44ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
Unesp-Jaboticabal, 24 a 27 de Julho de 2007

Estimativas de componentes de variância por meio de modelos de regressão aleatória em registros de helmintos gastrointestinais na raça Angus

Marcos Vinicius Barbosa da Silva[1,2], Curtis Paul Van Tassell[1], Tad Sonstegard[1], Jaime Araújo Cobuci[3], Lou Gasbarre[1].

[1]Bovine Functional Genomics Laboratory, Agricultural Research Service, USDA Beltsville, MD, USA
[2]Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, – Bolsista do CNPq. E-mail: marcos@anri.barc.usda.gov
[3]Departamento de Zootecnia - UFRGS/Porto Alegre.E-mail: jaime.cobuci@ufrgs.br

Resumo: Um total de 6.375 contagens semanais de ovos por grama de fezes (OPG) foi obtido de 409 animais, pertencentes ao rebanho Wye Angus do Beltsville Agricultural Research Center /ARS/ USDA, entre os anos 1992 e 2003. Para estimação dos componentes de (co)variância, os dados originais foram transformados usando a transformação de Box-Cox. Os arquivo de dados de OPG foram analisados por meio de modelos de regressão aleatória (MRA) e método da Máxima Verossimilhança Restrita. Dentro das diferentes ordens de polinômios de Legendre usadas, o polinômio de ordem 4 foi o que melhor ajustou os dados de OPG. Os resultados indicaram que a tranformação de Box-Cox influenciou diretamente as estimativas de (co)variância e parâmetros genéticos e que o valor de l , estimado por ML, é aquele que possui maior acurácia.

Palavras–chave: bovinos, componentes de variância, ovos por grama de fezes, REML, transformação de Box-Cox

Estimates of (co)variance components using random regression models for gastrointestinal helminthoid data in Angus cattle

Abstract: A total of 6,375 FEC measures were determined for 409 animals between 1992 and 2003 from Beltsville Agricultural Research Center Wye Angus herd. Original data were transformed using an extension of the Box-Cox transformation to approach normality and to estimate (co)variance components. The Random Regression Models (RRM) may be used as a new tool for genetic and non-genetic studies of FEC. Phenotypes were analyzed using RRM, by the Restricted Maximum Likelihood method. Within the different orders of Legendre polynomials used, those with more parameters (order 4) adjusted FEC data best. Results indicated that the Box-Cox transformation has direct influence on the (co)variances and genetic parameters and the l value, estimated by ML, is the more accurate.

Keywords: bovine, Box-Cox transformation, fecal egg count, genetic parameters, REML

Introdução

Em ruminantes, a contagem de OPG é comumente usada para medir a resistência aos nematóides. Uma série de medidas repetidas de OPG pode prover informação sobre a dinâmica populacional de um grupo ou de um indivíduo (Gasbarre et al., 2002). Uma curva de infecção pode ser estimada para cada animal usando-se medidas semanais de OPG. Essas medidas podem ser usadas para agrupar os bezerros em três categorias: Tipo I – animais resistentes que possuem imunidade inata; Tipo II – animais que tenham adquirido imunidade ao longo do tempo; e Tipo III – animais que são susceptíveis à infecção.

As vantagens do uso dos MRA no ajuste dos dados de OPG incluem: a) remoção da variação ambiental nos dados fenotípicos pela consideração do ambiente comum e específico da semana de coleta do registro; b) uso de grande número de registros por animal, preferivelmente ao uso da OPG na forma de valor médio, do maior valor ou valor no pico de infecção, c) estimação correta dos efeitos genéticos e de ambiente permanente influenciando a OPG; d) inclusão da informação de parentesco entre animais, pelo uso do modelo animal e e) facilitação na determinação da curva de infecção e classificação do animal como resistente, susceptível ou de imunidade adquirida; entre outras. Os objetivos do presente estudo foram determinar a eficiência dos MRA na análise de OPG e na estimação de componentes de variância para OPG.

Material e Métodos

Foram utilizados 6.375 registros de OPG de 409 animais da raça Aberdeen Angus, coletados no período de 1992 a 2003, no rebanho BARC/ARS/USDA, entre a 4ª a 26ª semana após a entrada do animal no experimento (Gasbarre et al., 2002).

A OPG foi analisada na escala y_i^l, obtida a partir da transformação de Box-Cox, em que $y_i^l = (y^l - 1)/l, (l \neq 0)$ ou $y_i^l = \log(y_i), (l = 0)$. Para estimativa de máxima verossimilhança (ML) de l, utilizou-se uma adaptação do algoritmo proposto por Hyde (1999). Foram usados diferentes valores de l (1; 0,5; 0,14; 0, -05 e -1) para comparar a eficiência das transformações, as quais foram denominadas de não-transformada (NT), MA, ML, ZE, M5 e M1, respectivamente.

Na estimação dos parâmetros genéticos para OPG, utilizou-se o seguinte MRA:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=1}^{q} b_m f_m(S_i) + \sum_{m=1}^{q} a_{jm} f_m(S_{ij}) + \sum_{m=1}^{q} g_{jm} f_m(S_{ij}) + e_{ij}$$

em que y_{ij} = medida de OPG na i-ésima semana, pertencente ao j-ésimo animal (i=4,5,...,26); F = conjunto de efeitos fixos constituído pelas classes de ano de coleta e sexo-idade do animal; $b_{m,}$ = conjunto de "m" regressores fixos para curva da OPG média da população; $F_m(S_i)$ = função de regressão de ordem "q" que descreve a curva da OPG média da população de acordo com a semana (S_i); a_{jm} , y_{jm} = conjuntos de "m" regressores para as curvas aleatórias (genética aditiva e permanente de ambiente), para cada animal "j"; $F_m(S_{ij})$ = funções de regressão de ordem "q" que descreve as curvas de cada animal "j" de acordo com a semana (S_i), para os efeitos genético aditivo e permanente de ambiente; q = ordem da função polinomial de Legendre utilizada para descrever a curva média da população e os efeitos aleatórios genético aditivo e permanente de ambiente (q=2,3 e 4) e; $e_{ij,=}$ erro experimental aleatório associado a cada medida da OPG na semana "i" do animal "j".

Para ajustamento dos polinômios de Legendre, procedeu-se, primeiramente, a padronização das semanas (S_i) para que apresentassem magnitudes entre -1 e 1.

As estimativas de variância genética ($\hat{g}_{ii}$) e de ambiente permanente ($\hat{p}_{ii}$), determinadas pelos MRA, para OPG durante a semana *i* foram obtidas por $\hat{g}_{ii} = z'_i \hat{G}\, z_i$ e $\hat{p}_{ii} = z'_i \hat{P}\, z_i$, em que $\hat{G}$ e $\hat{P}$ são matrizes de variâncias e covariâncias genética e de ambiente permanente entre os coeficientes de regressão aleatória , respectivamente; $\mathbf{Z}_i$ = vetor de covariáveis específica para semana *i*.

As estimativas de covariância genética e de ambiente permanente entre duas semana *i*, $\hat{g}_{i'i}$ e $\hat{p}_{i'i}$, para $i' \neq i$, foram obtidas por $\hat{g}_{i'i} = z'_{i'} \hat{G}\, z_i$ e $\hat{p}_{i'i} = z'_{i'} \hat{P}\, z_i$, em que $\hat{G}$, $\hat{P}$ e $\mathbf{Z}_i$ como descritos anteriormente; $\mathbf{Z}'_i$, transposto de $\mathbf{Z}_i$, para $i' \neq i$.

As matrizes de (co)variâncias dos coeficientes de regressão aleatórios (genético aditivo e permanente de ambiente) necessárias para o cálculo das correlações genéticas, foram obtidas por meio do programa REMLF90 (Misztal, 2001). Usou-se como critério de convergência a diferença entre o valor de –2log da função de verossimilhança, obtido em iterações consecutivas, menor que 10^{-9}.

Resultados e Discussão

Os critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) para os modelos que usaram os polinômios de ordens 2, 3 e 4 foram 10109,7 10050,8 e 9961,5; 10157,0 10138,7 e 10103,4. Verifica-se, por meio desses valores, que qualidade dos ajustes tendeu a melhorar com o aumento do número de parâmetros no modelo, já que os houve a redução das estimativas de AIC e BIC. O modelo que considerou o polinômio de Legendre de ordem 4 (LEG4) foi usado para estimar os componentes de variância para OPG, ao longo das semanas.

Nas Figuras 1 e 2 são apresentadas as estimativas das variâncias genética aditiva e ambiente permanente da OPG para diferentes valores de l , usando o modelo LEG4. De modo geral, as transformações M1, M5, ZE e MA mostraram tendências similares e baixos valores durante todo o período, com tendências opostas àquelas evidenciadas pela transformação por ML ou nos dados brutos ou não-transformados (NT). Essas duas transformações apresentaram curvas com valores crescentes em relação à variância genética aditiva (Figura 1) até a 12ª semana, diminuindo significativamente, a partir desse ponto, até a 24ª semana, voltando a crescer novamente. Esse aumento verificado no período final,

provavelmente, ocorreu em função do menor número de observações de OPG disponíveis. Essa tendência tem sido observada em estudos envolvendo modelos de regressão aleatória e diferentes características como, por exemplo, a produção de leite. Geralmente, os modelos com maior número de parâmetros são mais flexíveis (ou sensíveis) no ajuste dos períodos que contribuem com pouca informaçào fenotípica para a estimação dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. As estimativas dos componentes de variância relativas ao efeito de ambiente permanente (Figura 2), obtidas para diferentes transformações, seguiram tendências similares àquelas da variância genética aditiva, entretanto, de maiores magnitudes.

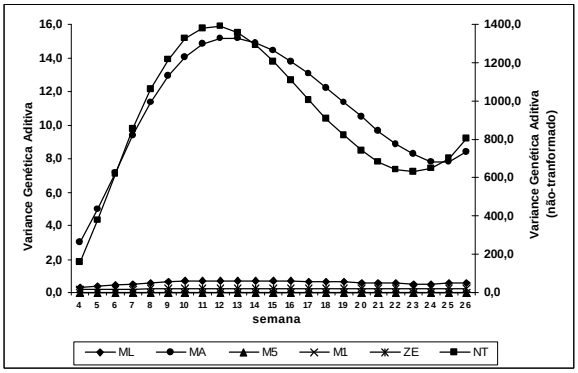

Figura 1 – Estimativas de variância genética aditiva para OPG ao longo das semanas, obtidas para diferentes valores de l .

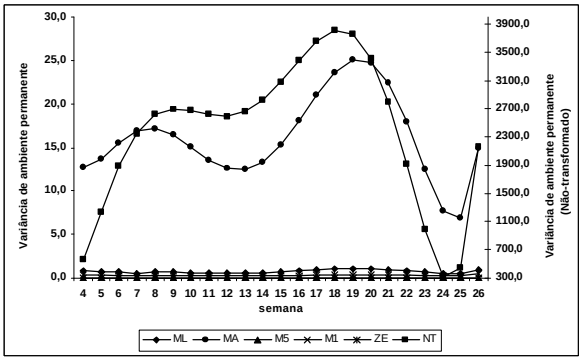

Figura 2 - Estimativas de variância de ambiente permanente para OPG ao longo das semanas, obtidas para diferentes valores de l .

Conclusões

Os modelos de regressão aleatória podem ser usados como nova ferramenta para estudos genéticos e não-genéticos da OPG. A transformação de Box-Cox tem influência direta sobre as estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e o valor de l , estimado por ML, é o que fornece as estimativas mais precisas. Há evidências sobre a existência de diferenças genéticas entre os animais em relação à resistência a nematóides.

Literatura citada

GASBARRE, L. C.; SONSTEGARD, T.; VAN TASSEL, C. P. et al.; Detection of QTL affecting parasite resistance in a selected herd of Angus cattle. In: PROC. WORLD CONGR. GENET. APPLIIED TO LIVEST. PROD, 7, 2002, Montpellier, France. (CD-ROM)

HYDE, S. Likelihood based inference on the Box-Cox family of transformations: SAS and Matlab programs. Billings: Montana State University, 1999. 34p.

MISZTAL, I. [2001]. REML90 manual. Disponível em: htp://nce.ads.ugaedu/pub/ignacy/blupf90/ Acesso em: 03/03/2005.

SCHEFFE, H. The analysis of variance ed. New York: Wiley and Sons, 1959.