2005, p. 360). T. Gjedrem (Ed.). New York: Springer.

Allaman, I. B., Reis Neto, R. V., Freitas, R. T. F. D., Freato, T. A., Lago, A. D. A., Costa, A. C., & Lima, R. R. D. (2013). Weight and morphometric growth of different strains of tilapia (*Oreochromis* sp). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42, 305-311.

Ankorion, Y., Moav, R., & Wohlfarth, G. W. (1992). Bidirectional mass selection for body shape in common carp. *Genetics Selection Evolution*, 24(1), 43-52.

Ariede, R. B., Freitas, M. V., Agudelo, J. F., Borges, C. H., Lira, L. V., Yoshida, G. M., ... & Hashimoto, D. T. (2020). Genetic (co) variation between resistance to *Aeromonas hydrophila* and growth in tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Aquaculture*, 523, 735225.

Bacher, K. (2015). Perceptions and misconceptions of aquaculture: a global overview. GLOBEFISH Research Programme, 120, I.

Bentsen, H. B., Gjerde, B., Nguyen, N. H., Rye, M., Ponzoni, R. W., de Vera, M. S. P., ... & Eknath, A. E. (2012). Genetic improvement of farmed tilapias: Genetic parameters for body weight at harvest in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) during five generations of testing in multiple environments. *Aquaculture*, 338, 56-65.

Brander, K. M. (2007). Global fish production and climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(50), 19709-19714.

Charo-Karisa, H., Komen, H., Rezk, M. A., Ponzoni, R. W., van Arendonk, J. A., & Bovenhuis, H. (2006). Heritability estimates and response to selection for growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in low-input earthen ponds. *Aquaculture*, 261(2), 479-486.

Colihueque, N., & Araneda, C. (2014). Appearance traits in fish farming: progress from classical genetics to genomics, providing insight into current and potential genetic improvement. *Frontiers in Genetics*, 5, 251.

De Mello, F., Oliveira, C. A., Streit Jr, D., de Resende, E. K., de Oliveira, S. N., Fornari, D. C., ... & Ribeiro, R. P. (2016). Estimation of genetic parameters for body weight and morphometric traits to tambaqui *Colossoma macropomum*. *Journal of Fisheries Sciences. com*, 10(2), 96.

De Resende, E. K., & Pantanal, E. (2003). Paraguay-Paraná Basin Excluding the Upper Paraná Basin. *Migratory fishes of South America: biology, fisheries and conservation status*, 99.

Dumas, A., France, J., & Bureau, D. (2010). Modelling growth and body composition in fish nutrition: where have we been and where are we going?. *Aquaculture Research*, 41(2), 161-181.

- Edwards, P., Lin, C. K., & Yakupitiyage, A. (2000). Semi-intensive pond aquaculture. In *Tilapias: Biology and exploitation* (pp. 377-403). Springer, Dordrecht.
- Eikje, L. S., Ådnøy, T., & Klemetsdal, G. (2008). The Norwegian sheep breeding scheme: description, genetic and phenotypic change. *Animal*, 2(2), 167-176.
- El-Sayed, A. F. (2006). *Tilapia Culture* CABI Publications. Wallingford, UK. 257pp.
- Fernandes, A. F. A., de Almeida Silva, M., de Alvarenga, E. R., de Alencar Teixeira, E., da Silva Junior, A. F., de Oliveira Alves, G. F., ... & Turra, E. M. (2015). Morphometric traits as selection criteria for carcass yield and body weight in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) at five ages. *Aquaculture*, 446, 303-309.
- Gjerde, B. A., & Schaeffer, L. R. (1989). Body traits in rainbow trout: II. Estimates of heritabilities and of phenotypic and genetic correlations. *Aquaculture*, 80(1-2), 25-44.
- Gjerde, B., Pante, M. J. R., & Baeverfjord, G. (2005). Genetic variation for a vertebral deformity in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture*, 244(1-4), 77-87.
- Godinho, H. P. (2007). Estratégias reprodutivas de peixes aplicadas à aqüicultura: bases para o desenvolvimento de tecnologias de produção. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, 31(3), 351-360.
- Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). *Deep learning*. MIT press.
- Hao, M., Yu, H., & Li, D. (2015, September). The measurement of fish size by machine vision-a review. In *International Conference on Computer and Computing Technologies in Agriculture* (pp. 15-32). Springer, Cham.
- Henryon, M., Jokumsen, A., Berg, P., Lund, I., Pedersen, P. B., Olesen, N. J., & Slierendrecht, W. J. (2002). Genetic variation for growth rate, feed conversion efficiency, and disease resistance exists within a farmed population of rainbow trout. *Aquaculture*, 209(1-4), 59-76.

Honglang H (2007) Freshwater fish seed resources in China. In: Assessment of freshwater fish seed resources for sustainable aquaculture (ed. Bondad-Reantaso MG). FAO Fisheries Technical Paper, No. 501, Rome.

Jobling, M. (2003). The thermal growth coefficient (TGC) model of fish growth: a cautionary note. *Aquaculture research*, 34(7), 581-584.

Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Mäntysaari, E., & Eskelinen, U. (2003). Selection against early maturity in large rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: the quantitative genetics of sexual dimorphism and genotype-by-environment interactions. *Aquaculture*, 228(1-4), 53-68.

Khaw, H. L., Bovenhuis, H., Ponzoni, R. W., Rezk, M. A., Charo-Karisa, H., & Komen, H. (2009). Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments. *Aquaculture*, 294(1-2), 37-42.

Khaw, H. L., Ponzoni, R. W., Hamzah, A., Abu-Bakar, K. R., & Bijma, P. (2012). Genotype by production environment interaction in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 326, 53-60.

Lawrence, T. L. J., & Fowler, V. R. (1997). *Growth of farm animals*. CAB International.

Lira, L. V., Ariede, R. B., Freitas, M. V., Mastrochirico-Filho, V. A., Agudelo, J. F., Barría, A., ... & Hashimoto, D. T. (2020). Quantitative genetic variation for resistance to the parasite *Ichthyophthirius multifiliis* in the Neotropical fish tambaqui (*Colossoma macropomum*). *Aquaculture Reports*, 17, 100338.

Martinez, V., Kause, A., Mäntysaari, E., & Mäki-Tanila, A. (2006). The use of alternative breeding schemes to enhance genetic improvement in rainbow trout: II. Two-stage selection. *Aquaculture*, 254(1-4), 195-202.

Mastrochirico-Filho, V. A., Ariede, R. B., Freitas, M. V., Lira, L. V., Agudelo, J. F., Pilarski, F., ... & Hashimoto, D. T. (2019). Genetic parameters for resistance to *Aeromonas hydrophila* in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, 513, 734442.

MPA (2014). Ministério da Pesca e Aquicultura. Potencial Brasileiro. Disponível em: < <http://www.mpa.gov.br/aquicultura/potencial-brasileiro>>. Acesso em: Jun. 2015.

Mulder, H. A., & Bijma, P. (2005). Effects of genotype×environment interaction on genetic gain in breeding programs. *Journal of animal science*, 83(1), 49-61.

Nava, A. F. (2007). 6.3 Aquaculture seed resources in Latin America: a regional synthesis. *Assessment of Freshwater Fish Seed Resources for Sustainable Aquaculture*, (501), 91. Gjedrem, T., Robinson, N., & Rye, M. (2012). The importance of selective breeding in aquaculture to meet future demands for animal protein: a review. *Aquaculture*, 350, 117-129.

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(3-4), 225-230.

Nguyen, N. H. (2016). Genetic improvement for important farmed aquaculture species with a reference to carp, tilapia and prawns in Asia: achievements, lessons and challenges. *Fish and Fisheries*, 17(2), 483-506.

Parker, R. (2011). *Aquaculture science*. Cengage learning.

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*, 50(10), 2907-2916.

Ponzoni, R. W., Nguyen, N. H., Khaw, H. L., & Ninh, N. H. (2008). Accounting for genotype by environment interaction in economic appraisal of genetic improvement programs in common carp *Cyprinus carpio*. *Aquaculture*, 285(1-4), 47-55.

Ponzoni, R. W., Nguyen, N. H., Khaw, H. L., & Ninh, N. H. (2008). Accounting for genotype by environment interaction in economic appraisal of genetic improvement programs in common carp *Cyprinus carpio*. *Aquaculture*, 285(1-4), 47-55.

Puttaraksar, N., & Center, W. (2004). GIFT technology manual: an aid to tilapia selective breeding (Vol. 1715). WorldFish.

Reist, J. D. (1985). An empirical evaluation of several univariate methods that adjust for size variation in morphometric data. *Canadian Journal of Zoology*, 63(6), 1429-1439.

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

Saberioon, M., Gholizadeh, A., Cisar, P., Pautsina, A., & Urban, J. (2017). Application of machine vision systems in aquaculture with emphasis on fish: state-of-the-art and key issues. *Reviews in Aquaculture*, 9(4), 369-387.

Sae-Lim, P., Gjerde, B., Nielsen, H. M., Mulder, H., & Kause, A. (2016). A review of genotype-by-environment interaction and micro-environmental sensitivity in aquaculture species. *Reviews in Aquaculture*, 8(4), 369-393.

Sae-Lim, P., Kause, A., Mulder, H. A., Martin, K. E., Barfoot, A. J., Parsons, J. E., ... & Komen, H. (2013). Genotype-by-environment interaction of growth traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*): a continental scale study. *Journal of Animal Science*, 91(12), 5572-5581.

Tave, D. (1995). Selective breeding programmes for medium-sized fish farms. FAO Fisheries Technical Paper, (352).

The state of world fisheries and aquaculture, 2010 (SOFIA). Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO Fisheries and Aquaculture Department, Roma.

The state of world fisheries and aquaculture, 2016 (SOFIA). Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO Fisheries and Aquaculture Department, Roma.

The state of world fisheries and aquaculture, 2020 (SOFIA). Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO Fisheries and Aquaculture Department, Roma.

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.

Turra, E. M., Fernandes, A. F. A., De Alvarenga, E. R., Teixeira, E. A., Alves, G. F. O., Manduca, L. G., ... & Silva, M. A. (2018). Longitudinal analyses of correlated response efficiencies of fillet traits in Nile tilapia. *animal*, 12(3), 445-453.

Valladão, G. M. R., Gallani, S. U., & Pilarski, F. (2018). South American fish for continental aquaculture. *Reviews in Aquaculture*, 10(2), 351-369.

Visscher, P. M., Hill, W. G., & Wray, N. R. (2008). Heritability in the genomics era—concepts and misconceptions. *Nature reviews genetics*, 9(4), 255-266.

Walker, J. A. (1997). Ecological morphology of lacustrine threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus* L. (*Gasterosteidae*) body shape. *Biological Journal of the Linnean Society*, 61(1), 3-50.

Webb, P. W. (1984). Body form, locomotion and foraging in aquatic vertebrates. *American zoologist*, 24(1), 107-120.