

Modelos para análise genética de resistência ao carrapato em bovinos cruzados Nelore x Hereford¹

**Denise Rocha Ayres², Rodrigo Junqueira Pereira³, Fabyano Fonseca e Silva⁴, Flávio Schenkel⁵,
Vanerlei Mosaquatro Roso⁶, Lucia Galvão de Albuquerque⁷**

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor, junto ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – FCAV-Unesp/Jaboticabal, financiada pelo CNPq

²Departamento de Zootecnia – FCAV-Unesp/Jaboticabal. Bolsista do CNPq. e-mail: d.ayres@ig.com.br

³Departamento de Zootecnia – FCAV-Unesp/Jaboticabal. Bolsista FAPESP

⁴Professor adjunto do Departamento de Estatística – UFV/ Viçosa.

⁵Professor associado do Departamento de Ciência Animal da University of Guelph

⁶Consultor Associado Gensys S/S Ltda

⁷Professora titular do Departamento de Zootecnia-UNESP/Jaboticabal, pesquisadora CNPq e INCT-CA, São Paulo, Brasil

Resumo: A resistência bovina ao carrapato é inferida por meio da contagem do número de carrapatos infestantes no animal. Frequentemente, o modelo utilizado para análise genética de resistência bovina ao carrapato necessita da aplicação de transformação logarítmica das observações de contagem. Nosso objetivo com esse estudo foi avaliar o ajuste de diferentes modelos para a avaliação da característica. Foram avaliados três modelos: linear com a utilização da transformação logarítmica das observações (Logarítmico), linear sem a transformação das observações (Linear) e linear generalizado Poisson com adição de um termo residual (Poisson). Todos os modelos incluíram os efeitos classificatórios de grupo de contemporâneos (GC) e grupo genético (GG), as (co)variáveis idade do animal na época da contagem e heterozigose individual além do efeito genético aditivo como aleatório. Para a prática de seleção para animais resistentes ao carrapato tanto o modelo Poisson quanto o Logarítmico podem ser utilizados.

Palavras-chave: bovinos de corte, comparação de modelos, modelos lineares generalizados

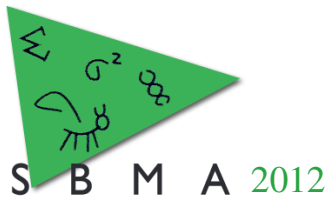
Evaluation of models for genetic analysis of tick resistance in crossbreds Nelore x Hereford cattle

Abstract: Cattle resistance to tick is measured by counting the number of ticks on the animal. Often, the model used for genetic analysis of tick resistance requires the use of logarithmic transformation of the counting. Our aim with this study was to evaluate the fit of different models for evaluating this trait. Three models were applied: with linear logarithmic transformation of the observations (Logarithmic), without linear transformation of the observations (Linear) and generalized linear Poisson, with the addition of a residual term (Poisson). All models included the effects of contemporary group (CG) and genetic group (GG), age of the animal at the time of the count and heterosis as covariable, besides genetic effect as random. For selection purposes both Logarithmic as Poisson model may be used for tick resistance.

Keywords: beef cattle, model comparison, generalized linear models

Introdução

Predominantemente encontrado em regiões tropicais como Brasil, África e Austrália, o carrapato *Rhipicephallus (Boophilus) microplus* é o parasita que merece maior atenção e destaque na cadeia produtiva bovina. Causador de vultosas perdas pode levar a um prejuízo que chega aos 2 milhões de dólares anuais no Brasil (Grisi et al., 2002). O método usual para o controle do carrapato é o tratamento químico, no entanto, o uso indiscriminado dos mesmos tem levado à seleção de parasitas cada vez mais resistentes aos diferentes princípios ativos das formulações. Uma opção aos tratamentos químicos é a utilização de animais resistentes ao carrapato. Estudos prévios mostram diferentes níveis de resistência bovina ao carrapato, com estimativas de herdabilidade variando de 0,05 a 0,42 para a característica (Prayaga & Henshall, 2005; Budeli et al., 2009), sugerindo assim a possibilidade de se obter ganhos genéticos por seleção para a mesma. Frequentemente, os modelos aplicados para estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características como a contagem de carrapatos são lineares, após a transformação (logarítmica) das observações, na tentativa de obter uma distribuição Normal. No entanto, não foram encontradas na literatura, para esta característica, estudos com



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

metodologias cujas transformações diretas dos dados não fossem necessárias, tal como os modelos lineares generalizados mistos. Assim, objetivou-se com este estudo avaliar os modelos lineares com e sem transformação logarítmica das observações e um modelo linear generalizado misto assumindo distribuição Poisson com a adição de um termo residual, para estimar parâmetros genéticos para a característica contagem de carrapatos, buscando o modelo mais adequado para avaliação genética desta característica.

Material e Métodos

Foram analisados dados de 7.178 animais cruzados Nelore x Hereford obtidos junto ao Programa de Melhoramento Genético da raça Braford conduzido pela Conexão Delta G. Os dados de contagem de carrapatos (CC) foram colhidos aproximadamente ao sobreano (330 a 720 dias de idade) utilizando a metodologia proposta por Cardoso et al. (2000), que consiste na contagem de fêmeas do carrapato a partir de 4 mm de diâmetro, na região compreendida entre as faces internas dos membros posteriores (região entre pernas). Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos por: estação de nascimento (primavera: setembro a novembro, verão: dezembro a fevereiro, outono: março a maio e inverno: junho a agosto), ano de nascimento, rebanho na avaliação, sexo, grupo de manejo, estação (primavera, verão, outono e inverno) e ano da contagem. O grupo genético (GG) foi composto pela concatenação da composição racial da vaca e do animal de acordo com a proporção esperada de genes Nelore de cada um, formando-se assim 23 GG. Os registros dos animais pertencentes aos GC com menos de 3 observações ou com um único GG foram excluídos.

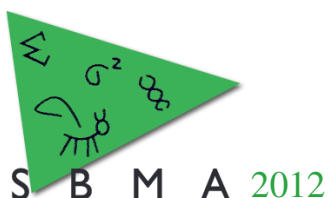
As análises foram realizadas pelo método Bayesiano, sob modelo animal, utilizando-se o pacote MCMCglmm (Hadfield, 2010), que encontra-se disponível em linguagem R (R Development Core Team, 2011). Primeiramente foi utilizado o modelo Linear com os dados sem transformação (I), ou seja, sem que houvesse a tentativa de normalização por transformação logarítmica. Para o segundo modelo linear (II) foi feita a transformação Logarítmica das observações (TCC), em que $TCC = \log_{10}(CC+1)$. Por fim, foi realizada uma análise considerando um modelo linear generalizado misto com distribuição Poisson (III) para os dados de contagem de carrapatos. O enfoque geral de modelos lineares generalizados mistos apresentados por Hadfield (2010), está fundamentado na utilização de um preditor linear (η_{ijkl}), sendo que para os modelos lineares com dados reais e transformados, tem-se respectivamente, $\eta_{ijkl} = CC_{ijkl}$ e $\eta_{ijkl} = TCC_{ijkl}$. Porém, ao assumir que $CC_{ijkl} \sim \text{Poisson}(\lambda_{ijkl})$, é necessário usar o conceito de função de ligação, sendo a mais usual a logarítmica, fazendo $\eta_{ijkl} = \ln(\lambda_{ijkl})$. Foi considerado o seguinte modelo misto: $\eta_{ijkl} = \beta_0 + CG_i + GG_j + b_1 A_k + b_2 H_k + \alpha_k + e$, em que: η_{ijkl} são os referidos preditores lineares, β_0 o intercepto, CG_i o efeito sistemático do i -ésimo grupo contemporâneo, GG_j o efeito sistemático do j -ésimo grupo genético, b_1 o efeito linear da idade A do animal k no momento da contagem, b_2 o efeito linear da heterozigose H do animal k e α_k o efeito aleatório genético aditivo do k -ésimo animal.

Para avaliar a qualidade de ajuste dos modelos foram utilizados o Critério de Informação da Deviance (DIC) e o Quadrado Médio do Resíduo (QMR). Os modelos foram comparados também pela correlação de rank (Spearman) entre os valores genéticos dos animais, preditos pelos diferentes modelos.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade encontradas foram de 0,08, 0,10 e 0,14 para os modelos Linear, Logarítmico e Poisson, respectivamente, concordando com as encontradas na literatura quando estimadas pela metodologia da máxima verossimilhança restrita e utilizando a transformação logarítmica nos dados observados (Prayaga & Henshal, 2005; Budeli et al., 2009).

O modelo Poisson apresentou DIC destacadamente menor do que o modelo Linear (Tabela 1), sugerindo assim o modelo Poisson como o de melhor ajuste para a análise da característica contagem de carrapatos. Entretanto, não é possível utilizar o DIC para comparações entre modelos em que se tem transformação direta dos dados, como o modelo linear com transformação logarítmica. Assim, pela análise do QMR, em que é possível comparar os três modelos, observa-se uma discreta superioridade do modelo Poisson (Tabela 1), enquanto que, os coeficientes de determinação entre as contagens de carrapato observadas e preditas foram muito semelhantes para todos os modelos. Penagaricano et al. (2010) concluíram que a melhor performance do modelo Poisson, quando comparado aos modelos



lineares, seja, possivelmente, devido à inclusão do termo residual em sua modelagem, que consegue capturar uma possível dispersão proveniente dos dados amostrados, levando a um melhor ajuste deste modelo para análises com dados de contagem.

Tabela 1. Critério de Informação da Deviance (DIC), quadrado médio do resíduo (QMR) e o coeficiente de determinação (R^2) entre os valores observados e preditos para característica contagem de carrapatos.

	Linear	Logarítmico	Poisson
DIC	52.128	-	33.377
QMR	67,42	70,26	65,36
R^2	0,51	0,50	0,53

As correlações de rank entre os valores genéticos preditos foram de 0,86, 0,89 e 0,98 entre os modelos Linear-Logarítmico, Linear-Poisson e Logarítmico-Poisson, respectivamente, sugerindo diferenças entre os modelos no que diz respeito à classificação dos animais. A maior correlação foi observada entre os modelos Logarítmico e Poisson, mostrando maior coincidência entre as classificações dos animais para os dois modelos. A menor correlação obtida entre os valores genéticos preditos utilizando o modelo Linear e os demais evidencia alteração significativa nas classificações dos animais.

Conclusões

A característica contagem de carrapatos em bovinos cruzados apresentou estimativas de herdabilidade de baixa a média nos rebanhos estudados, devendo responder à seleção a longo prazo. O modelo Poisson com resíduo apresentou um melhor ajuste quando comparado aos modelos lineares com ou sem transformação logarítmica das observações. Os valores genéticos preditos pelos modelos Poisson e Linear com transformação Logarítmica foram altamente correlacionados, apesar de que ainda assim alguma alteração na classificação dos animais seja esperada. Para efeito de seleção genética de animais resistentes ao carrapato tanto o modelo Poisson como o modelo Linear transformado poderiam ser empregados.

Literatura citada

- BUDELI, M.A.; NEPHAWE, K.A.; NORRIS, D.; SELAPA, N.W.; BERGH, L.; MAIWASHE, A. Genetic parameter estimates for tick resistance in Bonsmara cattle. **South African Journal of Animal Science**, 2009.
- CARDOSO, V.; FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Comparação de diferentes métodos de avaliação da resistência genética de bezerras F1 Angus X Nelore desmamados ao carrapato *Boophilus microplus*. In: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Belo Horizonte, MG, 2000. **Anais**. III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2000, p. 460-463.
- GRISI, L.; MASSARD, C.L.; MOYA BORJA, G.E.; PEREIRA, J.B. Impacto econômico das principais ectoparasitoses em bovinos no Brasil. **A Hora Veterinária**, n. 125, p.8-10, 2002.
- HADFIELD, J. MCMC Methods for Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCglmm R Package. **Journal of Statistical Software**, v.33, p.1-22, 2010.
- PEÑAGARICANO, F.; URIOSTE, J.I.; NAYA, H.; de LOS CAMPOS, G.; GIANOLA, D. Assessment of Poisson, Probit and linear models for genetic analysis of presence and number of black spots in Corriedale sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.128, p. 105 -113, 2010.
- PRAYAGA, K.C. & HENSHALL, J.M. Adaptability in tropical beef cattle: genetic parameters of growth, adaptive and temperament traits in a crossbred population. **Australian Journal of Experimental Agricultural**, v.45, p.971-983, 2005.