

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**  
**FACULDADE DE CIENCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS**  
**CAMPUS JABOTICABAL**

**ESTUDOS GENÉTICOS E DE INTERPRETAÇÃO DE  
IMAGEM DE CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS  
EM PEIXES TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*)**

**Kétuly da Silva Ataides**

**Zootecnista**

**2022**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**  
**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS**  
**CAMPUS JABOTICABAL**

**ESTUDOS GENÉTICOS E DE INTERPRETAÇÃO DE  
IMAGEM DE CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS  
EM PEIXES TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*)**

**Kétuly da Silva Ataides**

**Orientador: Dr. Roberto Carneiro**

**Coorientadora: Dr. Luciana Shiotsuki**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

A862e      Ataides, Kétuly da Silva  
Estudos Genéticos e de Interpretação de Imagem de Características  
morfométricas em Peixe Tambaqui (*Colossoma macropomum*) /  
Kétuly da Silva Ataides. -- Jaboticabal, 2022  
60 p.  
  
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp),  
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal  
Orientador: Roberto Carneiro  
Coorientadora: Luciana Shiotsuki  
  
1. Melhoramento Genético. 2. Peixes tropicais. 3. Testes de  
interpretação de imagens. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de  
Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

## CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ESTUDOS GENÉTICOS E DE INTERPRETAÇÃO DE IMAGEM DE  
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS EM PEIXES TAMBAQUI  
(*Colossoma macropomum*)

AUTORA: KÉTULY DA SILVA ATAIDES

ORIENTADOR: ROBERTO CARVALHEIRO

COORIENTADORA: LUCIANA SHIOTSUKI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em GENÉTICA E  
MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

  
Pesquisador Dr. ROBERTO CARVALHEIRO (Participação Virtual)  
Departamento de Zootecnia / FCAV UNESP Jaboticabal

  
Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI (Participação Virtual)  
Departamento de Engenharia e Ciências Exatas (DECEX) / FCAV / UNESP - Jaboticabal

  
Prof. Dr. RICARDO VIEIRA VENTURA (Participação Virtual)  
Departamento de Nutrição e Produção Animal/FMVZ-USP / Pirassununga/SP

Jaboticabal, 10 de março de 2022

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**Kétuly da Silva Ataides** – Nasceu em 14 de setembro de 1996, em Brasília – DF. cursou o ensino médio integrado ao curso técnico em informática no Instituto Federal de Ciências e Tecnologias da Bahia – IFBA campus Barreiras, com conclusão em 2014/1. Iniciou a graduação em Zootecnia no Centro Universitário Católica do Tocantins no ano de 2014/1 como bolsista ProUni, obtendo o título de Bacharel em Zootecnia em fevereiro de 2020. No ano de 2020/1 deu início ao curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), campus de Jaboticabal – SP, sob orientação do Dr. Roberto Carneiro e coorientação da Pesquisadora Dra. Luciana Shiotsuki. Durante o mestrado, foi bolsista CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior).

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço à Deus, que me cuida, me guia e me guarda. À minha família, Silvania, Elias e Elias Saile, por carregarem cada tijolinho comigo, sempre adicionando amor, cuidado e incentivo na caminhada.

Ao meu companheiro, Allan Emilio, obrigada por também ser minha família e por escrever a nossa história tão bem, tornando cada dificuldade mais leve e os momentos bons mais memoráveis.

Agradeço ao meu orientador, Dr. Roberto Carvalheiro, por me possibilitar viver o mestrado e construir esse trabalho, por toda atenção, ensinamentos e exemplo de profissionalismo e humanidade. À minha equipe de trabalho no mestrado, que mesmo em um contexto pandêmico, me ajudou muito a trilhar tudo que foi necessário. Em especial, ao Delvan, que compartilha ensinamentos comigo desde a escrita do projeto.

À Dra. Luciana Shiotsuki, por me incentivar a seguir para o mestrado, me apoiar para que ele se concretizasse e por ceder, junto à EMBRAPA Pesca e Aquicultura, o banco de dados que permitiu que esse estudo acontecesse.

Aos professores doutores Diogo Hashimoto e Danísio Munari por compartilharem conhecimento para execução e aprimoramento do presente estudo e ao Dr. Ricardo Ventura por além de compartilhar conhecimento, fazer a ponte entre nossa equipe e seu aluno Diógenes Lodi, ao qual também agradeço.

À UNESP/FCAV Campus Jaboticabal, e ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal pela oportunidade de crescimento acadêmico e científico que me proporcionaram.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Por fim, aos meus amigos, que são peças fundamentais para que eu chegasse à conclusão do mestrado da melhor forma possível e que direta ou indiretamente contribuíram para a elaboração deste trabalho. Em especial ao Muriel, que faz parte da minha história acadêmica desde o ensino médio e nunca soltou minha mão.

## SUMÁRIO

|                                                                                                                                                 |           |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| RESUMO - .....                                                                                                                                  | iii       |
| ABSTRACT - .....                                                                                                                                | v         |
| <b>1. CONSIDERAÇÕES GERAIS .....</b>                                                                                                            | <b>1</b>  |
| 1.1 Produção Aquícola internacional e nacional .....                                                                                            | 1         |
| 1.2 Melhoramento genético na piscicultura .....                                                                                                 | 1         |
| 1.3 Tambaqui e melhoramento genético .....                                                                                                      | 3         |
| 1.4 Modelo Animal com efeito de ambiente comum .....                                                                                            | 5         |
| 1.5 Estudo morfométrico em peixes.....                                                                                                          | 7         |
| 1.6 Análises de componentes principais – PCA .....                                                                                              | 11        |
| <b>OBJETIVOS GERAIS .....</b>                                                                                                                   | <b>12</b> |
| <b>OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....</b>                                                                                                              | <b>12</b> |
| <b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>                                                                                                         | <b>13</b> |
| <b>CAPÍTULO I .....</b>                                                                                                                         | <b>19</b> |
| <b>Identificação de morfotipos e estimação de parâmetros genéticos de medidas morfométricas de tambaqui (<i>Colossoma macropomum</i>) .....</b> | <b>19</b> |
| Resumo.....                                                                                                                                     | 19        |
| Abstract.....                                                                                                                                   | 20        |
| <b>1. INTRODUÇÃO .....</b>                                                                                                                      | <b>21</b> |
| <b>2. MATERIAIS E MÉTODOS.....</b>                                                                                                              | <b>22</b> |
| 2.1. Descrição do banco de dados e controle de qualidade .....                                                                                  | 23        |
| 2.2 Estimativa da herdabilidade, dos componentes de variância e do efeito de ambiente comum.....                                                | 26        |
| 2.3 Análises de componentes principais - PCA .....                                                                                              | 27        |
| <b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>                                                                                                          | <b>28</b> |
| 3.1 Estimativa da herdabilidade, dos componentes de variância e do efeito de ambiente comum.....                                                | 28        |
| 3.2 Análises de componentes principais - PCA .....                                                                                              | 35        |
| <b>4. CONCLUSÃO .....</b>                                                                                                                       | <b>37</b> |
| <b>REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA .....</b>                                                                                                           | <b>38</b> |
| <b>CAPÍTULO 2 .....</b>                                                                                                                         | <b>41</b> |
| <b>Técnicas computacionais de análise de imagem para obtenção de medidas morfométricas em tambaqui (<i>Colossoma macropomum</i>). .....</b>     | <b>41</b> |
| Resumo.....                                                                                                                                     | 41        |
| Abstract.....                                                                                                                                   | 42        |
| <b>1. INTRODUÇÃO.....</b>                                                                                                                       | <b>43</b> |

|                                                                 |           |
|-----------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>2. MATERIAIS E MÉTODOS.....</b>                              | <b>45</b> |
| 2.1 Registro fotográfico .....                                  | 45        |
| 2.2 Obtenção das medidas.....                                   | 46        |
| 2.2.1 Morfometria Geométrica .....                              | 46        |
| 2.2.2 Segmentação Manual.....                                   | 48        |
| 2.3 Estatística e critérios de avaliação das metodologias ..... | 51        |
| <b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>                           | <b>52</b> |
| 3.1 Avaliação das etapas metodológicas e valores obtidos .....  | 52        |
| 3.2 Recomendações para obtenção das fotos.....                  | 56        |
| <b>4. CONCLUSÃO .....</b>                                       | <b>57</b> |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....                                 | 58        |

**ESTUDOS GENÉTICOS E DE INTERPRETAÇÃO DE IMAGEM DE  
CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS EM PEIXES TAMBAQUI**  
(*Colossoma macropomum*)

**RESUMO** - Para suprir a carência por programas de melhoramento genético para peixes nativos, faz-se necessário, entre outros, estudos que evidenciam as possibilidades de seleção das diferentes características morfológicas de interesse comercial e que auxiliem na elaboração de ferramentas que permitam uma melhor exploração de tais características. Com isso, no presente trabalho, objetivou-se: estudar a herdabilidade ( $h^2$ ) e o efeito de ambiente comum ( $c^2$ ) de características morfológicas de tambaqui; avaliar os morfotipos presentes na população; comparar as metodologias de morfometria geométrica (MG) e segmentação manual (SM) para obtenção de medidas corporais do tambaqui; identificar os critérios que devem ser seguidos para melhor obtenção das imagens a serem trabalhadas em tais metodologias e avaliar as imagens segmentadas, visando a composição de um banco de imagens para estudos morfológicos futuros e automatizados. Para o primeiro objetivo, foram considerados registros fotográficos e dados de criação e peso dos animais que compõem o banco de dados da população base do programa de melhoramento genético da Embrapa Pesca e Aquicultura. O banco completo continha 19 famílias de irmãos completos, sendo 3.964 animais na identificação e com média de cinco meses de idade, 3.569 animais na biometria 1, com média de seis meses de idade e 3.273 animais com média de doze meses de idade (biometria 2). Para os demais objetivos, apenas os dados referentes à biometria 2 foram considerados. Para estimar os componentes de variância,  $h^2$  e  $c^2$  foram realizadas análises uni-características, por Máxima Verossimilhança Restrita, utilizando o modelo animal. O teste de adequacidade dos modelos foi seguindo os critérios de Akaike – AIC e as estimações de interesse foram obtidas com a utilização do software AIREMLF90. A identificação dos morfotipos da população na biometria 2, ocorreu através da análise de componentes principais. Para aplicação da MG foram utilizados softwares para fixação de *landmarks*, e por fim, o Excel. Já para a SM, além do uso de softwares que permitiram a segmentação foi necessário a elaboração de um algoritmo em Python. Para ambas as metodologias, foram considerados 400 animais com média de 12 meses de idade. Na biometria 1, ao considerar o  $c^2$ , as estimativas de  $h^2$  tenderam à zero e em modelos sem o  $c^2$  as  $h^2$  estimadas ficaram próximas à 1, evidenciando confundimento entre o efeito de ambiente comum e genético aditivo. Na biometria 2, as estimativas de  $h^2$  apresentaram baixa a moderada magnitude. Foram identificados diferentes morfotipos, sendo que o único componente principal significativo (critério de KAISER) contrastava animais grandes e pesados de animais pequenos e leves. Avaliando-se as metodologias para obtenção de medidas, tem-se que ambas retornam resultados condizentes com a literatura, sendo que a SM é mais precisa devido a todos os pixels estarem associados à uma classe. A SM também é a metodologia que apresenta maiores possibilidades de automatização nos estudos morfológicos. A MG se destaca ao permitir estudo de medidas que não possuem bordas visíveis à olho nu e facilidade de obtenção. Para obter as medidas, recomenda-se, controle de luminosidade, presença de objeto de medida conhecida, *background* de cor contrastante com o peixe e padronização da posição e localização do mesmo na

foto. Tais resultados indicam que somente aos 12 meses não houve grande impacto do  $c^2$  e recomenda-se, em programas de melhoramento genético, a adoção de medidas que visam a redução desse efeito. Em relação ao morfotipo, nenhum dos identificados foram significativos. Os resultados obtidos com as imagens segmentadas manualmente indicam que essas podem vir a compor um banco de imagens para testes futuros de automatização e com potencial de atender a objetivos que extrapolam as medições corporais.

**Palavras-chave:** Ambiente comum, herdabilidade, morfometria geométrica, morfotipo, segmentação manual.

## GENETIC STUDIES AND IMAGE INTERPRETATION OF MORPHOMETRIC CHARACTERISTICS IN TAMBAQUI FISHES (*Colossoma macropomum*)

**ABSTRACT** - To supply the lack of genetic improvement programs for native fish, studies, among others, that show the possibilities of selection of different morphometric characteristics of commercial interest and that help in the elaboration of tools that allow a better exploration of such characteristics are needed. According to that the aim of the present study was to study the heritability ( $h^2$ ) and the effect of common environment ( $c^2$ ) of the morphometric characteristics of the tambaqui; to evaluate the morphotypes present in the population; to compare the methodologies of geometric morphometry (MG) and manual segmentation (SM) to obtain tambaqui body measurements ; to identify the criteria that must be followed to a better obtaining of the images to be worked in such methodologies; and to evaluate the segmented images, aiming at the composition of an image bank for future automated morphometric studies. For the first objective, the photographic records, the reproduction and weight data of the animals that composed the database of the base population of the genetic improvement program of Embrapa Pesca e Aquicultura were considered. The complete database contained 19 full-sib families, with 3,964 animals in identification and with an average of five months of age, 3,569 animals in biometry 1, with an average age of six months and 3,273 animals with an average age of twelve months (biometrics 2). For the other objectives, only data referring to biometrics 2 were considered. To variance components estimation,  $h^2$  and  $c^2$ , single-characteristic analyzes were performed, by Restricted Maximum Likelihood, using the animal model. The model adequacy test followed the Akaike – AIC criteria and the estimates of interest were obtained using the AIREMLF90 software. The population morphotypes identification in biometry 2 occurred through principal component analysis. For the application of the MG, a software was used to fix reference points and, finally, Excel. For SM, in addition to using software that allowed segmentation, it was necessary to develop an algorithm in Python. For both methodologies, 400 animals with an average age of 12 months were considered. In biometrics 1, when considering the  $c^2$ , the  $h^2$  estimates tended to zero and in the models without the  $c^2$ , the estimated  $h^2$  were close to 1, evidencing confusion between the effect of common environment and additive genetics. In biometrics 2, the  $h^2$  estimates presented low to moderate magnitude. Different morphotypes were identified, with the only significant major component (KAISER criterion) contrasting large and heavy from small and light animals. Evaluating the methodologies for obtaining measurements, both returned results consistent with the literature, and the SM is more accurate, as all pixels are associated with a class. The SM is also the methodology that presents greater possibilities of automation in morphometric studies. The MG stands out for allowing the study of measurements that do not have edges visible to the naked eye and is easy to obtain. To obtain the measurements, it is recommended to control the luminosity, presence of an object of known measurement, background with a contrasting color with the fish and standardization of its position and location in the photo. Such results indicate that only at 12 months there was no

great impact of  $c^2$  and it is recommended, in genetic improvement programs, the adoption of measures aimed to reduce this effect. As for the morphotype, none of those identified were significant. The results obtained with the manually segmented images indicate that they can compose an image bank for future automation tests and with the potential to meet objectives that go beyond body measurements.

**Keywords:** Common environment, geometric morphometry heritability, manual segmentation, morphotype.

## **1. CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **1.1 Produção Aquícola internacional e nacional**

Os anos de 1980 e 1990 apresentaram as maiores taxas já registradas de crescimento anual na produção aquícola mundial, chegando a 10,8 e 9,5%, respectivamente. O crescimento médio entre 2001 e 2016 foi de 5,8%, passando para 3,2% no ano de 2018. Apesar das reduções, o crescimento da aquicultura é o maior entre os setores de produção de alimentos. Se tratando de consumo, ele se mantém estável (3,1%) e superior ao crescimento médio populacional (1,6%) desde 1961 e já supera o consumo de outras proteínas de origem animal, com exceção da avícola. Para continuar suprimindo a crescente demanda aquícola, a expectativa é que no ano de 2030 sejam produzidos no mundo 109 milhões de toneladas, representando um aumento de 32% em relação ao montante registrado em 2018. Para a África e América Latina são projetados crescimentos de 48 e 33%, respectivamente (FAO 2018; FAO, 2020).

Para acompanhar o crescimento demográfico e de demanda no consumo de pescados e devido a todas as condições favoráveis para criação de peixes, o Brasil também tem apresentado produção significativa e crescente, sendo atualmente o oitavo maior produtor de peixes provenientes da piscicultura continental (FAO, 2020). De acordo com a Associação Brasileira de Piscicultura (PEIXE BR, 2021) a produção nacional passou de 758.006 para 802.930 toneladas em 2020, crescimento que ocorreu apesar da resseção econômica nacional e valorização do dólar em 40% no ano de 2020, que resultou em aumento de custo com matérias-primas, em especial das necessárias para produção de ração.

A tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*), terceira espécie de peixe mais produzida no mundo, representa no Brasil, 60,6% dos peixes produzidos. Com o total de 486.155 toneladas de tilápia produzidas no ano de 2020, o país é o quarto maior produtor de tilápia do mundo (PEIXE-BR, 2020; PEIXE BR, 2021).

### **1.2 Melhoramento genético na piscicultura**

Apesar de existirem registros da prática do melhoramento genético de peixes de forma empírica há mais de 2000 anos (ALVES; VARELA;

HASHIMOTO, 2013) considera-se que seu início foi tardio e ocorreu de fato na década de 70, com programas voltados para o salmão do atlântico e truta arco-íris e que foram os primeiros a utilizar ferramentas de genética quantitativa. Atualmente, mesmo existindo programas de sucesso para diferentes espécies aquícolas, a quantidade de animais provenientes de programas de melhoramento genético no mundo é baixa e anda a passos lentos, passando de 1% em 1992, para 5% em 2002 e 8% em 2010 (GJEDREM; BARANSKI, 2009; RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010; GJEDREM, 2012).

Para que o crescimento da produção de peixes alcance os patamares estimados pela (FAO, 2020) e atenda a demanda mundial por alimento de origem animal de forma eficiente, faz-se necessário a aplicação de mais esforços no desenvolvimento de programas de melhoramento genético, que de acordo com BORGHETTI; OSTRENSKY; BORGHETTI (2003), tem sido a base do desenvolvimento de diferentes espécies animais e vegetais.

No entanto, para que os ganhos com estes programas sejam eficazes, relevantes e permanentes, é necessário que o ambiente de seleção seja similar ao ambiente de produção e adequado à espécie escolhida que, por sua vez, deve apresentar variabilidade genética, técnicas de reprodução conhecidas e justificativa econômica para execução do programa. Deve-se ainda estabelecer objetivos e critérios de seleção de forma apropriada, delinear o sistema de avaliação genética e de acasalamento, além de selecionar os animais e fazer com que as gerações melhoradas cheguem ao setor produtivo. Por fim, com a finalidade de verificar o progresso e, caso necessário, realizar ajustes, avalia-se os resultados obtidos nas novas gerações alcançadas (RESENDE et al., 2010).

Até então, as espécies mais consideradas em programas de melhoramento genético são a tilápia e o salmão do atlântico (NEIRA, 2010; RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010). Para o salmão, o primeiro programa ocorreu na Noruega em 1970, objetivando melhorar inicialmente a taxa de crescimento e em seguida incorporou de forma gradativa, objetivos relacionados à melhoria de características reprodutivas, de sobrevivência e qualidade da carne (PONZONI; ACOSTA; PONNIAH, 2006).

Após 5 gerações de seleção, o ganho acumulado para taxa de crescimento foi de 113% em relação à estoques selvagens (THODESEN et al., 1999), os resultados de características como aptidão, sobrevivência e desempenho reprodutivo também mostraram ganhos na população melhorada (FLEMING et al., 1996). Atualmente, o salmão conta com o sequenciamento completo do seu genoma, graças aos avanços tecnológicos e por meio de uma cooperação internacional entre pesquisadores, órgãos de financiamento e indústrias no Canadá, Chile e Noruega (DAVIDSON et al., 2010), o que permite incorporar a informação genotípica e elevar os ganhos com o melhoramento genético da espécie.

Já, a tilápia do Nilo, teve seu primeiro programa iniciado no ano de 1988 nas Filipinas através da cooperação entre diferentes centros de pesquisas e de financiamento. O projeto foi intitulado “*Genetic Improvement of Farmed Tilapias*” – GIFT e considerou na formação de sua população base, quatro linhagens africanas selvagens de tilápias coletadas no Egito, Gana, Senegal e Quênia e quatro linhagens domésticas oriundas do continente asiático (HILSDORF; ORFÃO, 2011). O objetivo inicial foi a melhoria da taxa de crescimento, e o ganho acumulado após 5 anos de projeto foi de 86% (BENTSEN et al., 2017). No ano de 2006, a linhagem GIFT chegou ao primeiro país da América Latina, o Brasil, sendo introduzida por meio de parceria com a Universidade Estadual do Paraná - UEM (BARROSO et al., 2015).

Em 2009, avaliou-se que após 3 gerações de seleção, o período de criação reduziu em 21 dias e o rendimento de filé aumentou em 38% (OLIVEIRA, et al., 2012). Outros ganhos foram possíveis no país através da iniciativa privada e diferentes instituições de ensino que estão focadas no melhoramento genético da espécie e oferecendo diferentes linhagens para a produção.

### **1.3 Tambaqui e melhoramento genético**

Diferente da produção de tilápia, que no Brasil conta com programas de melhoramento, resultando em diferentes linhagens disponíveis, a produção de espécies nativas é feita com base em material genético silvestre (RESENDE et al., 2010), apesar do grande potencial produtivo que muitas destas espécies apresentam.

É o caso do tambaqui, peixe redondo dos rios Amazonas e Orinoco (ARAUJO-LIMA; GOMES, 2005) e que atualmente é a espécie que lidera a produção entre os nativos (PEIXE BR, 2021). Esse destaque é devido a características favoráveis à produção, tais como a facilidade de obter juvenis, rusticidade e desempenhos zootécnicos (ARAUJO-LIMA; GOUDING, 1998).

Apesar da produção ainda não contar com linhagens melhoradas, o tambaqui foi uma das espécies nativas foco do projeto Aquabrazil, que criou uma rede de pesquisadores brasileiros, visando construir bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aquicultura no país (RESENDE, 2009). Com a finalização do projeto, obteve-se parâmetros genéticos de crescimento corporal do tambaqui pela primeira vez e concluiu-se que seria possível estabelecer programas de melhoramento genético para a espécie visando a seleção desses animais (DE MELLO et al., 2016).

No ano de 2018, foi iniciado o projeto BRS-AQUA (ainda em andamento) que envolve diferentes objetivos e unidades da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa. Entre os objetivos traçados, há o melhoramento genético do tambaqui e a criação de um banco de germoplasma da espécie com exemplares oriundos de diferentes estados brasileiros (EMBRAPA, 2019).

As universidades também têm sido fonte de pesquisas relacionadas ao melhoramento genético do tambaqui e por meio de trabalhos científicos publicados, criam uma base para futuros programas de melhoramento genético da espécie. Como exemplo, há o estudo de JACOMETO et al. (2010) que verificou alta variabilidade genética dentro dos estoques de tambaqui de diferentes estados brasileiros e baixa variabilidade e distância genética entre si. Mais recente, CAMPOS et al. (2020) estimou os componentes de (co)variância de características de crescimento (peso corporal, comprimento e largura) e demonstrou que animais mais jovens tendem a apresentar herdabilidades baixas (0,10 – 0,19) e que entre 6 e 12 meses de idade, tais estimativas passam de moderada a alta magnitude (0,23 – 0,81).

Além das características comumente trabalhadas em programas de melhoramento genético como ganho em peso e comprimento, PEDROZA; MELON; BERTOLINI (2014) alertam para a necessidade da indústria por

estudos que estrategicamente avaliem novos cortes comerciais, padronizando o beneficiamento do peixe e agregando mais valor do que o peixe fresco eviscerado. Os cortes em potencial para o tambaqui são a banda, o filé, lombo e as costelas. Com grande destaque para o último corte, por não apresentar espinhas intramusculares em formato de “Y”, os mioséptos (PEDROZA; RODRIGUES; REZENDE, 2016). As espinhas intramusculares são consideradas um gargalo na produção de peixes redondos e exemplares de tambaquis já foram identificados sem a presença das mesmas, gerando a perspectiva desse fenótipo integrar programas de melhoramento genético impactando positivamente a indústria do tambaqui (PERAZZA et al., 2016), pois permitiria uma maior aceitação de cortes como o lombo e filé, assim como acontece para a tilápia.

#### **1.4 Modelo Animal com efeito de ambiente comum**

Para que em um programa de melhoramento ocorra a etapa de seleção é necessário previamente predizer os valores genéticos dos animais candidatos. Para isso, o procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada), proposto por Henderson na década de 1950 (HENDSEY, 1950) que considera informações de desempenho do próprio animal e de seus parentes, tem sido amplamente utilizado em programas de melhoramento genético de diversas espécies de produção animal e vegetal desde 1990 (ELER, 2017)

No modelo, tratando-se de abordagem frequentista, faz-se necessário distinguir efeitos fixos dos aleatórios. De acordo com SCHAEFFER (2010), é comum que os efeitos fixos apresentem níveis pequenos ou limitados e que ocorram novamente em novos experimentos. Em contrapartida, fatores de efeito aleatório comumente apresentam alto número de níveis, são amostras de uma população infinitamente grande e raramente voltarão a acontecer em sua totalidade em novos estudos.

A aplicação dos efeitos no modelo animal é feita considerando as fontes de variações que influenciaram o fenótipo do animal. Desta forma, na piscicultura, em que os animais comumente são criados em unidades separadas por família até que haja condições de identificação individual, faz-se necessário a consideração do efeito de ambiente comum, pois a semelhança entre os

parentes não ocorre apenas em função do componente genético, mas também em função das variações ambientais que foram distintas para cada família. A não consideração do efeito de ambiente comum pode mascarar o real efeito genético aditivo, principalmente se os efeitos ambientais em questão forem duradouros e expressivos, o que pode tornar a seleção ineficiente (ELER, 2017; GJEDREM; BARANSKI, 2009; RESENDE; PEREZ, 1999).

O estudo realizado por GALLARDO et al. (2010) com salmão coho em fase de despesca confirma a importância da consideração do efeito de ambiente comum no modelo, uma vez que verificaram que a não inclusão pode gerar uma superestimação da resposta prevista e uma variação na classificação dos animais com base em seu valor genético.

A aplicação do modelo animal incluindo o efeito de ambiente comum também foi utilizada no estudo de CAMPOS et al. (2020) para estimar componentes de (co)variância e prever parâmetros genéticos de características de crescimento do tambaqui. O modelo adotado é descrito matricialmente por:

$$y = X\beta + Za + Wc + e \quad (2)$$

Onde **c** corresponde ao efeito comum de irmãos completos e **W** é a sua matriz de incidência, sendo as demais variáveis conforme descrito anteriormente no modelo 1. As fontes de variações cujos efeitos foram considerados importantes e, portanto, incluídos no modelo em questão são o genético aditivo, de ambiente comum e residual (efeitos aleatórios), o dia da coleta, a idade linear e quadrática e o peso da chipagem linear e quadrático (efeitos fixos).

Também se observa a inclusão do efeito do ambiente comum no estudo de (PORTO et al., 2015) que ao estimar os parâmetros genéticos de crescimento da tilápia utilizou o modelo  $y = X\beta + Za + Wc + W'w + e$ , no qual são considerados dois ambientes comuns, o de larvicultura (**c**) e de alevinagem (**w**), além dos efeitos fixos (tanque-rede, geração e sexo), genético aditivo (**a**) e residual (**e**). **X**, **Z**, **W** e **W'** são matrizes de incidência, associando os respectivos efeitos ao vetor de observações fenotípicas (**y**). As estimativas para o ambiente comum variaram de 0,07 a 0,14 na larvicultura e de 0,02 a 0,03 na alevinagem,

ou seja, com o crescimento do animal, o efeito de ambiente comum demonstrou tendência de redução.

A variação do efeito do ambiente comum ocorre também ao se tratar de diferentes ambientes de cultivo, como demonstrou KHAW et al. (2012) em seu estudo com tilápias GIFT avaliando 4 características corporais. Todas as características apresentaram maior variação do efeito do ambiente comum em viveiro escavado (0,17- 0,26) do que em tanque-rede (0,14 e 0,16).

Considerando que o efeito de ambiente comum pode mascarar o efeito genético, principalmente quando não for devidamente controlado, algumas metodologias que permitam a criação sem a geração desse efeito, podem ser adotadas, como a atribuição de parentesco por marcadores moleculares, tornando as estimativas dos estudos menos tendenciosas (KOCOUR et al., 2007). Desta forma, as famílias passam a ser criadas juntas, sendo submetidas às mesmas condições ambientais, a depender da espécie, desde o estágio de ovos (GJEDREM; BARANSKI, 2009).

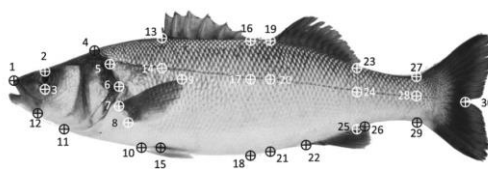
### **1.5 Estudo morfométrico em peixes**

A maioria dos programas de melhoramento genético, independente da espécie, são direcionados para a seleção de características de crescimento (RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010). A metodologia mais usual para coletar esses dados é a biometria, que na piscicultura é feita utilizando ictiômetros, paquímetros e balanças (MORO, 2014). Um exemplo da utilização desta metodologia foi feita por REIS NETO et al. (2012) ao estudarem quais medidas corporais estão mais associadas com o peso e rendimentos das espécies de peixes redondos. Além de ser necessário para o melhoramento genético, o estudo corporal do peixe é importante em toda a cadeia da piscicultura, desde a produção até indústria de alimentos (HAO et al., 2017).

O aprimoramento das metodologias de estudo corporal, através de novas tecnologias, faz com que não seja necessário o abate do animal para estimação do rendimento de cortes e carcaça (DIODATTI, 2006). Além de permitir a exploração de medidas que por métodos tradicionais não seria possível, de forma prática e com maior confiabilidade dos dados (KLINGENBERG, 2015). Entre as características que passam a ser passíveis de mensurações e de forma

simplificada, está a área da cabeça, do tronco e de cortes como o filé, como demonstrado por CARDOSO et al. (2021). Esses autores estimaram pela primeira vez parâmetros genéticos de áreas corporais para a tilápia do Nilo que foram obtidas em imagens digitais e ressaltaram que características de área corporal são de grande importância para o melhoramento genético, principalmente por associarem o crescimento com a forma corporal e permitir melhorar características de interesse do mercado.

Entre as metodologias que permitem explorar as áreas e demais medidas corporais, existe a morfometria geométrica, definida por TAKÁCS et al. (2016) como um método baseado na obtenção de distâncias entre coordenadas de pontos anatômicos morfológicos – *landmarks* (Figura 1) e que utiliza softwares como tpsUtil, tpsDig e digital imaging. Na literatura, SANTOS; PESSÔA; VIANNA (2019) aplicaram a morfometria geométrica na piscicultura ao identificarem diferentes espécies com base em medidas corporais. Já VANDEPUTTE et al. (2017) estudaram a possibilidade de medidas corporais predizerem rendimentos de filé e carcaça do robalo europeu para aplicação em seleção de programa de melhoramento genético.



**Figura 1.** Local de fixação corporal dos *landmarks* em robalo europeu (*Dicentrarchus labrax*) para obtenção de medidas morfométricas. Fonte: VANDEPUTTE et al. (2017).

Apesar de apresentar vantagens em relação ao método tradicional, a morfometria geométrica apresenta pontos negativos por ser trabalhosa, necessitando da fixação de *landmarks* de forma manual e precisa em estruturas corporais previamente determinadas (WÖBER et al., 2021). Alternativamente, existem metodologias baseadas em aprendizado de máquina (*machine learning*) e aprendizado profundo (*deep learning*) com foco em visão computacional, que permitem diferentes aplicações na piscicultura como, por exemplo, a análise de comportamento, decisão de manejo alimentar, estimativa do tamanho corporal e

biomassa, previsão da qualidade de água, classificação de espécies e identificação de peixes (YANG et al., 2021).

De forma conceitual, o aprendizado de máquina está intimamente atrelado à inteligência artificial, de modo que, objetiva-se a construção de sistemas capazes de adquirir conhecimento de forma automática. Com isso, ocorre a detecção de padrões, organização de dados e realização de tarefas que geram aprendizado e previsão de desempenho futuro. O aprendizado pode ser supervisionado ou não supervisionado. No primeiro, faz-se necessário um conjunto de exemplos de treinamento nos quais os rótulos (*labels*) das classes são conhecidos. Havendo êxito, obtêm-se no final um algoritmo capaz de determinar corretamente a classe de exemplos não previamente rotulados e esse processo pode ser nomeado de classificação. Em imagens, a classificação ocorre com o reconhecimento de objetos, sendo que a ele se atrela um código numérico que será conhecido na saída. No aprendizado não supervisionado somente a entrada (exemplo fornecidos) é conhecida previamente, havendo necessidade no final de avaliar se os resultados obtidos apresentam significado (GOODFELLOW; BENGIO; COURVILLE, 2017; MONARD, 2003; MURPHY, 2012).

Entre as diferentes formas de aprendizado de máquina, há grande destaque para o aprendizado profundo (ROSEBROCK, 2017). A aprendizagem profunda é o termo usado para classificar a aprendizagem de forma hierárquica que ocorre no treinamento de redes neurais artificiais. A motivação para elaboração de redes neurais compostas de muitas camadas, que são utilizadas no aprendizado profundo, veio do cérebro, em que após um estímulo visual chegar na retina, um sinal percorre diferentes regiões do cérebro e cada agrupamento de neurônios dessas regiões é responsável por identificar características diferentes na imagem (BENGIO; COURVILLE, VICENT, 2013). Devido à maior robustez dos processos do aprendizado profundo, a sua utilização ocorre para a resolução de problemas mais complexos.

O uso da aprendizagem de máquina voltado para o estudo morfométrico em peixes é exemplificado por FERNANDES et al. (2020), que salientaram a importância da medição individual de características de interesse para sistemas de produção e para os programas de melhoramento. Esses autores utilizaram a

metodologia de aprendizagem de máquina para prever o peso corporal e características de carcaça de tilápia do Nilo através de medidas corporais.

Vale ressaltar, no entanto, que a concretização do estudo de medidas corporais em imagens de forma automatizada na visão computacional só ocorre após a satisfação de etapas anteriores, como a segmentação. Dentro da visão computacional, a segmentação é apontada como a etapa mais importante (ZHAO et al., 2019), cuja finalidade é a decomposição da imagem em suas partes constituintes (JAIN, 1986). Esse processo ocorre, de forma supervisionada ou não, com a associação de cada elemento da imagem (pixel) a classes, considerando-se similaridades e rupturas entre as características de cada pixel (SILVA, 1992).

O conhecimento prévio para algoritmos segmentadores serve para demonstrar como é confiável classificar cada pixel e assim treinar o algoritmo (RICHARDS, 1986). Todos esses processos são realizados nas redes neurais supracitadas, envolvendo o conceito de *deep learning*, por serem modelos computacionais baseados no funcionamento do sistema nervoso biológico (REZENDE, 2003), ou seja, redes neurais com mais de duas camadas.

O treinamento de redes neurais classificadoras ocorre com imagens previamente segmentadas obtidas em bancos de imagens ou segmentadas manualmente WASSERMAN (1989). De acordo com GUO et al. (2018), a segmentação manual é um processo demorado, frustrante e comercialmente caro. O fornecimento de imagens previamente segmentadas para treinamento da rede neural equivale ao fornecimento de padrões de respostas que são desejados. A cada interação ocorrem ajustes nas operações da rede para que a saída seja o mais próximo possível do vetor de treinamento, quando o erro é reduzido de forma satisfatória, o treinamento dá-se por concluído (RODRIGUES, 2018).

Na literatura é escassa a utilização de métodos de aprendizagem de máquina e visão computacional para o estudo da morfometria de peixes visando gerar estimativas de interesse para o melhoramento genético, e de acordo com HAO et al. (2017) são necessários mais estudos voltados para tal metodologia, o que implicaria em avanços da visão computacional na aquicultura. São raros

também os estudos que contribuem com banco de imagens segmentadas para treinamentos de redes que possuem diferentes objetivos, o que ajudaria na evolução dos processos automatizados. Para a elaboração da presente revisão, não foram localizados relatos de bancos de imagens segmentadas de peixes brasileiros de produção.

### **1.6 Análises de componentes principais – PCA**

O estudo morfométrico acarreta em um grande volume de variáveis e dados a serem analisados e com o avanço tecnológico e de técnicas de análises multivariadas, o estudo de muitas variáveis de forma conjunta se torna possível. Entre essas técnicas, está a de componentes principais, que utiliza ortogonalização de vetores para converter um conjunto de variáveis originais e possivelmente correlacionadas em variáveis não correlacionadas, chamadas de componentes principais. Com isso, há a tendência de reduzir a dimensionalidade dos dados (FERREIRA, 1996). Além da técnica permitir a exploração dos dados em um sistema de projeção mais conveniente, os componentes principais são apresentados em ordem decrescente de importância, sendo que os primeiros explicam a maior variabilidade nos dados originais. Cada componente principal explica a correlação em um determinado grupo de variáveis (HAIR et al., 1973).

Na aquicultura, análises de componentes principais (PCA) têm sido aplicadas com diferentes objetivos como, por exemplo, para identificar a variação da morfologia de *Gymnotus inaequilabiatus* em diferentes bacias hidrográficas brasileiras (FROTA; SOUZA; SILVA, 2014), para verificar características morfológicas comuns aos peixes de mesmo hábito alimentar (TEIXEIRA; BENNEMANN, 2007) e para avaliar os padrões da variabilidade genética em distintas populações de peixes da família *Arapaimidae* (OLIVEIRA, 2019), o que contribuiria em outras espécies para a formação da população base de programas de melhoramento genético.

De acordo com (FREITAS et al., 2021), que identificaram dois grupos corporais (elíptico e arredondado) para o pacu (*piaractus mesopotamicus*), a metodologia de PCA pode ser utilizada no melhoramento genético para seleção de morfotipos específicos. Nesse sentido, uma possível seleção seria a de animais com menores áreas de cabeça, pois de acordo com CHAVES; VINK

(2017), esse é um morfotipo desejado pela indústria de beneficiamento do pescado, principalmente para espécies como o tambaqui, que possui a maior proporção de área de cabeça em relação ao corpo entre os peixes redondos (REIS NETO et al., 2012).

Considerando a relevância produtiva do tambaqui no Brasil faz-se necessário estudos que estimem os parâmetros genéticos da espécie para características de interesse e que servirão como base para futuros programas de melhoramento genético. Para tais programas, ocorre a necessidade de recomendações voltadas para o efeito de ambiente comum, evidenciando a importância de estudos que verificam os impactos do mesmo. Faz-se necessário ainda, o uso de ferramentas que permitam a caracterização dos tipos morfológicos encontrados na espécie e a elaboração de metodologias que servirão para mensurações das características de interesse de forma a melhorar a quantidade de medidas estudadas, a confiabilidade dos dados e tempo para obtenção.

## **OBJETIVOS GERAIS**

Objetiva-se avaliar dois métodos de interpretação de imagem capazes de prever características morfométricas do tambaqui, estudar as estimativas da herdabilidade e do efeito de ambiente comum em tais características morfométricas e do peso, além de verificar padrões de morfotipos na população.

## **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Comparar duas técnicas de interpretação de imagem para obtenção de medidas morfométricas no tambaqui e apontar vantagens e desvantagens em ambas;
- Avaliar a segmentação manual visando a sua utilização para futuro treinamento de redes neurais de segmentação automatizada;
- Estimar os parâmetros genéticos das características morfométricas do tambaqui (área do lombo, área da cabeça, área da costela, área do tronco, área da banda do tambaqui, altura e comprimento padrão) em diferentes idades;

- Determinar as variáveis que melhor explicam a diversidade morfométrica do tambaqui, por meio de análise de componentes principais;
- Realizar recomendações com base nos resultados obtidos em relação ao controle do efeito de ambiente comum e a obtenção das imagens.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, A. L.; VARELA, E. S.; HASHIMOTO, D. T. Genética Aplicada à Piscicultura. *In: Piscicultura de Água Doce Multiplicando Conhecimentos*. 1. ed. Brasília-DF. p. 273–285.

ARAUJO-LIMA, C.; GOLDING, M. Tambaqui (*Colossoma macropomum*). *In: Espécies Nativas Para Piscicultura no Brasil*. [s.l.: s.n.].

ARAUJO-LIMA, C.; GOUDING, M. So Fruitful a Fish: Ecology, Conservation and Aquaculture of the Amazon's Tambaqui. *Journal of Analytical Psychology*, [S. l.], 1998.

BARROSO, R. M.; TENÓRIO, R. A. T.; FILHO, M. X. P.; WEBBER, D. C. W.; BELCHIOR, L. S.; TAHIM, E. F.; CARMO, F. J.; MUEHLMANN, L. D. M. Gerenciamento genético da tilápia nos cultivos comerciais. *Embrapa*, [S. l.], n. 2318–1400, p. 68, 2015.

BENGIO, Y.; COURVILLE, A.; VICENT, P. Aprendizagem de representação: uma revisão e novas perspectivas. *Transações IEEE em análise de padrões e inteligência de Máquina*, v. 35, n. 8, pág. 1798 - 1828, 2013.

BENTSEN, H. B. et al. Genetic improvement of farmed tilapias: Response to five generations of selection for increased body weight at harvest in *Oreochromis niloticus* and the further impact of the project. *Aquaculture*, [S. l.], v. 468, p. 206–217, 2017. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2016.10.018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.10.018>.

BORGHETTI, N. R. B.; OSTRENSKY, A.; BORGHETTI, J. R. Aquicultura, uma visão geral sobre a produção de organismos aquáticos no Brasil e no mundo. Curitiba.

CAMPOS, E. C.; OLIVEIRA, C. A. L.; ARAÚJO, F. C. T.; TODESCO, H.; SOUZA, F. N.; ROSSI, R. M.; FORNARI, D. C.; RIBEIRO, R. P. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. *Animal*, [S. l.], v. 14, n. 9, p. 1777–1785, 2020. DOI: 10.1017/S1751731120000488. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731120000488>.

CARDOSO, A. J. S.; OLIVEIRA, C. A. L.; CAMPOS, E. C.; RIBEIRO, R. P.; ASSIS, G. J. F.; SILVA, F. F. Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, [S. l.], v. 138, n. 6, p. 731–738, 2021. DOI: 10.1111/jbg.12551.

CHAVES, P. T. C.; VINK, J. M. Rejeitos da atividade pesqueira no litoral do Paraná: Gestão atual e potencial para destinação alternativa. *Revista CEPESUL - Biodiversidade e Conservação Marinha*, [S. l.], v. 6, n. July, p. e2017004, 2017.

DOI: 10.37002/revistacepsul.vol6.670e2017004.

DAVIDSON, W. S.; KOOP, B. F.; JONES, S. J. M.; ITURRA, P.; VIDAL, R.; MAASS, A.; JONASSEN, I.; LIEN, S.; OMHOLT, S. W. Sequencing the genome of the Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genome Biology*, [S. l.], v. 11, n. 9, 2010. DOI: 10.1186/gb-2010-11-9-403.

DE MELLO, F.; OLIVEIRA, C. A.; STREIT JR, D.; RESENDE, E.; OLIVEIRA, S. N.; FORNARI, D. C.; BARRETO, R.; POVH, J. A.; RIBEIRO, R. P.; Estimation of Genetic Parameters for Body Weight and Morphometric Traits to Tambaqui *Colossoma macropomum*. *Journal of Fisheries Sciences*, [S. l.], v. 10, n. 2, p. 96–100, 2016.

DIODATTI, F. C. Medidas morfométricas no peso e rendimento de componentes corporais de tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*). 2006. Universidade Federal de Lavras, [S. l.], 2006.

ELER, J. P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção. Pirassununga-SP: Universidade de São Paulo, 2017. DOI: 10.11606/9788566404135.

EMBRAPA. BRS-AQUA, sobre o projeto, 2019. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/brsaqua/sobre-o-projeto>>. Acesso em: 25 de outubro de 2021.

FAO. El estado de la pesca y la acuicultura. Organización de las naciones unidas para la alimentación y la agricultura, Roma, p. 250, 2018.

FAO. El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2020. [s.l.] : FAO, 2020. DOI: 10.4060/ca9229es. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2013.01.032> <http://dx.doi.org/10.1016/j.tws.2012.02.007> <http://www.fao.org/publications/es>.

FERNANDES, A. F. A.; TURRA, E. M.; DE ALVARENGA, É. R.; PASSAFARO, T. L.; LOPES, F. B.; ALVES, G. F. O.; SINGH, V.; ROSA, G. J. M. 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*, [S. l.], v. 170, n. June 2019, p. 105274, 2020. DOI: 10.1016/j.compag.2020.105274. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105274>.

FERREIRA, D. F. Análise multivariada. Lavras-MG: UFLA, 1996.

FLEMING, I. A.; JONSSON, B.; GROSS, M. R.; LAMBERG, A. An Experimental Study of the Reproductive Behaviour and Success of Farmed and Wild Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *The Journal of Applied Ecology*, [S. l.], v. 33, n. 4, p. 893, 1996. DOI: 10.2307/2404960.

FREITAS, M. V.; LIRA, L. V. G.; ARIEDE, R. B.; AGUDELO, J. F. G.; OLIVEIRA NETO, R. R.; BORGES, C. H. S.; MASTROCHIRICO-FILHO, V. A.; GARCIA-NETO, B. F.; CARVALHEIRO, R.; HASHIMOTO, D. Genotype by environment interaction and genetic parameters for growth traits in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, [S. l.], v. 530, n. September 2020, p. 735933, 2021. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2020.735933. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0044848620315908>.

FROTA, A.; SOUZA, F.; SILVA, H. P. Análise Morfométrica de *Gymnotus inaequilabiatus* (Valenciennes, 1839) (Gymnotiformes: Gymnotidae) em Diferentes Bacias Hidrográficas Brasileiras. *Biota Amazônia*, [S. l.], v. 4, n. 4, p. 27–32, 2014. DOI: 10.18561/2179-5746/biotaamazonia.v4n4p27-32.

GJEDREM, T. Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: A personal opinion review. *Aquaculture*, [S. l.], v. 344–349, n. 0044, p. 12–22, 2012. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2012.03.003. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.03.003>.

GJEDREM, T.; BARANSKI, M. Selective Breeding in Aquaculture: An Introduction. 10. ed. Dordrecht: Springer Netherlands, 2009. v. 10 DOI: 10.1007/978-90-481-2773-3. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/236131796\\_Genetic\\_improvement\\_programs\\_for\\_aquaculture\\_species\\_in\\_developed\\_countries](https://www.researchgate.net/publication/236131796_Genetic_improvement_programs_for_aquaculture_species_in_developed_countries).

GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. Deep Learning. Cambridge, MA: MIT Press, 2017.

GUO, Y. et al. A Review of Semantic Segmentation Using Deep Neural Networks. *International Journal of Multimedia Information Retrieval*. v. 7, p. 87- 93. 2018.

HAO, M.; YU, H.; LI, D.; HAO, M.; YU, H.; LI, D.; MEASUREMENT, The; VISION, Machine. The Measurement of Fish Size by Machine Vision - A Review To cite this version : HAL Id : hal-01614170 The Measurement of Fish Size by Machine Vision- a Review. [S. l.], 2017.

HENDERSON, C. R. Estimation of genetic parameters. *Ann. Mlath*. 1950.

HILSDORF, A. W. S.; ORFÃO, L. H. Aspectos gerais do melhoramento genético em peixes no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, [S. l.], v. 2011, p. 317–324, 2011. Disponível em: [www.sbz.org.br](http://www.sbz.org.br).

JACOMETO, C. B.; BARRERO, N. M. L.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. P.; GOMES, P. C.; POVH, J. A.; S. J., D. P.; VARGAS, L.; RESENDE, E. K.; RIBEIRO, R. P. Variabilidade genética em tambaquis (Teleostei: Characidae) de diferentes regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, [S. l.], v. 45, n. 5, p. 481–487, 2010. DOI: 10.1590/S0100-204X2010000500007. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0100-204X2010000500007&lng=pt&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2010000500007&lng=pt&tlng=pt).

JAIN, A. K. Fundamentos do processamento digital de imagens. Prentice-Hall, Inc., 1989.

KHAW, H. L.; PONZONI, R. W.; HAMZAH, A.; ABU-BAKAR, K. R.; BIJMA, P. Genotype by production environment interaction in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, [S. l.], v. 326–329, p. 53–60, 2012. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2011.11.016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2011.11.016>.

KLINGENBERG, C. Analyzing Fluctuating Asymmetry with Geometric Morphometrics: Concepts, Methods, and Applications. *Symmetry*, [S. l.], v. 7, n. 2, p. 843–934, 2015. DOI: 10.3390/sym7020843. Disponível em: <http://www.mdpi.com/2073-8994/7/2/843>.

KOCOUR, M.; MAUGER, S.; RODINA, M.; GELA, D.; LINHART, O.; VANDEPUTTE, M. Heritability estimates for processing and quality traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) using a molecular pedigree. *Aquaculture*, [S. l.], v. 270, n. 1–4, p. 43–50, 2007. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2007.03.001.

MONARD, M. C; BARANAUSKAS, J. A. Conceitos sobre aprendizagem de máquina. *Sistemas inteligentes- Fundamentos e Aplicações*, v.1, n.1, pág. 32, 2003.

MORO, G. V. *Biometria de Peixes - Embrapa.pdf*, 2014. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/972070/1/Biometria.pdf>.

MURPHY, K.P. *Machine Learning: A Probabilistic Perspective*. Cambridge: MIT Press, 2012.

NEIRA, R. Breeding in Aquaculture Species : Genetic Improvement Programs in Developing Countries. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, [S. l.], n. January 2010, p. 8, 2010. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/265313094>.

OLIVEIRA, C.A.L.; RIBEIRO, R.P.; STREIT JUNIOR, D.; POVH, J.A.; RESENDE, E.K. Melhoramento genético de peixes: uma realidade para a piscicultura brasileira. *Panorama da Aquicultura*, v.22, p.38-47, 2012.

OLIVEIRA, E. A. *Evolução Cromossômica e Diversidade Genética em Espécies de peixes da Família Arapaimidae (Teleostei: Osteoglossiformes)*. 2019. [S. l.], 2019.

PEDROZA, M.; MELON, R.; BERTOLINI, B. Diagnóstico da cadeia produtiva da piscicultura no estado de Tocantins. [S. l.], n. February 2015, 2014.

PEDROZA, Manoel Xavier; RODRIGUES, Ana Paula Oeda; REZENDE, Fabricio Pereira. *Dinâmica da produção de tambaqui e demais peixes redondos no Brasil*. [S. l.], 2016.

PEIXE-BR. *Anuário da Piscicultura 2020*. Associação Brasileira de Piscicultura, [S. l.], v. 1, p. 1–136, 2020.

PEIXE BR. *Anuário Brasileiro da Piscicultura* Peixe BR. Peixe BR - Associação Brasileira da Piscicultura, [S. l.], p. 138, 2021.

PERAZZA, C. A.; MENEZES, J. T. B.; FERRAZ, J. B. S.; PINAFFI, F. L. V.; SILVA, L. A.; HILSDORF, A. W. S. Lack of intermuscular bones in specimens of *Colossoma macropomum* : An unusual phenotype to be incorporated into genetic improvement programs. [S. l.], v. 472, p. 57–60, 2016. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2016.05.014.

PONZONI, R. W.; ACOSTA, B. O.; PONNIAH, A. G. Development of aquatic animal genetic improvement and dissemination programs: current status and action plans. Penang, Malaysia: WorldFish Center Conference Proceedings, 2006.

PORTO, E. P.; OLIVEIRA, C. A. L.; MARTINS, E. N.; RIBEIRO, R. P.; CONTI, A. C. M.; KUNITA, N. M.; OLIVEIRA, S. N.; PORTO, P. P. Respostas à seleção de características de desempenho em tilápia-do-nilo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, [S. l.], v. 50, n. 9, p. 745–752, 2015. DOI: 10.1590/S0100-

204X2015000900002.

REIS NETO, R. V.; FREITAS, R. T. F.; SERAFINI, M. A.; COSTA, A. C.; FREATO, T. A.; ROSA, P. V.; ALLAMAN, I. B. Interrelationships between morphometric variables and rounded fish body yields evaluated by path analysis. *Revista Brasileira de Zootecnia*, [S. l.], v. 41, n. 7, p. 1576–1582, 2012. DOI: 10.1590/S1516-35982012000700004. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tlng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tlng=en).

RESENDE, E. K. Pesquisa em rede em aquicultura: bases tecnológicas para o desenvolvimento sustentável da aqüicultura no Brasil. *Aquabrazil. Revista Brasileira de Zootecnia*, [S. l.], v. 38, n. spe, p. 52–57, 2009. DOI: 10.1590/S1516-35982009001300006. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1516-35982009001300006&lng=pt&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982009001300006&lng=pt&tlng=pt).

RESENDE, E. K.; OLIVEIRA, C. A. L.; LEGAT, A. P.; RIBEIRO, R. P. Melhoria Animal no Brasil: Uma visão Crítica Espécies Aquáticas. *SBMA*, [S. l.], p. 11, 2010.

RESENDE, M. V.; PEREZ, J. R. H. R. Melhoria animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal – blup em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. *Arch. Vet. Scienc*, [S. l.], v. 4, n. 1, p. 17–29, 1999.

REZENDE, S. O. *Sistemas Inteligentes: Fundamentos e Aplicações*. Barueri, SP: Editora Manole Ltda, 2003. ISBN 8520416837

RICHARDS, J. A. *Remote sensing digital images analysis: an introduction*. Berlin, Springer-Verlag, 1986, 281p.

RODRIGUES, C. A. S. P. Implementação de redes convolucionais para a segmentação de imagens em tempo real com vistas à aplicação em robôs autônomos com dispositivos de visão de baixo custo. 112 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica e de Computação)- Universidade Federal do Goiás, Goiânia, 2018.

ROSEBROCK, A. *Deep Learning for computer vision with python*. PYIMagerearch, v. 1, 2017.

RYE, M.; GJERDE, B.; GJEDREM, T. Genetic improvement programs for aquaculture species. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, [S. l.], n. August, 2010.

SANTOS, S. R.; PESSÔA, L. M.; VIANNA, M. Geometric morphometrics as a tool to identify species in multispecific flatfish landings in the Tropical Southwestern Atlantic. *Fisheries Research*, [S. l.], v. 213, n. January, p. 190–195, 2019. DOI: 10.1016/j.fishres.2019.01.017. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2019.01.017>.

SCHAEFFER, L. R. *Linear Models and Animal Breeding* Lawrence R. Schaeffer Centre for Genetic Improvement of Livestock Department of Animal and Poultry Science University of Guelph Guelph , ON N1G 2W1 June 2010 - Norway. [S. l.], n. June, 2010.

SILVA, A. J. F. M. Classificação automática bayesian de imagens de satélite. Rio de Janeiro: Centro científico Rio, IBM, 1992. 15p. (Relatório técnico CCR –151)

TAKÁCS, P.; VITÁL, Z.; FERINCZ, Á.; STASZNY, Á. Repeatability, Reproducibility, Separative Power and Subjectivity of Different Fish Morphometric Analysis Methods. PLOS ONE, [S. l.], v. 11, n. 6, p. e0157890, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0157890. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0157890>.

TEIXEIRA, I.; BENNEMANN, S. T. Ecomorfologia refletindo a dieta dos peixes em um reservatório no sul do Brasil. Biota Neotropica, [S. l.], v. 7, n. 2, p. 67–76, 2007. DOI: 10.1590/s1676-06032007000200007.

THODESEN, J.; GRISDALE-HELLAND, B.; HELLAND, S. J.; GJERDE, B. Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*). Aquaculture, [S. l.], v. 180, n. 3–4, p. 237–246, 1999. DOI: 10.1016/S0044-8486(99)00204-5. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0044848699002045>.

VANDEPUTTE, M. et al. Investigation of morphological predictors of fillet and carcass yield in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) for application in selective breeding. Aquaculture, [S. l.], v. 470, p. 40–49, 2017. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2016.12.014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.12.014>.

WASSERMAN, P. D. Neural Computing Theory and Practice. New York. Van Nostrand Reinhold, 1989.

WÖBER, W.; CURTO, M.; TIBIHIKA, P.; MEULENBROEK, P.; ALEMAYEHU, E.; MEHNEN, L.; MEIMBERG, H.; SYKACEK, P. Identifying geographically differentiated features of Ethiopian Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) morphology with machine learning. PLOS ONE, [S. l.], v. 16, n. 4, p. e0249593, 2021. DOI: 10.1371/journal.pone.0249593. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0249593>.

YANG, X.; ZHANG, S.; LIU, J.; GAO, Q.; DONG, S.; ZHOU, C. Deep learning for smart fish farming: applications, opportunities and challenges. Reviews in Aquaculture, [S. l.], v. 13, n. 1, p. 66–90, 2021. DOI: 10.1111/raq.12464. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/raq.12464>.

ZHAO, Y.; GUINDO, M. L.; XU, X.; SHI, X.; SUN, M.; He, Y. A novel raisin segmentation algorithm based on deep learning and morphological analysis. EAgri Engenharia Agrícola. [S. l.], v. 39, n. 5, p.639-648, sep./oct. 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1809-4430-Eng.Agric.v39n5p639-648/2019>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/eagri/a/r6jr5WGR5LpYLv4tBywVXFQ/?lang=en#>.

## CAPÍTULO I

### Identificação de morfotipos e estimação de parâmetros genéticos de medidas morfométricas de tambaqui (*Colossoma macropomum*)

#### Resumo

Para suprir a carência por programas de melhoramento genético de peixes nativos como o tambaqui, segundo peixe mais produzido no Brasil, faz-se necessário, entre outros, estudos que evidenciam as possibilidades de seleção das diferentes características morfométricas de interesse comercial dentro das populações. Diante disso, o objetivo com o presente estudo foi estimar a herdabilidade ( $h^2$ ) e o efeito de ambiente comum ( $c^2$ ) em tambaquis, considerando as seguintes características: peso, comprimento padrão, altura, áreas da cabeça, lombo, costelas, tronco e banda do tambaqui em diferentes idades. Além disso, objetivou-se avaliar os morfotipos presentes na população em idade comercial de abate e realizar recomendações para a criação de animais em programas de melhoramento genético com o intuito de evitar o confundimento entre o efeito de ambiente comum e o efeito genético. Para tal, foram considerados registros fotográficos e dados de criação e peso dos animais que compõem a população base do programa de melhoramento genético da Embrapa Pesca e Aquicultura. O banco continha 19 famílias de irmãos completos, sendo 3.964 animais na identificação e com média de cinco meses de idade, 3.569 animais na biometria 1, com média de seis meses de idade e 3.273 animais, na biometria 2 com média de doze meses de idade. Para estimar os componentes de variância,  $h^2$  e  $c^2$  foram realizadas análises uni-características, por Máxima Verossimilhança Restrita, utilizando o modelo animal. O teste de adequacidade dos modelos foi seguindo os critérios de Akaike – AIC e os parâmetros de interesse foram obtidos com a utilização do software AIREMLF90. Para a identificação dos morfotipos da população na biometria 2, realizou-se a análise de componentes principais. Obteve-se na biometria 1, em modelos com inserção do  $c^2$ , estimativas de  $h^2$  que tenderam à zero e em modelos sem o  $c^2$  estimadas que ficaram próximas à 1, indicando confundimento entre o efeito de ambiente comum e genético aditivo. Na biometria 2, as estimativas de  $h^2$  apresentaram baixa a moderada magnitude e houve indícios de diluição do  $c^2$ . Foram identificados diferentes morfotipos, sendo que o único significativo (critério de KAISER) contrastava animais grandes e pesados de animais pequenos e leves. Tais resultados indicam que somente aos 12 meses não houve grande impacto do  $c^2$  e recomenda-se, em programas de melhoramento genético, a adoção de medidas que visam a redução desse efeito em juvenis. A análise de componentes principais evidenciou a possibilidade de seleção de morfotipos grandes e pesados, outras tendências importantes foram identificadas, porém com reduzida possibilidade de seleção na população estudada.

**Palavras-chave:** Ambiente comum, herdabilidade, morfometria geométrica, morfotipo, tambaqui.

## Abstract

To supply the need for programs of genetic studies of native fish as tambaqui, the second most produced fish in Brazil, it is necessary, among others, to evidence the possibilities of different characteristics selection of commercial interest within the populations. Therefore, the aim of the present study was to estimate heritability ( $h^2$ ) and the effect of common environment ( $c^2$ ) in tambaquis, considering the following characteristics: weight, standard length, height, areas of the head, loin, ribs, trunk and tambaqui band at different ages. Furthermore, the study aimed to evaluate the types presented in the population of a commercial program of ideal evaluation for the creation of animals in genetic improvement to avoid the misunderstanding between the common environment effect and the genetic effect. To achieve this, photographic records and weight of the animals and data from the genetic improvement population of Embrapa Pesca e Aquicultura were considered. The database contained 19 families of six full siblings, with 3,964 animals on the identification and with an average age of five months, 3,569 animals in biometrics 1, with an average of six months of age, and 3,273 animals in biometrics 2, with an average of twelve months of age. To estimate the variance components, the variance components  $h^2$  and  $c^2$  were performed with uni-characteristic forms, by Restricted Maximum Likelihood, using the animal model. The model adequacy test was according to the criteria of Akaike – AIC and the parameters of interest were obtained using the REMLF90 software. To identify the morphotypes of the population in biometrics 2, an analysis of the principal components was performed. In biometrics 1, in models with  $c^2$  insertion,  $h^2$  estimates were obtained that tended to zero and in models without  $c^2$  estimated that were close to 1, indicating a combination between the effect of common environment and additive genetics. In biometrics 2, the  $h^2$  estimates showed the low magnitude and the signs of  $c^2$  dilution. Different morphotypes were identified, the only one (KAISER criterion) contrasting large and heavy animals *versus* small and light animals. Such results indicate that only at 12 months there was no great impact of  $c^2$  and it is recommended, in genetic improvement programs, the adoption of measures aimed at reducing this effect in juveniles. A principal components analysis made possible of the selection of large and heavy animals. Other important tendencies were identified but with low selection possibility with the used population.

**Keywords:** Common environment, genetic morphometry, heritability, morphotype, tambaqui.

## 1. INTRODUÇÃO

A aquicultura é o setor da produção de alimentos de origem animal que mais cresce no mundo, superando o crescimento médio populacional desde o ano de 1961. Na América Latina, a produção mais expressiva é do Chile, porém o Brasil já se destaca por ser o oitavo maior produtor da piscicultura continental e o quarto que mais produz tilápia no mundo (FAO, 2020; PEIXE-BR, 2020).

Embora a produção brasileira de peixes já tenha destaque, o volume produzido atualmente de 802.930 t (PEIXE-BR, 2021) é baixo considerando as potencialidades do país. Um dos déficits ocorre na produção de espécies nativas, em partes, devido ao fato de que essas espécies são produzidas com base em material genético silvestre (RESENDE et al., 2010), não havendo nenhum programa de melhoramento genético estabelecido.

Ao decidir impulsionar a produção de peixes, investindo entre outros, no melhoramento genético, alguns pontos precisam ser definidos para o estabelecimento dos programas e sempre se atentando ao apelo econômico dos setores envolvidos. Entre esses pontos estão: a espécie a ser produzida e as características a serem selecionadas (RESENDE et al., 2010). Tratando-se da espécie, o tambaqui (*Colossoma macropomum*) é a candidata que mais se destaca, devido ao seu volume produtivo mais expressivo entre as espécies nativas (IBGE, 2018) e por atender a requisitos além do econômico, tais como possuir técnicas de reprodução em cativeiro bem estabelecidas (MORAIS; O'SULLIVAN, 2017).

Já, em relação as características a serem selecionadas, tem-se historicamente que a piscicultura em geral tem empenhado esforços para melhorar características de crescimento corporal (RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010) e nesse sentido, uma demanda atual indicada pela indústria de beneficiamento de pescado brasileira é a de melhorias nos rendimentos e na padronização dos cortes e por consequência, de morfotipos (PEDROZA; MELON; BERTOLINI, 2014). Com isso, características associadas à carcaça do animal passam a ser o foco de seleção.

Para que de fato a seleção das características de interesse ocorra, uma das etapas primordiais é a de estimação dos valores genéticos dos animais

candidatos. Estimação essa que na piscicultura comumente precisa considerar o efeito de ambiente comum, uma vez que a criação ocorre com a separação dos animais por família até que eles atinjam tamanho suficiente para marcação individual. Estudos demonstram que a não inclusão desse efeito no modelo pode gerar superestimações das respostas previstas, enquanto que a inclusão de um efeito de ambiente comum expressivo pode inviabilizar a seleção (ELER, 2017; GALLARDO, et al., 2010; GJEDREM; BARANSKI, 2009; RESENDE; PEREZ, 1999). Essas questões em relação ao efeito de ambiente comum alertam para a necessidade dos programas adotarem estratégias que evitem a ocorrência desse efeito ou o seu confundimento com o efeito genético.

Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho a estimação de parâmetros genéticos para peso e características morfométricas (comprimento padrão, altura e áreas da cabeça, do lombo, das costelas, do tronco e da banda) em diferentes idades para a espécie tambaqui considerando modelos ajustados com e sem os efeitos do ambiente comum. Objetivou-se ainda fazer recomendações voltadas para criação da espécie com base nos resultados obtidos e com foco no efeito de ambiente comum e na identificação de morfotipos do tambaqui em idade comercial para consumo.

## **2. MATERIAIS E MÉTODOS**

Para a realização deste trabalho, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária- EMBRAPA, unidade de Pesca e Aquicultura sediada em Palmas - Tocantins, cedeu informações referentes à criação de 4.837 tambaquis que compõem a sua população base para futuros programas de melhoramento genético. Visando a estruturação de uma população base diversa geneticamente, tais animais foram obtidos através de diferentes produtores de 5 estados brasileiros (Roraima, Rondônia, Mato Grosso, Tocantins e Amazonas). Esses produtores foram organizados para realizar a reprodução de forma sincronizada e durante os meses de janeiro e fevereiro de 2018, enviaram famílias de tambaquis para a unidade após 3 dias de eclosão das larvas.

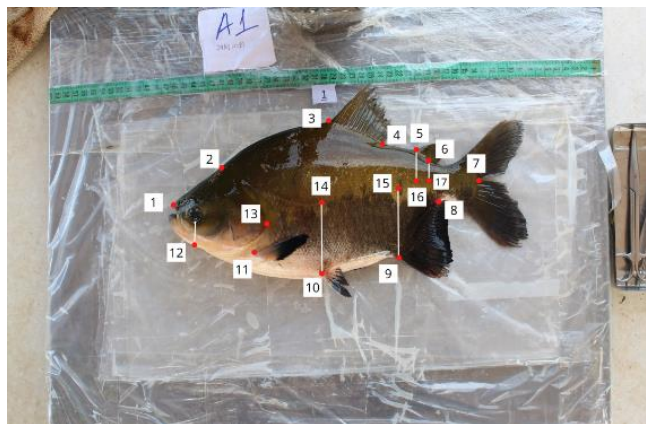
## 2.1. Descrição do banco de dados e controle de qualidade

Foram consideradas 19 famílias nascidas entre janeiro e fevereiro de 2018. A proporção utilizada de reprodutores e matrizes para gerar essas famílias foi de 1:1, não havendo meios-irmãos. Devido às limitações físicas estruturais, os animais só puderam ser identificados com PIT tags (*Passive Integrated Transponder*) nos meses de junho a julho do mesmo ano. No manejo de identificação (chipagem) houve aferição individual do peso corporal (PCH, média de  $98,49 \pm 37,01$  g) e só a partir daí as famílias passaram a ser criadas em ambiente coletivo, sendo realocadas em 4 viveiros escavados que continha representantes de todas elas. O número de animais por família era desconhecido e para padronização, buscou-se identificar 240 animais em cada uma. A seleção dos animais a serem identificados era aleatória e havia o descarte do excedente. Para famílias com menos que animais 240, todos eram identificados.

Duas famílias merecem destaque por apresentarem um total de apenas 42 e 81 animais no viveiro, indicando densidade inferior às demais e como consequência, o peso corporal médio foi de  $185 \pm 40,33$  e  $167 \pm 32,70$  g, respectivamente, valor superior à média supracitada das demais famílias. Somente uma família apresentou peso corporal muito inferior à média ( $58,23 \pm 8,97$  g), o número de animais identificados (240) estava muito abaixo do quantitativo presente no viveiro, indicando densidade superior às demais famílias.

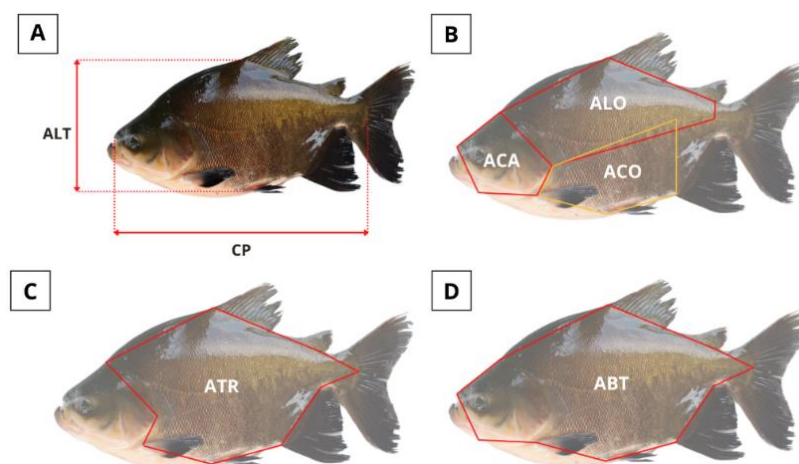
Nos meses de agosto de 2018 e janeiro de 2019 ocorreram a primeira e segunda biometria, respectivamente, nas quais os animais foram pesados e fotografados para posterior aferição das medidas morfométricas, que são área da cabeça – ACA, área do lombo – ALO, área das costelas – ACO, área do tronco – ATR, área da banda do tambaqui – ABT, altura do tronco – ALT e comprimento padrão – CP. A biometria 1, que ocorreu com os animais sendo criados durante 1 mês nas mesmas condições ambientais, foi considerada para obtenção do desempenho dos animais no tempo zero. Já a biometria 2, que ocorreu 5 meses após, foi planejada para analisar o desempenho dos animais com média próxima a 1 kg, que é correspondente ao que comercialmente é considerado para iniciar a despesca para abate.

A metodologia adotada para realizar as aferições nas fotografias foi a de morfometria geométrica e é descrita por TAKÁCS et al. (2016). Os *landmarks* fixados para obtenção das medidas são descritos na Figura 1.



**Figura 1.** Posição dos *landmarks* no peixe, linhas ilustrativas para indicar a orientação de fixação de LMs na linha lateral. 1 – extremidade da boca; 2- transição para a escama; 3 – base início da nadadeira dorsal; 4 – base final da nadadeira dorsal; 5 – base início da nadadeira adiposa; 6 – base final da nadadeira adiposa; 7 - extremidade do tronco; 8 – base final da nadadeira anal; 9 – base inicial da nadadeira anal; 10 – base da nadadeira pélvica; 11 – base da nadadeira peitoral; 12 – extremidade inferior da cabeça, LM alinhado com o centro do olho do peixe; 13 – extremidade do opérculo; 14 – linha lateral, alinhado com o LM 10; 15 – linha lateral, alinhado com o LM 9; 16 – linha lateral, alinhado com o LM 5; 17 – linha lateral, alinhado com o LM 6.

A posição de cada *landmark* foi escolhida verificando locais estratégicos que melhor abrangesse a área dos cortes comerciais e das estruturas corporais de interesse, além de serem escolhidos locais em que foi possível criar referências para a fixação, padronizando o máximo a posição de cada *landmark* em todos os peixes. Na figura 2, são indicadas as retas obtidas através de cada *landmark* e que permitiu a obtenção das medidas (representadas por polígonos) das características estudadas.



**Figura 2.** Mensurações morfométricas no tambaqui. Comprimento padrão – CP e altura – ALT (A); área da cabeça – ACA, área do lombo – ALO e área das costelas – ACO (B); área do tronco – ATR (C) e área da banda do tambaqui – ABT (D).

Na biometria 1, foram aferidos 4.252 animais, com idades entre 6 e 7 meses, já na biometria 2, foram avaliados 3.653 animais com idade entre 11 e 12 meses. A variação do número de animais em cada manejo ocorre devido a mortalidades, a impossibilidade de captura de 100% do lote com a rede de arrasto e porque na biometria 1, que ocorreu apenas 1 mês após a chipagem, foram desconsideradas das análises as 3 famílias supracitadas cujos pesos eram discrepantes em relação à média de peso considerando todas as famílias.

Na biometria 2, devido ao ganho compensatório e a maior padronização do ambiente de criação, as médias de todas as medidas, incluindo o peso, tenderam a se igualar, tornando possível a consideração dessas 3 famílias. Com o banco de dados estabelecido para cada biometria, foi utilizado o software R (R CORE TEAM, 2017) para verificação de normalidade dos resíduos, correção de inconsistências e exclusão de medidas cujo desvio padrão dos dados padronizados estava fora do intervalo de  $\pm 3,5$  desvios. Assim, um total de 3.569 e 3.273 animais na biometria 1 e biometria 2, respectivamente, foram considerados para as análises.

**Tabela 1.** Descrição, por manejo, da quantidade de animais avaliados e do peso médio em cada família.

| Fam <sup>1</sup> | Nº de animais |                 |                 | <sup>4</sup> Peso (g) |                |                   |
|------------------|---------------|-----------------|-----------------|-----------------------|----------------|-------------------|
|                  | Chipagem      | <sup>2</sup> B1 | <sup>3</sup> B2 | Chipagem              | B1             | B2                |
| 1                | 240           | 212             | 171             | 108,15 ± 19,75        | 212,13 ± 50,99 | 1.190,12 ± 307,52 |
| 2                | 240           | 220             | 215             | 92,51 ± 20,11         | 152,65 ± 38,14 | 1.101,39 ± 250,73 |
| 3                | 43            | -               | 23              | 185,00 ± 40,33        | -              | 1222,6 ± 213,60   |
| 4                | 240           | 201             | 200             | 108,15 ± 19,75        | 212,13 ± 50,99 | 1133,83 ± 286,61  |
| 5                | 240           | 214             | 174             | 109,80 ± 15,36        | 228,54 ± 42,28 | 1267,84 ± 348,38  |
| 6                | 240           | 219             | 165             | 86,95 ± 17,83         | 189,39 ± 39,50 | 1.175,00 ± 291,65 |
| 7                | 240           | 240             | 185             | 93,73 ± 13,28         | 191,00 ± 47,16 | 1.160,41 ± 272,18 |
| 8                | 240           | 230             | 182             | 92,24 ± 16,77         | 186,47 ± 42,86 | 1.283,23 ± 290,00 |
| 9                | 240           | 240             | 230             | 80,00 ± 9,29          | 172,03 ± 37,98 | 1.187,00 ± 294,18 |
| 10               | 81            | -               | 49              | 167,00 ± 32,70        | -              | 1120,29 ± 140,08  |
| 11               | 240           | -               | 175             | 58,23 ± 8,97          | -              | 1189,06 ± 280,75  |
| 12               | 240           | 200             | 168             | 110,99 ± 17,67        | 182,55 ± 39,54 | 1.100,00 ± 305,85 |
| 13               | 240           | 219             | 184             | 123,82 ± 16,22        | 194,00 ± 39,01 | 1.194,35 ± 292,82 |
| 14               | 240           | 216             | 166             | 91,30 ± 17,01         | 171,73 ± 39,23 | 1.071,06 ± 301,49 |
| 15               | 240           | 240             | 189             | 78,03 ± 10,91         | 184,58 ± 35,54 | 1.161,39 ± 278,49 |
| 16               | 240           | 237             | 170             | 78,84 ± 12,64         | 199,63 ± 39,16 | 1.300,76 ± 245,39 |
| 17               | 240           | 240             | 240             | 81,00 ± 10,85         | 180,62 ± 38,05 | 1.212,99 ± 266,91 |
| 18               | 240           | 240             | 195             | 109,94 ± 16,01        | 178,60 ± 45,00 | 1.141,78 ± 247,17 |
| 19               | 240           | 201             | 192             | 134,84 ± 16,34        | 226,04 ± 44,33 | 1.276,00 ± 281,72 |

<sup>1</sup>Famílias; <sup>2</sup>B1 e <sup>3</sup>B2= biometria 1 e biometria 2, respectivamente; <sup>4</sup>Média acompanhada do desvio padrão.

## 2.2 Estimativa da herdabilidade, dos componentes de variância e do efeito de ambiente comum

Para estimar os componentes de variância, a herdabilidade ( $h^2$ ) e o efeito de ambiente comum ( $c^2$ ), foi utilizado o modelo animal unicaracterístico que pode ser representado matricialmente como:

$$y = X\beta + Za + Wc + e$$

Sendo,  $y$  o vetor das observações fenotípicas,  $\beta$  o vetor dos efeitos fixos,  $a$  o vetor aleatório de efeitos genéticos aditivos,  $c$  o vetor aleatório do efeito de

ambiente comum de família,  $e$  o vetor de efeitos residuais e  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$ , são as matrizes de incidência de  $\boldsymbol{\beta}$ ,  $\boldsymbol{a}$  e  $\boldsymbol{c}$ , respectivamente. Assume-se que:

$\boldsymbol{a} \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$ , onde  $\mathbf{A}$  corresponde à matriz de parentesco e  $\sigma_a^2$  à variância genética aditiva;

$\boldsymbol{c} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_c^2)$ , no qual  $\mathbf{I}$  é uma matriz identidade e  $\sigma_c^2$  é a variância do efeito de ambiente comum;

$\boldsymbol{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ , sendo  $\sigma_e^2$  a variância residual.

Na biometria 1, foram considerados os efeitos fixos de viveiro escavado pós-chipagem e as covariáveis idade no manejo em questão e o PCH. Na biometria 2, os mesmos efeitos foram inseridos, sendo que o peso corporal considerado como covariável foi o P1. O modelo estatístico completo (1) e quatro modelos alternativos reduzidos (2-5) foram comparados utilizando o critério de Akaike – AIC (AKAIKE, 1974) e avaliando a significância dos efeitos fixos de acordo com sua magnitude e erro padrão respectivo. Os modelos considerados estão descritos na Tabela 1 e foram implementados utilizando o programa AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002).

**Tabela 2.** Descrição dos efeitos considerados nos diferentes modelos testados (1-5), além do animal e residual.

| Modelo | Efeitos |                    |                   |                |
|--------|---------|--------------------|-------------------|----------------|
|        | Viveiro | <sup>1</sup> Idade | <sup>2</sup> Peso | Ambiente Comum |
| 1      | ✓       | ✓                  | ✓                 | ✓              |
| 2      | ✓       | ✓                  |                   | ✓              |
| 3      | ✓       | ✓                  | ✓                 |                |
| 4      | ✓       |                    | ✓                 | ✓              |
| 5      | ✓       |                    | ✓                 |                |

<sup>1</sup>Idade do animal na biometria em questão e <sup>2</sup>Modelos na biometria 1 considera o peso na chipagem e modelos na biometria 2 consideram o peso referente à biometria 1.

### 2.3 Análises de componentes principais - PCA

Para a redução da dimensionalidade dos dados, e posterior averiguação de morfotipos presentes na população de tambaqui realizou-se, na biometria 2, a análise de componentes principais com o uso do software R e aplicando a função prcomp do pacote stats. Os dados utilizados foram os valores genéticos preditos

(EBVs) obtidos pelo modelo que mais se ajustou para 6 das 8 características, obtidas na biometria 2, sendo elas o  $P_2$ ,  $CP_2$ ,  $ALT_2$ ,  $ACA_2$ ,  $ALO_2$  e  $ACO_2$ , sendo que a ATR e ABT não foram consideradas para evitar multicolinearidade nos dados, tendo em vista que essas são características obtidas através da soma das demais. Em seguida, foi gerado um novo conjunto de variáveis não correlacionadas com distribuição normal, chamado de componentes principais (PCs). Cada PC quantifica uma parte da variação presente nas variáveis originais, explicando quais dessas variáveis mais contribuem para tal variação (EVERITT; HOTHORN, 2011).

Considerando que nem todos os PCs explicam uma variância significativa dos dados originais, é necessário que se escolha os mais adequados para se fazer interpretações biológicas ou análises subsequentes. Para isso, vários métodos estão descritos na literatura, entre eles o de KAISER (1958) que indica que somente PCs com autovalor superior a 1 devem ser considerados interpretáveis, e o de CATTELL (1966) que consiste na exclusão dos autovetores que estão distribuídos em linha reta no gráfico (*screen plot*), ou seja, após acentuada queda na linha. Considerando que os PCs estão dispostos em ordem decrescente dos autovalores, os que estão à esquerda da linha reta são considerados interpretáveis. Os dois métodos foram aplicados no presente trabalho para fins comparativos de resultados.

### **3. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **3.1 Estimativa da herdabilidade, dos componentes de variância e do efeito de ambiente comum**

Nas tabelas 2 (biometria 1) e 3 (biometria 2), são apresentadas as estimativas das herdabilidades e dos efeitos de ambiente comum com os respectivos desvios padrão, além dos componentes de variância para as diferentes características e modelos testados.

Ao tratar dos efeitos fixos considerados, tem-se que a correção por peso dos animais na identificação (PCH) foi relevante na biometria 1, pois em sete das oito características estudadas ( $P$ ,  $CP$ ,  $ALT$ ,  $ACA$ ,  $ALO$ ,  $ACO$  e  $ATR$ ), o modelo que menos se ajustou foi o 2, ao não incluir a correção para esse efeito. A relevância dessa correção pode ser explicada pela heterogeneidade do PCH,

com animais variando entre 62 e 180 g e é confirmada pela magnitude média desse efeito ser, em média, 28,46 vezes maior que o erro padrão da estimativa. Nos trabalhos de CAMPOS et al. (2020) com tambaqui e CARDOSO et al. (2021) com tilápia também foi adotada tal correção no modelo de maior ajuste.

De forma contrária, a covariável idade apresentou nos três modelos, menor magnitude que seu erro padrão e de acordo com o AIC, a sua inclusão não contribui para um melhor ajuste para seis das oito características. A falta de necessidade de correção para esse efeito para a maioria das características fenotípicas pode ser explicada pela baixa diferença de idades entre os animais, que foi no máximo de 24 dias.

**Tabela 3.** Estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ), efeitos de ambiente comum ( $c^2$ ) e componentes de variância para as características avaliadas na biometria 1.

| M <sup>1</sup> | CR  | $h^2$       | $c^2$       | $\sigma^2_a$ | $\sigma^2_c$ | $\sigma^2_e$ |
|----------------|-----|-------------|-------------|--------------|--------------|--------------|
| 1              | P   | 0,33 ± 0,11 | 0,23 ± 0,11 | 357,52       | 252,49       | 471,14       |
| 2              |     | 0,36 ± 0,11 | 0,21 ± 0,11 | 474,11       | 282,32       | 557,61       |
| 3              |     | 0,99 ± 0,00 | -           | 1.299,7      | -            | 0,30         |
| 4              |     | 0,32 ± 0,11 | 0,24 ± 0,98 | 349,89       | 256,49       | 475,27       |
| 5              |     | 0,99 ± 0,00 | -           | 1.305,8      | -            | 0,18         |
| 1              | CP  | 0,00 ± 0,00 | 0,38 ± 0,89 | 0,00         | 0,34         | 0,57         |
| 2              |     | 0,10 ± 0,08 | 0,31 ± 0,10 | 0,11         | 0,35         | 0,67         |
| 3              |     | 0,90 ± 0,08 | -           | 0,95         | -            | 0,11         |
| 4              |     | 0,00 ± 0,00 | 0,36 ± 0,09 | 0,00         | 0,33         | 0,57         |
| 5              |     | 0,90 ± 0,08 | -           | 0,95         | -            | 0,11         |
| 1              | ALT | 0,00 ± 0,00 | 0,43 ± 0,11 | 0,00         | 0,14         | 0,18         |
| 2              |     | 0,07 ± 0,08 | 0,40 ± 0,11 | 0,02         | 0,15         | 0,20         |
| 3              |     | 0,97 ± 0,07 | -           | 0,34         | -            | 0,01         |
| 4              |     | 0,00 ± 0,00 | 0,43 ± 0,10 | 0,00         | 0,13         | 0,18         |
| 5              |     | 0,99 ± 0,07 | -           | 0,35         | -            | 0,01         |
| 1              | ACA | 0,00 ± 0,00 | 0,28 ± 0,08 | 0,00         | 0,90         | 2,28         |
| 2              |     | 0,09 ± 0,07 | 0,29 ± 0,09 | 0,36         | 1,24         | 2,64         |
| 3              |     | 0,59 ± 0,09 | -           | 1,95         | -            | 1,34         |
| 4              |     | 0,00 ± 0,00 | 0,28 ± 0,07 | 0,00         | 0,87         | 2,28         |
| 5              |     | 0,62 ± 0,09 | -           | 2,06         | -            | 1,29         |

|   |     |             |             |        |        |        |
|---|-----|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| 1 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,39 ± 0,10 | 0,00   | 9,81   | 15,53  |
| 2 |     | 0,05 ± 0,06 | 0,38 ± 0,11 | 1,63   | 12,23  | 18,39  |
| 3 | ALO | 0,85 ± 0,08 | -           | 23,32  | -      | 4,09   |
| 4 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,38 ± 0,10 | 0,00   | 9,36   | 15,53  |
| 5 |     | 0,87 ± 0,08 | -           | 24,29  | -      | 3,69   |
| 1 |     | 0,08 ± 0,07 | 0,38 ± 0,11 | 0,83   | 4,15   | 5,86   |
| 2 |     | 0,02 ± 0,08 | 0,36 ± 0,10 | 0,27   | 4,35   | 7,29   |
| 3 | ACO | 1,00 ± 0,00 | -           | 12,753 | -      | 0,00   |
| 4 |     | 0,08 ± 0,07 | 0,38 ± 0,10 | 0,83   | 4,02   | 5,86   |
| 5 |     | 1,00 ± 0,00 | -           | 12,79  | -      | 0,00   |
| 1 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,42 ± 0,10 | 0,00   | 34,249 | 47,10  |
| 2 |     | 0,04 ± 0,06 | 0,39 ± 0,11 | 3,66   | 38,92  | 56,67  |
| 3 | ATR | 0,97 ± 0,07 | -           | 89,41  | -      | 2,82   |
| 4 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,41 ± 0,09 | 0,00   | 32,86  | 47,10  |
| 5 |     | 0,98 ± 0,07 | -           | 92,35  | -      | 1,59   |
| 1 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,44 ± 0,11 | 0,00   | 98,55  | 124,90 |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,44 ± 0,11 | 0,00   | 99,85  | 124,99 |
| 3 | ABT | 0,48 ± 0,07 | -           | 77,40  | -      | 84,91  |
| 4 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,46 ± 0,10 | 0,00   | 105,40 | 124,90 |
| 5 |     | 0,54 ± 0,07 | -           | 91,83  | -      | 77,16  |

<sup>1</sup>M: modelos; CR: características morfométricas referentes à biometria 1; P: peso; CP: comprimento padrão; ALT: altura; ACA: área da cabeça; ALO: área do lombo; ACO: área das costelas; ATR: área do tronco; ABT: área da banda do tambaqui.

Nota-se que na biometria 1, exceto para a característica P<sub>1</sub>, foram obtidas com os modelos 1, 2 e 4, estimativas de herdabilidade próximas a zero, sendo essas, subestimadas e que evidenciam um confundimento ao decompor os efeitos genético aditivo e de ambiente comum simultaneamente. Em contrapartida, para todas as características, as estimativas de h<sup>2</sup> obtidas pelos modelos 3 e 5, nos quais não houve inclusão do efeito de ambiente comum, tenderam a 1. Isso indica que foi atribuído à variação genética aditiva grande parte da variação fenotípica devido às diferenças ambientais pré-chipagem. O aumento da variância genética aditiva, e consequentemente da h<sup>2</sup>, quando ocorre a exclusão do efeito de ambiente comum no modelo foi relatada na piscicultura por diferentes estudos (ex.: GALLARDO; LHORENTE; NEIRA, 2010).

É evidente, portanto, a impossibilidade de considerar os resultados dos modelos que excluem o efeito de ambiente comum na tomada de decisões futuras como a seleção, mesmo esses modelos retornando estimativas de  $h^2$  mais altas e mesmo se apresentassem o melhor ajuste (AIC). Isso se deve à alta dimensão captada para o efeito de ambiente comum, que de acordo com ELER (2017), precisa ser considerado no modelo, pois as semelhanças entre os parentes passam a não ocorrer apenas em função do componente genético, mas também das condições ambientais que foram distintas para cada família.

A alta contribuição do efeito de ambiente comum na expressão fenotípica dos animais e que impossibilitou a correta decomposição entre ele e a variância genética, mesmo nos modelos que mais se ajustaram (M1- ABT; M4- CP, ALT, ACA, ALO, ACO e ATR), foi resultado aqui, da exposição dos animais a ambientes distintos e por um longo período. Somado a isso, tem-se ainda em tais modelos, juntamente com o M2, a incapacidade das variáveis que compõem o banco de dados de explicar eficientemente grande parte das fontes de variações ambientais, visto que a variância residual foi maior que a variância de ambiente comum e genética aditiva.

Os altos valores apresentados para  $c^2$  na tabela 2, juntamente com os relatados por CAMPOS et al. (2020) para peso ( $c^2$  0,85 e  $h^2$  0,10) e comprimento total ( $c^2$  0,73 e  $h^2$  0,19) de tambaquis no momento da identificação (peso médio de 9 g) indicam que a dificuldade em decompor os efeitos pode ser também devido a um curto ou nenhum período de criação coletiva. Identificar os animais e iniciar a criação coletiva com eles jovens foi suficiente para que os autores, ao avaliarem a mesma população aos 6 meses de vida (similar à biometria 1), obtivessem estimativas de herdabilidades mais altas, 0,71 e 0,68 para peso e altura, respectivamente e  $c^2$  mais baixos, de 0,06 a 0,10.

Também para idade similar à da biometria 1, menores  $c^2$  foram apresentados para tilápias, porém a identificação dos animais também ocorreu mais cedo, a partir das 12 g, evidenciando menor tempo de criação separada das famílias. As características estudadas foram comprimento ( $c^2=0,08$ ) e altura ( $c^2=0,12$ ), ambas com estimativas da  $h^2$  de 0,14. (KUNITA et al., 2013).

Tais resultados reforçam que a criação de famílias para programas de melhoramento genético na piscicultura exige esforços visando reduzir os efeitos de ambiente comum, tais como padronizar ao máximo o ambiente de cultivo entre as famílias e prolongar o período de criação coletiva por meio, por exemplo, da marcação (chipagem) de animais mais jovens (THODESEN et al., 2011). Reduzindo, dessa forma, a importância do efeito de ambiente comum e a chance de obtenção de estimativas de herdabilidade viesadas (VANDEPUTTE, 2003).

De forma a evitar que seja gerado o efeito de ambiente comum na criação dos animais, uma alternativa é a utilização de marcadores moleculares, técnica que permite a identificação e reconstituição do parentesco de cada animal e, com isso, a criação coletiva das famílias antes mesmo que ocorra a identificação dos indivíduos (KOCOUR et al., 2007). Na impossibilidade de evitar o efeito de ambiente comum e esse sendo expressivo, caso a população seja caracterizada por um grande número de famílias e de indivíduos por família, uma alternativa para viabilizar o programa de melhoramento genético é a realização de seleção dentro de família (VILLANUEVA; WOOLLIAMS, 1997).

**Tabela 4.** Estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ), efeitos de ambiente comum ( $c^2$ ) e componentes de variância para as características avaliadas na biometria 2.

| M <sup>1</sup> | CR  | $h^2$       | $c^2$       | $\sigma^2_a$ | $\sigma^2_c$ | $\sigma^2_e$ |
|----------------|-----|-------------|-------------|--------------|--------------|--------------|
| 1              | P   | 0,19 ± 0,12 | 0,10 ± 0,68 | 0,00         | 0,00         | 0,01         |
| 2              |     | 0,00 ± 0,00 | 0,30 ± 0,86 | 0,00         | 0,01         | 0,02         |
| 3              |     | 0,42 ± 0,10 | -           | 0,00         | -            | 0,01         |
| 4              |     | 0,18 ± 0,11 | 0,10 ± 0,06 | 0,00         | 0,00         | 0,01         |
| 5              |     | 0,43 ± 0,10 | -           | 0,00         | -            | 0,01         |
| 1              | CP  | 0,31 ± 0,11 | 0,05 ± 0,05 | 0,50         | 0,07         | 1,03         |
| 2              |     | 0,00 ± 0,12 | 0,25 ± 0,09 | 0,01         | 0,66         | 2,03         |
| 3              |     | 0,40 ± 0,10 | -           | 0,65         | -            | 0,96         |
| 4              |     | 0,31 ± 0,11 | 0,04 ± 0,04 | 0,49         | 0,06         | 1,05         |
| 5              |     | 0,39 ± 0,10 | -           | 0,63         | -            | 0,98         |
| 1              | ALT | 0,23 ± 0,12 | 0,23 ± 0,10 | 0,14         | 0,14         | 0,34         |
| 2              |     | 0,01 ± 0,10 | 0,39 ± 0,11 | 0,01         | 0,38         | 0,59         |
| 3              |     | 0,83 ± 0,09 | -           | 0,58         | -            | 0,12         |
| 4              |     | 0,23 ± 0,12 | 0,22 ± 0,10 | 0,14         | 0,13         | 0,34         |

|   |     |             |             |        |        |        |
|---|-----|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| 5 |     | 0,83 ± 0,09 | -           | 0,58   | -      | 0,12   |
| 1 |     | 0,22 ± 0,12 | 0,03 ± 0,05 | 3,65   | 0,48   | 12,40  |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,27 ± 0,08 | 0,00   | 6,79   | 18,46  |
| 3 | ACA | 0,28 ± 0,08 | -           | 4,70   | -      | 11,83  |
| 4 |     | 0,15 ± 0,12 | 0,06 ± 0,05 | 2,47   | 1,07   | 13,04  |
| 5 |     | 0,35 ± 0,09 | -           | 5,89   | -      | 11,19  |
| 1 |     | 0,01 ± 0,12 | 0,12 ± 0,06 | 2,01   | 17     | 124,49 |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,28 ± 0,08 | 0,00   | 72,37  | 183,5  |
| 3 |     | 0,33 ± 0,10 | -           | 50,26  | -      | 100,5  |
| 4 | ALO | 0,01 ± 0,11 | 0,11 ± 0,06 | 1,59   | 15,87  | 124,7  |
| 5 |     | 0,33 ± 0,10 | -           | 50,12  | -      | 100,6  |
| 1 |     | 0,00 ± 0,12 | 0,22 ± 0,09 | 0,17   | 17,57  | 62,99  |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,30 ± 0,09 | 0,00   | 37,50  | 87,07  |
| 3 | ACO | 0,47 ± 0,98 | -           | 39,08  | -      | 43,56  |
| 4 |     | 0,00 ± 0,12 | 0,21 ± 0,08 | 0,34   | 16,50  | 62,89  |
| 5 |     | 0,47 ± 0,10 | -           | 38,31  | -      | 43,98  |
| 1 |     | 0,15 ± 0,12 | 0,14 ± 0,07 | 73,21  | 68,93  | 349,7  |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,32 ± 0,09 | 0,01   | 274,2  | 594,5  |
| 3 | ATR | 0,53 ± 0,10 | -           | 276,33 | -      | 248,2  |
| 4 |     | 0,15 ± 0,12 | 0,13 ± 0,07 | 70,92  | 63,38  | 351,0  |
| 5 |     | 0,52 ± 0,10 | -           | 276,56 | -      | 249,7  |
| 1 |     | 0,19 ± 0,12 | 0,12 ± 0,07 | 437,11 | 77,58  | 437,1  |
| 2 |     | 0,00 ± 0,00 | 0,32 ± 0,09 | 0,00   | 359,42 | 769,3  |
| 3 | ABT | 0,51 ± 0,10 | -           | 339,63 | -      | 326,3  |
| 4 |     | 0,18 ± 0,12 | 0,11 ± 0,07 | 113,96 | 71,73  | 439,4  |
| 5 |     | 0,51 ± 0,10 | -           | 341,85 | -      | 325,0  |

<sup>1</sup>M: modelos; CR: características morfométricas obtidas na biometria 2; P: Peso; CP: Comprimento Padrão; ALT: Altura; ACA: Área da Cabeça; ALO: Área do Lombo; ACO: Área das Costelas; ATR: Área do Tronco e ABT: Área da Banda do Tambaqui.

Na biometria 2 (tabela 3), os efeitos de ambiente comum e genético aditivo foram melhor decompostos do que na biometria 1, uma vez que através dos modelos 1 e 4, obteve-se estimativas de  $h^2$  mais plausíveis. O modelo 2, que também inclui tais efeitos, foi o único em que a estimativa da variância genética aditiva foi menor do que a variância do ambiente comum, fazendo com que as estimativas de  $h^2$  fossem próximas de zero e demonstrando que considerar o peso na biometria 1 (P1) como covariável no modelo para as características

avaliadas na biometria 2 auxiliou a evitar o confundimento entre os efeitos de ambiente comum e genético aditivo.

Mesmo com estimativas da  $h^2$  mais condizentes com a literatura ao não considerar o efeito de ambiente comum nos modelos, a inclusão desse efeito continuou a ser necessária de acordo com o AIC. Tal inclusão de acordo com GALLARDO et al. (2010), em um estudo com salmão coho em fase de despesca, evita não só uma superestimação da resposta prevista, mas também que a avaliação genética seja afetada, uma vez que os autores notaram que a não inclusão resultou em alteração na classificação dos animais com base no valor genético.

Os resultados obtidos pelos modelos que mais se ajustam à cada característica (M1- ATR, ABT e M4- P, CP, ALT, ACA, ALO e ACO), além de indicarem a possibilidade de resposta à seleção, são condizentes com os encontrados por Cardoso et al. (2021). Eles trabalharam com medidas obtidas em imagens de tilápias com idade e tempo de criação coletiva similares à biometria 2, sendo a  $h^2$  e  $c^2$  apresentadas pelos autores de, respectivamente, 0,25 e 0,10 para peso, 0,26 e 0,12 para área da cabeça e 0,11 e 0,23 para área do tronco. Condizem também com o obtido por PERAZZA et al. (2019) ao estimar para tambaquis, com idades entre 8 e 21 meses, a  $h^2$  para peso, altura, comprimento padrão, comprimento e altura da cabeça encontradas pelos autores para essas idades ficaram ente 0,26 - 0,49, 0,41 - 0,20, 0,37 - 0,19, 0,11 - 0,10 e 0,30 - 0,15, respectivamente.

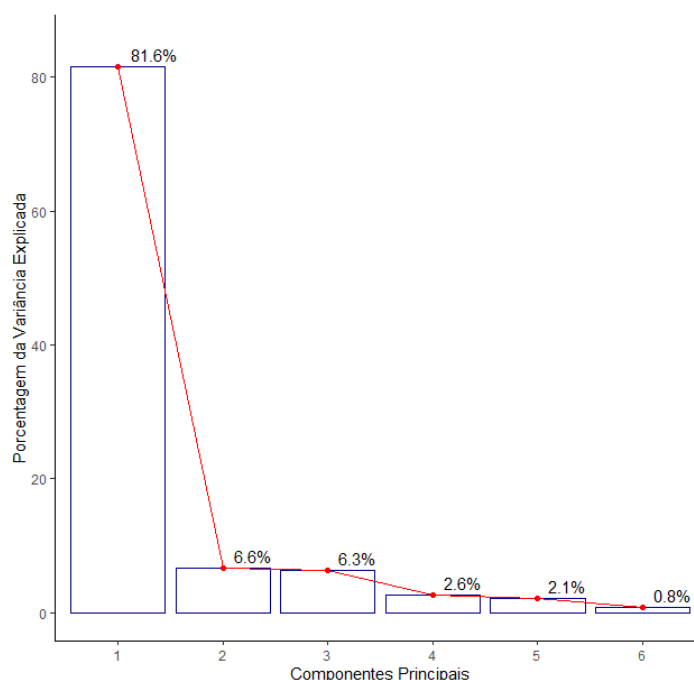
A diluição do efeito de ambiente comum no decorrer do tempo, assim como ocorreu no presente trabalho, foi relatada por GUAN et al. (2016), que atribui ao longo período de criação conjunta a baixa estimativa de  $c^2$  (0,07 a 0,20) para as características de peso e comprimento corporal na despesca do linguado. Já, para o tambaqui aos 12 meses de criação, CAMPOS et al. (2020) identificaram que para as características de peso ( $h^2$  0,81), altura ( $h^2$  0,63) e comprimento padrão ( $h^2$  0,72) não houve a necessidade da inclusão do efeito de ambiente comum no modelo animal, de forma contrária aos modelos utilizados pelos autores para as mesmas características aos 6 meses de criação.

Para as características de área corporal que representam cortes comerciais, notou-se uma carência na literatura de trabalhos que investiguem suas estimativas de parâmetros genéticos na piscicultura, sendo esse ao nosso conhecimento, o primeiro trabalho a estimar os parâmetros genéticos de medidas morfométricas associadas à cortes comerciais obtidas em imagens fotográficas para tambaqui.

### 3.2 Análises de componentes principais - PCA

Os autovalores obtidos variaram de 0,05 a 4,90, sendo que somente o PC1 apresentou autovalor superior a 1. Os PCs 2 e 3 obtiveram autovalores de 0,40 e 0,38, respectivamente. Como pode ser observado (Figura 1), 81,6% da variância original dos dados é explicada pelo PC1 e de acordo com o critério de KAISER (1958), somente ele foi significativo e deve ser considerado para interpretação.

A linha que representa os autovalores na Figura 1 tende a ser reta a partir do segundo PC, porém apresenta outra queda com nova tendência retilínea no PC4. Dessa forma, os PCs 1 a 3 seriam considerados relevantes pela metodologia de CATTELL (1966).



**Figura 1.** Screen plot para a análise de componentes principais dos dados padronizados evidenciando a porcentagem da variância explicada por cada PC.

A interpretação biológica dos PCs é feita avaliando os coeficientes de cada autovetor (Tabela 4), sendo que para o PC1 os coeficientes de todas as características apresentam magnitude semelhante, indicando que este componente discrimina basicamente peixes grandes e pesados de peixes pequenos e leves, isto é, o PC1 discrimina os peixes quanto ao peso e tamanho.

**Tabela 5.** Autovetores obtidos para os componentes principais e seus respectivos coeficientes.

| Características | Autovetor |       |       |       |       |       |
|-----------------|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|
|                 | PC1       | PC2   | PC3   | PC4   | PC5   | PC6   |
| <b>P</b>        | -0,43     | 0,08  | -0,05 | -0,01 | -0,89 | 0,11  |
| <b>CP</b>       | -0,40     | 0,21  | -0,63 | 0,24  | 0,31  | 0,49  |
| <b>ALT</b>      | -0,41     | 0,12  | 0,63  | -0,40 | 0,23  | 0,47  |
| <b>ACA</b>      | -0,37     | -0,89 | 0,07  | 0,23  | 0,09  | -0,02 |
| <b>ACO</b>      | -0,42     | 0,02  | 0,32  | -0,62 | 0,16  | -0,56 |
| <b>ALO</b>      | -0,41     | 0,37  | 0,32  | 0,59  | 0,15  | -0,46 |

O PC2, que explicou 6,6% da variação dos dados, apresentou coeficientes que discriminam peixe de maior comprimento padrão e área de lombo e menor área de cabeça e vice-versa, indicando possibilidade de seleção para um morfotipo com menor área da cabeça. Por sua vez, o PC3, que explicou 6,3% da variação original, apresentou coeficientes contrastantes para comprimento padrão e altura discriminando, portanto, um morfotipo mais comprido de um morfotipo mais redondo, semelhantemente ao que foi identificado para o Pacu no segundo PC (autovalor de 1,5 e 19% da proporção da variância) por FREITAS et al. (2021). Cabe salientar que embora o PC2 e o PC3 apresentem interpretação biológica de interesse comercial, os mesmos explicaram baixa variabilidade dos dados originais, sugerindo reduzida oportunidade de seleção para alteração de morfotipo no tambaqui. Ainda assim, recomenda-se a condução de novos estudos considerando um maior volume de dados para confirmar este resultado.

#### 4. CONCLUSÃO

Os parâmetros genéticos demonstraram oportunidade de seleção e ganhos genéticos para as características morfométricas com os animais apresentando entre 11 e 12 meses. Para a idade de 6 a 7 meses, os parâmetros estimados indicaram um grande impacto do efeito de ambiente comum. Em ambas as idades, a não inclusão do efeito de ambiente comum pode superestimar as estimativas de herdabilidade. Diante disso, recomenda-se maior controle do ambiente comum de famílias, principalmente, quando o objetivo do programa é melhorar características morfométricas em juvenis. Além de que, havendo a possibilidade, sejam adotadas ferramentas que excluam a necessidade de criar as famílias separadamente até o momento da identificação, como a técnica de marcadores moleculares para a reconstituição do pedigree.

Na análise de componentes principais, o primeiro PC revela a possibilidade de seleção para morfotipos grandes e pesados. Os demais PCs indicam tendências morfotípicas importantes para a espécie, porém com reduzida possibilidade de seleção na população estudada.

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

AKAIKE, H. A New Look at the Statistical Model Identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, [S. l.], v. 19, n. 6, p. 716–723, 1974. DOI: 10.1109/TAC.1974.1100705.

BORGHETTI, N. R. B.; OSTRENSKY, A.; BORGHETTI, J. R. Aquicultura, uma visão geral sobre a produção de organismos aquáticos no Brasil e no mundo. Curitiba.

CAMPOS, E. C.; OLIVEIRA, C. A. L.; ARAÚJO, F. C. T.; TODESCO, H.; SOUZA, F. N.; ROSSI, R. M.; FORNARI, D. C.; RIBEIRO, R. P. Genetic parameters and response to selection for growth in tambaqui. *Animal*, [S. l.], v. 14, n. 9, p. 1777–1785, 2020. DOI: 10.1017/S1751731120000488. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731120000488>.

CARDOSO, A. J. S.; OLIVEIRA, C. A. L.; CAMPOS, E. C.; RIBEIRO, R. P.; ASSIS, G. J. F.; SILVA, F. F. Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, [S. l.], v. 138, n. 6, p. 731–738, 2021. DOI: 10.1111/jbg.12551.

CATTELL, R. The Scree Test for the number of factors. *Multivariate Behavioral Research*. *Multivariate Behavioral Research*. 1, [S. l.], v. 1, n. August, p. 116–141, 1966. DOI: 10.1207/s15327906mbr0102.

EVERITT, B.; HOTHORN, T. An Introduction to Applied Multivariate Analysis with R - 4 Multidimensional Scaling. [s.l.: s.n.]. Disponível em: [https://books.google.com.hk/books?hl=en&lr=&id=BB51TWe94EwC&oi=fnd&pg=PR3&dq=An+introduction+to+applied+multivariate+analysis+with+R&ots=BQyIFMjOAV&sig=L3Z7eadluUWLVjaX4gIf-S-OMXQ&redir\\_esc=y#v=onepage&q=An+introduction+to+applied+multivariate+analysis+wi](https://books.google.com.hk/books?hl=en&lr=&id=BB51TWe94EwC&oi=fnd&pg=PR3&dq=An+introduction+to+applied+multivariate+analysis+with+R&ots=BQyIFMjOAV&sig=L3Z7eadluUWLVjaX4gIf-S-OMXQ&redir_esc=y#v=onepage&q=An+introduction+to+applied+multivariate+analysis+wi).

FAO. El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2020. [s.l.] : FAO, 2020. DOI: 10.4060/ca9229es. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2013.01.032%0Ahttp://dx.doi.org/10.1016/j.tws.2012.02.007%0Ahttp://www.fao.org/publications/es>.

FREITAS, M. V.; LIRA, L. V. G.; ARIEDE, R. B.; AGUDELO, J. F. G.; OLIVEIRA NETO, R. R.; BORGES, C. H. S.; MASTROCHIRICO-FILHO, V. A.; GARCIA-NETO, B. F.; CARVALHEIRO, R.; HASHIMOTO, D. Genotype by environment interaction and genetic parameters for growth traits in the Neotropical fish pacu (*Piaractus mesopotamicus*). *Aquaculture*, [S. l.], v. 530, n. September 2020, p. 735933, 2021. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2020.735933. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0044848620315908>.

GALLARDO, J. A.; LHORENTE, J. P.; NEIRA, R. The consequences of including non-additive effects on the genetic evaluation of harvest body weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). *Genetics Selection Evolution*, [S. l.], v. 42, n. 1, 2010. DOI: 10.1186/1297-9686-42-19.

GUAN, J.; HU, Y.; WANG, M.; WANG, W.; KONG, J.; LUAN, S. Estimating genetic parameters and genotype-by-environment interactions in body traits of

turbot in two different rearing environments. *Aquaculture*, [S. l.], v. 450, p. 321–327, 2016. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2015.08.014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2015.08.014>.

IBGE. Produção da Pecuária Municipal 2018. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=784>>. Acesso em: 8 de setembro de 2020.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika*, [S. l.], v. 23, n. 3, p. 187–200, 1958. DOI: 10.1007/BF02289233.

KOCOUR, M.; MAUGER, S.; RODINA, M.; GELA, D.; LINHART, O.; VANDEPUTTE, M. Heritability estimates for processing and quality traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) using a molecular pedigree. *Aquaculture*, [S. l.], v. 270, n. 1–4, p. 43–50, 2007. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2007.03.001.

KUNITA, N. M.; OLIVEIRA, C. A. L.; OLIVEIRA, S. N.; YOSHIDA, G. M.; RIZZATO, G. S.; RESENDE, E. K.; RIBEIRO, R. P. Avaliação genética de características morfométricas em tilápias do nilo cultivadas. *Archivos de Zootecnia*, [S. l.], v. 62, n. 240, p. 555–566, 2013. DOI: 10.21071/az.v62i240.626.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. BLUPF90 AND RELATED PROGRAMS (BGF90). 7<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, [S. l.], 2002.

MORAIS, I. S.; O’SULLIVAN, F. L. A. Biologia, habitat e cultivo do tambaqui *Colossoma macropomum* (CUVIER, 1816). *Scientia Amazonia*, [S. l.], p. 81–93, 2017. Disponível em: <https://www.scientia-amazonia.org>.

PEDROZA, M.; MELON, R.; BERTOLINI, B. Diagnóstico da cadeia produtiva da piscicultura no estado de Tocantins. [S. l.], n. February 2015, 2014.

PEIXE-BR. Anuário da Piscicultura 2020. Associação Brasileira de Piscicultura, [S. l.], v. 1, p. 1–136, 2020.

PERAZZA, C. A.; FERRAZ, J. B. S.; ALMEIDA-VAL, V. M. F.; HILSDORF, A. W. S. Genetic parameters for loin eye area and other body traits of an important Neotropical aquaculture species, *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818). *Aquaculture Research*, [S. l.], v. 50, n. 10, p. 2907–2916, 2019. DOI: 10.1111/are.14245. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/are.14245>.

R CORE TEAM. A language and environment for statistical computing. R Foundation For Statistical Computing, Vienna, 2017.

REIS, E. Estatística multivariada aplicada. Lisboa, 1997.

REIS NETO, R. V.; FREITAS, R. T. F.; SERAFINI, M. A.; COSTA, A. C.; FREATO, T. A.; ROSA, P. V.; ALLAMAN, I. B. Interrelationships between morphometric variables and rounded fish body yields evaluated by path analysis. *Revista Brasileira de Zootecnia*, [S. l.], v. 41, n. 7, p. 1576–1582, 2012. DOI: 10.1590/S1516-35982012000700004. Disponível em: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tling=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tling=en).

RESENDE, E. K.; OLIVEIRA, C. A. L.; LEGAT, A. P.; RIBEIRO, R. P. Melhoramento Animal no Brasil: Uma visão Crítica Espécies Aquáticas. SBMA, [S. l.], p. 11, 2010.

RYE, M.; GJERDE, B.; GJEDREM, T. Genetic improvement programs for aquaculture species. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, [S. l.], n. August, 2010.

TAKÁCS, P.; VITÁL, Z.; FERINCZ, Á.; STASZNY, Á. Repeatability, Reproducibility, Separative Power and Subjectivity of Different Fish Morphometric Analysis Methods. PLOS ONE, [S. l.], v. 11, n. 6, p. e0157890, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0157890. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0157890>.

THODESEN, J.; RYE, M.; WANG, Y.; YANG, K.; BENTSEN, H. B.; GJEDREM, T. Genetic improvement of tilapias in China: Genetic parameters and selection responses in growth of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) after six generations of multi-trait selection for growth and fillet yield. Aquaculture, [S. l.], v. 322–323, p. 51–64, 2011. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2011.10.010. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2011.10.010>.

VANDEPUTTE, M. Selective breeding of quantitative traits in the common carp (*Cyprinus carpio*): A review. Aquatic Living Resources, [S. l.], v. 16, n. 5, p. 399–407, 2003. DOI: 10.1016/S0990-7440(03)00056-1.

VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. Optimization of breeding programmes under index selection and constrained inbreeding. Genetical Research, [S. l.], v. 69, n. 2, p. 145–158, 1997. DOI: 10.1017/S0016672397002656.

## CAPÍTULO 2

### Técnicas computacionais de análise de imagem para obtenção de medidas morfométricas em tambaqui (*Colossoma macropomum*).

#### Resumo

As espécies nativas brasileiras carecem de programas de melhoramento genético e a piscicultura, de forma geral, necessita de ferramentas que auxiliem na obtenção de medidas corporais. Com isso, o objetivo com o presente trabalho foi obter medidas corporais do tambaqui, por meio da morfometria geométrica (MG) e da segmentação manual (SM), comparando suas etapas metodológicas e resultados obtidos, além de identificar os critérios que devem ser seguidos para obtenção otimizada das imagens e avaliar os resultados obtidos por meio da segmentação manual, visando o uso das imagens segmentadas para compor um banco de dados para estudos futuros envolvendo treinamento de redes neurais. Foram considerados 400 animais (com média de 12 meses de idade,  $1,06 \pm 0,16$  kg e todos com registro fotográfico) que compõem a população base para futuros programas de melhoramento genético da Embrapa Pesca e Aquicultura. As características mensuradas nas duas metodologias foram: área da cabeça (ACA), área do tronco (ATR), comprimento padrão (CP), altura do tronco (ALT), altura da cabeça (ALTCA) e comprimento da cabeça (CCA). Para aplicação da MG foram utilizados softwares para fixação de *landmarks*, e por fim, o Excel para transformação das coordenadas e obtenção das medidas. Já para a SM, além de softwares que permitiram a segmentação foi necessário a elaboração de um algoritmo em Python para converter pixels em medidas de interesse. Avaliando-se as metodologias para obtenção de medidas, tem-se que ambas retornam resultados condizentes com a literatura, sendo que a SM é mais precisa devido a todos os pixels estarem associados à uma classe, evidenciando um melhor contorno do corpo do animal. A SM também é a metodologia que apresenta maiores possibilidades de automatização nos estudos morfométricos, adotando-se o uso, por exemplo, de redes neurais. A MG se destaca ao permitir estudo de medidas que não possuem bordas visíveis à olho nu e facilidade de obtenção. Para obter as medidas, recomenda-se, principalmente, controle de luminosidade, presença de objeto de medida conhecida, *background* de cor contrastante com o peixe e padronização da posição e localização do mesmo na foto. Conclui-se, portanto, que na obtenção das medidas, nenhuma metodologia se sobrepõe a outra, tendo-se então, que cada método se ajusta à diferentes objetivos. Os resultados obtidos com as imagens segmentadas manualmente indicam que essas podem vir a compor um banco de imagens para testes futuros de automatização e com potencial inclusive de atender a objetivos que extrapolam as medições corporais. As recomendações para obtenção dos registros fotográficos se tratam de maior controle de variação devido à fatores externos e padronização dos componentes (objetos e animal) na foto em relação a posição e localização.

**Palavras-chave:** Medidas corporais, melhoramento genético, morfometria geométrica, segmentação manual, tambaqui.

## Abstract

Brazilian native species lack genetic improvement programs and fish farming, in general, needs tools that help obtaining body measurements. Thus, the aim of this study was to obtain body measurements of tambaqui, through geometric morphometry (MG) and manual segmentation (SM), comparing their methodological steps and results obtained, in addition to identifying the criteria that must be followed to obtaining optimized images and evaluating the results through manual segmentation, to use the segmented images in order to compose a database for future studies involving neural network training. We evaluated 400 animals (mean age 12 months, weight of  $1.06 \pm 0.16$  kg and all with photographic records) that compound the base population for future genetic improvement programs of Embrapa Pesca e Aquicultura. The variables measured in the two methodologies were: head area (ACA), trunk area (ATR), standard length (CP), trunk height (ALT), head height (ALTCA) and head length (CCA). To apply the MG, a software was used to fix landmarks, and finally, excel was used to transform the coordinates and obtain the measurements. For MG, in addition to software that allowed segmentation, it was necessary to develop an algorithm in Python to convert pixels into measures of interest. Evaluating the methodologies to obtaining measurements, both had results consistent with the literature, and the SM was more accurate because all pixels are associated with a class, evidencing a better contour of the body of the animal. The SM is also the methodology that presents greater possibilities of automation in morphometric studies, adopting its use, for example, on neural networks. MG stands out as it allows the study of measurements that do not have edges visible to the naked eye and is easy to obtain. To obtain the measurements, it is recommended, mainly, luminosity control, presence of an object of known measurement, background with a contrasting color comparing to the fish and standardization of its position and location in the photo. It is concluded, therefore, that in obtaining the measures, no methodology was better than the other, instead, each method fits to different goals. The results obtained with the manually segmented images indicate that these can come to compose an image bank for future automation tests and with the potential to meet objectives that go beyond body measurements. Recommendations for obtaining photographic records are about greater control of variation due to external factors and standardization of components (objects and animal) in the photo in relation to position and location.

**Keywords:** Body measurements, genetic improvement, geometric morphometry, manual segmentation, tambaqui.

## 1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético é um dos principais responsáveis pelo aumento de produtividade, tanto em cadeias vegetais quanto animais (BORGHETTI; OSTRENSKY; BORGHETTI, 2003). Na piscicultura, já existem programas de sucesso, como para o salmão e para a tilápia. Apesar disso, a porção de peixes geneticamente melhorados e que estão disponíveis para o mercado consumidor mundial é menor que 10% (RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010). A piscicultura é a maior responsável por suprir a demanda crescente de pescado no mundo (FAO, 2020), justificando a necessidade de maiores investimentos em programas de melhoramento genético para aumentar a produção.

Em programas já existentes, independente da espécie, as características de crescimento como o peso corporal e comprimento são as mais consideradas (RYE; GJERDE; GJEDREM, 2010). No geral, elas são estudadas pelo método tradicional de biometria, que na aferição das medidas utiliza paquímetros e balanças (MORO, 2014). Um dos pontos negativos desse método é o estresse gerado ao animal, que pode reduzir o desempenho dos mesmos e até causar mortalidade (FERNANDES et al., 2020). Além disso, o método tradicional não permite a obtenção de áreas do corpo e de cortes comerciais, que de acordo com CARDOSO et al. (2021) apresentam um grande potencial para o melhoramento genético.

As limitações do método tradicional de medição, tais como as citadas, indicam a necessidade de estudos com o intuito de criação e aprimoramento de metodologias, como exemplo, as aferições métricas baseadas em imagens digitais para obtenção de medidas corporais em peixes. Ao trabalhar com imagens, além de aumentar o quantitativo de características passíveis de serem estudadas, tem-se também como benefício para o melhoramento genético a estimação de rendimentos de cortes e de carcaças sem o abate do animal. Como benefício para toda a cadeia, destaca-se a melhoria da fração comestível do peixe (DIODATTI, 2006; VANDEPUTTE et al., 2017). Entre as metodologias disponíveis para estudar a morfometria do peixe com imagens tem-se a morfometria geométrica e a segmentação manual.

O termo morfometria indica o estudo quantitativo da forma e tamanho dos organismos (MONTEIRO; REIS, 1999). Tratando-se da morfometria geométrica, TAKÁCS et al. (2016) a define como um método baseado na obtenção de distâncias entre coordenadas de pontos anatômicos morfológicos – *landmarks*. Essa metodologia, diferentemente da morfometria clássica (biometria), permite não só a obtenção de medidas lineares como comprimentos e larguras, mas passa a ser mais eficiente por sua capacidade de captar toda informação relacionada à forma dos organismos (ROLFH; MARCUS, 1993). Na literatura, já se observa a aplicação da morfometria geométrica em peixes, como no estudo de VANDEPUTTE et al., (2017), cujo objetivo era prever o rendimento de filé e da carcaça através das medidas corporais do robalo europeu para posterior utilização em programas de melhoramento genético.

Já a segmentação de imagens, apontada como a etapa mais importante da visão computacional (ZHAO et al., 2019), é definida por JAIN (1989) como a decomposição de uma imagem em seus diversos segmentos. Quando realizada por redes neurais supervisionadas, o sucesso da segmentação se relaciona com o treinamento inicial que ela recebe e que depende da construção de um banco de dados com um conjunto de imagens segmentadas manualmente (JAVANMARDI, 2018). Em FERNANDES et al. (2019), é possível observar a adoção do treinamento de uma rede neural a partir da segmentação manual, o objetivo do estudo foi obter medidas corporais em tilápia do Nilo e prever o peso corporal e características de carcaça.

As metodologias citadas ainda não são bem estabelecidas como ferramentas para obtenção de medidas corporais de interesse para o melhoramento genético na piscicultura. Diante disso, objetivou-se com o presente trabalho, obter medidas corporais do tambaqui, peixe nativo brasileiro de maior importância econômica (IBGE, 2018), por meio da morfometria geométrica e segmentação manual, comparando suas etapas metodológicas e resultados obtidos. Além de identificar os critérios em relação a fundo da imagem (*background*), brilho e objetos que devem ser seguidos para obtenção ideal das imagens e avaliar os resultados obtidos por meio da segmentação manual, visando o uso das imagens segmentadas para compor um banco de dados para estudos futuros envolvendo treinamento de redes neurais.

## 2. MATERIAIS E MÉTODOS

A realização do presente estudo foi possível mediante a concessão de registros fotográficos de peixes tambaqui criados na Embrapa Pesca e Aquicultura, localizada em Palmas – TO. As imagens cedidas estavam em formato .PNG, resolução 5184 x 3456 pixels e sem tratamento prévio. O lote considerado (N = 400) compõe o Banco de Germoplasma da unidade, sendo a população base para futuros programas de melhoramento genético. Os animais contidos no estudo apresentam média de 12 meses de idade e peso médio (kg) de  $1,06 \pm 0,16$ , coletados de forma individual, tanto para aferição de seu peso (balança eletrônica  $\pm 0,1g$ ) quanto registro fotográfico.

### 2.1 Registro fotográfico

Na composição da imagem, além do próprio animal, havia a identificação numérica do peixe e viveiro de origem, uma fita métrica para conhecimento posterior da escala, além de exemplo de elementos considerados como resíduo (Figura1). O registro fotográfico ocorreu em câmera Canon T5i, lente EF-S 18-55 mm fixada em suporte, mantendo ângulo e distâncias entre objeto e câmera fixas durante a captura das imagens.



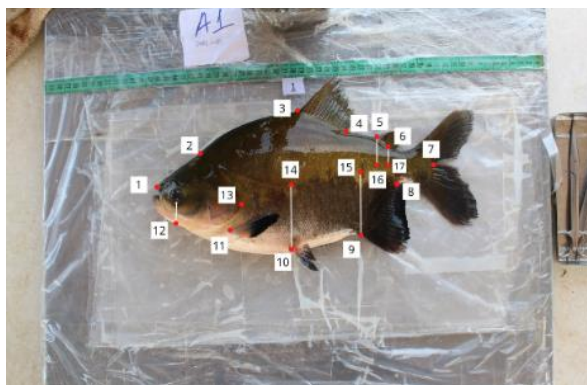
**Figura 1.** A – Composição padrão das imagens (peixe, fita métrica, identificação do viveiro de origem, numeração ordinal de manejo e base de apoio do peixe); B, C e D – exemplos de variações do fundo (*background*) com a presença de objetos considerados como resíduos.

## 2.2 Obtenção das medidas

A partir do registro fotográfico de 400 animais foram aferidas medidas morfométricas com a utilização de duas metodologias, a de morfometria geométrica (MG) com o uso de *landmarks* e a de segmentação manual (SM). As características morfométricas consideradas nas duas metodologias foram área da cabeça (ACA), área do tronco (ATR), comprimento padrão (CP), altura do tronco (ALT), altura da cabeça (ALTCA) e comprimento da cabeça (CCA). A área das costelas (ACO) e área do lombo (ALO) foram excluídas da morfometria geométrica, pois a olho nu não foi possível identificar características presentes na superfície corporal e que delimitassem esses cortes, etapa fundamental para obtenção das regiões de interesse e obtenção de *labels* exigidos durante o processo de segmentação. Em contrapartida, as nadadeiras só foram consideradas e devidamente rotuladas na etapa de segmentação manual para uma completa descrição da imagem e colaborar em estudos futuros para a segmentação de peixes via redes neurais e algoritmos de *deep learning*.

### 2.2.1 Morfometria Geométrica

Para aplicação da metodologia MG, utilizou-se inicialmente o software tpsUtil64 (v 1.76) com a finalidade de gerar um arquivo de extensão TPS que continha o nome de todas as imagens a serem analisadas. Em seguida, o uso do software tpsDig (v 2.31) permitiu realizar a leitura do arquivo TPS e nas fotos selecionadas fixar 17 *landmarks* (LMs) em posições pré-determinadas no corpo do peixe (Figura 2), além de determinar a escala (E) de cada imagem. As informações de coordenadas ( $C_x$  e  $C_y$ ) de cada *landmark*, a escala e nome de cada fotografia ficaram registrados no arquivo TPS.



**Figura 2.** Posição dos *landmarks* no peixe, linhas ilustrativas para indicar a orientação de fixação de LMs na linha lateral. 1 – extremidade da boca; 2- transição para a escama; 3 – base início da nadadeira dorsal; 4 – base final da nadadeira dorsal; 5 – base início da nadadeira adiposa; 6 – base final da nadadeira adiposa; 7 - extremidade do tronco; 8 – base final da nadadeira anal; 9 – base inicial da nadadeira anal; 10 – base da nadadeira pélvica; 11 – base da nadadeira peitoral; 12 – extremidade inferior da cabeça, LM alinhado com o centro do olho do peixe; 13 – extremidade do opérculo; 14 – linha lateral, alinhado com o LM 10; 15 – linha lateral, alinhado com o LM 9; 16 – linha lateral, alinhado com o LM 5; 17 – linha lateral, alinhado com o LM 6.

No software Excel da Microsoft, foi realizado a transformação das coordenadas de cada LM de pixel para a unidade de medida em centímetros (cm) com a seguinte equação:

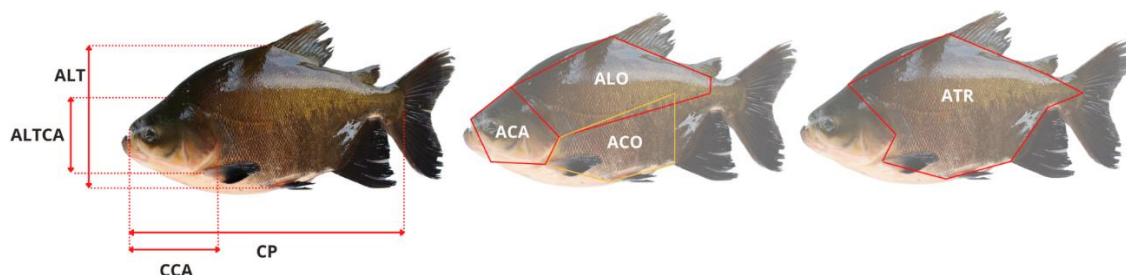
$$E \cdot Cx \text{ e } E \cdot Cy$$

Sendo, **E** a escala da foto, **C<sub>x</sub>** e **C<sub>y</sub>** os valores das coordenadas x e y dos LMs, respectivamente. Com a utilização de *landmarks*, faz-se necessário o cálculo da distância entre eles para determinar posteriormente as medidas de interesse em cm e cm<sup>2</sup>, tal resultado foi dado por:

$$\sqrt{(CxLM1 - CxLM2)^2 + (CyLM1 - CyLM2)^2}$$

Sendo, **CxLM1** e **CxLM2** as coordenadas x (cm) dos dois landmarks considerados, respectivamente. Assim como **CyLM1** e **CyLM2** são as coordenadas y (cm) desses mesmos *landmarks*.

Por meio das ilustrações na Figura 3 é possível identificar as retas utilizadas para obtenção do comprimento padrão (CP), altura (ALT), do comprimento da cabeça (CCA) e altura da cabeça (ALTCA). Também são indicados os polígonos utilizados para obtenção das áreas corporais referentes a cabeça (ACA), tronco (ATR), costelas (ACO) e lombo (ALO). As extremidades das retas e vértices representam o ponto de fixação dos *landmarks*.



**Figura 3.** Mensurações morfométricas no tambaqui usando metodologia de morfometria geométrica. ALT – altura; ALTCA – altura da cabeça; CP – comprimento padrão; CCA – comprimento da cabeça; ACA – área da cabeça; ALO – área do Lombo; ACO – área das costelas; ATR – área do tronco.

### 2.2.2 Segmentação Manual

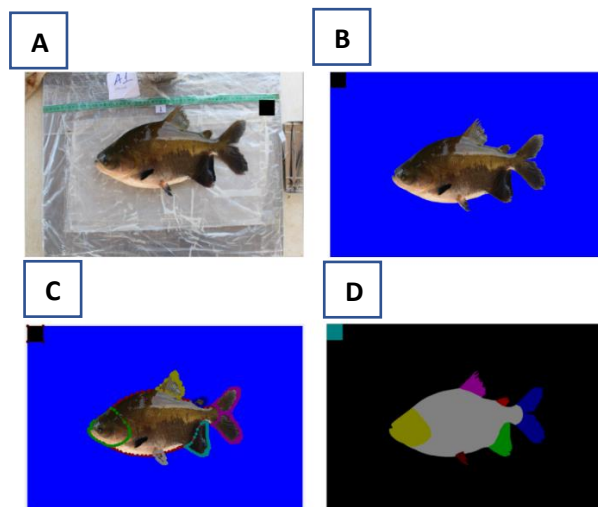
Anterior ao processo de segmentação foi necessária a padronização de todas as imagens em relação ao seu plano de fundo, objeto de estudo (peixe) e um quadrado de área conhecida ( $16 \text{ cm}^2$ ), conforme Figura 4B.

Para isso, a primeira etapa foi criar um objeto de referência (quadrado  $16 \text{ cm}^2$ ) via software Paint 3D, sobrepondo-se seu lado a fita métrica a fim de removê-la, mantendo-se a escala da figura. Para padronização do plano de fundo foi utilizado o software Gimp 2.10, o que possibilitou os recortes manuais do peixe e do quadrado da imagem original para que pudessem ser inseridos em uma nova imagem de cor sólida (azul), com as mesmas dimensões iniciais ( $5184 \times 3456$  pixels).

A partir do conjunto das novas imagens, deu-se início ao processo de segmentação com o auxílio do *software* Labelme. A instalação do mesmo e as etapas para segmentação foram baseadas na metodologia descrita por KENTARO (2021), a qual se inicia na atribuição de *labels* de cores distintas a determinadas partes de interesse do objeto em análise (peixe), que foram: cabeça, tronco e nadadeiras dorsal, adiposa, caudal, anal e pélvica (Figura 4C). Na sequência, as coordenadas dos pontos referentes às regiões de interesse e respectivos *labels* são armazenadas no arquivo JSON, como *output* gerado pelo Labelme.

Em seguida, ainda de forma similar ao feito por KENTARO (2021), através do arquivo JSON, foi possível a obtenção de uma imagem de cores sólidas que serviu como máscara para delimitar as áreas de interesse ao sobrepor-se a máscara sobre a figura original, como mostra a Figura 4D. As regiões de

interesse (segmentadas) e as etapas para segmentação estão ilustradas na Figura 4.



**Figura 4.** Ilustração das etapas seguidas para segmentar manualmente a imagem. A – Inserção de quadrado de medida conhecida (Paint 3D); B – Exclusão do plano de fundo (Gimp); C – Criação dos *labels* (Labelme); D – Imagem segmentada de cor sólida.

Para obter as medidas através da segmentação, elaborou-se um algoritmo na linguagem de programação Python. O objetivo foi determinar as medidas das áreas, comprimentos e alturas das características estudadas, relacionando-as a quantidade de pixels pertencentes ao objeto de referência.

As etapas seguidas pelo algoritmo foram:

1. Listar os arquivos no diretório que contém as imagens e em seguida armazenar o nome de cada uma.
2. Transformar a imagem RGB na escala de cinza (GRAY).
3. Transformar a imagem em um arquivo CSV, em que cada célula contém um número que representa um pixel.
4. Cada parte segmentada é representada por pixels com o mesmo número, com isso, ocorre uma leitura por linha do arquivo quantificando quantas vezes cada número aparece. O total corresponde à quantidade de pixel de cada parte segmentada.
5. Paralelo à quantificação dos pixels totais, ocorre o armazenamento da primeira e última linha em que aparecem os pixels da cabeça e do corpo, o que informará nos próximos passos, a altura dessas partes.

6. Ainda de forma paralela, armazena-se o pixel inicial e final da maior linha da cabeça, o que servirá para calcular o comprimento da mesma. Para o cálculo do comprimento padrão, armazena-se a posição do pixel que está na última coluna da maior linha do tronco do peixe.
7. Com esses dados obtidos, realiza-se os cálculos para obtenção das medidas de interesse.
8. As medidas são armazenadas em um arquivo de extensão CSV, sendo que em cada coluna há as medidas de uma parte segmentada e em cada linha, um animal.

As equações adotadas no algoritmo para obtenção das medidas são:

- a) Obtenção das áreas (cm<sup>2</sup>)

$$\text{Área de } x = \frac{(16 \cdot Px)}{Pq}$$

Onde **x** é a parte segmentada em que se deseja conhecer a área; **16** é a área (cm<sup>2</sup>) do quadrado; **Px** é o total de pixels quantificados para a parte segmentada de interesse e **Pq** é o total de pixels quantificados para o quadrado.

- b) Obtenção das alturas (cm)

$$\text{Altura de } x = \frac{4 \cdot (ULx - PLx)}{\sqrt{Pq}}$$

Sendo que, **x** é a parte segmentada em que se deseja conhecer a altura, **ULx** e **PLx** representam, respectivamente, a última e a primeira linha com pixel da parte segmentada em questão; 4 é uma constante referente a medida (cm) dos lados do quadrado e **Pq** é a quantidade de pixels que compõe o quadrado.

- c) Obtenção do comprimento da cabeça

$$CCa = \frac{4 \cdot (PPF - PPI)}{\sqrt{Pq}}$$

Sendo que, **CCa** é o comprimento da cabeça, **PPF** é a posição do último pixel da cabeça (localizado na maior linha da cabeça); **PPI** é o primeiro pixel com numeração referente a cabeça e que está na mesma linha do **PPF**; 4 é uma constante referente a medida (cm) dos lados do quadrado; **Pq** é a quantidade de pixels que compõe o quadrado.

- d) Obtenção do comprimento do corpo

$$CP = \frac{4 \cdot (CCa + (PPFC - PPF))}{\sqrt{Pq}}$$

Sendo que, **CP** é o comprimento padrão; **CCa** é o comprimento da cabeça; **PPFC** é a posição do último pixel da maior linha do tronco; **PPF** é a posição do último pixel da maior linha da cabeça; **4** é uma constante referente a medida (cm) dos lados do quadrado e **Pq** é a quantidade de pixels que compõe o quadrado.

### 2.3 Estatística e critérios de avaliação das metodologias

Foi utilizado o software R (R CORE TEAM, 2017) para verificação e correção de inconsistências, para obtenção da estatística descritiva e da dispersão das medidas. Analisou-se também no mesmo software a correlação de Pearson entre os valores obtidos por ambas metodologias, com o intuito de verificar a correspondência entre eles. Verificou-se também quais são as medidas e a metodologia mais correlacionada com o peso. Durante a realização das análises estatísticas foram consideradas as medidas de comprimento, altura e área para a cabeça e tronco, totalizando seis atributos. Optou-se por trabalhar apenas com medidas obtidas através das duas metodologias, excluindo, portanto, as áreas das costelas e lombo (morfometria geométrica) e áreas das nadadeiras (segmentação manual).

Durante a segmentação manual, as áreas do lombo e das costelas não foram avaliadas por não haver bordas nem estruturas que delimitem anatomicamente esse corte, indicando limites do contorno. Já, na morfometria geométrica, as nadadeiras não foram analisadas devido à não justificativa do ponto de interesse comercial e grande irregularidade das bordas.

As metodologias foram avaliadas ainda por meio de comparações seguindo os seguintes critérios: tempo necessário e limitações para obtenção das medidas, proximidade entre as medidas obtidas e as relatadas na literatura, cobertura corporal, potencial de uso como metodologia científica e de uso na cadeia produtiva. Além disso, avaliou-se, através dos valores obtidos, as imagens segmentadas como candidatas a compor um banco de dados de imagens de tambaqui para futuros estudos de treinamento de redes neurais, tornando o processo automatizado.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Avaliação das etapas metodológicas e valores obtidos

As áreas (cm<sup>2</sup>) obtidas através da morfometria geométrica (MG) apresentaram as médias e desvios-padrão de  $52,81 \pm 5,44$  e  $265,90 \pm 28,59$  para a cabeça e tronco, respectivamente, enquanto que aplicando a segmentação manual (SM) esses valores passaram a  $64,41 \pm 6,71$  para a cabeça e  $300,10 \pm 32,36$  para o tronco. Na Tabela 1 são apresentadas as médias e desvios padrão das medidas lineares comprimento e altura (cm) obtidas através das duas metodologias adotadas.

**Tabela 1.** Médias seguidas de desvios - padrão do comprimento e altura.

| M  | Comprimento (cm) |                  | Altura (cm)     |                  |
|----|------------------|------------------|-----------------|------------------|
|    | Cabeça           | Corpo            | Cabeça          | Corpo            |
| MG | $9,91 \pm 0,56$  | $32,82 \pm 1,57$ | $8,73 \pm 0,52$ | $16,17 \pm 0,97$ |
| SM | $10,59 \pm 0,73$ | $33,94 \pm 1,81$ | $9,13 \pm 0,49$ | $16,94 \pm 1,05$ |

M – Metodologia; MG – Morfometria geométrica; SM – Segmentação manual.

Considerando as médias das áreas corporais (Tabela 1) e que a segmentação manual é realizada por meio do contorno exato da estrutura corporal de interesse, ou seja, com a atribuição de cada pixel à uma classe segmentada, pode-se afirmar que os valores obtidos através dessa metodologia, resultados do agrupamento dos pixels, são mais precisos do que os obtidos através da morfometria geométrica, que adota apenas pontos em partes estratégicas do corpo do peixe. A média da área da cabeça foi 21,97% maior ao trabalhar com a SM comparada à MG, no mesmo sentido, observou-se um aumento para a área do tronco de 12,86%. As medidas de áreas obtidas em ambas as metodologias foram mais discrepantes entre si do que as medidas lineares (comprimentos e alturas).

Em VANDEPUTTE et al. (2017) ao estudarem as características morfológicas do robalo europeu para prever o rendimento de carcaça e estimar o progresso genético alcançável, o uso da morfometria geométrica também não abrangeu toda a estrutura corporal do peixe, principalmente ao se tratar da área da cabeça. De forma geral, a utilização dessa metodologia é relatada para caracterização morfológica de espécies de peixe, e não morfométrica, assim

como em HAMMAMI et al (2013), HOFF et al. (2020) e KAOUËCHE (2013). Também nesses estudos, não ocorreram o contorno das extremidades corporais arredondadas de forma precisa, sendo essa uma das limitações identificadas para a forma tradicional de utilizar a MG e que faz com que os valores obtidos sejam apenas estimativas e não a área exata. De forma contrária, são exatos os valores para medidas lineares, desde que os *landmarks* estejam bem posicionados.

Em contrapartida, na segmentação manual, a limitação observada foi em relação à segmentação de áreas consideradas como cortes de interesse comercial, como as costelas e o lombo. Assim como relatado por GONZALES; WOODS (1987), a segmentação ocorre com a identificação de bordas e agrupando os pixels de acordo com similaridades. Ao se tratar dos cortes comerciais citados, não foram observadas na superfície do peixe características que delimitam ou que serviriam para classificação dos pixels a olho nu. Portanto, estudos aprofundados na identificação de padrões dessas partes corporais precisariam ser realizados.

Os valores médios apresentados na Tabela 1, independente da metodologia aplicada para obtenção, são próximos aos apresentados por CIRNE et al. (2019) para comprimento padrão (30,06 cm), comprimento da cabeça (10,65 cm), altura da cabeça (7,37 cm) e altura do corpo (14,62 cm) de tambaquis com peso de 1,00 a 1,50 kg. Para a mesma faixa de peso e correspondendo à média do presente estudo ( $1,06 \pm 0,16$  kg), LIMA (2018), obteve a média de  $31,9 \pm 0,6$  cm para o comprimento padrão de tambaqui. Apesar das diferenças metodológicas as duas técnicas aqui abordadas retornam, portanto, resultados condizentes para a espécie e faixa de peso estudada. Não se tem conhecimento de trabalhos com tambaqui que estudam áreas corporais nessa faixa de peso e idade, inviabilizando comparações para essas medidas.

Na diagonal principal da Tabela 2 é apontada a correlação dos valores encontrados para cada característica em ambas as metodologias. Sendo que a menor correlação foi para a ALTCA, 0,76 e maior para TR, 0,92. No geral, todas as métricas indicaram uma forte correspondência entre os valores que foram obtidos por meios distintos. As correlações com o peso variam de 0,52 a 0,96, sendo que as maiores correlações ocorreram com as medidas obtidas através da segmentação manual (0,64 a 0,96), com destaque para a área do tronco e a

altura. Isso se deve à maior cobertura do corpo do animal proporcionada por esse método.

**Tabela 2.** Correlações de Pearson entre as medidas obtidas nas metodologias de morfometria geométrica (MG) e segmentação manual (SM).

| <sup>1</sup> SM<br><sup>2</sup> MG | Peso | CP   | ALT  | ACA  | TR   | CCA  | ALTCA |
|------------------------------------|------|------|------|------|------|------|-------|
| <b>Peso</b>                        | 1    | 0,83 | 0,78 | 0,75 | 0,91 | 0,52 | 0,73  |
| <b>CP</b>                          | 0,89 | 0,88 | 0,70 | 0,80 | 0,87 | 0,60 | 0,73  |
| <b>ALT</b>                         | 0,92 | 0,72 | 0,84 | 0,67 | 0,88 | 0,48 | 0,68  |
| <b>ACA</b>                         | 0,78 | 0,76 | 0,65 | 0,91 | 0,72 | 0,81 | 0,78  |
| <b>TR</b>                          | 0,96 | 0,84 | 0,79 | 0,76 | 0,92 | 0,52 | 0,74  |
| <b>CCA</b>                         | 0,64 | 0,63 | 0,53 | 0,86 | 0,56 | 0,88 | 0,63  |
| <b>ALTCA</b>                       | 0,75 | 0,77 | 0,66 | 0,82 | 0,77 | 0,63 | 0,76  |

SM: segmentação manual; MG: morfometria geométrica; Peso: peso corporal dos animais aos 12 meses; CP: comprimento padrão; ALT: altura corporal; ACA: área da cabeça; TR: área do tronco; CCA: comprimento da cabeça; ALTCA: altura da cabeça. Características na vertical são referentes à morfometria geométrica e na horizontal foram obtidas por meio da segmentação manual.

Altas correlações entre medidas morfométricas e peso foram relatadas na literatura por CHARO-KARISA et al. (2007) ao trabalhar com tilápias (0,64 – 0,89), sendo que entre as características que os autores consideraram e que são similares ao presente trabalho, a altura corporal foi a que apresentou maior correlação com o peso. Para REIS-NETO et al. (2012), ao estudarem os peixes redondos tambaqui, pacu, tambacu e paqui, a altura também foi a característica de maior correlação com o peso (0,83), seguida do comprimento da cabeça (0,48).

Tratando-se da execução das metodologias, é relatado que a morfometria geométrica apresenta pontos negativos por ser trabalhosa ao necessitar da fixação dos *landmarks* de forma manual e precisa (WÖBER et al., 2021). A segmentação manual é relatada de forma similar, sendo um processo demorado, frustrante e comercialmente caro (GUO et al., 2018). No presente trabalho, o tempo médio entre o início do processo e obtenção das medidas na morfometria

geométrica foi de 12 min por foto. Já para a segmentação manual o tempo médio foi de 38 min.

Considerando que a segmentação manual é um processo trabalhoso e demorado, diferentes autores propõem sua realização de forma automatizada, assim como YAOA et al. (2013), que com essa finalidade elaboraram um algoritmo de segmentação automática de peixes. YU et al. (2020) e FERNANDES et al. (2019) também estudaram e obtiveram bons resultados com a segmentação automatizada, ambos realizaram medições corporais através da segmentação, porém em peixes marinhos e tilápia, respectivamente. A segmentação manual nesses casos ocorreu apenas para treinamento da rede neural utilizada. De forma contrária, não foram encontrados relatos do uso da morfometria geométrica de forma automática, ou seja, sem a fixação manual dos *landmarks*.

Apesar de estudarem a segmentação automática, para os autores citados a segmentação manual não pôde ser excluída dos processos. Com isso, observa-se o quão fundamental é a etapa de adição de *labels*, independentemente do tempo necessário para execução. Para driblar essa etapa trabalhosa e demorada, autores como FERNANDES et al. (2019) optaram por executores terceirizados. No presente trabalho, ao optar pela não terceirização da adição dos *labels*, notou-se benefícios como: conhecer todos os processos adotados na segmentação e a precisão dos resultados; conhecer de forma mais profunda a estrutura morfométrica do tambaqui e suas limitações; além de permitir o uso do produto da segmentação em tarefas futuras, mesmo quando houver necessidade de adaptação dos *labels*, pois nenhuma das etapas estão sob controle de terceiros e podem ser editadas e refeitas de forma a atender à novas exigências.

Portanto, em termos comparativos das metodologias de SM e MG, tem-se que a morfometria geométrica se destacou em relação ao tempo, permitindo assim, a adoção na produção comercial e na indústria de processamento e juntamente com a segmentação manual, pode ser adotada para obter medidas morfométricas de peixes em estudos científicos, pois ambas apresentaram resultados consistentes. Além de se adequar a esse ponto, a segmentação manual foi a que apresentou a melhor cobertura das características avaliadas e um maior potencial de passar a ser automatizada. Por resultar em medidas (cm)

condizentes com a literatura, as imagens segmentadas no presente trabalho estão aptas a compor um banco de dados para treinamento futuro de redes neurais.

### **3.2 Recomendações para obtenção das fotos**

Considera-se que o uso da imagem original ao trabalhar com a morfometria geométrica foi suficiente para realização das etapas sem que edições fossem necessárias. Sendo assim, a adoção da padronização da posição do peixe, bem como da altura e ângulo da câmara, somadas a inserção da fita métrica, foram suficientes para que todas as etapas fossem realizadas de forma satisfatória. Tais adoções estão de acordo com o indicado por FORNEL; ESTRELA (2012), que salientam ainda que ao realizar registros fotográficos para aplicação da morfometria geométrica, a padronização deve ser priorizada a fim de reduzir variações na estrutura corporal que não são de origem biológica, além de que após a fixação da câmera, todos os ajustes de posição devem ocorrer com manipulação do objeto (peixe, no presente trabalho) e não da câmera.

Ao se tratar da obtenção das imagens para aplicação da segmentação manual, todas as considerações indicadas para uso da morfometria geométrica foram valiosas. Porém, para a execução do presente trabalho, foram necessárias edições das imagens e que em futuros estudos podem ser evitadas caso haja adoção de: 1. Plano de fundo com cor sólida, contrastante em relação ao corpo do peixe e 2. Composição da imagem incluindo, apenas a identificação do mesmo, objeto de medida conhecida e fácil segmentação (bordas bem delimitadas e sem muitas arestas), além do próprio peixe. A padronização do fundo, sem componentes além do peixe, foi realizada por YU et al. (2020) para treinar uma rede neural convolucional. Após o treinamento, os autores segmentaram imagens com plano de fundo padronizado e com plano de fundo complexo (sem padronização) e chegaram à conclusão de que a segmentação de imagens com plano de fundo padronizado foi ligeiramente melhor, porém, o esquema proposto de segmentação foi robusto ao ponto de obter resultados satisfatórios com os dois tipos de plano de fundo.

Caso as imagens sejam utilizadas em redes neurais para treinamento, testes e segmentação automática, é necessário se atentar à ocorrência de brilho gerado pelo ambiente e pelo registro fotográfico (o uso de flash). De acordo com

HOUGH (1962), o brilho juntamente com a coloração e outros fatores determinam a textura do pixel e influenciará em sua classificação. Desta forma, o brilho é uma fonte de variação que pode acarretar na associação errônea do pixel e deve ser evitado.

#### **4. CONCLUSÃO**

Com base no exposto, conclui-se que ao comparar as duas metodologias, não há uma superior a outra. Tem-se, no entanto, o método que mais se ajusta à diferentes objetivos, capacidades operacionais e estruturas corporais. Ao tratar do potencial de automatização, a segmentação manual é a que se destaca, sendo que a etapa seguinte e complementar a esse trabalho é a avaliação da automatização da segmentação com base no banco de imagens que foram segmentadas manualmente. As segmentações que aqui foram obtidas de forma manual podem ser utilizadas futuramente com objetivos que extrapolam as obtenções de medidas corporais ao comporem bancos de imagens segmentadas. Para obtenção de imagens com o intuito de segmentação, recomenda-se além dos cuidados já seguidos no presente trabalho, a padronização do plano de fundo, que a composição da imagem conte com a adoção de um objeto de medidas conhecidas e de fácil segmentação e que sejam evitadas ocorrências de brilho.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BORGHETTI, N. R. B.; OSTRENSKY, A.; BORGHETTI, J. R. Aquicultura, uma visão geral sobre a produção de organismos aquáticos no Brasil e no mundo. Curitiba.

CARDOSO, A. J. S.; OLIVEIRA, C. A. L.; CAMPOS, E. C.; RIBEIRO, R. P.; ASSIS, G. J.F.; SILVA, F. F. Estimation of genetic parameters for body areas in Nile tilapia measured by digital image analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, [S. l.], v. 138, n. 6, p. 731–738, 2021. DOI: 10.1111/jbg.12551.

CHARO-KARISA, H.; BOVENHUIS, H.; REZK, M. A.; PONZONI, R. W.; ARENDONK, J. A. M.; KOMEN, H. Phenotypic and genetic parameters for body measurements, reproductive traits and gut length of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selected for growth in low-input earthen ponds. *Aquaculture*. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2007.09.011. V. 273, p. 15-23. 2007.

CIRNE, L. G. A.; SILVA, J. R.; SOUZA, W. S.; BRITO, P. F.; FELTRAN, R. B.; PEREIRA, S. L. A.; GOMES, F. E.; MELO, D. R. Características morfométricas e da carcaça de tambaqui abatidos com diferentes pesos. *Magistra*, Cruz das Almas- Ba. V. 30, p. 160-167, 2019.

DIODATTI, F. C. Medidas morfométricas no peso e rendimento de componentes corporais de tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*). 2006. Universidade Federal de Lavras, [S. l.], 2006.

FAO. El estado mundial de la pesca y la acuicultura 2020. [s.l.] : FAO, 2020. DOI: 10.4060/ca9229es. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2013.01.032><http://dx.doi.org/10.1016/j.tws.2012.02.007><http://www.fao.org/publications/es>.

FERNANDES, A. F. A.; TURRA, E. M.; ALVARENGA, É. R.; PASSAFARO, T. L.; LOPES, F. B.; ALVES, G. F. O.; SINGH, V.; ROSA, G. J. M. 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*, [S. l.], v. 170, n. June 2019, p. 105274, 2020. DOI: 10.1016/j.compag.2020.105274. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105274>.

FORNEL, R.; ESTRELA, P. Morfometria geométrica e a quantificação da forma dos organismos. DOI: 10.13140/2.1.1793.1844. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/269279188\\_MORFOMETRIA\\_GEOMETRICA\\_E\\_A\\_QUANTIFICACAO\\_DA\\_FORMA\\_DOS\\_ORGANISMOS](https://www.researchgate.net/publication/269279188_MORFOMETRIA_GEOMETRICA_E_A_QUANTIFICACAO_DA_FORMA_DOS_ORGANISMOS). 2012.

GONZALES, R. C.; WOODS, R. E. Digital image processing. New York: Addison-Wesley Publishing Company, Inc, 1987.

JAIN, A. K. Fundamentos do processamento digital de imagens. Prentice-Hall, Inc., 1989.

GUO, Y.; YU, L.; GEORGIU, T.; LEW, M. S. A review of semantic segmentation using deep neural networks. *International Journal of Multimedia Information Retrieval*. V. 7, p. 87-93. 2018.

JAVANMARDI, M.; TASDIZEN, T. Domain adaptation for biomedical image segmentation using adversarial training. 2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018) April 4-7, 2018, Washington, D.C., USA

HAMMAMI, I.; GRENOUILLET, G.; BAHRI-SFAR, L.; LEK, S. Morphological characterization of striped seabream (*Lithognathus mormyrus*, Sparidae) in some Mediterranean lagoons. *International Journal of Ichthyology*. 2013.

HOFF, N. T.; DIAS, J. F.; ZANI-TEIXEIRA, M. L.; SOETH, M.; CORREIA, A. T. Population structure of the bigtooth corvina *Isopisthus parvipinnis* from the Southwest Atlantic Ocean as determined by whole-body morphology. *Regional Studies in Marine Science*. v. 39. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2020.101379>. Disponível em: (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352485520305077>).

KAOUACHE, M.; BAHRI-SFAR, L.; HASSINE, O. K. B.; HAMMAMI, I. Morphological and Genetic variations of *Diplodus vulgaris* (Geoffroy St.- Hilaire, 1817) along the Tunisian coasts. *International Journal of Ichthyology*. p. v. 37. 111-120. 2013.

KENTARO, W. Labelme: Image Polygonal Annotation with Python. 2016. Disponível em: <<https://github.com/wkentaro/labelme>>. Acesso em: 07 out. 2021.

LIMA, L. k. F.; NOLETO, S. S.; SANTOS, V. R. V.; LUIZ, D. B.; KIRSCHNIK, P. G. Rendimento e composição centesimal do tambaqui (*Colossoma macropomum*) por diferentes cortes e categorias de peso. *Revista Brasileira de Higiene e Sanidade*

*Animal*, Fortaleza, 12 (2), 223-235, 2018.

MONTEIRO, L. R.; REIS S. F. Princípios de morfometria geométrica. In: *Princípios da morfometria geométrica*. 1999. p 189. Holos, Ribeirão Preto.

MORO, G. V. *Biometria de Peixes - Embrapa.pdf*, 2014. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/972070/1/Biometria.pdf>.

PEIXE-BR. Anuário da Piscicultura 2020. Associação Brasileira de Piscicultura, [S. l.], v. 1, p. 1–136, 2020.

R CORE TEAM. A language and environment for statistical computing. R Foundation For Statistical Computing, Vienna, 2017.

REIS-NETO, R. V.; FREITAS, R. T. F.; SERAFINI, M. A.; COSTA, A. C.; FREATO, Thiago A.; ROSA, P. V.; ALLAMAN, I. B. Interrelationships between morphometric variables and rounded fish body yields evaluated by path analysis. *Revista Brasileira de Zootecnia*, [S. l.], v. 41, n. 7, p. 1576–1582, 2012. DOI:

10.1590/S1516-35982012000700004. Disponível em:  
[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tng=en](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982012000700004&lng=en&tng=en).

ROHLF, J. F.; LESLIE, M. F. A revolution in Morphometrics. *TREE*. Vol. 8, no 4, 1993.

RYE, M.; GJERDE, B.; GJEDREM, T. Genetic improvement programs for aquaculture species. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, [S. l.], n. August, 2010.

TAKÁCS, P.; VITÁL, Z.; FERINCZ, Á.; STASZNY, Á. Repeatability, Reproducibility, Separative Power and Subjectivity of Different Fish Morphometric Analysis Methods. *PLOS ONE*, [S. l.], v. 11, n. 6, p. e0157890, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0157890. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0157890>.

VANDEPUTTE, M.; PULEDDA, A.; TYRAN, A. S.; BESTIN, A.; COULOMBET, C.; BAJEK, A.; BALDIT, G.; VERGNET, A.; ALLAL, F.; BUGEON, J.; HAFFRAY, P. Investigation of morphological predictors of fillet and carcass yield in European sea bass ( *Dicentrarchus labrax* ) for application in selective breeding. *Aquaculture*, [S. l.], v. 470, p. 40–49, 2017. DOI: 10.1016/j.aquaculture.2016.12.014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.12.014>.

WÖBER, W.; CURTO, M.; TIBIHIKA, P.; MEULENBROEK, P.; ALEMAYEHU, E.; MEHNEN, L.; MEIMBERG, H.; SYKACEK, P. Identifying geographically differentiated features of Ethiopian Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) morphology with machine learning. *PLOS ONE*, [S. l.], v. 16, n. 4, p. e0249593, 2021. DOI: 10.1371/journal.pone.0249593. Disponível em: <https://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0249593>.

YAOA, H.; DUANA, Q.; LI, D.; WANG, J. An improved K-means clustering algorithm for fish image segmentation. *Mathematical and Computer Modelling*. V. 58, p. 790 -798. 2013.

YU, C.; FAN, X.; HU, Z.; XIA, X.; ZHAO, Y.; LI, R.; BAI, Y. Segmentation and measurement scheme for fish morphological features based on Mask R-CNN. *Information Processing in Agriculture*. V. 7, p. 523-534. 2020.

ZHAO, Y.; GUINDO, M. L.; XU, X.; SHI, X.; SUN, M.; He, Y. A novel raisin segmentation algorithm based on deep learning and morphological analysis. *EAgri Engenharia Agrícola*. [S. l.], v. 39, n. 5, p.639-648, sep./oct. 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1809-4430-Eng.Agric.v39n5p639-648/2019>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/eagri/a/r6jr5WGR5LpYLv4tBywVXFQ/?lang=en#>.