

Modelos para descrever o perfil parasitológico em caprinos Creole das Antilhas Francesas infectados com nematóides gastrointestinais¹

Joashlenny Alves de Oliveira^{2*}, Nathalie Mandonnet³, Jean Christopher Bambou³, Rodrigo Reis Mota⁴, Fabyano Fonseca e Silva⁵, Luciano Pinheiro da Silva⁶, Robledo de Almeida Torres⁷

¹Parte integrante da Tese de Doutorado da primeira autora, financiada pela FAPEMIG.

²Doutoranda em Zootecnia, bolsista FAPEMIG – DZO/UFV, Viçosa, MG. joahsy@hotmail.com.br

³Pesquisador(a) do INRA - Antilhas Francesa, Guadeloupe, F.W.I

⁴Pós-doutorando em Zootecnia, bolsista da CAPES – DZO/UFV, Viçosa, MG.

⁵Professor Associado DZO/CCA/UFV, Viçosa, MG.

⁶Professor Adjunto DZO/CCA/UFC, Fortaleza, CE.

⁷Professor Titular DZO/CCA/UFV, Viçosa, MG.

*Autora apresentadora.

Resumo: Objetivou-se selecionar o melhor modelo para estimar parâmetros genéticos para a resistência de caprinos Creole ao *H. contortus*. Foram utilizados 1.143 registros de contagem de ovos por grama de fezes. Os modelos foram comparados por meio da informação de Akaike e Bayesiano de Schwarz, e do logaritmo do máximo da função de verossimilhança. O modelo de regressão aleatória de ordens 2 e 3 para os efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente, respectivamente, foi o mais adequado.

Palavras-chave: *H. contortus*, regressão aleatória, repetibilidade, resistência genética

Models to describe parasitological profiles in Creole goats from French West Indies infected with gastrointestinal nematodes

Abstract: We aimed to compare the best fitting model in order to estimate genetic parameters for *H. contortus* resistance in Creole goats. It was used 1,143 eggs counts per gram of feces. Models were compared using Akaike Information, Schwarz Bayesian Information and logarithm of the maximum likelihood function criteria. The random regression model of orders 2 and 3 for genetic and permanent environment effects respectively, best fit and seemed to be appropriated to estimate genetic parameters.

Keywords: genetic resistance, *H. contortus*, random regression models, repeatability models

Introdução

A infecção parasitária ocasionada pelo nematóide *Haemonchus contortus* é um dos maiores entraves na produtividade da caprinocultura corte em ambientes tropicais (Perry et al., 2002). Em Guadeloupe (Antilhas Francesa), a margem bruta de lucro na produção de carne de caprino é reduzida em até 81% devido a infestações parasitárias (Gunia et al., 2013). Uma alternativa viável e eficiente para resolver este problema seria por meio da seleção genética de animais mais resistentes ao endoparasito em questão.

Modelos de repetibilidade (REP) e de regressão aleatória (MRA) tem sido utilizados para análise de dados longitudinais no melhoramento animal considerando diversas características de interesse em diferentes espécies. Uma vez que contagem de ovos por grama de fezes (OPG) é uma característica longitudinal por ser avaliada no mesmo animal ao longo do tempo, tais modelos podem ser utilizados para estimar parâmetros genéticos para a característica em questão.

Portanto, objetivou-se comparar os modelos REP e MRA a fim indicar o mais plausível para estimação de parâmetros genéticos para a resistência ao nematóide *H. contortus* em caprinos Creole criados em Guadeloupe (Antilhas Francesa).

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 192 animais provenientes de um rebanho experimental do INRA (Institut National de Recherche Agronomique) da França, durante os anos de 2009 a 2013, com um total de 1.143 observações de contagem de ovos por grama de fezes (OPG). Estas contagens foram monitorados semanalmente por meio da carga parasitária de nematóides no organismo animal, totalizando 56 dias de monitoramento. O dispositivo experimental de fenotipagem (Figura 1) foi montado em 4 distintos períodos (I, II, III e IV). Animais de 2 linhas divergentes

(resistentes versus suscetíveis) criados em gaiolas acima do solo foram infectados artificialmente com 10.000 larvas L3 de *H. contortus* em 2 etapas distintas (Desafio 1 e 2).

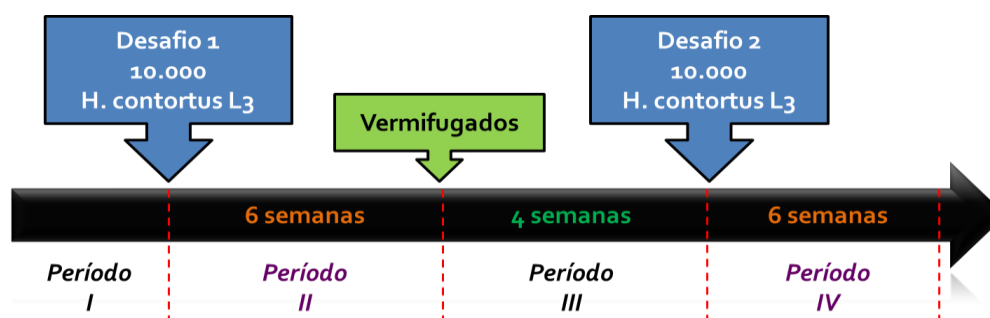


Figura 1. Dispositivo experimental de fenotipagem.

Seis semanas após o Desafio 1 os animais foram vermifugados, e 4 semanas mais tarde reinfetados (Desafio 2), sendo monitorados por um período de 6 semanas. Neste estudo, a resistência desses animais ao parasitismo foi analisada separadamente para cada período de interesse (II e IV).

Para estimação de parâmetros genéticos e posterior detecção de caprinos resistentes ao nematóide *H. contortus*, os modelos REP e MRA foram ajustados aos dados mencionados e comparados sob o ponto de vista estatístico. Vale destacar que o OPG não apresentou distribuição normal, inviabilizando uma análise de forma direta. Como alternativa, utilizou-se a transformação logarítmica ($\log + 15$) visando normalizar os dados.

Os modelos REP e MRA estão representados, respectivamente, pelas seguintes expressões:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{n=1}^2 \beta \phi_{ij} + \alpha_{ij} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad \text{e} \quad y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{k_p-1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=0}^{k_c-1} \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

Em que: Y_{ij} é a contagem de OPG no tempo j do animal i ; F_{ij} é o conjunto de efeitos fixos (grupo de contemporâneos, sexo, períodos de interesse no estudo, II e IV, e tipo de alimentação); β é o coeficiente de regressão para o efeito fixo linear da resistência ao parasitismo gastrointestinal em função ao tempo de coleta dos dados ϕ_{ij} nos períodos II e V; α_{ij} e ρ_{im} são os efeitos genético aditivo direto e ambiente permanente do animal i , respectivamente; β_m é o coeficiente de regressão para efeito fixo da resistência ao parasitismo gastrointestinal observadas ao longo do tempo nos períodos II e V considerando o polinômio de Legendre com $k_\beta = 3$ (função quadrática) para modelar a trajetória média da população; ϕ_m é a função polinomial de Legendre m no tempo de coleta considerado; α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para os efeitos fixos e aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente do animal i , respectivamente; k_a e k_c são as ordens dos polinômios ajustadas (no máximo de 3); e ε_{ij} é o efeito aleatório residual.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para os coeficientes de regressão aleatórios foram obtidos pelo *software* WOMBAT (Meyer, 2007). Os modelos MRA e REP foram comparados por meio dos seguintes avaliadores de qualidade do ajuste: logaritmo do máximo da função de verossimilhança (Log L), critérios de informações de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC).

Resultados e Discussão

Os resultados das análises para OPG quanto aos critérios utilizados em cada período de interesse (II e IV), para comparação entre os diferentes modelos (REP e MRA) adotados são apresentados na Tabela 1.

De acordo com o critério de ajuste AIC e BIC, o modelo MRA (mais especificamente o $F_3A_2AP_3$) para ambos os períodos de interesse (II e IV) foi o mais adequado para descrever os dados de OPG. Já para Log L, $F_3A_2AP_3$ obteve melhor ajuste apenas para o período II. Em contra partida, o modelo REP, considerando os mesmos critérios, mostrou-se insatisfatório para a mesma finalidade. Legarra et al. (2004) reportaram que modelos mais parcimoniosos devem ser preferidos, uma vez que demandam menos recursos computacionais e são menos suscetíveis a erros numéricos.

Tabela 1. Ordem do polinômio para a curva fixa (k_f), e para os efeitos genéticos aditivo direto (k_a) e de ambiente permanente (k_p), número de parâmetros (NP); máximo logaritmo da função de verossimilhança (Log L), critério de informação de Akaike (AIC) e critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) para os modelos estudados.

	MRA	k_f	k_a	k_p	NP	Log L	AIC	BIC
	PERÍODO II	F ₂ A ₂ AP ₂	2	2	2	7	-94,136	202,273
F ₂ A ₂ AP ₃		2	2	3	10	-89,135	198,270	240,132
F ₂ A ₃ AP ₂		2	3	2	10	-88,958	197,916	239,778
F ₂ A ₃ AP ₃		2	3	3	13	-57,631	141,262	195,682
F ₃ A ₂ AP ₂		3	2	2	7	-88,502	191,004	237,192
F ₃ A ₂ AP ₃		3	2	3	10	-54,276	128,552	170,374
F ₃ A ₃ AP ₂		3	3	2	10	-81,200	182,400	224,220
F ₃ A ₃ AP ₃		3	3	3	13	-80,452	186,904	241,270
REP		NA	NA	NA	3	-126,791	259,582	272,326
	MRA	k_f	k_a	k_p	NP	Log L	AIC	BIC
PERÍODO IV	F ₂ A ₂ AP ₂	2	2	2	7	-115,939	245,878	275,478
	F ₂ A ₂ AP ₃	2	2	3	10	-106,151	232,302	274,586
	F ₂ A ₃ AP ₂	2	3	2	10	-107,708	235,416	277,700
	F ₂ A ₃ AP ₃	2	3	3	13	-105,493	236,986	291,956
	F ₃ A ₂ AP ₂	3	2	2	7	-114,400	242,800	272,372
	F ₃ A ₂ AP ₃	3	2	3	10	-103,068	226,136	268,380
	F ₃ A ₃ AP ₂	3	3	2	10	-104,951	229,902	272,146
	F ₃ A ₃ AP ₃	3	3	3	13	-102,477	230,954	285,874
	REP	NA	NA	NA	3	-139,477	284,842	297,528

MRA: Modelo de Regressão Aleatória, REP: Modelo de Repetibilidade; F_{if}A_{ka}P_{kp}: ordem da função de covariâncias para a curva fixa e para os efeitos genético (k_a) e de ambiente permanente (k_p). Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em Log L, AIC e BIC por período.

Conclusões

O modelo MRA (F₃A₂AP₃) se apresentou como sendo o mais adequado para descrever a característica OPG, bem como estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para mesma, em uma população de caprinos Creole criados em Guadeloupe.

Agradecimentos

À FAPEMIG, pela concessão da bolsa de Doutorado e Doutorado Sanduíche. Ao INRA-Antilhas Francesa, pela cessão dos dados.

Referências

- GUNIA, M.; MANDONNET, N.; ARQUET, R. et al. Economic values of body weight, reproduction and parasite resistance traits for a Creole goat breeding goal. **Animal: An International Journal of Animal Bioscience**, v.7, n.1, p.22-33, 2013.
- LEGARRA, A.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Construting covariance functions for random regression models for growth in Gelbvieh beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, n.4, p.1564-1571, 2004.
- MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML, **Journal of Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, n11, p.815-821, 2007.
- PERRY, B.D.; RANDOLPH, T.F.; MCDERMOTT, J.J. et al. **Investing in animal health research to alleviate poverty**. Nairobi, Kenya: International Livestock Research Institute, 148p., 2002.