

LEANDRO ROBERTO DE MACEDO

MODELAGEM HIERÁRQUICA BAYESIANA NA AVALIAÇÃO DE CURVAS DE
CRESCIMENTO DE SUÍNOS GENOTIPADOS PARA O GENE HALOTANO

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Estatística Aplicada e
Biometria, para obtenção do título de
Magister Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

M141m
2013 Macedo, Leandro Roberto de, 1983-
Modelagem hierárquica bayesiana na avaliação de curvas
de crescimento de suínos genotipados para o gene halotano /
Leandro Roberto de Macedo. – Viçosa, MG, 2013.
ix, 32f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Teoria bayesiana de decisão estatística. 2. Modelos
econométricos. 3. Suíno - Melhoramento genético. 4. Animais -
Melhoramento genético. 5. Stress (Fisiologia) . I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Estatística. Programa de
Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria. II. Título.

CDD 22. ed. 519.542

LEANDRO ROBERTO DE MACEDO

MODELAGEM HIERÁRQUICA BAYESIANA NA AVALIAÇÃO DE CURVAS DE
CRESCIMENTO DE SUÍNOS GENOTIPADOS PARA O GENE HALOTANO

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Estatística Aplicada e
Biometria, para obtenção do título de
Magister Scientiae.

APROVADO: 31 de julho de 2013

Moysés Nascimento

Débora Martins Paixão

Fabyano Fonseca e Silva
(Orientador)

Aos meus pais, Tereza e Pedro
Aos meus irmãos, José, Maria, Neuza e Valdeci
que sempre acreditaram em mim,
dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por ter me dado a vida e forças ao longo dessa jornada.

À minha mãe Tereza, que foi o meu alicerce, que me ensinou a viver a vida com dignidade e a correr atrás de meus objetivos. Ao meu pai Pedro e meus irmãos José, Maria, Neuza e Valdeci que com afeto, amor e dedicação estiveram sempre ao meu lado torcendo por mim.

Ao Departamento de Estatística pela oportunidade em realizar este curso.

Ao professor Fabyano Fonseca e Silva, pelas valiosas orientações, pela confiança e pela amizade.

Ao professor Moysés Nascimento, pelas contribuições e sugestões.

Ao professor Marcelo Ângelo Cirillo, pela colaboração para a realização deste trabalho.

Aos professores do Departamento de Estatística Aplicada e Biometria pelos conselhos e conhecimentos transmitidos durante o curso.

À Carla e a Anita pela prontidão em ajudar sempre que preciso.

À minha namorada Jussara que sempre esteve ao meu lado me dando forças para enfrentar os desafios que a vida nos oferece.

Aos amigos do mestrado pelo companheirismo, pelos momentos de estudo, descontração e pelo apoio.

À Universidade Federal de Viçosa, pela acolhida.

À CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

A todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

LEANDRO ROBERTO DE MACEDO, filho de Tereza Joana Macedo e Pedro Silvério Macedo, nasceu em Viçosa, Minas Gerais, em 27 de julho de 1983.

Em maio de 2006, ingressou no curso de Matemática na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em julho de 2011.

Em fevereiro de 2012, iniciou no Programa de Pós-Graduação, ao nível de Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de dissertação em 31 de julho de 2013.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	vi
LISTA DE FIGURAS.....	vii
RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Curvas de crescimento de suínos.....	3
2.2. Gene halotano.....	4
2.3. Modelos não-lineares.....	5
2.4. Inferência Bayesiana.....	6
2.4.1. Metropolis-Hastings.....	7
2.4.2. Amostrador de Gibbs.....	8
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	9
3.1. Dados.....	9
3.2. Abordagem Bayesiana.....	10
3.3. Abordagem Frequentista.....	12
3.3.1. Método dos quadrados mínimos ordinários.....	12
3.3.2. Processos iterativos e método dos quadrados mínimos.....	13
3.4. Avaliadores da qualidade de ajuste.....	14
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES	16
4.1. Abordagem Bayesiana.....	16
4.2. Abordagem Frequentista	21
5. CONCLUSÕES.....	25
6. REFERÊNCIAS.....	26
7. APÊNDICES.....	29
7.1. Rotinas utilizadas no software R considerando o ajuste do modelo Logístico aos dados individuais de peso-idade dos suínos via metodologia Bayesiana.....	29
7.2. Rotinas utilizadas no software R considerando o ajuste do modelo Logístico aos dados individuais de peso-idade dos suínos para a abordagem Frequentista..	31

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Modelos de regressão não-linear utilizados para descrever as curvas de crescimento dos suínos.....	10
Tabela 2. Estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento Gompertz, Logístico e von Bertalanffy e das diferenças entre estas estimativas para cada grupo (combinação entre os níveis do fator sexo e genótipo do halotano) com os respectivos intervalos HPD de 95%	17
Tabela 3. Comparação Bayesiana dos modelos Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy em cada um dos quatro grupos considerados por meio do <i>Deviance Information Criterion</i> (DIC).....	18
Tabela 4. ANOVA para as estimativas dos parâmetros A (peso adulto) e K (taxa de maturidade), para cada um dos três modelos em cada um dos quatro grupos.....	22
Tabela 5. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste, R^2 e AIC, dos modelos com seus respectivos desvios padrão para a abordagem Frequentista.....	22
Tabela 6. Média das estimativas dos parâmetros A (peso adulto) e K (taxa de maturidade), para os modelos Logístico, Gompertz e von Bertalanffy.....	23

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Densidade a posteriori para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$)..... 19
- Figura 2.** Média ergódica para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$)..... 20
- Figura 3.** Traço da cadeia para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$)..... 20
- Figura 4.** Representação gráfica das curvas de crescimento estimadas para cada um dos quatro grupos considerados..... 21
- Figura 5.** Representação gráfica das curvas de crescimento estimadas para cada um dos três modelos considerados..... 24

RESUMO

MACEDO, Leandro Roberto de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2013. **Modelagem hierárquica Bayesiana na avaliação de curvas de crescimento de suínos genotipados para o gene halotano.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva. Co-orientador: Marcelo Ângelo Cirillo.

Para avaliar a influência do gene halotano sobre a curva de crescimento de suínos, bem como sua interação com o sexo do animal, foi proposta uma modelagem hierárquica Bayesiana. Nesta abordagem, os parâmetros dos modelos não-lineares de crescimento (Logístico, Gompertz e von Bertalanffy) foram estimados conjuntamente com os efeitos de sexo e genótipos do gene halotano. Foram utilizados 344 animais F2(Comercial x Piau) pesados ao nascer, aos 21, 42, 63, 77, 105 e 150 dias. O modelo Logístico foi aquele que apresentou melhor qualidade de ajuste por apresentar menor DIC (*Deviance Information Criterion*) que os demais. As amostras das distribuições marginais *a posteriori* para as diferenças entre as estimativas dos parâmetros do modelo Logístico indicaram que o peso dos machos à idade adulta com genótipo heterozigoto (HAL^{Nn}) foi superior ao dos homozigotos (HAL^{NN}). A título de comparação, também foi considerada a abordagem frequentista tradicional baseada em dois passos distintos, a qual, por apresentar um menor poder de discernimento estatístico, não mostrou diferenças significativas.

ABSTRACT

MACEDO, Leandro Roberto de, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2013. **Hierarchical Bayesian modeling for the evaluation of growth curves of pigs genotyped for the halothane gene.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva. Co-adviser: Marcelo Ângelo Cirillo.

A hierarchical Bayesian modeling was used to evaluate the influence of halothane gene and its interaction with sex on pig's growth curves. Under this approach, the parameters from growth models (Logistic, Gompertz and von Bertalanffy) were estimated jointly with the effects of halothane gene and sex. A total of 344 F2 (Commercial x Piau) animals were weighted at birth, 21, 42, 63, 77, 105 and 150 days in life. The Logistic model has presented the best fit based on DIC (*Deviance Information Criterion*). Thus, the samples from marginal posterior distributions for the differences between the parameters estimates of Logistic model have indicated that the maturity weight of males with heterozygous genotypes (HAL^{Nn}) was superior to males with homozygous genotypes (HAL^{NN}). In order to realize a comparison with the traditional methodology, the frequentist approach based on two distinct steps also was used, but there was not identified significant differences between growth curve parameter estimates from each group (combinations of halothane genotypes and sex).

1. INTRODUÇÃO

O estudo da curva de crescimento de suínos é de grande importância para programas de melhoramento, pois permite identificar animais com maior eficiência de crescimento sob o ponto de vista genético. Geralmente estas curvas são descritas por meio do ajuste de modelos de regressão não-lineares, os quais condensam uma grande quantidade de informações em poucos parâmetros com interpretações biológicas, como peso adulto e taxa de maturidade (FREITAS, 2005).

Uma das estratégias adotadas visando aumentar a eficiência da produção e melhorar a qualidade da carne, incrementando a deposição de músculo na carcaça em detrimento da de gordura, foi o uso de genótipos especializados para produção de carne. Devido ao aumento da frequência do alelo mutado do gene do estresse suíno (halotano) (FUJII *et al.*, 1991) nas linhagens terminais selecionadas para produção, surgiram hipóteses de que este gene esteja diretamente relacionado com crescimento (SATHER *et al.*, 1991; BRIDI *et al.*, 2008). O gene halotano é conhecido como o gene da síndrome do estresse suíno, e animais com genótipos HAL^{Nn} são extremamente sensíveis ao estresse causados, por exemplo, pela mistura com outros animais, transporte, desmame, e manejo (CULAU *et al.*, 2002).

Alguns estudos, como o de Band *et al.* (2005), foram realizados com o intuito de avaliar a influência do gene halotano sobre o peso dos animais em diferentes períodos de desenvolvimento, do desmame ao abate, utilizando o modelo linear, porém nenhuma diferença significativa foi encontrada. Kusec *et al.* (2007) realizaram um estudo pioneiro ao estudar o efeito do gene halotano sobre as estimativas dos parâmetros do modelo Logístico ajustado a dados de peso-idade de animais cruzados (Piétrain × Hampshiresire e Large White × German). Estes autores utilizaram uma metodologia contemplando dois passos independentes, no primeiro ajustou-se o modelo não-linear para dados individuais, e no segundo as estimativas dos parâmetros provenientes deste ajuste foram consideradas como variáveis dependentes em um modelo linear (ANOVA) com efeito de gene halotano (com dois níveis, genótipos HAL^{NN} e HAL^{Nn}). De acordo com Blasco *et al.* (2003) algumas críticas a esta metodologia são: a estimação dos parâmetros e a estimação do efeito do gene são realizadas em duas etapas distintas, portanto a estimação dos parâmetros é realizada sem levar em consideração a diferença entre os animais quanto a presença do gene; na segunda etapa as variáveis dependentes são estimativas de parâmetros de modelos não-lineares, portanto sujeitas a falta de normalidade requerida pela utilização de testes tradicionais como F e t.

Segundo Silva *et al.* (2005), em estudos envolvendo ajuste de modelos de regressão não-linear a dados zootécnicos (curvas de crescimento e de lactação), a inferência Bayesiana foi utilizada com sucesso, pois reduziu substancialmente o número de estimativas viesadas na presença de poucas observações, e apresentou estimação por intervalo mais precisa em relação à obtida pela metodologia frequentista. Além disso, sua principal vantagem é permitir que as estimativas dos parâmetros do modelo não-linear sejam estimadas simultaneamente com os efeitos de possíveis fatores que as afetam, isto é, sob o enfoque de modelagem hierárquica Bayesiana (SILVA *et al.*, 2007). Esta modelagem permite ainda a comparação estatística direta e simplificada entre curvas provenientes de diferentes tratamentos por meio da obtenção de uma distribuição para as diferenças entre as estimativas dos parâmetros. Assim, se os intervalos de credibilidade destas diferenças contêm o valor zero, a diferença entre os parâmetros é não significativa.

Diante do exposto, o principal objetivo do presente estudo foi investigar a influência do gene halotano sobre as estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento de 344 animais (machos castrados e fêmeas) de uma população F2 (Comercial x Piau) considerando dados de pesagens do nascimento aos 150 dias de idade. Objetivou-se ainda comparar três diferentes modelos de regressão não-linear (Logístico, Gompertz e von Bertalanffy) e duas diferentes abordagens: Frequentista e Bayesiana.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Curvas de crescimento de suínos

O estudo dessas curvas de crescimento é realizado a partir de medidas repetidas ao longo do tempo para cada animal, o que possibilita modelar o comportamento do crescimento em relação ao tempo (SILVA *et al.*, 2001). Deste modo, essas curvas permitem obter informações sobre o peso de animais do mesmo grupo racial sob as mesmas condições ambientais, em todas as fases da vida do animal.

Geralmente, o estudo das curvas de crescimento é feito através de modelos não-lineares, os quais conseguem resumir em um pequeno conjunto de parâmetros com interpretação biológica, uma série de informações sobre todo o período de vida dos animais. Segundo Silva *et al.* (2004) os modelos não-lineares, em sua maioria, apresentam os seguintes parâmetros: peso adulto, ou peso assintótico superior, o qual representa o peso à maturidade; taxa de maturidade, a qual representa a velocidade média de crescimento, de modo que quanto maior for o seu valor, mais precoce será o animal (BROWN *et al.*, 1976); constante de integração, a qual não possui interpretação biológica, é uma constante matemática cuja função é ajustar o peso inicial em relação à origem; e o ponto de inflexão, que se refere ao ponto em que o animal muda de uma fase de crescimento acelerada para uma fase de crescimento inibitória. Segundo Malhado *et al.* (2009), os modelos mais utilizados para descrever o crescimento dos animais são os modelos Brody, von Bertalanffy, Richards, Logístico e Gompertz.

O estudo da trajetória de crescimento (peso em função da idade) de suínos é de grande importância para a identificação de indivíduos aptos a participarem de programas de melhoramento genético, onde as estimativas dos parâmetros podem ser interpretadas como variáveis biológicas e utilizadas principalmente na identificação de animais com maior eficiência de crescimento. O conhecimento das estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento é uma ferramenta fundamental para a produção de suínos, pois fornece informações para o estabelecimento de estratégias de manejo, contribuindo para a escolha das melhores técnicas otimizando os lucros dessa atividade, uma vez que este crescimento está ligado diretamente com a qualidade e quantidade da carne. Este ganho pode ser influenciado pela alimentação, por condições climáticas, pelo estado sanitário e pelas características genéticas associadas aos animais (GOTTSCHELL, 1999).

2.2. Gene halotano

Uma das estratégias adotadas visando aumentar a eficiência da produção e melhorar a qualidade da carne, incrementando a deposição de músculo na carcaça em detrimento da de gordura, foi o uso de genótipos especializados na produção de carne, que pode ter resultado no aumento da frequência do gene halotano em linhagens terminais. O gene halotano é de interesse comercial porque pode promover um aumento de 2 a 4% de carne na carcaça (BRIDI *et al.*, 2008), porém também é responsável pela síndrome do estresse suíno.

Segundo Culau *et al.* (2002), alguns animais portadores do genótipo Hal^{Nn} são extremamente sensíveis ao estresse desencadeado por alguns fatores como, desmame, a cópula, exercícios, a mistura com outros animais, o transporte inadequado e o manejo pré-abate. Esta síndrome é caracterizada por uma rigidez muscular, aumento do metabolismo aeróbio e anaeróbio e aumento da produção de calor em resposta aos anestésicos halogenados e vários outros estressores. Pela forte reação muscular no animal vivo e pelo padrão de alterações na carne após o abate, verificaram que havia um defeito na regulação de cálcio, mantendo elevada a concentração de Ca²⁺ sarcoplasmático (MICKELSON & LOUIS, 1992).

Esta síndrome também é denominada Hipertermia Maligna, pois os animais que a desenvolvem apresentam elevada produção de calor. Além de determinar a maior predisposição ao estresse em suínos, o gene halotano é responsável pela produção de carcaças com maior proporção de carne magra, entretanto está relacionado à produção de carne PSE (do inglês: *pale, soft and exudative*), que é um problema grave para a industrialização de carnes. Apesar de existir correlação significativa entre animais portadores do gene halotano e produção de carne PSE (SILVEIRA, 1996), segundo Warris, 1995, apenas o genótipo não explica totalmente a ocorrência deste tipo de carne.

Barton-gade & Blaabjerg (1989) citado por Bridi *et al.* (2008), verificaram que os suínos criados ao ar livre possuíam maior taxa de glicose no músculo no momento do abate, levando à maior produção de lactato nos processos bioquímicos pós-morte. Esses animais apresentaram valores inferiores de pH da carne 45 minutos e 24 horas após o abate que aqueles criados confinados, resultando em uma maior incidência de carcaças com carne PSE. Porém, não encontraram diferenças nos valores de pH inicial e final e na frequência de carnes PSE entre os dois sistemas de produção. Suínos portadores de uma ou duas cópias do alelo mutado do gene halotano apresentam valores inferiores de

pH na carne logo na primeira hora após o abate, o que provoca um aumento na incidência de carne PSE.

Amplos estudos foram realizados sobre o efeito do gene halotano na qualidade da carne, porém estudos sobre a influência deste gene sobre a curva de crescimento dos animais ainda são escassos e pouco conclusivos (KUSEC *et al.*, 2007).

Todos os estudos apresentados apenas foram possíveis de serem realizados após consolidação de uma metodologia confiável de genotipagem. Tal metodologia foi desenvolvida por Fujii *et al.* (1991), os quais aplicaram um método baseado na Reação em Cadeia da Polimerase-Polimorfismo do Comprimento dos Fragmentos de Restrição (PCR-RFLP) para a determinação do genótipo PSS dos animais. A técnica de PCR-RFLP permitiu identificar a mutação do gene que codifica para o receptor rianodina do canal de Ca^{2+} do retículo sarcoplasmático da célula muscular e, assim, distinguir três genótipos: HAL^{NN} (normal, dominante), HAL^{Nn} (heterozigoto) e HAL^{nn} (sensível, recessivo).

2.3. Modelos Não-lineares

Modelos de regressão não-linear são modelos que não são lineares em relação aos parâmetros, e que também não podem ser linearizados por meio de transformações, pois admitem uma estrutura de erros aditiva.

Segundo Souza (1998), os modelos de regressão não-linear podem ser escritos da seguinte forma:

$$y_i = f(x_i, \boldsymbol{\theta}) + \varepsilon_i, i = 1, \dots, n \quad (1)$$

Em que: x_i representa a observação da variável independente, y_i representa a observação da variável dependente, $f(x_i, \boldsymbol{\theta})$ é a função resposta conhecida ou função esperança, $\boldsymbol{\theta} = [\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_p]'$ é um vetor de parâmetros p dimensional desconhecido e ε_i representa o efeito do erro aleatório não observável suposto normal, independente e identicamente distribuído (NID) com média zero e variância desconhecida σ^2 .

Os modelos de regressão não-lineares aplicados às curvas de crescimento têm por objetivo descrever uma trajetória assintótica da variável dependente peso, em função da variável independente tempo. Geralmente, a diferença entre os diversos tipos de modelos não-lineares é dada pela definição do ponto de inflexão da curva, dando uma forma sigmóide a mesma, porém para alguns modelos este ponto pode não existir (SILVEIRA, 2011). Dentre os modelos de regressão não linear, os mais utilizados para

descrever curvas de crescimento animal são os modelos Gompertz (GOMPERTZ e PHILOS, 1825), Logístico (RATKOWSKI, 1983), Brody (BRODY, 1945), Richards (RICHARDS, 1959) e von Bertalanffy (VON BERTALANFFY, 1957).

2.4. Inferência Bayesiana

Um dos principais objetivos da estatística é realizar inferência sobre os parâmetros de um modelo. Na abordagem frequentista, os parâmetros desconhecidos são considerados fixos e toda a análise é baseada nas informações contidas na amostra dos dados.

A inferência Bayesiana consiste no cálculo da densidade *a posteriori* dos parâmetros a partir de uma informação *a priori* para os dados amostrais. Quando o pesquisador não possui informação para incorporar à *priori*, considera-se uma *priori* não-informativa, como por exemplo, a *priori* de Jeffreys (JEFFREYS, 1961).

A partir do momento que uma distribuição *a priori* é considerada, seja ela informativa ou não, e define-se a função de verossimilhança $L(y_1, \dots, y_n | \theta)$, por meio do Teorema de Bayes, obtém-se a distribuição densidade *a posteriori* de θ . Assim qualquer inferência a respeito do parâmetro θ é realizada a partir da distribuição densidade *a posteriori*,

$$P(\theta | Y_n) = \frac{L(Y_n | \theta)P(\theta)}{\int L(Y_n | \theta)P(\theta)d\theta}, \quad (2)$$

sendo $Y_n = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$. Uma amostra aleatória de uma população com densidade f . Em geral, omitimos o denominador uma vez que não depende de θ , e escrevemos a densidade *a posteriori* como:

$$P(\theta | Y) \propto L(Y_n | \theta)P(\theta), \quad (3)$$

ou seja: *Posteriori* \propto *Verossimilhança* \times *Priori*, onde \propto representa proporcionalidade.

Segundo Rosa (1998) para realizar uma inferência em relação a qualquer parâmetro do modelo, deve-se integrar a distribuição *a posteriori* conjunta dos parâmetros, $P(\theta | Y)$ em relação a todos os outros parâmetros. Por exemplo, para se realizar inferência sobre θ_1 deve-se obter a distribuição $p(\theta_1 | Y)$, que é dada por:

$$P(\theta_1 | Y) = \int_{\theta \neq \theta_1} P(\theta | Y) d\theta_{\theta \neq \theta_1} \quad (4)$$

Geralmente a integração da distribuição conjunta *a posteriori* para a obtenção das marginais não é analítica, sendo necessário o uso de algoritmos iterativos especializados como os algoritmos MCMC (*Markov Chain - Monte Carlo*). Uma forma prática de implementar estes algoritmos é utilizar o software R, através do pacote R2OpenBUGS (STURTZ, S., LIGGES, U., e GELMAN, A. 2005. R2WinBUGS: A Package for Running WinBUGS from R. Journal of Statistical Software, 12(3), 1-16.)

Os métodos MCMC consistem em obter uma amostra das distribuições marginais *a posteriori* dos parâmetros de interesse por meio de processos iterativos utilizando as distribuições condicionais completas de cada parâmetro. Assim os valores gerados são considerados amostras aleatórias de uma determinada distribuição de probabilidade, caracterizando o método de simulação Monte Carlo. Dessa forma tem-se uma ação conjunta dos métodos que resulta no método MCMC. Os principais algoritmos dos métodos MCMC são o Metropolis-Hastings e o Amostrador de Gibbs.

2.4.1. Metropolis-Hastings

Este algoritmo é utilizado para a obtenção de uma amostra da distribuição marginal *a posteriori* quando a distribuição condicional dos parâmetros não possui uma distribuição de probabilidade conhecida. Deste modo, geram-se valores dos parâmetros a partir de uma dada distribuição, e esse valor pode ser aceito ou não com uma certa probabilidade.

A descrição do algoritmo de Metropolis-Hastings é a seguinte:

I – Inicialize o contador de iterações $k=0$ e especificam-se os valores iniciais $\theta^{(0)} = (\theta_1^{(0)}, \dots, \theta_p^{(0)})$, onde d representa o número de parâmetros;

II – Gere um novo valor θ' da distribuição proposta $q(\cdot|\theta)$;

III – Calcule a probabilidade de aceitação $\alpha(\theta, \theta')$ e gere $u \sim U(0,1)$;

$$\alpha(\theta, \theta') = \min \left\{ 1, \frac{p(\theta'|Y)q(\theta|\theta')}{p(\theta|Y)q(\theta'|\theta)} \right\}$$

IV - Se $u \leq \alpha$, aceite o novo valor θ' e faça $\theta^{(k+1)} = \theta'$. Caso contrário, rejeite e faça $\theta^{(k+1)} = \theta$;

V – Incremente o contador de k para $k+1$ e volte ao passo II até atingir a convergência.

Segundo Nogueira (2004), à medida que o número de iterações aumenta, a sequência tende à sua condição de equilíbrio, atingindo a característica de estacionariedade de uma forma assintótica. Como os algoritmos MCMC são processos iterativos, são necessários métodos para a avaliação de suas convergências. Dentre os métodos de avaliação de convergência, os mais utilizados são Geweke (1992), Gelman & Rubin (1992), Raftery & Lewis (1992) e Heidelberger & Welch (1993). Todos estes métodos podem ser verificados por meio do pacote R2OpenBUGS do software livre R (R Development Core Team, 2011).

2.4.2. Amostrador de Gibbs

O Amostrador de Gibbs é uma técnica para gerar variáveis aleatórias de uma distribuição marginal sem que se conheça a sua densidade (GAMERMAN, 1997). É um esquema iterativo de amostragem de uma cadeia de Markov, onde a função de transição é formada pelas distribuições condicionais completas. Assim, o Amostrador de Gibbs permite gerar uma amostra da distribuição conjunta *a posteriori* $\pi(\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_k | x)$, desde que as distribuições condicionais completas possuam forma conhecida, no sentido que seja possível amostrar diretamente seus elementos (GELFAND, 1990). À medida que o número de iterações aumenta, a sequência de valores gerados tende a ser amostrada da distribuição marginal de interesse, quando isto acontece, verifica-se uma possível convergência.

A descrição do algoritmo Gibbs Sampler (Amostrador de Gibbs) é a seguinte:

I – Especifique os valores iniciais $\theta^{(0)} = \theta_1^{(0)}, \dots, \theta_p^{(0)}$, e inicialize o contador de iterações $k=1$;

II – Obtenha um novo valor de $\theta^{(k)}$ a partir de $\theta^{(k-1)}$ através da geração sucessiva de valores

Gere um valor $\theta_i^{(k)}$

$$\theta_1^{(k)} = p\left(\theta_1 \mid \theta_2^{(k-1)}, \theta_3^{(k-1)}, \dots, \theta_p^{(k-1)}, Y\right)$$

$$\theta_2^{(k)} = p\left(\theta_2 \mid \theta_1^{(k-1)}, \theta_3^{(k-1)}, \dots, \theta_p^{(k-1)}, Y\right)$$

.....

$$\theta_p^{(k)} = p\left(\theta_p \mid \theta_1^{(k-1)}, \theta_2^{(k-1)}, \dots, \theta_{p-1}^{(k-1)}, Y\right)$$

III - Incremente o contador de k para $k + 1$ e retorne ao passo **II**

IV- Repita o processo até alcançar a convergência.

O conjunto de valores amostrados representa uma amostra da distribuição marginal *a posteriori* de θ . A partir da amostra gerada da distribuição *a posteriori*, obtém-se as estimativas para os parâmetros.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Dados

Os dados utilizados são provenientes de 344 animais F2(Comercial x Piau), machos castrados e fêmeas, da Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Os animais foram pesados nas seguintes fases de desenvolvimento: ao nascimento, aos 21, 42, 63, 77, 105 e 150 (abate) dias. As genotipagens para o gene halotano foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia Animal (Labtec) do DZO-UFV. Observou-se que 149 machos e 141 fêmeas não eram portadores do alelo mutado do gene halotano (HAL^{NN}), enquanto 20 machos e 34 fêmeas eram portadores deste alelo (HAL^{Nn}).

Para estimar os parâmetros das curvas de crescimento dos suínos, foram propostas duas diferentes abordagens: Frequentista e Bayesiana. Em cada uma dessas abordagens, foram ajustados os modelos de regressão não-linear Gompertz, Logístico e von Bertalanffy. Em todos estes modelos (Tabela 1), temos que: y_{ij} é o peso do animal i na idade j , A_i é a estimativa de peso na maturidade (peso adulto) do animal i , b_i é o parâmetro de integração (não tem interpretação biológica, é uma constante matemática cuja função é ajustar o peso inicial em relação à origem) do animal i e K_i é a taxa de maturidade (representa uma medida de precocidade, ou de velocidade de crescimento) do animal i , ε_{ij} é o termo de erro aleatório, considerado independente e identicamente distribuído, com distribuição normal com média zero e variância σ_e^2 em que i varia de 1

até o número de elementos de cada um dos quatro grupos considerados (número de animais em cada grupo), e j varia de 1 a 7 (7 pesagens).

Tabela 1 – Modelos de regressão não-linear utilizados para descrever as curvas de crescimento dos suínos.

Modelo	Forma geral	Referência
Gompertz	$y_{ij} = A_i e^{-b_i e^{-k_i t_{ij}}} + \varepsilon_{ij}$	GOMPertz e PHILOS, 1825
Logístico	$y_{ij} = A_i \left(I + b_i e^{-k_i t_{ij}} \right)^{-I} + \varepsilon_{ij}$	RATKOWSKI, 1983
von Bertalanffy	$y_{ij} = A_i \left(I - b_i e^{-k_i t_{ij}} \right)^3 + \varepsilon_{ij}$	VON BERTALANFFY, 1957

3.2. Abordagem Bayesiana

Na abordagem Bayesiana, o efeito destes quatro grupos, macho e fêmea com genótipo HAL^{NN}, macho e fêmea com genótipo HAL^{Nn}, sobre as estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento foram estimados por meio de um modelo hierárquico bayesiano, o qual foi ajustado separadamente para cada um dos três modelos considerados.

$$y_{ij} | \theta, \sigma_e^2 \sim N \left(A_i \left[I + b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right]^{-I}, \sigma_e^2 \right), \quad (5)$$

$$y_{ij} | \theta, \sigma_e^2 \sim N \left(A_i \exp \left[- b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right], \sigma_e^2 \right), \quad (6)$$

$$y_{ij} | \theta, \sigma_e^2 \sim N \left(A_i \left[I - b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right]^3, \sigma_e^2 \right). \quad (7)$$

A função de verossimilhança (distribuição conjunta dos dados amostrais) foi obtida, separadamente para cada modelo:

$$L(Y | \theta, \sigma_e^2) \propto \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_e^2}} \exp \left\{ - \frac{\left[y_{ij} - A_i \left[I + b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right]^{-I} \right]^2}{2\sigma_e^2} \right\}. \quad (8)$$

$$L(y | \theta, \sigma_e^2) \propto \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_e^2}} \exp \left\{ - \frac{\left[y_{ij} - A_i \exp \left[- b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right] \right]^2}{2\sigma_e^2} \right\}. \quad (9)$$

$$L(y | \theta, \sigma_e^2) \propto \prod_{i=1}^n \prod_{j=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_e^2}} \exp \left\{ - \frac{\left[y_{ij} - A_i \left[I - b_i \exp \left(- K_i t_{ij} \right) \right]^3 \right]^2}{2\sigma_e^2} \right\}. \quad (10)$$

em que $Y = \{y_{11}, y_{12}, \dots, y_{Nm}\}$.

No primeiro estágio da hierarquia, foram consideradas distribuições *a priori* para os parâmetros das distribuições assumidas no primeiro estágio. $A_i \sim N(\mu_A, \tau_A)$, $b_i \sim N(\mu_b, \tau_b)$ e $k_i \sim N(\mu_k, \tau_k)$, de forma que no terceiro e último estágio, foram especificadas as distribuições *a priori* para os parâmetros das distribuições assumidas: $\mu_{A_i} \sim N(\mu_{\mu_A}, \tau_{\tau_A})$, $\mu_{b_i} \sim N(\mu_{\mu_b}, \tau_{\tau_b})$, $\mu_{k_i} \sim N(\mu_{\mu_k}, \tau_{\tau_k})$, $\tau_A \sim G(\alpha_A, \beta_A)$, $\tau_b \sim G(\alpha_b, \beta_b)$, $\tau_k \sim G(\alpha_k, \beta_k)$. Além disso, especificou-se também uma distribuição *a priori* para a variância do erro: $\sigma_e^2 \sim G(\alpha_e, \beta_e)$. Os valores dos hiperparâmetros ($\mu_{\mu_A}, \tau_{\tau_A}, \mu_{\mu_b}, \tau_{\tau_b}, \mu_{\mu_k}, \tau_{\tau_k}, \alpha_A, \beta_A, \alpha_b, \beta_b$ e α_k, β_k) foram escolhidos com base em análises prévias (ROCHA, 2011; FREITAS, 2005).

A modelagem apresentada foi implementada no software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2012) através do pacote R2OpenBUGS, no qual foi implementado o algoritmo para o Amostrador de Gibbs e o Metropolis-Hastings. Para todos os modelos foram utilizadas 25.000 iterações das quais as 5.000 primeiras iterações foram descartadas a fim de evitar os efeitos devido aos “chutes” iniciais. Considerou-se também, para assegurar a independência da amostra um espaçamento entre os pontos amostrais (thin) de tamanho 4. Deste modo, obteve-se uma cadeia final com 8.000 observações para cada parâmetro. Para avaliar a convergência foi utilizado o teste de Geweke e o teste de Raftery & Lewis (1992) mediante o pacote Bayesian Output Analysis (BOA) do R.

As amostras das distribuições marginais *a posteriori* para as diferenças entre as estimativas dos parâmetros A e K para cada um dos quatro grupos considerados foram obtidas com o intuito de verificar significância estatística por meio do intervalo HPD (*Highest Posterior Density*) de 95%. Assim as diferenças apresentam-se como um parâmetro a mais no modelo, e permitem testar a hipótese de igualdade dos parâmetros mediante avaliação do HPD, pois se o valor zero estiver contido neste intervalo, conclui-se que os parâmetros das duas populações envolvidas no contraste são estatisticamente iguais. Esta metodologia foi apresentada por Silva *et al.* (2005) para comparar parâmetros de curvas de lactação de cabras referentes a duas diferentes populações, e posteriormente utilizada para comparar curvas de crescimento de gado Nelore de diferentes grupos genéticos (SILVA *et al.*, 2007).

3.3. Abordagem Frequentista

Na abordagem frequentista tradicional a análise foi feita em dois passos. No primeiro os modelos Gompertz, Logístico e von Bertalanffy foram ajustados para cada animal por meio do método dos quadrados mínimos ordinários com soluções obtidas por meio do processo iterativo de Gauss-Newton utilizando o pacote nls do R. No segundo passo, as estimativas dos parâmetros obtidas no primeiro passo foram consideradas como variáveis dependentes em um modelo ANOVA sendo os tratamentos as combinações de genótipos e sexo.

3.3.1. Método dos quadrados mínimos ordinários

Matricialmente, o modelo de regressão não-linear $\mathbf{y} = f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}^0) + \boldsymbol{\varepsilon}$, é dado por:

$$\mathbf{y} = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix}, f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}^0) = \begin{bmatrix} f(\mathbf{x}, \theta_1^0) \\ f(\mathbf{x}, \theta_2^0) \\ \vdots \\ f(\mathbf{x}, \theta_n^0) \end{bmatrix} \text{ e } \boldsymbol{\varepsilon} = \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{bmatrix}$$

A soma dos quadrados dos erros aleatórios (SQE) deverá ser minimizada por $\boldsymbol{\theta}$, deste modo, a função de mínimos quadrados para um modelo não-linear é escrita da seguinte forma:

$$SQE(\boldsymbol{\theta}) = \sum_{i=1}^n [y_i - f(x_i, \boldsymbol{\theta})]^2,$$

que, matricialmente, pode ser escrita como:

$$SQE(\boldsymbol{\theta}) = [\mathbf{y} - f(\boldsymbol{\theta})]' [\mathbf{y} - f(\boldsymbol{\theta})].$$

Diferentemente dos modelos lineares, em modelos não-lineares não se pode fazer afirmações gerais sobre as propriedades dos estimadores de quadrados mínimos, tais como não tendenciosidade e variância mínima, exceto para grandes amostras, os chamados resultados assintóticos (SOUZA, 1998). Para uma melhor compreensão do processo de obtenção destes estimadores, utilizou-se a seguinte notação de diferenciação matricial:

$$f(\theta) = \begin{bmatrix} f_1(\theta) \\ f_2(\theta) \\ \vdots \\ f_n(\theta) \end{bmatrix}, \text{ e } F(\theta) = \frac{\partial f(\theta)}{\partial \theta'} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_1(\theta)}{\partial \theta_p} \\ \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_2(\theta)}{\partial \theta_p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_1} & \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_2} & \dots & \frac{\partial f_n(\theta)}{\partial \theta_p} \end{bmatrix},$$

em que:

$f(\theta)$ é uma função vetor coluna $n \times 1$ de um argumento p dimensional θ , e $F(\theta)$ é a matriz Jacobiana de $f(\theta)$. Dessa forma, o estimador de mínimos quadrados, $\hat{\theta}$, satisfaz

a equação $\left. \frac{\partial SQE(\theta)}{\partial \theta'} \right|_{\theta=\hat{\theta}} = \phi$, a qual representa a minimização de interesse. Sendo,

$$\left. \frac{\partial SQE(\theta)}{\partial \theta'} \right|_{\theta=\hat{\theta}} = \frac{\partial}{\partial \theta'} [y - f(\theta)]' [y - f(\theta)] = -2[y - f(\theta)]F(\theta), \text{ tem-se: } F'(\hat{\theta})[y - f(\hat{\theta})] = \phi.$$

Portanto, o sistema de equações normais (SEN) é dado por:

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial f_1(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_1} & \frac{\partial f_2(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_1} & \dots & \frac{\partial f_n(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_1} \\ \frac{\partial f_1(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_2} & \frac{\partial f_2(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_2} & \dots & \frac{\partial f_n(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_2} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \frac{\partial f_1(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_p} & \frac{\partial f_2(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_p} & \dots & \frac{\partial f_n(\hat{\theta})}{\partial \hat{\theta}_p} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} f_1(\hat{\theta}) \\ f_2(\hat{\theta}) \\ \vdots \\ f_n(\hat{\theta}) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{bmatrix}$$

3.3.2. Processos iterativos e método dos quadrados mínimos

Geralmente, para o SEN não-linear em 3.2.1 não existe uma solução explícita, sendo assim a solução para o sistema deve ser obtida por meio de processos iterativos. Um dos métodos iterativos é a linearização da função não-linear, chamado Método de Gauss-Newton, o qual se resume ao seguinte procedimento.

Seja o modelo não-linear $y_i = f(x_i, \theta) + \varepsilon_i$, e $\hat{\theta}_0$ um valor tal que $F'(\hat{\theta}_0) = [Y - f(\hat{\theta}_0)] \approx 0$. Aproximando $f(\hat{\theta})$ pelo ponto $\hat{\theta}_0$ por uma TSA (*Taylor Series Expansion*) de 1ª ordem, tem-se:

$$f(\hat{\theta}) \approx f(\hat{\theta}_0) + F(\hat{\theta}_0)(\hat{\theta} - \hat{\theta}_0) \quad (11)$$

$$F'(\hat{\theta}) = [Y - f(\hat{\theta})] \approx \phi \quad (12)$$

Aplicando (11) em (12): $F'(\hat{\theta})[Y - f(\hat{\theta}_0) - F(\hat{\theta}_0)(\hat{\theta} - \hat{\theta}_0)] \approx \phi$, e multiplicando à esquerda, ambos os lados da igualdade, por $[F'(\hat{\theta})]^{-1}$, obtém-se:

$$Y - f(\hat{\theta}_0) - F(\hat{\theta}_0)\hat{\theta} + F(\hat{\theta}_0)\hat{\theta}_0 \approx \phi.$$

Logo, $F(\hat{\theta}_0)\hat{\theta} \approx F(\hat{\theta}_0)\hat{\theta}_0 + [Y - f(\hat{\theta}_0)]$. Multiplicando novamente à esquerda, ambos os lados da igualdade, por $[F(\hat{\theta}_0)]^{-1}$, verifica-se que: $\hat{\theta} \approx \hat{\theta}_0 + [F(\hat{\theta}_0)]^{-1}[Y - f(\hat{\theta}_0)]$.

Fazendo $\hat{\theta} = \hat{\theta}_{k+1}$ e $\hat{\theta}_0 = \hat{\theta}_k$, tem-se para a k-ésima iteração, a expressão (13), a qual representa o processo iterativo conhecido como Gauss-Newton:

$$\hat{\theta}_{k+1} \approx \hat{\theta}_k + [F(\hat{\theta}_k)]^{-1}[Y - f(\hat{\theta}_k)] \quad (13)$$

Este processo iterativo prossegue até que algum critério adotado para convergência seja atingido. No presente trabalho adotou-se o seguinte critério: quando o

máximo de $d_j < \delta$, sendo $d_j = \left| \frac{(\hat{\theta}_{j,k+1} - \hat{\theta}_{jk})}{\hat{\theta}_{jk}} \right|$, para $j=1, 2, \dots, p$, interrompe-se o processo.

O valor de δ foi especificado de acordo com a facilidade de convergência de cada modelo estudado.

3.4. Avaliadores da qualidade de ajuste

Os avaliadores da qualidade de ajuste de modelos de regressão não-lineares utilizados no presente trabalho foram o coeficiente de determinação R^2 e o AIC (Critério de Informação de Akaike) para a abordagem frequentista e o DIC (*Deviance Information Criterion*) para a abordagem Bayesiana, os quais são apresentados a

seguir: $R^2 = \text{côr}(y, \hat{y})^2$ e $\text{AIC} = -2\log\text{like} + 2p$ em que: \hat{y} é o valor predito pelo modelo, $-2\log\text{like}$ é a deviance do modelo e p é o número de parâmetros (neste caso 3 para todos os modelos).

O DIC (*Deviance Information Criterion*) é um critério usual nos problemas bayesianos de seleção de modelos para os quais as amostras da distribuição *a posteriori* dos parâmetros dos modelos foram obtidas por simulação de Monte Carlo em Cadeia de Markov (MCMC). Este critério é uma aproximação assintótica para grandes amostras. Isto é válido quando a distribuição *a posteriori* é aproximadamente uma distribuição normal multivariada.

O desvio é definido como: $D(\theta) = -2\log L(\theta) + C$ em que: θ é o vetor de parâmetros desconhecidos do modelo; $L(\theta)$ é a função de verossimilhança e C é uma constante que se cancela e, portanto não precisa ser conhecida na comparação de dois modelos. O critério DIC é dado por: $\text{DIC} = D(\hat{\theta}) + 2p_D$, sendo $D(\hat{\theta})$ o desvio avaliado na média *a posteriori* e p_D é o número efetivo de parâmetros no modelo, dado por $p_D = \bar{D} - D(\hat{\theta})$, em que $\bar{D} = E\{D(\theta)\}$ é o desvio médio *a posteriori* que mede a qualidade do ajuste do modelo aos dados. Os melhores modelos são aqueles que possuem um menor valor para o DIC.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1. Abordagem Bayesiana

Na abordagem Bayesiana foram estudados três modelos de regressão não-linear (Gompertz, Logístico e von Bertalanffy). Nas Tabelas 2 a 5, os termos μ_{AmNN} , μ_{AmNn} , μ_{AfNN} e μ_{AfNn} correspondem, respectivamente, às estimativas do peso adulto para machos com genótipos HAL^{NN} , para machos com genótipos HAL^{Nn} , para fêmeas com genótipos HAL^{NN} e para fêmeas com genótipos HAL^{Nn} ; e os termos μ_{KmNN} , μ_{KmNn} , μ_{KfNN} e μ_{KfNn} correspondem, respectivamente, às estimativas da taxa de maturidade para machos com genótipos HAL^{NN} , para machos com genótipos HAL^{Nn} , para fêmeas com genótipos HAL^{NN} e para fêmeas com genótipos HAL^{Nn} .

Através dos testes de convergência de Raftery & Lewis e Geweke, pode-se dizer que a convergência foi atingida, pois o período de aquecimento (*burn in*), o número total de iterações e o espaço entre as amostragens (*thin*) usados foram superiores ao mínimo recomendado pelo teste de Raftery & Lewis, além disso, todos os p-valores obtidos para o critério de Geweke (1992) indicaram convergência das cadeias, desde que H_0 postula convergência, e estes p-valores variaram de 0,19 a 0,99.

Na Tabela 2 estão apresentadas, para cada modelo de crescimento considerado, as estimativas da média *a posteriori* para os parâmetros A (peso adulto) e K (taxa de maturidade) em cada sexo, considerando cada um dos genótipos do halotano, bem como as estimativas das diferenças entre estes parâmetros para cada grupo proveniente da combinação entre os níveis de sexo e genótipos. Nesta Tabela também estão apresentados os intervalos de máxima densidade *a posteriori* (HPD).

Na Tabela 2 observa-se que, para os modelos Gompertz e Logístico, há uma diferença significativa entre a estimativa da média do peso adulto dos machos com genótipo homozigoto dominante (NN) e machos com genótipo heterozigoto (Nn), devido ao fato do intervalo HPD para estas diferenças não conterem o valor zero. Como estas diferenças são menores que zero, conclui-se que o peso adulto dos suínos machos heterozigotos para o gene halotano é maior do que o peso adulto dos suínos machos homozigotos dominantes. Para o modelo von Bertalanffy não foram observadas diferenças significativas.

Tabela 2. Estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy e das diferenças entre estas estimativas para cada grupo (combinação entre os níveis do fator sexo e genótipo do halotano) com os respectivos intervalos HPD de 95%.

Parâmetros	Logístico				Gompertz				von Bertalanffy			
	Média	Desvio padrão	HPD		Média	Desvio padrão	HPD		Média	Desvio Padrão	HPD	
			LI	LS			LI	LS			LI	LS
μ_{AmNN}^+	81,03	$6,60 \times 10^{-1}$	79,81	82,30	137,46	1,08	135,80	139,80	156,74	2,92	151,3	161,7
μ_{AmNn}	83,84	$6,79 \times 10^{-1}$	82,54	85,10	143,62	3,36	138,8	150,60	159,21	3,08	153,3	165,6
μ_{AfNN}	79,75	$4,18 \times 10^{-1}$	78,89	80,77	138,39	$7,94 \times 10^{-1}$	136,20	139,2	162,98	2,38	158,3	167,5
μ_{AfNn}	80,36	$8,28 \times 10^{-1}$	78,81	81,95	138,52	3,01	132,40	144	159,63	4,84	150	168
μ_{KmNN}	$3,28 \times 10^{-2}$	$5,75 \times 10^{-4}$	$3,17 \times 10^{-2}$	$3,39 \times 10^{-2}$	$1,27 \times 10^{-2}$	$6,96 \times 10^{-5}$	$1,26 \times 10^{-2}$	$1,29 \times 10^{-2}$	$8,24 \times 10^{-3}$	$1,57 \times 10^{-4}$	$7,95 \times 10^{-3}$	$8,54 \times 10^{-3}$
μ_{KmNn}	$3,23 \times 10^{-2}$	$1,45 \times 10^{-3}$	$2,93 \times 10^{-2}$	$3,50 \times 10^{-2}$	$1,2 \times 10^{-2}$	$2,82 \times 10^{-3}$	$1,19 \times 10^{-2}$	$1,30 \times 10^{-2}$	$8,55 \times 10^{-3}$	$2,82 \times 10^{-4}$	$7,99 \times 10^{-3}$	$9,10 \times 10^{-3}$
μ_{KfNN}	$3,32 \times 10^{-2}$	$5,83 \times 10^{-4}$	$3,20 \times 10^{-2}$	$3,43 \times 10^{-2}$	$1,26 \times 10^{-2}$	$6,77 \times 10^{-5}$	$1,25 \times 10^{-2}$	$1,28 \times 10^{-2}$	$7,88 \times 10^{-3}$	$1,34 \times 10^{-4}$	$7,62 \times 10^{-3}$	$8,15 \times 10^{-3}$
μ_{KfNn}	$3,29 \times 10^{-2}$	$1,16 \times 10^{-3}$	$3,07 \times 10^{-2}$	$3,52 \times 10^{-2}$	$1,19 \times 10^{-2}$	$2,75 \times 10^{-4}$	$1,15 \times 10^{-2}$	$1,25 \times 10^{-2}$	$8,03 \times 10^{-3}$	$2,93 \times 10^{-4}$	$7,46 \times 10^{-3}$	$8,62 \times 10^{-3}$
$\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$	3,71*	$9,92 \times 10^{-1}$	1,84	5,72	6,16*	3,52	0,7	13,60	2,46	4,26	-5,7	11
$\mu_{KmNn} - \mu_{KmNN}$	$-7,48 \times 10^{-4}$	$1,56 \times 10^{-3}$	$-3,25 \times 10^{-3}$	$2,20 \times 10^{-3}$	$-2,19 \times 10^{-4}$	$2,90 \times 10^{-4}$	$-8,1 \times 10^{-4}$	$3,1 \times 10^{-4}$	$-3,14 \times 10^{-4}$	$3,24 \times 10^{-4}$	$-3,19 \times 10^{-4}$	$9,48 \times 10^{-4}$
$\mu_{AfNn} - \mu_{AfNN}$	$9,70 \times 10^{-1}$	1,02	-1,05	2,92	0,13	3,12	-6,0	6,0	-3,34	5,37	-14,1	6,7
$\mu_{KfNn} - \mu_{KfNN}$	$-3,60 \times 10^{-4}$	$1,28 \times 10^{-3}$	$-2,91 \times 10^{-3}$	$2,12 \times 10^{-3}$	$-6,84 \times 10^{-4}$	$2,84 \times 10^{-4}$	$-1,23 \times 10^{-5}$	9×10^{-3}	$1,44 \times 10^{-4}$	$3,22 \times 10^{-4}$	$-4,93 \times 10^{-4}$	$7,66 \times 10^{-4}$

⁺ μ_{AmNN} , μ_{AmNn} , μ_{AfNN} , μ_{AfNn} são, respectivamente, as estimativas do peso adulto para machos com genótipos HAL^{NN}, para machos com genótipos HAL^{Nn}, para fêmeas com genótipos HAL^{NN} e para fêmeas com genótipos HAL^{Nn}; e o s termo s μ_{KmNN} , μ_{KmNn} , μ_{KfNN} e μ_{KfNn} correspondem, respectivamente, as estimativas da taxa de maturidade para machos com genótipos HAL^{NN}, para machos com genótipos HAL^{Nn}, para fêmeas com genótipos HAL^{NN} e para fêmeas com genótipos HAL^{Nn}.

* Significativo ao nível de 5% pelo intervalo HPD.

Na Tabela 3 estão apresentados os resultados do DIC para os modelos ajustados para cada um dos quatro grupos considerados.

Tabela 3. Comparação Bayesiana dos modelos Gompertz, Logístico e von Bertalanffy em cada um dos quatro grupos considerados por meio do *Deviance Information Criterion* (DIC).

Modelo	DIC			
	Grupo 1*	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 4
Gompertz	5286	657	5114	1078
Logístico	4694	565,5	4440	979,6
von Bertalanffy	5504	729,7	5155	1245

* Os grupos 1, 2, 3 e 4 representam, respectivamente, os machos com genótipos do halotano HAL^{NN} , machos com genótipos HAL^{Nn} , fêmeas com genótipos HAL^{NN} e fêmeas com genótipos HAL^{Nn} .

Na Tabela 3 observa-se que o modelo Logístico foi o que melhor se ajustou aos dados, pois apresentou um menor DIC em todos os grupos considerados. Este resultado está de acordo com o encontrado por Freitas (2005), que ao estudar sete modelos não-lineares considerando-se o ajuste de curvas de crescimento na produção animal, verificou que o modelo Logístico apresentou melhor ajuste para a maioria das espécies estudadas, dentre elas os suínos. Kusec *et al.* (2007) ao estudar suínos provenientes de diferentes cruzamentos, também apontaram para o modelo Logístico como sendo o mais adequado para descrever as curvas de crescimento dos animais.

Como o modelo Logístico foi o que melhor se ajustou aos dados, as estimativas dos parâmetros deste modelo foram utilizadas com a finalidade de avaliar a influência do gene halotano sobre a curva de crescimento dos animais. Deste modo, conforme mostrado na Tabela 2, conclui-se que o peso adulto dos suínos machos heterozigotos para o gene halotano é maior do que o peso adulto dos suínos machos homozigotos dominantes. Em contraste com este trabalho, Band *et al.* (2005) ao avaliarem a influencia do gene halotano sobre características de desempenho (pesos a diferentes idades, inclusive ao abate) em uma população de suínos F2 resultantes de cruzamentos divergentes (comercial x Piau), utilizando um modelo linear, concluíram que para a maioria das características não se observaram diferenças significativas entre os genótipos do halotano. Do mesmo modo, Kusec *et al.* (2007) não encontraram diferenças significativas entre os genótipos do halotano sobre as estimativas dos parâmetros do modelo Logístico considerando dois regimes de alimentação (intensivo e

restritivo). Resultados semelhantes de Band e Kusec também foram encontrados por Miller *et al.* (1998) ao avaliarem a influência do gene halotano sobre características de crescimento e carcaça de três linhas comerciais.

Nas Figuras 1 a 3 estão apresentadas, respectivamente, a densidade *a posteriori* para a diferença entre a estimativa da média do peso adulto de suínos machos com genótipo heterozigoto e homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$), a trajetória da média ergódica e a cadeia MCMC após *burn-in* e *thin*.

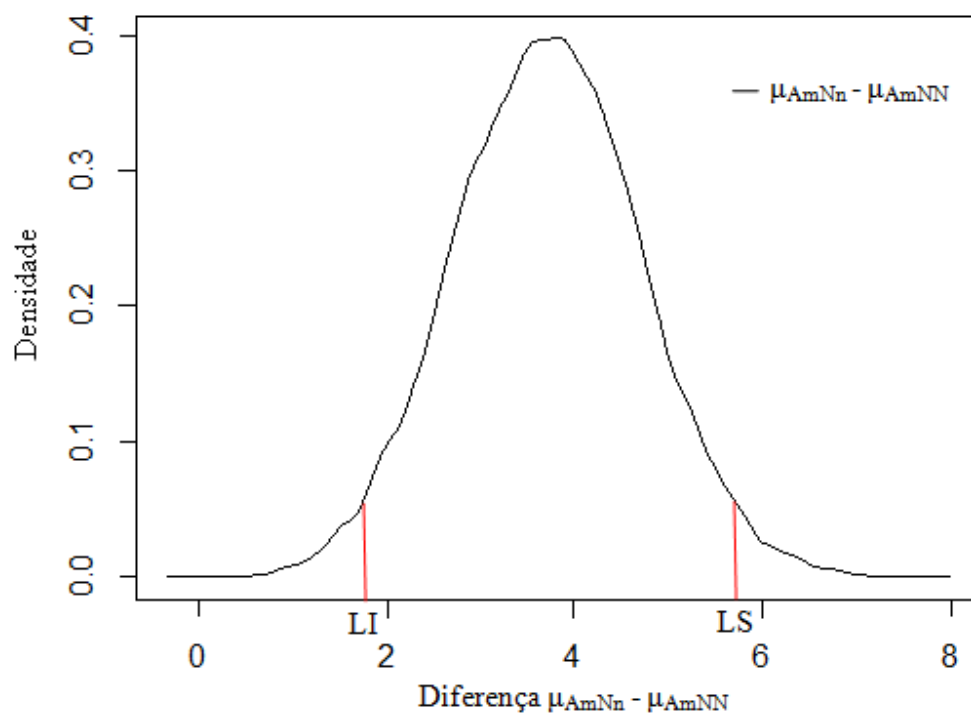


Figura 1. Densidade *a posteriori* para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$).

Na Figura 1 nota-se que o valor zero encontra-se fora (à esquerda) do intervalo HPD de 95% para a diferença entre as médias do peso adulto, indicando que genótipos HAL^{Nn} apresentam maior peso adulto. Já as Figuras 2 e 3 mostram que as cadeias MCMC para a variável diferença realmente atingiram a convergência, pois tanto a média ergódica quanto a cadeia original mostram-se estáveis ao longo das iterações.

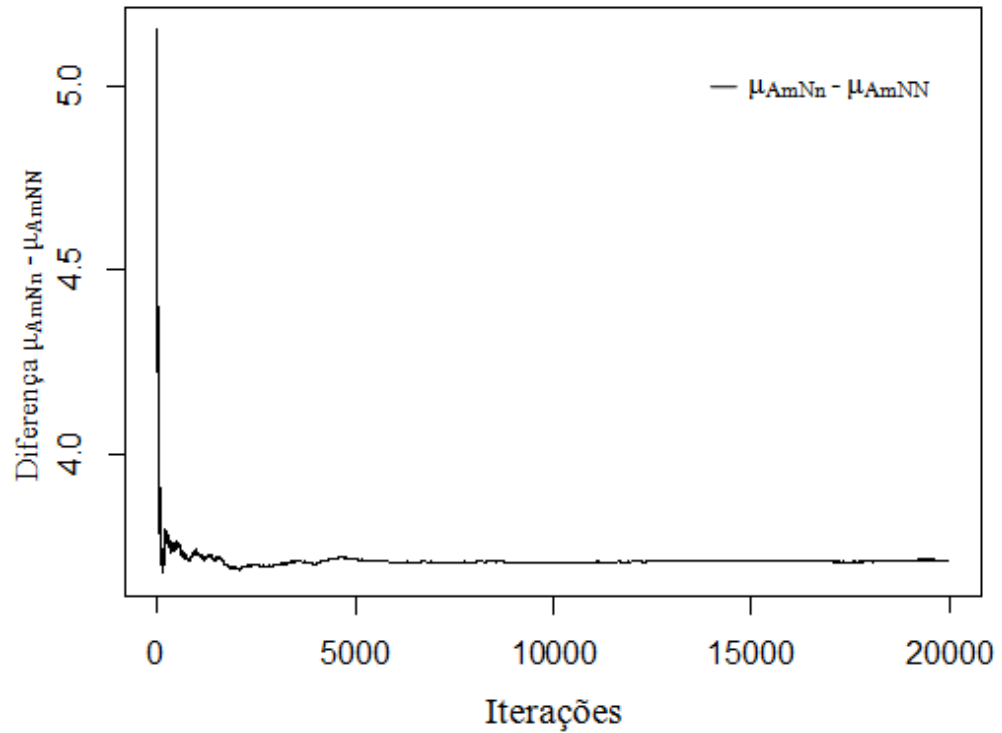


Figura 2. Média ergódica para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$).

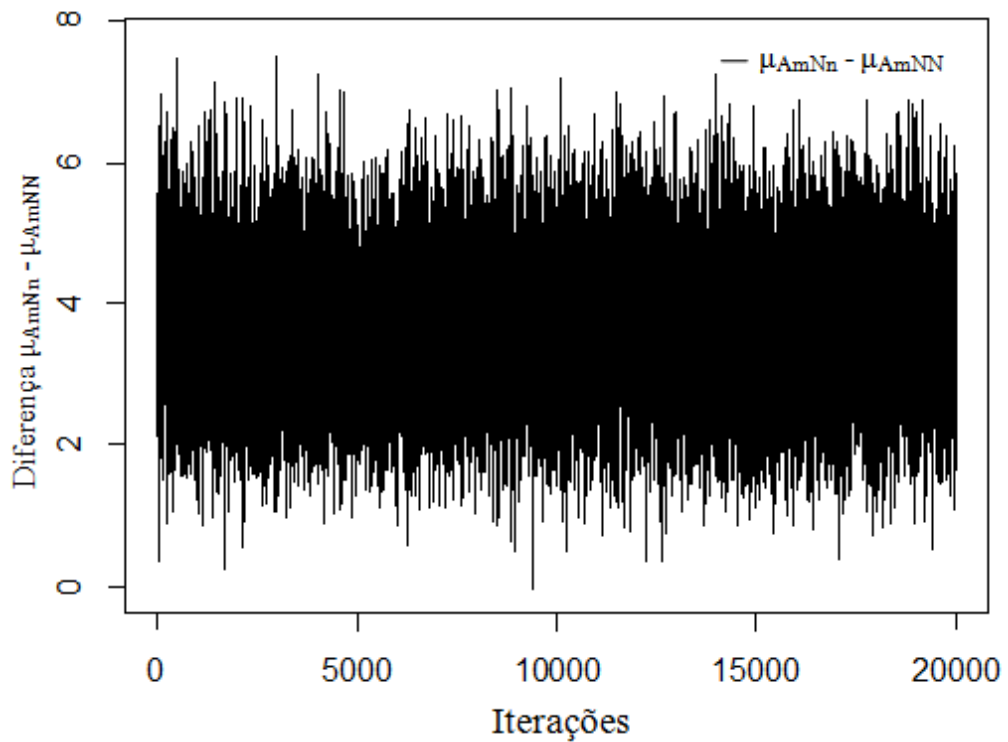


Figura 3. Traço da cadeia para a diferença entre a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo heterozigoto e a estimativa do peso adulto dos suínos machos com genótipo homozigoto dominante ($\mu_{AmNn} - \mu_{AmNN}$).

Na Figura 4 estão apresentadas as curvas de crescimento estimadas para o modelo Logístico considerando cada um dos quatro grupos de animais envolvidos na análise, onde nota-se que o peso dos suínos machos heterozigotos (HAL^{Nn}) é superior ao peso dos demais aos 150 dias de idade.

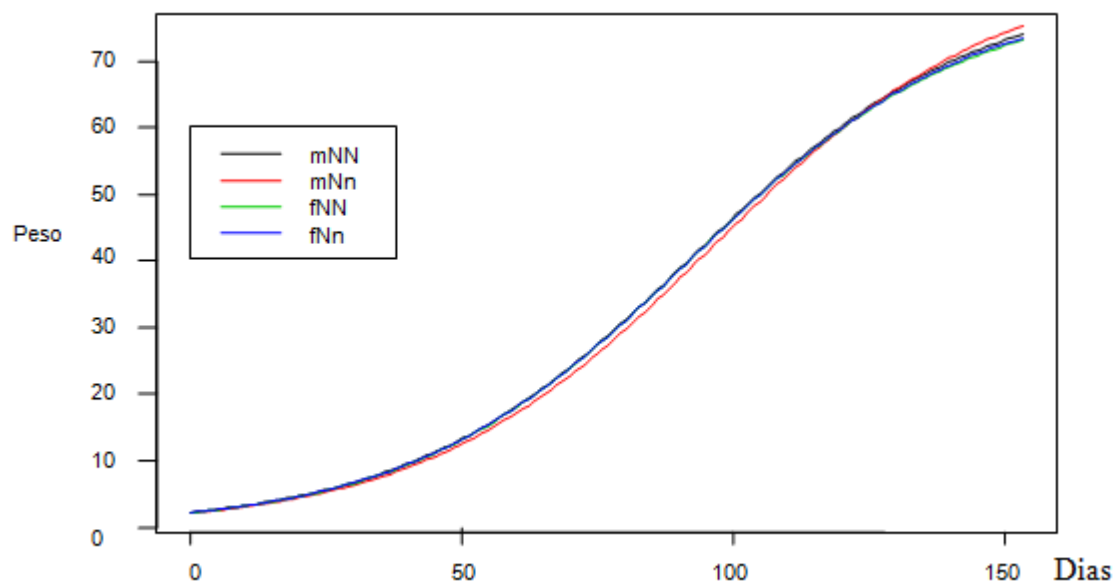


Figura 4. Representação gráfica das curvas de crescimento estimadas para cada um dos quatro grupos considerados.

4.2. Abordagem Frequentista

Na abordagem Frequentista, após obter as estimativas dos parâmetros dos modelos Gompertz, Logístico e von Bertalanffy por meio do método dos quadrados mínimos ordinários para modelos de regressão não linear (via processo iterativo de Gauss-Newton) para cada indivíduo, estas estimativas foram consideradas como variáveis dependentes em um modelo linear (ANOVA) com efeito de gene halotano (com dois níveis, genótipos HAL^{NN} e HAL^{Nn}) e sexo (com dois níveis, macho e fêmea).

Na Tabela 4 está apresentado o quadro ANOVA para as estimativas do parâmetro A (peso adulto) e do parâmetro K (taxa de maturidade), para cada um dos três modelos considerados. Ao contrário do resultado encontrado pela abordagem Bayesiana, nesta Tabela observa-se que utilizando a abordagem Frequentista não foi possível detectar diferenças significativas entre as estimativas dos parâmetros em relação aos quatro grupos considerados, visto que todos os p-valores foram maiores que 0,05, apresentando resultados semelhantes aos trabalhos citados acima.

Tabela 4. ANOVA para as estimativas dos parâmetros A (peso adulto) e K (taxa de maturidade), para cada um dos três modelos em cada um dos quatro grupos.

Modelo	Parâmetro	FV	GL	SQ	QM	Fc	Pr(>F _c)
Gompertz	A	Grupos	3	2239	746,48	2,2974	0,077
		Resíduos	341	110799	324,92		
	K	Grupos	3	6,35x10 ⁻⁵	2,11x10 ⁻⁵	1,0178	0,384
		Resíduos	341	7,09x10 ⁻³	2,08x10 ⁻⁵		
Logístico	A	Grupos	3	109754	36585	1,7482	0,156
		Resíduos	341	7135914	20927		
	K	Grupos	3	9,39x10 ⁻⁵	3,12x10 ⁻⁵	1,90	0,127
		Resíduos	341	5,58x10 ⁻³	1,63x10 ⁻³		
von Bertalanffy	A	Grupos	3	287847	95949	2,200	0,087
		Resíduos	341	148659	43595		
	K	Grupos	3	6,04 x10 ⁻⁵	2,01 x10 ⁻⁵	2,3638	0,081
		Resíduos	341	2,90 x10 ⁻³	8,51 x10 ⁻⁶		

Com a finalidade de escolher o modelo que melhor descreve o crescimento dos animais descritos no item 3.1 para a abordagem Frequentista, foi utilizado o coeficiente de determinação (R^2) e o AIC (Critério de informação de Akaike). Na Tabela 5 estão apresentados os valores médios dos avaliadores da qualidade de ajuste, R^2 e AIC, para os três modelos considerados com seus respectivos desvios padrão.

Tabela 5. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste, R^2 e AIC, dos modelos com seus respectivos desvios padrão para a abordagem Frequentista.

Modelo	$R^2 \pm Sd$	AIC $\pm Sd$
Gompertz	0,9972 \pm 3,03 x10 ⁻³	26,621 \pm 6,69
Logístico	0,9974 \pm 2,37 x10 ⁻³	25,258 \pm 5,84
von Bertalanffy	0,9968 \pm 3,23 x10 ⁻³	27,467 \pm 5,86

Comparando os valores encontrados na Tabela 5, observa-se que o modelo Logístico também foi o que melhor se ajustou aos dados pela abordagem Frequentista, pois apresentou um menor valor para o AIC, visto que os três modelos tiveram um coeficiente de determinação bem próximo uns dos outros.

As médias das estimativas dos parâmetros do modelo Logístico, Gompertz e von Bertalanffy, as quais não se diferem estatisticamente entre grupos, (Tabela 4) estão apresentadas na Tabela 6.

Tabela 6. Média das estimativas dos parâmetros A (peso adulto) e K (taxa de maturidade), para os modelos Logístico, Gompertz e von Bertalanffy.

Modelo	Grupo	Parâmetro	Média	Sd
Logístico	1	A	88,34	18,29
		K	$3,20 \times 10^{-2}$	$4,54 \times 10^{-3}$
	2	A	90,35	17,99
		K	$3,02 \times 10^{-2}$	$3,21 \times 10^{-3}$
	3	A	88,18	17,34
		K	$3,18 \times 10^{-2}$	$4,86 \times 10^{-3}$
	4	A	89,70	20,10
		K	$3,11 \times 10^{-2}$	$3,86 \times 10^{-3}$
Gompertz	1	A	211.59	150.29
		K	$1,19 \times 10^{-2}$	$4,12 \times 10^{-3}$
	2	A	224.94	186.02
		K	$9,57 \times 10^{-3}$	$2,41 \times 10^{-3}$
	3	A	208.97	037.23
		K	$1,16 \times 10^{-2}$	$4,25 \times 10^{-3}$
	4	A	207.90	126.46
		K	$1,12 \times 10^{-2}$	$3,54 \times 10^{-3}$
von Bertalanffy	1	A	320,12	209,57
		K	$6,47 \times 10^{-3}$	$2,98 \times 10^{-3}$
	2	A	358,55	207,11
		K	$4,62 \times 10^{-3}$	$1,34 \times 10^{-3}$
	3	A	347,33	216,88
		K	$6,10 \times 10^{-3}$	$3,04 \times 10^{-3}$
	4	A	339,84	173,30
		K	$5,76 \times 10^{-3}$	$2,73 \times 10^{-3}$

Na Figura 5 estão apresentadas as curvas de crescimento estimadas para cada um dos três modelos considerados onde nota-se que o peso dos suínos machos heterozigotos (HAL^{Nn}) é superior ao peso dos demais aos 150 dias de idade.

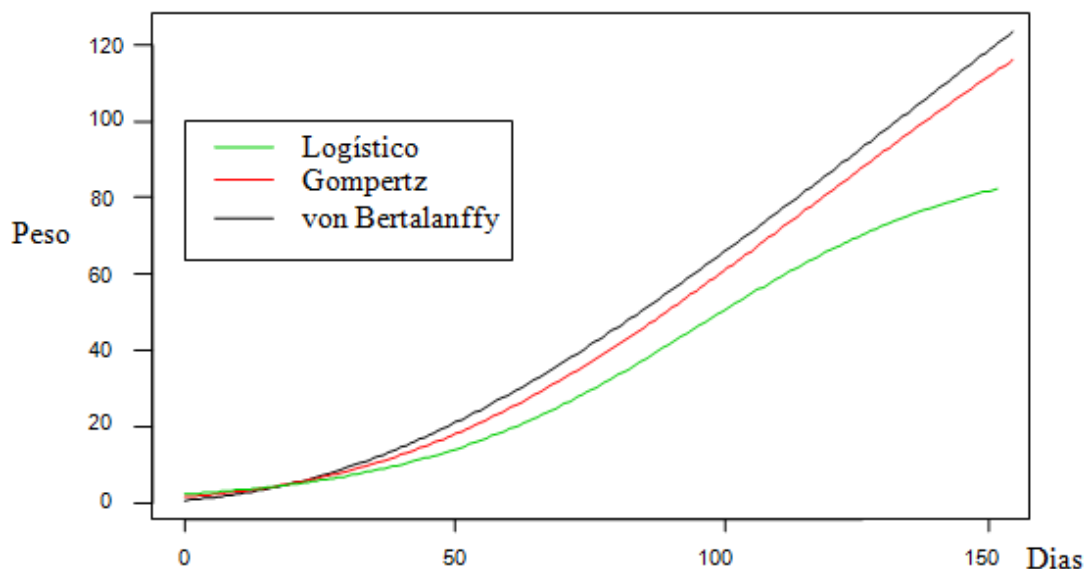


Figura 5. Representação gráfica das curvas de crescimento estimadas para cada um dos três considerados.

Tendo em vista os valores apresentados nas tabelas 3 e 5, nota-se que o modelo logístico foi o que melhor se ajustou aos dados apresentados no item 3.1, tanto para a abordagem Bayesiana quanto para a Frequentista, uma vez que na abordagem Bayesiana foi o que apresentou um menor valor para o DIC, e na abordagem Frequentista, foi o que apresentou um menor AIC.

Analisando as Tabelas 2 e 6, nota-se que a abordagem Bayesiana mostrou-se mais apropriada na estimação dos parâmetros, uma vez que estimou parâmetros mais condizentes.

Como o modelo Logístico foi o que melhor se ajustou aos dados e a metodologia que estimou parâmetros mais condizentes foi a Bayesiana, conclui-se que o gene halotano exerce influência significativa apenas no peso adulto dos suínos machos, sendo que aqueles com genótipo heterozigoto apresentam peso superior àqueles com genótipo homozigoto.

5. CONCLUSÕES

O modelo que melhor se ajustou aos dados apresentados neste trabalho foi o modelo Logístico, pois apresentou um melhor ajuste tanto na abordagem Frequentista (via AIC e R^2) quanto na abordagem Bayesiana (via DIC).

O genótipo HAL^{Nn} do gene halotano exerce influência significativa apenas no peso adulto dos machos, sendo que estes apresentam peso superior àqueles de genótipo homozigoto.

A abordagem Bayesiana mostrou-se mais apropriada para avaliar a influência do gene halotano sobre as curvas de crescimento dos animais, pois além de estimar parâmetros mais condizentes com a realidade, permitiu estimar simultaneamente as estimativas dos parâmetros de modelos não-lineares e os efeitos de possíveis fatores que as afetam.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAND, G. O.; GUIMARÃES S. E. F.; LOPES P. S.; PEIXOTO J. O.; FARIA D. A.; PIRES A. V.; FIGUEIREDO F. C.; NASCIMENTO C. S.; GOMIDE L. A. M. Relationship between the Porcine Stress Syndrome gene and carcass and performance traits in F2 pigs resulting from divergent crosses. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.1, p.92-96, 2005.
- BLASCO, A.; PILES, M.; VARONA, L. A Bayesian analysis of the effect of selection for growth rate on growth curves in rabbits. **Genetic Selection Evolution**, v.35, n p.21-41, 2003.
- BRIDI, A. M.; OLIVEIRA, A. R.; FONSECA, N. A. *et al.* Efeito da ractopamina e do gênero no desempenho e na carcaça de suínos de diferentes genótipos halotano. **In: Seminário de Ciências Agrárias**. Londrina. V. 29, n. 3, p. 713-722, 2008.
- BRODY, S. Bioenergetics and Growth. Rheinhold Publishing, New York. 1945.
- BROWN, J. E.; FITZHUGH Jr., H. A.; CARTWRIGHT, T. C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.42, n.4, p.810-818, Apr. 1976.
- CULAU, P. O. V.; LÓPEZ, J.; RUBENSAM, J. M., *et al.* Influência do Gene Halotano sobre a qualidade da carne Suína. **Ver. Bras. Zoot.** V.31, n.2. 2002 (suplemento), p.954-961.
- FREITAS, A. R. de. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.
- FUJII, J.; OTSU, K.; ZORZATO, F.; LEON, S.; KHANNA, V. K.; WEILER, J. E.; O'BRIEN, P. J.; MACLENNAN, D. H. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. **Science**, v.253, n.2, p.448-451, 1991.
- GAMERMAN, D. Markov chain Monte Carlo: stochastic simulation for Bayesian inference. London: **Chapman & Hall**, P. 145-162, 1996.
- GELFAND, A. E.; HILLS, S.; RACINE POON, A.; SMITH, A. E. M. Illustration of Bayesian inference in normal data models using Gibbs sampling. **Journal of the American Statistical Association**, Alexandria, v. 85, n. 410, p. 972-985, 1990.
- GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, Hayward, v.7, n.4, p.457-511, May 1992.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. New York: Oxford University, 631 p. ,1992.
- GOMPERTZ, B.; PHILOS, T. Roy Soc London.115-513. 1825.
- GOTTSCHALL, C. S. Impacto nutricional na produção de carne-curva de crescimento. In: LOBATO, J. F. P.; BARCELLOS, J. O. J.; KESSLER, A. M. **Produção de bovinos de corte**. Porto Alegre: EDIPUCRS, 1999. p. 169-192.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operation Research**, Maryland, v. 31, n. 6, p. 1109-44, nov-dec. 1983.

JEFFREYS, H. Theory of probability. Oxford: Claredon, 325p. 1961.

KUSEC, G.; BAULAIN, U.; KALLWEIT, E.; GLODEK, P. Influence of MHS genotype and feeding regime on allometric and temporal growth of pigs assessed by magnetic resonance imaging. **Livestock Science**.v.110, p.89–100, 2007.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; AFFONSO, P. R. A. M.; SOUZA Jr., A. A. O.; SARMENTO, J. L. R. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brazilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo, and Santa Inês. **Small Ruminant Research**, v.84, p.16-21, Jun 2009.

MICKELSON, J. R.; LOUIS, C. F. Malignant hyperthermia: excitation-contraction coupling, Ca⁺⁺ release channel, and cell Ca⁺⁺ regulation defects. **Physiological Reviews**, v.72 , n.2, p. 537–592, 1992.

MILLER, D.; ELLIS, M.;MCKEITH, F.; WILSON, E. **Influence of Sire Line and Halothane Genotype on Growth Performance, Carcass, and Meat Quality Characteristics in Pigs**.1998.<http://www.livestocktrail.illinois.edu/porknet/>(acessado em 10/05/2013).

NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; FERREIRA. D. F. Avaliação de critérios de convergência para método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v.65, n. 224, p.59-88, 2004.

PAULINO, C. D.; TURKMAN, M. A. A.; MURTEIRA, B. Estatística Bayesiana. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 446 p., 2003.

R Development Core Team (2011). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. How many iterations in the gibbs sampler? In: BERNARDO, J. M. *et al.* (Eds.). **Bayesian statistics**. Oxford, USA: University Press, 1992. P. 763-773.

RATKOWSKI, D.A. Nonlinear regression modeling: a unified practical approach. **Marcel Dekker**, New York. 1983.

RICHARDS, F.J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.10, p.290-300, 1959.

ROSA, G. J. M. **Análise Bayesiana de modelos lineares mistos robustos via Amostrador de Gibbs**. 1998. 57 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1998.

SATHER, A. P.; MURRAY, A. C.; ZAWADSKI, S. M.; JOHNSON, P. The effect of the halothane genotype on pork production and meat quality of pigs reared under

commercial conditions. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 71, n. 4, p. 959-967, 1991.

SILVA, F.F.; AQUINO, L. H. de; OLIVEIRA, J. A. Influência de fatores genéticos e ambientais sobre as estimativas dos parâmetros das funções de crescimento em gado Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1195-1205, 2001.

SILVA, F. F.; MUNIZ, J. A.; AQUINO, L. H.; SÁFADI, T. Abordagem Bayesiana da curva de lactação de cabras Saanen de primeira e segunda ordem de parto. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.40, n.1, p.27-33, jan. 2005.

SILVA, N. A. M. da; AQUINO, L. H. de; SILVA, F. F.; OLIVEIRA, A. I. G. de. Curvas de crescimento e influência de fatores não-genéticos sobre as taxas de crescimento de bovinos da raça Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.28, n.3, p.647-654, maio./jun. 2004.

SILVA, N. A. M.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F.; AQUINO, L. H. de; GONÇALVES, T. M. Aplicação do método bayesiano na estimação de curva de Crescimento em animais da raça Nelore. **Ceres**, v. 54(312), p. 191-198, 2007.

SILVEIRA, E. T. F. Impacto na qualidade da carne suína. In: **CONFERÊNCIA INTERNACIONAL SOBRE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE PRODUÇÃO E INDUSTRIALIZAÇÃO DE SUÍNOS,2.**, 1996, Campinas. Anais... Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, p.99- 122, 1996.

SILVEIRA, F. G.; SILVA, F. F.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MUNIZ, J. A. Análise de agrupamento na seleção de modelos de regressão não-lineares para curvas de crescimento de ovinos cruzados. **Ciência Rural**. v. 41, p. 692-698, 2011.

SOUZA, G. S. **Introdução aos modelos de regressão linear e não-linear**. Brasília: Embrapa, 1ª edição, 1998.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. **Q. Rev. Biol.** 32:217–231, 1957.

WARRIS, P. New developments in Hepres laughter handling of pigs. In: **CONFERÊNCIA INTERNACIONAL SOBRE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE PRODUÇÃO E INDUSTRIALIZAÇÃO DE SUÍNOS, 1.**, 1995, Campinas. Anais... Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, p.81-107, 1995.

7. APÊNDICES

7.1. Rotinas utilizadas no software R considerando o ajuste do modelo Logístico aos dados individuais de peso-idade dos suínos via metodologia Bayesiana.

```
library(R2OpenBUGS)
setwd("diretório")
y=read.table("nome do arquivo.txt",h=T ")
x=read.table("nome do arquivo.txt",h=T ")
Nid=nrow(y) # número de animais
N=ncol(y) # número de pesagens
linemodel<-function() # especificando o modelo
{
for (i in 1:Nid)
{
for (j in 1:N)
{
Y[i,j]~dnorm(mu[i,j],tau)
mu[i,j]<-a[i]*exp(-b[i]*exp(-k[i]*X[i,j])) # modelo logístico
}
a[i]~dnorm(mua , taua) # priori para ai
b[i]~dnorm(mub , taub) # priori para bi
k[i]~dnorm(muk , tauk) # priori para ki
}
mua~dnorm(mu(mua) , tau(mua)) # priori para mua
mub~dnorm(mu(mub) , tau(mub)) # priori para mub
muk~dnorm(mu(muk) , tau(muk)) # priori para muk

taua~dgamma( mu(taua) , tau(taua) ) # priori para taua
sigma2a<-1/sqrt(taua)
taub~dgamma( mu(taub) , tau(taub) ) # priori para taub
sigma2b<-1/sqrt(taub)
tauk~dgamma( mu(tauk) , tau(tauk) ) # priori para tauk
sigma2c<-1/sqrt(tauk)
tau~dgamma( mu(tau) , tau(tau) ) # priori para tau
```

```

sigma2<-1/sqrt(tau)
}
# Preparando os dados em formato de lista
linedata<-list(Y=as.matrix(y),X=as.matrix(x),Nid=número de linhas, N=número de
colunas)
# valores iniciais para MCMC.
lineinits=function( ) {list(a=rep(a1, Nid), b=rep(b1, Nid), c=rep(c1, Nid), mua= mua1,
mub=mub1, muc= muc1, taua= taua1, taub= taub1, tauc= tauc1, tau= tau1)}
# especificando o modelo
parameters=c("a", "b", "c", "mua", "mub", "muc", "sigma2a", "sigma2b", "sigma2c",
"sigma2")
# executando o modelo usando o OpenBUGS
lineout<-bugs(linedata, lineinits, parameters, linemodel, n.chains=1, n.iter=n,
n.burnin=n2, n.thin=n3, DIC=TRUE)

# parâmetros estimados
lineout$summary

# obtendo o valor do DIC
names(lineout$summary)
NULL
lineout$DIC
saida_mua=lineout$sims.list$mua
saida_mub=lineout$sims.list$mub
saida_muc=lineout$sims.list$muc
saida_grupo1=cbind(saida_mua, saida_mub, saida_muc)
write.table(saida_grupo1,"saida_grupo1.txt",quote=FALSE,row.names=FALSE)

```

7.2. Rotinas utilizadas no software R considerando o ajuste do modelo Logístico aos dados individuais de peso-idade dos suínos para a abordagem Frequentista.

```
# Lendo o arquivo de dados
setwd("diretório")
dados=read.table("nome do arquivo.txt",h=T)
# ajuste individual das curvas de crescimento
step1=by(dados, dados$id, function(x) nls(y ~ a/(1+b*exp(-k*x)), start =
list(a=a1,b=b1, k=k1), data=x))      # a1, b1 e k1 são valores iniciais
sapply(step1, coef)      # arquivando as estimativas dos parâmetros
a=as.matrix(sapply(step1, coef)[1,])
b=as.matrix(sapply(step1, coef)[2,])
k=as.matrix(sapply(step1, coef)[3,])
genotipos=read.table("sexo_halotano.txt",h=T) # lendo o arquivo de genótipos
M=as.matrix(genotipos[,-(1)]) #definindo matriz de marcadores
dim(M)
trat=paste(M[,1],M[,2],sep="")
trat
table(trat)
head(a)
a
head(b)
b
head(k)
k
mean(a)
mean(b)
mean(k)
a_anova=lm(a~factor(trat))
anova(a_anova)
b_anova=lm(b~factor(trat))
anova(b_anova)
k_anova=lm(k~factor(trat))
anova(k_anova)
# coeficiente de determinação
```

```
z=matrix((sapply(step1, predict)), número de colunas*número de linhas,1)
aux=sort(rep(1: número de linhas, número de colunas))
z1=(cbind(dados[,1],dados[,3],z,aux))
colnames(z1)=c("id","obs","est","aux")
r2=c( )
for(i in 1: número de linhas)
{
r2[i]=cor(z1[,2][z1[,4]==i],z1[,3][z1[,4]==i])^2
}
r2
summary(r2)
mean(r2)
sd(r2)
```