

Utilização de um modelo de limiar na estimação da herdabilidade de resistência dos ovinos aos endoparasitos

Leonardo Martin Nieto, Elias Nunes Martins*, Francisco de Assis Fonseca de Macedo, Eduardo Shiguero Sakaguti e Alexandra Inês dos Santos

Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil.

*Autor para correspondência.

RESUMO. Foram coletadas informações do número de ovos por grama de fezes (OPG) de 95 ovelhas mestiças, Bergamácia x Corriedale e Hampshire Down x Corriedale, e de 163 cordeiros, filhos dessas fêmeas, com 4 carneiros Texel, entre julho de 1998 e agosto de 2000. Os dados de resistência foram obtidos atribuindo-se 0 (zero) se a $OPG \leq 500$ e 1 (um) se a $OPG > 500$, caso em que o animal foi everminado. As informações de resistência foram analisadas por meio de métodos bayesianos. A média posterior estimada para a herdabilidade da resistência a endoparasitos foi de 0,08. A baixa herdabilidade estimada no presente trabalho evidencia que existe baixa variação genética para resistência a endoparasitos no grupo de animais estudado, o que impossibilitaria a implementação de um programa de melhoramento visando à obtenção de linhagens resistentes aos endoparasitos.

Palavras-chave: ovinos, resistência, endoparasitas, parâmetros genéticos, OPG, modelo de limiar.

ABSTRACT. Utilization of a threshold model in the estimation of the resistance heredity from the ovines to the endoparasites. Information about the number of eggs per feces gram (EPG), from 95 crossbred sheep, Bergamácia x Corriedale and Hampshire Down x Corriedale, and of 163 lambs, offspring of crossbred dams with 4 rams Texel was collected between July 1998 and August 2000. The resistance data were obtained being attributed 0 (zero) if $EPG \leq 500$ and 1 (one) if $EPG > 500$, in case where the animal was drenched. The resistance information was analyzed by Bayesian methods. The posterior mean estimated for heredity or the resistance to endoparasites was of 0.08. The low heredity estimated in this work evidences that low genetic variation exists for resistance against the endoparasites in the group of animals studied, what would disable the implementation of an improvement program seeking the obtaining of resistant lineages to endoparasites.

Key words: sheep, resistance, endoparasites, genetic parameters, EPG, threshold model.

Introdução

Os endoparasitos gastrintestinais são um dos grandes problemas sanitários na produção de ovinos no Brasil. Perdas econômicas causadas por diminuição na produção, aumento nos custos de profilaxia, bem como aumento da taxa de mortalidade dos animais, são seriamente influenciadas pelos endoparasitos gastrintestinais.

A presença do parasitismo causa uma condição subclínica que influi na produtividade. A extensão da perda na produtividade não é resultado apenas da carga parasitária, mas também consequência do estresse nutricional e ambiental, dos métodos de manejo e doenças, entre outros fatores.

A partir do descobrimento, na década de 70, do século XX, de que a contagem de ovos por grama de fezes (OPG) é herdável, e que ela não é influenciada pelo volume e consistências das fezes (Roberts e

Swan, 1981), numerosos experimentos de seleção, baseados na OPG, foram desenvolvidos visando à obtenção de linhagens de ovinos resistentes a diferentes espécies de endoparasitos (Windon *et al.*, 1987; Woolaston *et al.*, 1991; Cummins *et al.*, 1991; McEwan *et al.*, 1992; Sreter *et al.*, 1994).

As estimativas de herdabilidade para resistência a endoparasitos, definida como a capacidade do animal de apresentar baixas cargas parasitárias em ambientes contaminados por larvas de parasitos gastrintestinais, encontram-se entre 0,07 e 0,44. (Eady *et al.*, 1996; Woolaston e Piper, 1996; Morris *et al.*, 1997; Bouix *et al.*, 1998).

Tendo em vista que o objetivo da obtenção de linhagens de ovinos resistentes a diferentes espécies de endoparasitos é a redução do número de everminações aplicadas aos animais, uma alternativa para avaliar a resistência genética dos animais aos endoparasitos pode ser a probabilidade de um

animal ser ou não everminado, baseado na OPG, após um determinado período de tempo.

Características discretas, em melhoramento animal, podem ser analisadas fazendo uso do modelo de limiar proposto por Sorensen *et al.* (1995) e Wang *et al.* (1997). Tal modelo baseia-se no conceito de limiar que, segundo Falconer (1965), pressupõe que o processo de resposta está relacionado a uma variável contínua subjacente, normalmente distribuída, chamada de *Liability* (predisposição), “g”, e a um conjunto de limiares fixos, $t = [t_1 < t_2 < \dots < t_m]$, que divide a linha da Tabela de contingência em m intervalos correspondentes às categorias de respostas com $t_0 = -\infty$ e $t_m = +\infty$. Assume-se que uma característica i tem ψ_i categorias, mutuamente exclusivas, definidas por $\psi_i + 1$ limiares desconhecidos.

Material e métodos

O experimento foi realizado no Centro de Pesquisa do Arenito, da Universidade Estadual de Maringá, no município de Cidade Gaúcha, Noroeste do Estado do Paraná. Essa região situa-se a 23° 25' de latitude Sul, 51° 55' de longitude Oeste e 554,9m de altitude. O clima predominante é subtropical úmido mesotérmico com verões quentes, geadas pouco freqüentes e tendências de concentração de chuvas nos meses de verão.

As informações de OPG foram obtidas, utilizando a técnica de McMaster modificada, a partir de 95 ovelhas provenientes de cruzamentos de fêmeas Corriedale com machos Bergamácia e Hampshire Down, entre julho de 1998 e agosto de 2000. A contagem de OPG foi realizada a cada 28 dias e sempre que ela era superior a 500 o animal era everminado e permanecia em instalações de piso ripado, suspenso por 48 horas. Após a contagem de OPG, os animais eram transferidos para novo piquete.

As ovelhas foram manejadas em piquetes de um ha, formados por *Panicum maximum* Jacq (Tanzânia), *Cynodon dactylon* Pers (Coast-cross) ou *Paspalum notatum* Fluecg (Pensacola).

Também foram utilizadas informações de OPG de 163 cordeiros, filhos das fêmeas mestiças com reprodutores da raça Texel. Assim, nas análises, foram utilizadas as informações das 95 ovelhas mestiças e de 163 cordeiros filhos dessas ovelhas com 4 reprodutores Texel.

Os cordeiros, nascidos em agosto de 1998, permaneceram nas instalações até o desmame, que foi realizado ao 45° dia de idade. Os cordeiros foram manejados em piquete de Coast-Cross até atingirem

os 30kg de peso vivo, ocasião em que foram abatidos.

Os cordeiros nascidos em junho e julho de 1999 e os nascidos em abril de 2000 também foram desmamados no 45° dia, mas permaneceram nas instalações até 60° dia de idade, da mesma forma que os cordeiros nascidos em 1998 foram manejados em piquete de Coast-Cross e abatidos ao atingirem 30 kg. de peso vivo.

A cada 28 dias, a partir do dia de entrada no piquete, os cordeiros foram submetidos individualmente à contagem de OPG, sendo everminados sempre que o resultado foi maior que 500. A resistência dos animais a endoparasitos foi codificada como 0 se o animal não era everminado ($OPG \leq 500$) ou 1 se o animal era everminado ($OPG > 500$), nas diferentes datas que a contagem da OPG era realizada.

As medidas de resistência foram analisadas usando-se uma extensão do programa MTGSAM (Van Tassell *et al.*, 1998). Para a análise, empregou-se um modelo animal que inclui os efeitos fixos de grupo contemporâneo (GC) e ano, e, como aleatórios, os efeitos genéticos diretos e de ambiente permanente. Os GC foram constituídos por animais (da mesma categoria, do mesmo sexo, submetidos ao mesmo tratamento). A variável subjacente pode ser modelada como segue:

$$g = X\beta + Z_1a + Z_2p + e; \text{ em que:}$$

g é o vetor da variável subjacente;

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos;

β é o vetor dos efeitos fixos de grupo contemporâneo e ano;

a e p são, respectivamente, os vetores de efeitos aleatórios genéticos diretos e permanentes de ambiente;

Z_1 e Z_2 são, respectivamente, as matrizes de incidência dos efeitos contidos nos vetores a e p ;

e é o vetor de resíduos.

Admitu-se que os vetores g , a , p e e apresentam a seguinte distribuição conjunta:

$$\begin{bmatrix} g \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_2P & R \\ GZ_1' & G & \phi & \phi \\ PZ_2' & \phi & P & \phi \\ R & \phi & \phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:

ϕ simboliza uma matriz nula;

$$V = Z_1 G Z_1' + Z_2 P Z_2' + R$$

G é a matriz de (co)variância dos valores genéticos, sendo

$$G = A \sigma_a^2$$

em que:

A é a matriz de parentesco;

σ_a^2 é o componente de variância genética aditiva;

P é a matriz de variância e covariância dos efeitos de ambiente permanentes, sendo

$$P = I \sigma_p^2$$

em que:

I é a matriz identidade, de ordem igual ao n° de animais;

σ_p^2 é o componente de variância permanente.

R é a matriz de (co)variância residual, sendo

$$R = I \sigma_e^2$$

em que,

I é a matriz identidade, de ordem igual ao n° de observações;

σ_e^2 é o componente de variância residual.

Para os efeitos fixos, admitiu-se distribuição plana; e para os componentes de variância genética, variância do efeito de ambiente permanente e residual, admitiu-se que tem distribuição de qui-quadrado invertida, na forma:

$$\sigma_a^2 \sim IX^2(\sigma_{a_0}^2, \nu_g); \sigma_p^2 \sim IX^2(\sigma_{p_0}^2, \nu_p); \sigma_e^2 \sim IX^2$$

$$(\sigma_{e_0}^2, \nu_e)$$

tal que:

$$f(\sigma_a^2 / \sigma_{a_0}^2, \nu_g) \propto (\sigma_a^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_g + 2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(\sigma_{a_0}^2 \sigma_a^{-2})}$$

$$f(\sigma_p^2 / \sigma_{p_0}^2, \nu_p) \propto (\sigma_p^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_p + 2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(\sigma_{p_0}^2 \sigma_p^{-2})}$$

$$f(\sigma_e^2 / \sigma_{e_0}^2, \nu_e) \propto (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2}(\nu_e + 2)} \cdot e^{-\frac{1}{2}(\sigma_{e_0}^2 \sigma_e^{-2})}$$

em que ν_g , ν_p e ν_e são os graus de liberdade das distribuições que equivalem ao grau de crença que se tem acerca dos parâmetros, e $\sigma_{a_0}^2$, $\sigma_{p_0}^2$ e $\sigma_{e_0}^2$ são respectivamente a matriz de parâmetro escala da distribuição de σ_a^2 , σ_p^2 e σ_e^2 , e são calculados como segue:

$$\sigma_{a_0}^2 = \frac{\sigma_a^{2*}}{\nu_a^*} = \frac{\sigma_a^{2*}}{(\nu_a - 2)}$$

$$\sigma_{p_0}^2 = \frac{\sigma_p^{2*}}{\nu_p^*} = \frac{\sigma_p^{2*}}{(\nu_p - 2)}$$

$$\sigma_{e_0}^2 = \frac{\sigma_e^{2*}}{\nu_e^*} = \frac{\sigma_e^{2*}}{(\nu_e - 2)}$$

em que σ_a^{2*} , σ_p^{2*} e σ_e^{2*} são, respectivamente, as estimativas *a priori* dos componentes de variância genética aditiva, permanente de ambiente e residual.

Para compreender a função densidade de probabilidade conjunta dos parâmetros, dados os hiperparâmetros, é necessário conhecer a distribuição dos valores observados y , a qual é condicional às observações contínuas e limiares. A relação entre as duas variáveis é incomum porque os valores de y são conhecidos se os valores de g e t são conhecidos, mas o inverso não é verdadeiro. Primeiro $t' = [t_1 t_2 \dots t_\psi]$, onde t' é o vetor de limiares para a característica, e ψ é o numero total de limiares. Para conveniência, admite-se que t' é um vetor nulo para características contínuas. Então, se o registro i inclui uma observação para a característica categórica,

$$P(y_i = k | g_i, t) = \begin{cases} 1 & \text{se } t_{k-1} < g_i < t_k \\ 0 & \text{caso contrario} \end{cases}$$

então,

$$f(y_j, g_i, t) = \sum_{k=1}^{\psi} I(y_i = k) \cdot I(t_{k-1} < g_i < t_k)$$

em que y_i é a variável aleatória observada para o registro i da característica, $I(\cdot)$ é o indicador de função que tem valor 1 se a expressão é avaliada como verdadeira, e 0 em caso contrário. Por definição, para características contínuas i , $f(y_i | g_i, t) = 1$. Então, uma vez que os valores observados são condicionalmente independentes:

$$f(y | g, t) = \prod_i f(y_i | g_i) \\ = \prod_{i_i} \left[\sum_{k=1}^{\psi_i} I(y_i = k) \cdot I(t_{k-1} < g_i < t_k) \right]$$

onde i_i são características categóricas.

A função densidade de probabilidade conjunta dos parâmetros, dados os hiperparâmetros da qual resultam por derivação, as funções densidade de probabilidade condicionais completas para cada parâmetro é escrita como o produto das distribuições *a priori* e a função de verossimilhança da seguinte maneira:

$$\begin{aligned}
& f(g, t, a, p, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_e^2 / y, v_g, \sigma_{a_g}^2, v_p, \sigma_{p_g}^2, v_e, \sigma_{e_g}^2) \\
& \propto f(y / g, t) \cdot f(g / \beta, a, p, \sigma_a^2) \cdot f(\beta) \cdot f(a / \sigma_a^2) \cdot f(p / \sigma_p^2) \\
& \cdot f(\sigma_a^2 / v_g, \sigma_{a_g}^2) \cdot f(\sigma_p^2 / v_p, \sigma_{p_g}^2) \cdot f(\sigma_e^2 / v_e, \sigma_{e_g}^2) \\
& \propto \prod_{j=1}^n \left[\sum_{k=1}^K I(y_j = k) \cdot I(t_{k-1} < g_j < t_k) \right] \cdot |R|^{-n/2} \cdot \\
& \exp \left\{ -\frac{1}{2} (g - X\beta - Z_1 a - Z_2 p) R^{-1} (g - X\beta - Z_1 a - Z_2 p) \right\} \cdot \\
& f(t) \cdot (\sigma_a^2)^{-n_g/2} \cdot \exp \left\{ -\frac{1}{2} a' (\sigma_a^{-2} A^{-1}) a \right\} \cdot (\sigma_p^2)^{-n_p/2} \cdot \exp \left\{ -\frac{1}{2} p' (\sigma_p^{-2} I) p \right\} \\
& \cdot (\sigma_a^2)^{-\frac{1}{2} v_g} \cdot \exp \left\{ -\frac{v_g}{2} \sigma_a^2 \sigma_{a_g}^2 \right\} \cdot (\sigma_p^2)^{-\frac{1}{2} v_p} \cdot \exp \left\{ -\frac{v_p}{2} \sigma_p^2 \sigma_{p_g}^2 \right\} \\
& \cdot (\sigma_e^2)^{-\frac{1}{2} v_e} \cdot \exp \left\{ -\frac{v_e}{2} \sigma_e^2 \sigma_{e_g}^2 \right\}
\end{aligned}$$

onde

n_a é o número de animais no pedigree,

n_p é o número de animais com observações e

m é o número de observações.

Foram geradas, para cada análise, cadeias de Gibbs de 1.100.000 ciclos e amostras foram retiradas a cada 1.000 ciclos, após a eliminação dos 100.000 ciclos iniciais. Assim, foram obtidas 1.000 amostras dos componentes de (co)variância, o que permitiu a elaboração dos gráficos para a visualização das distribuições desses componentes, a construção dos intervalos de credibilidade e regiões de alta densidade, aos níveis de 90%.

Resultados e discussão

A estimativa de herdabilidade para resistência dos ovinos a endoparasitos foi de 0,08, com um intervalo de credibilidade de 90% entre 0,025 e 0,239.

Na Tabela 1, são apresentadas as estimativas para os componentes de variância e seus respectivos intervalos de credibilidade, em nível de 90%, como também as regiões de alta densidade das distribuições posteriores.

Nas Figuras 1, 2 e 3 são apresentadas as distribuições de frequência das médias posteriores da variância genética aditiva, variância do ambiente permanente e herdabilidade, as quais apresentaram assimetria à esquerda. Esse fato é corroborado ao observar a falta de concordância entre o intervalo de confiança e a região de alta densidade (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de variância genética aditiva, permanente, residual e herdabilidade, respectivos intervalos de credibilidade ao nível de 90% e regiões de alta densidade das distribuições posteriores

Componente	Estimativa	I. de credibilidade	Alta densidade
σ_a^2	0,113	0,026-0,314	0,014-0,232
σ_p^2	0,128	0,033-0,329	0,026-0,268
σ_r^2	1	-	-
h^2	0,08	0,025-0,239	0,014-0,188

σ_a^2 = variância genética aditiva, σ_p^2 = variância de ambiente permanente, σ_r^2 = variância residual, h^2 = herdabilidade

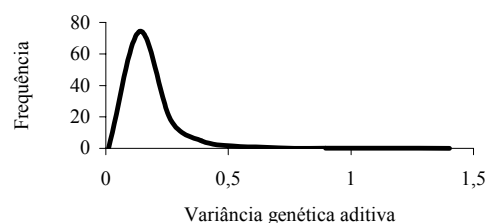


Figura 1. Distribuição posterior do componente de variância genética aditiva para resistência genética dos ovinos a endoparasitas, obtida mediante à utilização de um modelo de limiar

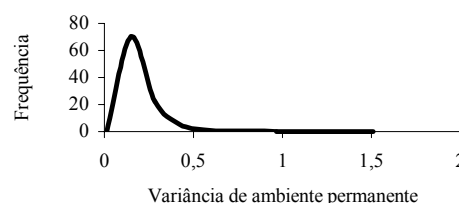


Figura 2. Distribuição posterior do componente de variância devida a efeito permanente de ambiente para resistência genética dos ovinos a endoparasitas, obtida mediante à utilização de um modelo de limiar

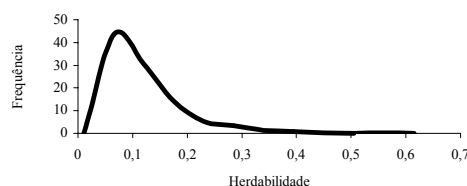


Figura 3. Distribuição posterior da herdabilidade para resistência genética dos ovinos a endoparasitas, obtida mediante à utilização de um modelo de limiar

A estimativa de herdabilidade para resistência dos ovinos a endoparasitos, estimada neste trabalho, em que a resistência é definida pela necessidade de everminação, é inferior ao reportado na bibliografia, quando a resistência é definida pela OPG. Na Nova Zelândia, Bisset *et al.* (1992) estimaram herdabilidade, em ovinos da raça Romney, de 0,34. Em animais da mesma raça, Douch *et al.* 1995) reportaram herdabilidade média de 0,23 para duas datas de amostragem. Na Austrália, Eady *et al.* (1996), trabalhando com linhagens de ovinos Merino, as quais foram testadas para resistência a

endoparasitos, estimaram herdabilidade entre 0,07 e 0,42 para as diferentes linhagens. Rege *et al.* (1996), na Etiópia, avaliando a resistência de ovinos das raças Menz e Horro, encontraram herdabilidade de 0,34. Na Polônia Bouix *et al.* (1998) estimaram, na raça Polish long-wool, herdabilidade entre 0,20 e 0,33, dependendo do mês de coleta da OPG.

A baixa herdabilidade encontrada neste trabalho, para resistência aos endoparasitos, pode ser devida ao fato de que os animais foram everminados quando apresentaram OPG superior a 500. Isso pode ter limitado a expressão da resistência e conduzido a não encontrar diferenças genéticas entre os animais. Portanto, pode ser aconselhável, quando se deseja estimar a herdabilidade por meio de um modelo de limiar, realizar a everminação dos animais a um nível de OPG, que, sem comprometer a saúde dos animais, permita identificar as diferenças genéticas existentes entre eles.

Conclusão

A baixa herdabilidade estimada no presente trabalho, por meio de um modelo de limiar, evidencia que existe baixa variação genética para resistência a endoparasitos no grupo de animais estudado, dentro da condição de manejo sanitário adotada, o que impossibilitaria a implementação de um programa de melhoramento visando à obtenção de linhagens resistentes aos endoparasitos.

Referências

BISSET, S.A. *et al.* Heritability of and genetic correlations among egg counts and productivity traits in Romney sheep. *N. Z. J. Agric. Res.*, Wellington, v.35, p.51-58, 1992.

BOUIX, J. *et al.* Genetic resistance to gastrointestinal nematode parasites on Polish long-wool sheep. *Int. J. Parasitol.*, Sydney, v.28, p.1797-1804, 1998.

CUMMINS, L.J. *et al.* Genetics of *Ostertagia* selection lines. In: GRAY, G.D.; WOOLASTON, R.R. *Breeding for disease resistance in sheep*. Melbourne: Australian Wool Corporation, 1991, p. 11-18.

DOUCH, P.G.C. *et al.* Genetic and phenotypic relationships among anti-*Trichostrongylus colubriformis* antibody level, faecal egg count and body weight traits in grazing Romney sheep. *Livest. Prod. Sci.*, Amsterdam, v.41, p.121-132, 1995.

EADY, S.J. *et al.* Resistance to nematode parasites in Merino sheep: sources of genetic variation. *Aust. J. Agric. Res.*, Collingwood, v.47, p.895-915, 1996.

FALCONER, D.S. The inheritance of liability to certain diseases estimated from the incidence from relatives. *Ann. Hum. Genet.*, Cambridge, v.29, p.51-76, 1965.

McEWAN, J.C. *et al.* 1992. Effect of selection for productive traits on internal parasite resistance in sheep. *Proc. N. Z. Soc. Anim. Prod.*, Hamilton, v.52, p.53-56, 1992.

MORRIS, C.A. *et al.* Response of Romney sheep to selection for resistance or susceptibility to nematode infection. *Anim. Sci.*, Pencaitland, v.64, p.319-329, 1997.

REGE, J.E.O. *et al.* Preliminary evidence for genetic resistance to endoparasites in Menz and Horro lambs in the highlands of Ethiopia. In: THIRD BIENNIAL CONFERENCE OF THE AFRICAN SMALL RUMINANT RESEARCH NETWORK, 3., 1996, Nairobi. *Proceedings...* Nairobi, 1996, p. 37-46.

ROBERTS, J.L.; SWAN, R.A. Quantitative studies on ovine haemonchosis. 1. Relationship between faecal egg counts and total worm counts. *Vet. Parasitol.*, Amsterdam, v.8, p.165-171, 1981.

SORENSEN, D.A. *et al.* Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, Paris, v.27, p.229-249, 1995.

SRETER, T. *et al.* The heritability and specificity of responsiveness to infection with *Haemonchus contortus* in sheep. *Int. J. Parasitol.*, Sydney, v.24, p.871-876, 1994.

VAN TASSEL, C.P. *et al.* Bayesian analysis of twinning and evolution rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *J. Anim. Sci.*, Savoy, v.76, p.2048-2061, 1998.

WANG, C.S. *et al.* Bayesian analysis of calving ease score and birth weight. *Genet. Sel. Evol.*, Paris, v.29, p.117-143, 1997.

WINDON, R.G. *et al.* Genetic control of immunological responsiveness against the intestinal nematode *Trichostrongylus colubriformis* in lambs. In: McGUIRK, B.J. *Merino improvement programs in Australia*. Melbourne: Australian Wool Corporation, 1987, p. 371-375.

WOOLASTON, R.R.; PIPER, L.R. Selection of Merino sheep for resistance to *Haemonchus contortus*: genetic selection. *Anim. Sci.*, Pencaitland, v.62, p.451-460, 1996.

WOOLASTON, R.R. *et al.* Genetic variation in resistance to internal parasites in Armindale experimental flocks. In: GRAY, G.D., WOOLASTON, R.R. (Ed.). *Breeding for disease resistance in sheep*. Melbourne: Australian Wool Corporation, 1991, p. 1-9.

Received on March 05, 2002.

Accepted on April 16, 2003.