

**Variabilidade fenotípica entre famílias de tambaqui *Colossoma macropomum* (Teleostei: Serrasalminidae) provenientes de diferentes regiões do Brasil**

Kétuly da Silva Ataides<sup>1,2\*</sup>, Luciana Shiotsuki<sup>1</sup>, Eduardo Sousa Varela<sup>1</sup>, Luciana Nakaghi Ganeco Kirschnik<sup>1</sup>, Luiz Eduardo Lima de Freitas<sup>1</sup>, Luciana C. Vasques Villela<sup>1</sup>, Fabricio Pereira Rezende<sup>1</sup>, Lucas Simon Torati<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, Brasil.

<sup>2</sup> Faculdade Católica do Tocantins-FACTO, Palmas, TO, Brasil.

\*Autor correspondente: [ketulyataides@gmail.com](mailto:ketulyataides@gmail.com)

**Resumo:** O tambaqui é uma espécie Amazônica amplamente explorada pela aquicultura brasileira. Entretanto, sua produção é feita com base em linhagens não melhoradas geneticamente, uma vez que ainda não foram estabelecidos programas de melhoramento para a espécie. Para começar a reverter este cenário, é fundamental conhecer a variabilidade fenotípica dessas linhagens ou populações. Dessa forma, 22 famílias (n=4335) provenientes de seis estados brasileiros (AM, MT, RO, RR, SP e TO) foram cultivadas nas mesmas condições ambientais, e posteriormente avaliadas quanto à variabilidade morfométrica/fenotípica. Para isso, utilizou-se 12 *landmarks* posicionados em estruturas fixas no corpo. Análises de componentes principais (PCA) e variância canônica foram realizadas para comparar a variabilidade fenotípica entre as populações de cativeiro estudadas, revelando significativa diferenciação morfométrica entre as populações avaliadas (distâncias de Procrustes e Mahalanobis,  $P < 0,0001$ ). Esse estudo inicial será utilizado futuramente para avaliar a influência da estrutura corporal em características de interesse econômico e/ou desempenho zootécnico, bem como em estudos de mapeamento de QTL e seleção genômica ampla para formas corporais que se mostrem de interesse ao setor produtivo.

**Palavras-chave:** caracterização fenotípica, *Colossoma macropomum*, morfometria, piscicultura.

**Phenotypic variability among families of tambaqui *Colossoma macropomum* (Teleostei: Serrasalminidae) from different regions of Brazil**

**Abstract:** The tambaqui is an Amazonian species widely exploited by the Brazilian aquaculture. However, its production is not based on genetically improved strains, since breeding programs for the species have not yet been established. To reverse this scenario, it is fundamental to know the phenotypic variability of these lineages / populations. Thus, 22 families (n = 4335) from six Brazilian states (AM, MT, RO, RR, SP and TO) were cultivated under the same environmental conditions and later evaluated for morphometric / phenotypic variability. To do so, 12 landmarks were positioned in fixed structures on the fish body. Principal component analyzes (PCA) and canonical variance were performed to compare the phenotypic variability among the captive populations studied, revealing significant morphometric differentiation between the evaluated populations (distances of Procrustes and Mahalanobis,  $P < 0.0001$ ). This initial study will be used in the future to evaluate the influence of body structure on characteristics of economic interest and / or zootechnical performance, as well as on studies for mapping QTL and broad genomic selection for body shapes that be of interest to the productive sector.

**Keywords:** phenotypic characterization, *Colossoma macropomum*, morphometrics, fish-farming,.

**Introdução**

O tambaqui Amazônico é atualmente o segundo peixe mais produzido pela aquicultura brasileira, perdendo apenas para a tilápia *Oreochromis niloticus*, espécie introduzida no País cuja produção se fundamenta em programas de melhoramento genético amplamente estabelecidos (Oliveira et al., 2016). Em contraste com a tilápia, a produção de tambaqui é feita com linhagens ainda não melhoradas geneticamente, e o desenvolvimento de programas de melhoramento genético exige o conhecimento da variabilidade genética e fenotípica nas diferentes linhagens e populações (Marcos et al., 2016). Atualmente, não se sabe se existem padrões morfométricos e de crescimento nas diferentes populações de tambaqui produzidas em cativeiro. Assim, objetivou-se avaliar a variabilidade fenotípica de diferentes

populações de tambaqui mantidas em cativeiro para explorar o potencial dessas linhagens em futuros programas de melhoramento genético da espécie.

#### Material e Métodos

Vinte e duas famílias de tambaqui foram produzidas por fertilização artificial entre 15/01 e 15/02 de 2018 em 06 diferentes localidades do Brasil (AM, MT, RO, RR, SP e TO). As larvas e alevinos das diferentes famílias foram cultivados separadamente sob mesma condição ambiental por 5 meses até atingirem  $98,42 \pm 36,87$  g de massa corporal ( $n=4335$ ), quando de 19/06 a 20/07 de 2018 foram individualmente identificados com *transponders* (*Passive Integrated Transponder*) e estocados em quatro viveiros escavados ( $1000 \text{ m}^2$ ) recebendo o mesmo tratamento nutricional (*ad libitum* 32-36% proteína bruta) e de manejo. De 27 a 30/08/2018 os 4335 animais foram individualmente identificados através da leitura do *chip*, pesados e fotografados em escala (cm) para análise morfométrica. Então, gerou-se um arquivo *tps* a partir do conjunto de todas as fotos utilizando o software *tpsUtil64* (v 1.76). Em seguida, 12 *landmarks* (LMs) em posições fixas no corpo do peixe foram estabelecidas e posteriormente digitizadas (Figura 1A) com auxílio do software *tpsDig* (v 2.31). O arquivo *.tps* com as coordenadas dos LMs foi analisado usando o programa *MorphoJ* (v 1.06d). *Outliers* (erros de digitização) foram inicialmente identificados e corrigidos. Dessa forma, foi possível explorar a variabilidade fenotípica das diferentes famílias, que foram agrupadas por estados (06 populações), através da análise de componentes principais (PCA) e da análise de variável canônica (10000 permutações), a partir de uma matriz de covariância das coordenadas de LMs, obtida após o ajuste de Procrustes em que os dados foram alinhados por seu eixo principal (Klingenberg & McIntyre, 1998; Figura 1B).

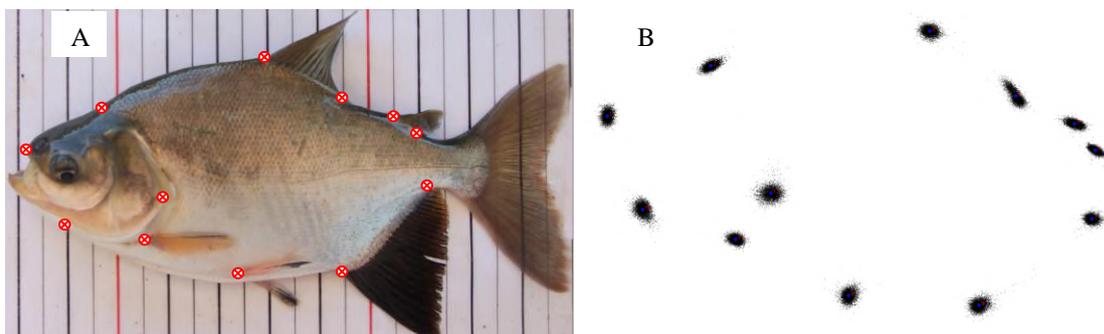


Figura 1. A. Coordenadas de 12 *landmarks* (LMs) posicionadas em estruturas fixas no corpo do tambaqui. B. Posição dos LMs nos 4335 peixes após ajuste de Procrustes alinhados pelo eixo principal.

#### Resultados e Discussão

A representação gráfica das populações, a partir dos componentes principais 1 (19,2%) e 2 (13,1%) evidenciou diferenças morfométricas para a espécie em todas as regiões a partir dos LMs avaliados (Figura 2A). Este contraste ficou mais nítido a partir da análise de variância canônica (CV1=33,8%, CV2=25,9%), em que as populações dos diferentes estados foram significativamente discriminadas (distâncias de Procrustes e Mahalanobis,  $P < 0,0001$ ; Figura 2B). As análises evidenciaram a variabilidade morfométrica/fenotípica de diferentes linhagens domesticadas de tambaqui no Brasil, a partir do cultivo de diferentes estoques genéticos mantidos sob condições ambientais idênticas. Esse material genético irá constituir a população base de tambaqui em Palmas-TO.

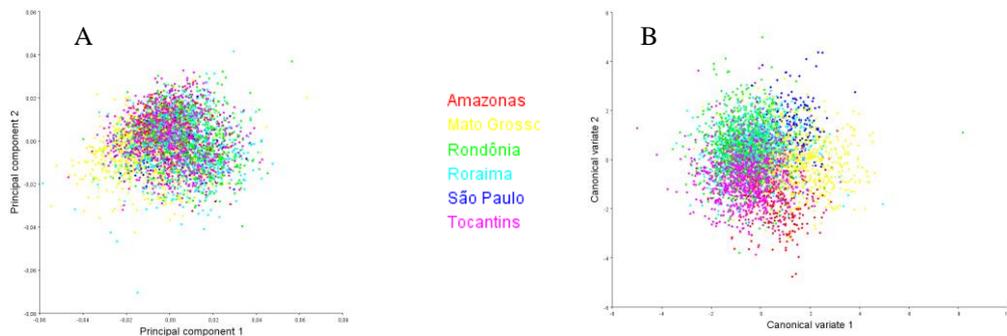
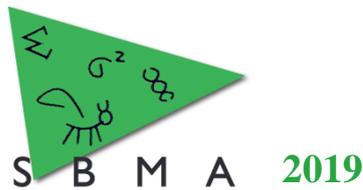


Figura 2. Análise de componentes principais (A) de variável canônica (B) para 22 famílias de tambaqui provenientes dos estados do Amazonas, Mato Grosso, Rondônia, Roraima, São Paulo e Tocantins, utilizando as coordenadas de 12 landmarks (LMs) posicionados em estruturas fixas do corpo.

No futuro, esses dados morfométricos serão utilizados para avaliar o padrão de crescimento corporal nessas populações, bem como a influência da estrutura corporal em características de interesse econômico e/ou desempenho zootécnico (ex. proporção cabeça/corpo, ganho de peso por idade). Estudos futuros de mapeamento de QTL poderão também buscar marcadores genéticos relacionados às formas corporais que mostrem ser de interesse do setor produtivo e consumidor final, conforme feito para outras espécies de peixes da aquicultura (Colihueque & Araneda, 2014).

### Conclusão

Os resultados exploratórios deste trabalho demonstram, pela primeira vez, a variabilidade morfométrica em diferentes populações de tambaqui cultivadas em condições ambientais idênticas, indicando a existência de variabilidade fenotípica na espécie para aproveitamento em futuros programas de melhoramento genético.

### Agradecimentos

Os autores agradecem o Banco Nacional de Desenvolvimento Econômico e Social (BNDES) pelo auxílio financeiro, o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsas, e os seguintes parceiros pela doação das pós-larvas à EMBRAPA: Aniceto C.W. Neto, Biofish Aquicultura LTDA, Fazenda São Paulo, José Mario R. Mendes, Marcelo Yokoyama, Estação de Piscicultura de Balbina, Secretaria de Produção Rural do Amazonas- SEPROR, Universidade Federal do Mato Grosso-UFMT, Centro de Aquicultura da Universidade Estadual “Júlio de Mesquita”-CAUNESP.

### Literatura citada

- Colihueque, N. & Araneda, C. 2014. Appearance traits in fish farming: progress from classical genetics to genomics, providing insight into current and potential genetic improvement. **Frontiers in Genetics**, 5(251), 1-8.
- Klingenberg, C.P., & G.S. McIntyre. 1998. Geometric morphometrics of developmental instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with Procrustes methods. **Evolution**, 52, 1363-1375
- Marcos, R., Povh, J.A., Oliveira, C.A.L. Lopera-Barrero, N.M. Abreu, J.S. Ribeiro, R.P. & Murari, P.J.F. 2016. Weight gain and morphometric growth of genetically improved tambaqui (*Collossoma macropomum*). Semina: **Ciências Agrárias, Londrina**, 37, 2521-2528.
- Oliveira, C.A.L., Ribeiro, R.P., Yoshida, G.M., Kunita, N.M., Rizzato, G.S., Oliveira, S.N., Santos, A.I. & Hguyen, N.H. 2016. Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia *Oreochromis niloticus* in Brazil. **Journal of Applied Genetics**, 57, 487-493.